

# เทคนิคการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน เพื่อใช้ประเมินพันธุกรรมสัตว์

## Variance components estimation techniques for animal genetic evaluation

วุฒิไกร บุญคุ้ม, และ มนต์ชัย ดวงจินดา\*

Wuttigrai Boonkum, and Monchai Duangjinda

### บทนำ

การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนมีความสำคัญมากต่อการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมเพื่ออธิบายลักษณะของประชากร และใช้ในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ (breeding value; BV) สำหรับคัดเลือกสัตว์ ความแปรปรวนของลักษณะเชิงปริมาณสามารถแบ่งองค์ประกอบความแปรปรวนได้เป็นหลายส่วนขึ้นอยู่กับธรรมชาติของลักษณะดังกล่าวรวมทั้งลักษณะของข้อมูลและโมเดลที่ใช้ในการวิเคราะห์ โดยสามารถจำแนกแหล่งของความแปรปรวนได้เป็น ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรง (direct additive genetic variance;  $V_a$ ) ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวร (permanent environmental variance;  $V_{pe}$ ) ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมเนื่องจากแม่ (maternal additive genetic variance;  $V_m$ ) และความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อน (residual variance;  $V_e$ ) เป็นต้น ซึ่งการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนพบว่ามีประสิทธิภาพแตกต่างกันตาม

เทคนิคที่ใช้ เช่น ความแตกต่างด้านคุณสมบัติของเทคนิคการประมาณ ลักษณะโครงสร้างของข้อมูล สภาพของการคัดเลือก และจำนวนข้อมูล เป็นต้น หากประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนไม่ถูกต้องจะส่งผลต่อการคัดเลือกสัตว์โดยตรงทำให้การจัดลำดับสัตว์ตามพันธุกรรมผิดพลาดและนำไปสู่การกระจายพันธุกรรมที่ไม่ดีต่อไปในอนาคต (Henderson, 1975)

ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนถูกใช้ในการประมาณค่าพารามิเตอร์ต่างๆ ของประชากร เช่น ค่าอัตราพันธุกรรม อัตราซ้ำ สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และใช้ในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ ปัจจุบันมีเทคนิคที่นิยมใช้ในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของโมเดลผสมอยู่หลายวิธี ได้แก่ เทคนิค Method R (Reverter et al., 1994), MIVQUE (Rao, 1970), REML (Patterson and Thompson, 1971), Gibbs sampling (Geman and Geman, 1984) เป็นต้น หากสามารถประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนได้แม่นยำจะทำให้การคัดเลือกสัตว์มีประสิทธิภาพ (Henderson, 1975; Schaeffer, 1984) ดังนั้นเพื่อให้การ

<sup>1</sup> ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น อ.เมือง จ.ขอนแก่น 40002

Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University, Khon Kaen 40002

\* Corresponding author: monchai@kku.ac.th

ประเมินพันธุกรรมสัตว์มีประสิทธิภาพจึงต้องพิจารณาเทคนิคการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่เหมาะสมและให้ค่าประมาณถูกต้องและแม่นยำที่สุด

**หลักการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนด้วยเทคนิคต่าง ๆ**

**1. เทคนิค Method R**

เป็นเทคนิคซึ่งพัฒนาโดย Reverter et al., (1994) โดยใช้หลักการของเทคนิครีเกรชัน (regression) โดยการค้นหาค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่ทำให้การประเมินอิทธิพลสุ่ม (เช่น ค่าการผสมพันธุ์) ด้วยข้อมูลบางส่วนมีค่าใกล้เคียงกับการประเมินโดยใช้ข้อมูลทั้งหมด ดังสมการ

$$\hat{K}_i = \frac{\text{cov}(\hat{u}_i, \hat{u}_i^p)}{\text{var}(\hat{u}_i^p)} = \frac{\text{var}(\hat{u}_i^p)}{\text{var}(\hat{u}_i^p)} = 1$$

เมื่อ  $\text{cov}(\hat{u}_i, \hat{u}_i^p) = \text{var}(\hat{u}_i^p)$  โดย  $\hat{u}_i$  เป็นค่าอิทธิพลสุ่มซึ่งได้จากการประมาณโดยใช้ข้อมูลทั้งหมด และ  $\hat{u}_i^p$  เป็นค่าอิทธิพลสุ่มซึ่งได้จากการประมาณโดยใช้ข้อมูลบางส่วน

