

การประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในโคนมลูกผสม
โดยใช้บันทึกผลผลิตในวันทดสอบ



นายสายัณห์ บัวบาน

สถาบันวทยบรการ

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ภาควิชาสัตวบาล

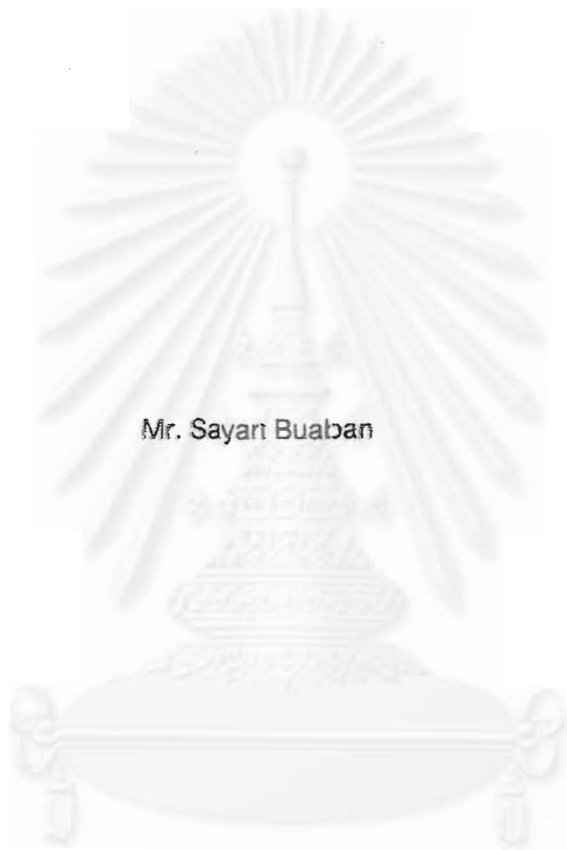
คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ปีการศึกษา 2543

ISBN 974-347-288-6

ลิขสิทธิ์ของจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

GENETIC EVALUATION OF MILK YIELDS IN CROSSBRED DAIRY CATTLE
USING TEST DAY RECORDS



A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements
for the Degree of Master of Science in Animal Breeding

Department of Animal Husbandry

Faculty of Veterinary Science

Chulalongkorn University

Academic Year 2000

ISBN 974-347-288-6

สายัณห์ บัวบาน : การประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในโคนมลูกผสมโดยใช้บันทึกผลผลิตในวันทดสอบ. (GENETIC EVALUATION OF MILK YIELDS IN CROSSBRED DAIRY CATTLE USING TEST DAY RECORDS) อ. ที่ปรึกษา : รศ. ดร. จันทร์จรัส เรียวเดชะ, อ. ที่ปรึกษาร่วม : อ. ศักดิ์ชัย ไตรภาณุรักษ์, 109 หน้า. ISBN 974-347-288-6.

การศึกษานี้เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม และประเมินค่าการผสมพันธุ์สำหรับลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ และลักษณะปริมาณน้ำนมที่ 305 วัน พร้อมทั้งเปรียบเทียบผลที่ได้จากการวิเคราะห์ทั้งสองลักษณะโดยใช้เพิ่มข้อมูลที่ประกอบด้วยแม่โคนมที่ให้น้ำนมสมบูรณ์ในระยะเวลาให้นมครั้งแรก อย่างน้อย 150 วัน จำนวน 645 ตัว การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน (ความแปรปรวนทางพันธุกรรม ความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวร และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน) สำหรับปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน ใช้โมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน (305-day lactation model, 305DLM) และปริมาณน้ำนมในวันทดสอบใช้โมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ (test day model, TDM) ด้วยวิธี Restricted maximum likelihood (REML) ผลการศึกษาพบว่าองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนจากการจำแนกกลุ่มที่มีการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกันด้วย ฝูง-วันทดสอบ มีค่าต่ำกว่าการจำแนกด้วย ฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอด 15.64 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบมีค่าต่ำกว่าหรือใกล้เคียงกับปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างปริมาณน้ำนมในวันทดสอบกับปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วันมีค่าสูงกว่า 0.76 การหาความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์จาก TDM กับ 305DLM ด้วย Pearson correlation และ Spearman rank correlation ได้ค่าสูงกว่า 0.87 ทั้งข้อมูลทั้งหมดและข้อมูลบางส่วน แสดงให้เห็นว่าค่าการผสมพันธุ์สำหรับปริมาณน้ำนมในวันทดสอบมีความสัมพันธ์อย่างสูงกับปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน ดังนั้นสามารถสรุปได้ว่าปริมาณน้ำนมในวันทดสอบสามารถใช้แทนปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วันสำหรับประเมินค่าทางพันธุกรรมของโคนมได้โดยใช้ TDM ที่เหมาะสม

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ภาควิชา สัตวบาล
สาขาวิชา การปรับปรุงพันธุ์สัตว์
ปีการศึกษา 2543

ลายมือชื่อนิพนธ์ S. Nuss
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา Omitz Me
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม Sakthachai Traiphanu

4175568831 : MAJOR ANIMAL BREEDING

KEY WORD: GENETIC EVALUATION

/ MILK YIELDS / TEST DAY RECORDS / CROSSBRED DAIRY CATTLE / TEST DAY MODEL

SAYAN BUABAN : GENETIC EVALUATION OF MILK YIELDS IN CROSSBRED DAIRY CATTLE
USING TEST DAY RECORDS. THESIS ADVISOR : ASSOC. PROF. CHANCHARAT REODECHA,
THESIS COADVISOR : MR. SAKCHAI TOPANURAK, 109 pp. ISBN 974-347-288-6

This study was designed to estimate genetic parameters and breeding values (EBVs) for test day and 305-day milk yields, and to compare the results of both analyses using data file containing 645 complete first lactations of at least 150 days. Variance component estimates, namely additive, permanent environmental and residual, for 305-day milk yields using 305-day lactation model (305DLM) and for test day milk yields using test day models (TDMs) were estimated by restricted maximum likelihood (REML) method. Residual variance from the model that defined contemporary group with herd-test date (HTD) was 15.64% lower than the defined contemporary herd-year-season (HYS) group. Heritability estimates of TD milk yields from all TDMs were lower than or close to the corresponding estimates for 305-day milk yields. Genetic correlation between TD milk yields and 305-day milk yield were high ($r_{gg} > 0.76$). Correlations between TDM and 305DLM that calculated by Pearson correlations and Spearman rank correlations were high ($r > 0.87$) for both full data and reduced data. These analyses showed that EBVs for TD milk yields were highly correlated with EBVs for 305-day milk yields. Therefore, the results can be