นอกจากนี้หากพบว่าค่า  $\hat{K}_i$  ที่ได้มีค่าใกล้เคียง 1 ยังแสดงว่าค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่ประมาณได้มีความเหมาะสมในการใช้เป็นตัวแทนค่าของประชากร เนื่องจากเมื่อใช้ประเมินค่าอิทธิพลสุ่มด้วยข้อมูลทั้งหมดหรือข้อมูลบางส่วนจะยังคงให้ความแปรปรวนของค่าอิทธิพลสุ่มคงเดิม โดยเทคนิคดังกล่าวได้นำมาใช้กับโมเดลต่างๆ ได้แก่ โมเดลตัวสัตว์ โมเดลประเมินลักษณะที่มีการวัดซ้ำ โมเดลตัวสัตว์ที่มีอิทธิพลแบบข่มกันของยีน โมเดลตัวสัตว์ที่มีอิทธิพลเนื่องจากแม่ เป็นต้น (Reverter et al., 1994; Cantet et al., 2000; Druet et al., 2000; Duangjinda et al., 2001a)

**2. เทคนิค MIVQUE**

เทคนิค MIVQUE หรือ Minimum Variance Quadratic Unbiased Estimation เป็นเทคนิคที่พัฒนาโดย Rao (1970) ซึ่งใช้หลักการหาค่าความคลาดเคลื่อนของความแปรปรวนน้อยที่สุดโดยนำความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์เข้าร่วมในการวิเคราะห์ (animal genetic

relationship) ทำให้ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่ประมาณได้ไม่มีอคติ แต่เทคนิคดังกล่าวประเมินความแปรปรวนจากการสุ่มความแปรปรวนเริ่มต้น (prior variances) เพียงครั้งเดียวโดยไม่มีการทำ iteration การคำนวณด้วยวิธีการนี้ค่อนข้างซับซ้อนไม่เหมาะกับโครงสร้างข้อมูลที่มีพันธุ์ประวัติซับซ้อนหรือมีข้อมูลไม่เชื่อมโยง (unconnected data) จึงทำให้ไม่ได้รับความนิยมในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน แม้ว่าเทคนิคดังกล่าวสามารถนำมาใช้ร่วมกับโมเดลต่างๆ ได้แก่ โมเดลตัวสัตว์ โมเดลพ่อพันธุ์และพ่อของแม่พันธุ์ได้ก็ตาม (Quaas and Bolziano, 1979; Henderson, 1989; Van Tassell et al., 1995)

**3. เทคนิค REML**

เทคนิค REML หรือ Restricted Maximum Likelihood พัฒนาโดย Patterson and Thompson (1971) ใช้หลักการหาภาวะน่าจะเป็นที่ค่าประมาณความแปรปรวนมีโอกาสเป็นค่าพารามิเตอร์ของประชากรสูงสุด ซึ่งเป็นหลักการของเทคนิค Maximum likelihood (ML) ซึ่งพัฒนาโดย Hartley and Rao (1967) แต่เทคนิค REML ได้แก้ไขจุดบกพร่องของ ML เนื่องจากเทคนิค ML ไม่มีการปรับด้วยปัจจัยคงที่ (fixed effect) ในโมเดลผสมส่วนเทคนิค REML ได้มีการปรับทั้งปัจจัยคงที่และปัจจัยสุ่มในโมเดลผสม ดังนั้นเทคนิค REML จึงเป็นเทคนิคที่ได้รับความนิยมสำหรับใช้ในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน อีกทั้งยังมีการใช้ข้อมูลความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์เพื่อช่วยในการประมาณจึงทำให้ค่าประมาณที่ได้มีคุณสมบัติไม่มีความอคติจากการคัดเลือก (selection unbiased) อย่างไรก็ตามเทคนิค REML อยู่ภายใต้เงื่อนไขของข้อมูลต้องมีการแจกแจงแบบปกติ (normal distribution) โดยเทคนิคดังกล่าวเริ่มนิยมนำมาใช้ร่วมกับโมเดลต่างๆ มากขึ้น ได้แก่ โมเดลตัวสัตว์ โมเดลประเมินลักษณะที่มีการวัดซ้ำ โมเดลพ่อพันธุ์และพ่อของแม่พันธุ์ โมเดลที่วิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะพร้อมกัน และโมเดลรีเกรชันสุ่ม (Van Tassell et al., 1995; Jamrozik et al., 1997; Duangjinda et al., 2001a; Jakobsen et al., 2002;)

#### 4. เทคนิค Gibbs sampling

เป็นเทคนิคที่พัฒนาโดย Geman and Geman (1984) ซึ่งใช้หลักการของความน่าจะเป็นแบบมีเงื่อนไข (conditional probability) เพื่อประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนโดยใช้การแจกแจงร่วม (joint distribution) ของตัวอย่างสุ่มซึ่งถูกสร้างขึ้นด้วย Bayes function แทนการใช้ Likelihood function จากนั้นในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนจะใช้วิธี numerical integration ด้วยเทคนิค Gibbs sampling หรือ Markov Chain Monte Carlo ซึ่งนำความสัมพันธ์ระหว่างตัวสุ่มมารวมพิจารณาทำให้ค่าประมาณที่ได้มีความถูกต้องแม่นยำมากยิ่งขึ้น โดยเทคนิคดังกล่าวได้นำมาใช้ร่วมกับโมเดลต่างๆ ได้เช่นเดียวกับที่ใช้การประเมินด้วย REML (Van Tassell et al., 1995; Duangjinda et al., 2001a; Luo et al., 2001; Hansen et al., 2004)

#### การเปรียบเทียบเทคนิคการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน

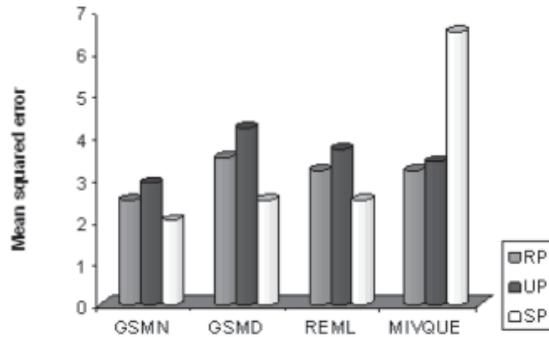
##### ด้านคุณสมบัติของเทคนิคการประมาณ

ความถูกต้องและแม่นยำของการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนสิ่งหนึ่งที่ต้องพิจารณา คือ ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนของค่าประมาณ (prediction error variance; PEV) โดยเทคนิค MIVQUE อาจทำให้ค่าประมาณที่ได้มีความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนสูงหากกำหนดความแปรปรวนเริ่มต้นไม่เหมาะสม อีกทั้งยังต้องการข้อกำหนดโดยข้อมูลต้องมีการแจกแจงแบบปกติจึงจะทำให้ค่าประมาณมีความถูกต้องแม่นยำมากยิ่งขึ้น (Quaas and Bolziano, 1979; Henderson, 1989) ส่วนเทคนิค REML พบว่าการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนจะเกิดความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนต่ำ ซึ่งมีงานวิจัยที่ศึกษาความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน โดยกำหนดให้มีปัจจัยต่างๆ มาเกี่ยวข้องมากมาย เช่น ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะที่ศึกษา สภาพของการคัดเลือก จำนวนข้อมูล พบว่าค่าประมาณที่ได้มีความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนต่ำเช่นเดิม นอกจากนี้เทคนิค REML ยังใช้ข้อมูลที่สุ่มมาทั้งหมดเข้าร่วม

ในการประมาณค่าเช่นความสัมพันธ์ระหว่างตัวสุ่ม ซึ่งกล่าวได้ว่าเทคนิคดังกล่าวมีคุณสมบัติความมีประสิทธิภาพและความพอเพียง (efficiency and sufficiency) (Smith and Graser, 1986; Ouweltjes et al., 1988; Van Tassell et al., 1995) อย่างไรก็ตามเทคนิค REML มีความคล้ายคลึงกับเทคนิค MIVQUE คือ ต้องการค่าความแปรปรวนเริ่มต้น และข้อมูลต้องมีการแจกแจงแบบปกติ สำหรับเทคนิค Gibbs sampling เมื่อเปรียบเทียบกับเทคนิค REML และ MIVQUE พบว่าค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนต่ำที่สุด ทั้งในประชากรสุ่มและประชากรที่มีการคัดเลือกและในทุกระดับของค่าอัตราพันธุกรรม (Van Tassell et al., 1995) ซึ่งแสดงถึงเทคนิคนี้มีประสิทธิภาพในการประมาณดีกว่าเทคนิค REML และ MIVQUE แต่อย่างไรก็ตามเทคนิค Gibbs sampling เป็นเทคนิคที่มีขั้นตอนและหลักการที่ซับซ้อน (Gianola et al., 1992; Sorensen et al., 1994)

##### ด้านสภาพของการคัดเลือก

สภาพของการคัดเลือกเป็นอีกปัจจัยหนึ่งที่ส่งผลกระทบต่อค่าประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน โดยเทคนิคต่างๆ ที่ใช้ในปัจจุบันมีความเหมาะสมต่อสภาพของการคัดเลือกแตกต่างกัน จากงานวิจัยของ Van Tassell et al. (1995) ดัง **Figure 1** พบว่า ค่าแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน (mean squared error; MSE) จากการเปรียบเทียบภายใต้สภาพของการคัดเลือกแตกต่างกัน ได้แก่ ประชากรมีการผสมพันธุ์อย่างสุ่ม (randomly mated population; RP) ประชากรที่ไม่มีการคัดเลือก (unselected population; UP) และประชากรที่มีการคัดเลือก (selected population; SP) ในแต่ละชั่วรุ่นทำการผสมพันธุ์สัตว์เพศผู้และเพศเมียอย่างละ 40 ตัว พบว่า การใช้เทคนิค GSMN (gibbs sampling mean) จะมีค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนต่ำที่สุดเมื่อเปรียบเทียบกับเทคนิคการประมาณแบบอื่นๆ ในทุกสภาพของการคัดเลือกซึ่งแสดงว่าเทคนิค GSMN มีความแม่นยำในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนดีที่สุดเช่นเดียวกับการรายงานของ Van Tassell and Van Vleck (1996) ซึ่งพบว่า Gibbs sampling สามารถ



**Figure 1.** Mean square(s) error of genetic variance for randomly mated population (RP), unselected population (UP), and selection population (SP) using Gibbs sampling mean (GSMN), Gibbs sampling mode (GSMD), Restricted maximum likelihood (REML), and minimum variance quadratic unbiased estimation (MIVQUE) estimates of variance components with heritability of 0.3 and 0.5 generation of matings with 40 animals of each sex in each generation.

**Source:** Van Tassell et al. (1995).

ประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนได้ดีกว่าเทคนิค REML โดยเฉพาะในกรณีที่มีข้อมูลขนาดใหญ่และโมเดลมีความซับซ้อน นอกจากนี้ Van Tassell and Pollak (1994) ยังพบว่าเมื่อใช้ข้อมูลที่มีขนาดเล็ก (5, 440 บันทึก) ค่าประมาณความแปรปรวนที่ได้จาก REML สามารถให้ประมาณพารามิเตอร์ที่มีความแตกต่างจากการใช้ Gibbs sampling ทั้งนี้เนื่องจากเมื่อข้อมูลมีขนาดเล็ก อาจทำให้สูญเสียคุณสมบัติของการแจกแจงแบบปกติ (normality) ทำให้เทคนิค REML ลดประสิทธิภาพลงได้

เมื่อเปรียบเทียบการใช้เทคนิค REML และ Gibbs sampling กับเทคนิค Method R ดังแสดงใน Table 1 (Duangjinda et al., 2001a) พบว่าเมื่อกำหนดสภาพของการคัดเลือกที่แตกต่างกัน ได้แก่ การคัดเลือกอย่างสุ่ม (random selection), การคัดเลือกจากลักษณะปรากฏ (phenotypic selection) และการคัดเลือกจากพันธุกรรมโดยใช้เทคนิค BLUP (BLUP selection) พบว่าการใช้เทคนิค REML และ Gibbs sampling ในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนมีค่าใกล้เคียงกับค่าจริงที่กำหนดในทุกสภาพของการคัดเลือกและในทุกโมเดลที่ทำการศึกษา เมื่อเปรียบเทียบกับเทคนิค Method R พบว่าเมื่อกำหนดให้มีการคัดเลือกจากลักษณะปรากฏ ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่

ประมาณได้จะเบี่ยงเบนจากค่าจริงมากซึ่งอาจเป็นผลจากการนำกลุ่มการจัดการจากต่างฝูงมาพิจารณา ร่วมด้วย (across contemporary group) แต่หากพิจารณาเฉพาะการคัดเลือกจากลักษณะปรากฏภายในกลุ่มการจัดการเดียวกัน (within contemporary group) จะพบว่าเทคนิค Method R สามารถประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนได้ใกล้เคียงกับค่าจริงเช่นเดียวกัน อีกทั้งการใช้เทคนิค Method R ควรใช้กับข้อมูลที่มีขนาดใหญ่ซึ่งจะทำให้ค่าประมาณที่ได้มีแม่นยำมากยิ่งขึ้น

**ด้านจำนวนข้อมูลและโครงสร้างของข้อมูล**

จำนวนข้อมูลและโครงสร้างของข้อมูล พบว่ามีความสัมพันธ์กับการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน ซึ่งหากสามารถใช้ประโยชน์จากข้อมูลที่มีทั้งหมดได้จะทำให้ค่าประมาณมีความถูกต้องและแม่นยำขึ้น โดยพบว่าเทคนิค Method R สามารถประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนได้ดีโดยเฉพาะเมื่อมีข้อมูลจำนวนมาก (Van Tassell et al., 2000; Duangjinda et al., 2001a; Druet et al., 2001) เนื่องจากเป็นตัวประมาณที่อาศัยคุณสมบัติ ความคงเส้นคงวา (consistency) กล่าวคือ ถ้ามีจำนวนข้อมูลในการวิเคราะห์มากขึ้นจะทำให้ค่าประมาณ ที่ได้ใกล้เคียงกับค่า

**Table 1.** Estimates of (co)variance components as a proportion of the total variance averaged over five replicates using restricted maximum likelihood, Bayesian analysis, and Method R under random, phenotypic across contemporary groups, and BLUP selection.

Parameter <sup>a</sup>	True	Random selection (n = 30,000)			Phenotypic selection (n = 24,000)			BLUP selection (n = 24,000)		
		REML <sup>b</sup>	GS <sup>c</sup>	MR <sup>d</sup>	REML	GS	MR	REML	GS	MR
Model I										
Ve	70	70.9	71.6	70.9	70.6	70.6	59.9	69.8	70.0	69.8
Va	30	29.1	28.9	29.1	29.4	29.5	40.1	30.2	30.0	30.2
Model II										
Ve	60	59.7	59.8	59.8	61.0	59.5	48.6	60.6	60.3	60.4
Va	30	30.4	30.3	30.4	28.9	30.7	43.5	29.2	30.0	29.3
Vpe	10	9.9	9.9	9.8	10.1	9.8	7.9	10.2	9.8	10.4
Model III										
Ve	60	59.0	60.6	59.5	58.9	58.6	49.6	59.8	59.9	64.2
Va	30	30.1	29.5	30.8	31.1	32.1	50.5	30.1	31.2	26.6
Vm	15	15.5	15.1	14.2	15.1	14.1	10.1	15.0	14.4	13.7
Model IV										
Ve	50	49.7	49.7	51.1	48.3	51.1	50.7	47.8	50.3	50.7
Va	30	31.1	30.2	31.1	30.6	29.8	37.2	31.1	29.5	30.1
Vd	20	20.2	20.2	22.5	21.1	21.4	12.1	21.1	20.2	19.2

<sup>a</sup>Va = direct additive genetic variance, Vm = maternal additive genetic variance, Cov(a,m) = covariance between direct and maternal additive genetic effects, Vpe = permanent environmental variance, Vd = direct dominance variance, Ve = residual variance

<sup>b</sup>REML = restricted maximum likelihood

<sup>c</sup>GS = Bayesian analysis via Gibbs sampling

<sup>d</sup>MR = Method R

Source: Duangjinda et al. (2001a)

พารามิเตอร์ของประชากรสูงชันและ Method R เป็นเทคนิคเดียวที่สามารถประเมินพันธุกรรมโดยใช้ข้อมูลระดับล้านบันทึกได้ (Duangjinda et al., 2001b) สำหรับเทคนิค MIVQUE พบว่าไม่เหมาะกับข้อมูลภาคสนามที่รวบรวมจากหลายๆ ฟุ้งที่มีความผันแปรของข้อมูลมากๆ หรือมีโครงสร้างซับซ้อนหรือไม่เชื่อมโยงกัน (unconnectedness) (Van Tassell et al., 1995) เช่นเดียวกับเทคนิค REML พบว่า หากมีการเปลี่ยนแปลงจำนวนของข้อมูลและโครงสร้างของข้อมูลจะทำให้การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนแตกต่างกัน โดยเฉพาะเมื่อใช้ข้อมูลที่มีขนาดใหญ่และต้อง

ประมาณค่าพารามิเตอร์จำนวนมาก (Smith and Graser, 1986) ส่วนเทคนิค Gibbs sampling พบว่าใช้ได้ดีกับข้อมูลขนาดต่างๆ เนื่องจากใช้หลักการของการแจกแจงร่วมของข้อมูลจากการสุ่มจากประชากร ซึ่งเป็นการใช้ประโยชน์จากข้อมูลที่มีอยู่อย่างเหมาะสมจึงทำให้ค่าประมาณมีประสิทธิภาพกว่าเทคนิคอื่นๆ อย่างไรก็ตามหากสุ่มตัวอย่างที่ไม่เหมาะสมกับประชากรและมีโครงสร้างของข้อมูลซับซ้อนมากจะทำให้ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนมีความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนสูงเช่นกัน (Gianola et al., 1992)

**ด้านเวลาในการคำนวณและความซับซ้อนของเทคนิค**

การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนด้วยเทคนิค Method R พบว่าใช้เวลาในการคำนวณน้อยกว่าการใช้เทคนิค MIVQUE, REML และ Gibbs sampling เนื่องจากมีขั้นตอนในการคำนวณง่าย (Reverter et al., 1994) โดยใช้หลักการของการถดถอยตั้งนั้นจึงเหมาะสมกับข้อมูลที่มีขนาดใหญ่ แต่เมื่อใช้กับโมเดลที่มีความซับซ้อนเทคนิค Method R อาจให้ค่าประมาณมีความคลาดเคลื่อนสูงโดยเฉพาะเมื่อมีอิทธิพลสุ่มหลายค่าในชุดข้อมูล (Van Tassell et al., 2000) ส่วนเทคนิค MIVQUE พบว่า สามารถประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนได้ดีเมื่อใช้ร่วมกับโมเดลที่ไม่มี ความซับซ้อนและมีจำนวนข้อมูลไม่มาก เช่น โมเดลตัวสัตว์ (Van Tassell et al., 1995) แต่เนื่องจากเทคนิคดังกล่าวใช้ขั้นตอนในการคำนวณหลายขั้นตอนจึงทำให้ใช้เวลานาน และหากใช้กับโมเดลที่มีความซับซ้อนมากอาจไม่สามารถประมาณได้ (Cantet, 1990) สำหรับเทคนิค REML และ Gibbs sampling พบว่า เป็นเทคนิคที่ได้รับ

ความนิยมมากในปัจจุบันและมีโปรแกรมสำเร็จรูปช่วยในการประมาณมากมาย เช่น BLUPF90 (Duangjinda et al., 2002), MTDFREML (Boldman et al., 1995), MTGSAM (Van Tassell and Van Vleck, 1996) หากมีข้อมูลขนาดใหญ่และใช้โมเดลที่ซับซ้อนหรือมีการวิเคราะห์พร้อมหลายลักษณะจะทำให้เทคนิค REML ต้องใช้เวลาในการคำนวณมาก (Van Tassell et al., 1995; Duangjinda et al., 2001a) ส่วนเทคนิค Gibbs sampling พบว่า เป็นเทคนิคที่สามารถประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนได้ดีและรวดเร็วกว่าการประมาณด้วยเทคนิค REML เมื่อใช้กับข้อมูลที่มีขนาดเท่ากันและโมเดลเดียวกัน (Van Tassell and Van Vleck, 1996)

ดังนั้นเทคนิคการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนแต่ละเทคนิคล้วนมีข้อดีและข้อจำกัดแตกต่างกัน ดังแสดงใน Table 2 โดยพบว่าการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนมีความสัมพันธ์กับการประมาณค่าพารามิเตอร์ซึ่งหากสามารถใช้เทคนิคการประมาณที่ถูกต้องและเหมาะสมกับข้อมูลจะทำให้ค่าประมาณที่ได้มีความถูกต้องแม่นยำและส่งผลต่อ

**Table 2.** Comparison of Method R, MIVQUE, REML and Gibbs sampling for estimating variance components.

	Method R	MIVQUE	REML	Gibbs sampling	Source <sup>1</sup>
■ Mean square error of genetic variance when have large data sets	High	High	Low	Low	2, 4, 10, 14, 19
■ Utilize all data in national evaluation	Yes	No	No	Maybe	5, 6, 12, 18, 20, 21
■ Selection bias on estimates variance components	No/Yes	Yes	No	No	2, 3, 7, 15, 16, 17, 19
■ The appropriate for multi-trait and complex models	No	No	May be	Yes	8, 9, 12, 13
■ Normal assumption require	No	Yes	Yes	No	1, 4, 11

<sup>1</sup>Source: 1 = Banks et al. (1985), 2 = Druet et al. (2001), 3 = Duangjinda et al. (2001a), 4 = Gianola et al. (1992), 5 = Henderson (1984), 6 = Hill (1984), 7 = Kaiser and Golden (1994), 8 = Mayer (1985), 9 = Muir et al. (2007), 10 = Ouweltjes et al. (1988), 11 = Piles et al. (2003), 12 = Reverter et al. (1994), 13 = Schaeffer et al. (1978), 14 = Smith and Graser (1986), 15 = Sorensen and Kennedy (1984), 16 = Sorensen et al. (1994), 17 = Van der Werf and de Boer (1990), 18 = Van Tassell et al.(2000), 19 = Van Tassell et al. (1995), 20 = Wang et al. (1994), 21 = Winkelman and Schaeffer (1988).

ความก้าวหน้าของการคัดเลือกโดยพบว่าการใช้เทคนิค REML และ Gibbs sampling จะทำให้ค่าประมาณที่ได้มีความถูกต้องและแม่นยำโดยเฉพาะเทคนิค Gibbs sampling เนื่องจากสามารถใช้ได้ดีกับข้อมูลจริงและข้อมูลที่มาจากการจำลอง รวมทั้งโมเดลที่มีความซับซ้อน ซึ่งหากสามารถเข้าใจหลักการทํางานและสามารถใช้ร่วมกับเทคนิค BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) จะช่วยให้การประมาณค่าพารามิเตอร์และการคัดเลือกสัตว์มีความถูกต้องแม่นยำมากยิ่งขึ้น ดังนั้นการเลือกเทคนิคใดในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนจึงควรคำนึงถึง คุณสมบัติของเทคนิค การประมาณ สภาพของการคัดเลือก โครงสร้างข้อมูล และจำนวนข้อมูล เวลาในการประมวลผลและความซับซ้อนของเทคนิค จึงจะทำให้การประเมินพันธุกรรมสัตว์มีประสิทธิภาพดีที่สุด

### เอกสารอ้างอิง

- Banks, B. D., I. L. Mao, and J. P. Walter. 1985. Robustness of the restricted maximum likelihood estimator derived under normality as applied to data with skewed distributions. *J. Dairy. Sci.* 68: 1785-1792.
- Boldman, K. G., L. A. Kriese, L. D. Van Vleck, C. P. Van Tassell, and S. D. Kachman. 1995. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service.
- Cantet, R. J. C. 1990. Estimation and prediction problems in linear mixed models for maternal genetic effects. Ph.D. dissertation. University of Illinois, Urbana.
- Cantet, R. J. C., A. N. Birchmeier, M. G. Santos-Cristal, and V. S. de Avila. 2000. Comparison of restricted maximum likelihood and method for estimating heritability and predicting breeding value under selection. *J. Anim. Sci.* 78: 2554-2560.
- Druet, T., I. Misztal, M. Duangjinda, A. Reverter, and N. Gengler. 2001. Estimation of genetic covariances with method R. *J. Dairy. Sci.* 79: 605-615.
- Druet, T., I. Misztal, M. Duangjinda, A. Reverter, and N. Gengler. 2000. Covariance estimation with method R. *J. Dairy. Sci.* 83 (Suppl. 1): 56(Abstr.).
- Duangjinda, M., I. Misztal, and S. Tsuruta. 2002. BLUPF90 PC-PAK 2.5: User's Manual. The University of Georgia and Khon Kaen University.
- Duangjinda, M., I. Misztal, J. K. Bertrand, and S. Tsuruta. 2001a. The empirical bias of estimates by restricted maximum likelihood, Bayesian method, and method under selection for additive, maternal, and dominance models. *J. Anim. Sci.* 79: 2991-2996.
- Duangjinda, M., J. K. Bertrand, I. Misztal, and T. Druet. 2001b. Estimation of additive and nonadditive genetic variances in Hereford, Gelbvieh, and Charolais by Method. *J. Anim. Sci.* 79: 2997-3001.
- Geman, S., and D. Geman. 1984. Stochastic relaxation, Gibbs distribution and the Bayesian restoration of images. *IEEE transaction on pattern analyses and machine intelligence.* 6: 721.
- Gianola, D., J. L. Foulley, R. L. Fernando, C. R. Henderson, and K. A. Weigel. 1992. Estimation of heterogeneous variances using empirical bayes methods: theoretical considerations. *J. Dairy. Sci.* 75: 2805-2823.
- Hansen, M., M. S. Lund, J. Pedersen, and L. G. Christensen. 2004. Genetic parameters for stillbirth in Danish Holstein cows using a Bayesian threshold model. *J. Dairy. Sci.* 87: 706-716.
- Hartley, H. O., and J. N. K. Rao. 1967. Maximum likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. *Biometrika.* 54: 93-108.
- Henderson, C. R. 1975. Comparison of alternative sire evaluation methods. *J. Anim. Sci.* 41: 760-770.
- Henderson, C. R. 1984. Estimation of variances and covariances under multiple trait models. *J. Dairy. Sci.* 67: 1581-1589.
- Henderson, C. R. 1989. Prediction of merits of potential matings from sire-maternal grandsire models with nonadditive genetic effects. *J. Dairy. Sci.* 72: 2592-2605.
- Jakobsen, J. H., P. Madsen, J. Jensen, J. Pedersen, L. G. Christensen, and D. A. Sorensent. 2002. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimates in random regression model using REML. *J. Dairy. Sci.* 85: 1607-1616.
- Jamrozik, J., L. R. Schaeffer, and J. C. M. Dekkers. 1997. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. *J. Dairy. Sci.* 80: 1217-1226.

- Luo, M. F., P. J. Boettcher, L. R. Schaeffer, and J. C. M. Dekkers. 2001. Bayesian inference for categorical traits with an application to variance component estimation. *J. Dairy. Sci.* 84: 694-704.
- Ouweltjes, W., L. R. Schaeffer, and B. W. Kennedy. 1988. Sensitivity of methods of variance component estimation to culling type of selection. *J. Dairy. Sci.* 71: 773-779.
- Patterson, H. D., and R. Thompson. 1971. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. *Biometrika.* 58: 545-554.
- Piles, M., D. Gianola, L. Varona, and A. Blasco. 2003. Bayesian inference about parameters of a longitudinal trajectory when selection operates on a correlated trait. *J. Dairy Sci.* 81: 2714-2724.
- Quaas, R. L., and D. C. Bolzano. 1979. Sampling variances of the MIVQUE and Method 3 estimators of the sire component of variance. *Variance components and animal breeding*, L. D. Van Vleck and S. R. Searle, ed. Cornell Univ., Ithaca, NY.
- Rao, C. R. 1970. Estimation of Heteroscedastic Variances in Linear Models. *J. Amer. Statist. Assoc.* 65: 161-172.
- Reverter, A., B. L. Golden, R. M. Bourdon, and J. S. Brinks. 1994. Method R variance components procedure: Application on the simple breeding value model. *J. Anim. Sci.* 72: 2247-2253.
- Schaeffer, L. R. 1984. Sire and cow evaluation under multiple trait models. *J. Dairy. Sci.* 67: 1567-1580.
- Schaeffer, L. R., J. W. Wilton, and R. Thompson. 1978. Simultaneous estimation of variance and covariance components from multitrait mixed model equations. *Biometrics.* 34: 199.
- Smith, S. P., and H. U. Graser. 1986. Estimating variance components in a class of mixed model by restricted maximum likelihood. *J. Dairy. Sci.* 69: 1156-1165.
- Sorensen, D. A., and B. W. Kenedy. 1984. Estimation of genetic variances from unselected and selected populations. *J. Anim. Sci.* 59: 1213-1223.
- Sorensen, D. A., C. S. Wang, J. Jensen, and D. Gianola. 1994. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.* 26: 333-360.
- Van der Werf, J. H. J., and I. J. M. de Boer. 1990. Estimation of additive genetic variance when base population are selected. *J. Anim. Sci.* 68: 3124-3132.
- Van Tassell, C. P., and E. J. Pollak. 1994. Estimates of (co)variance components for weaning weight used in national beef cattle genetic evaluations. *J. Anim. Sci.* 72 (Suppl. 1): 148 (Abstr.).
- Van Tassell, C. P., and L. D. Van Vleck. 1996. Multiple-trait gibbs sampler for animal model: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. *J. Anim. Sci.* 74: 2586-2597.
- Van Tassell, C. P., G. Casella, and E. J. Pollak. 1995. Effects of selection on estimates of variance components using gibbs sampling and restricted maximum likelihood. *J. Dairy. Sci.* 78: 678-692.
- Van Tassell, C. P., I. Misztal, and L. Varona. 2000. Method R estimates of additive genetic, dominance genetic, and permanent environmental fraction of variance for yield and health traits of Holsteins. *J. Dairy. Sci.* 83: 1873-1877.
- Wang, C. S., J. J. Rutledge, and D. Gianola. 1994. Bayesian analysis of mixed linear models via Gibbs sampling with an application to litter size in Iberian pigs. *Genet. Sel. Evol.* 26: 91-115.
- Winkelman, A., and L. R. Schaeffer. 1988. Effect of heterogeneity of variance on dairy sire evaluation. *J. Dairy. Sci.* 71: 3033-3039.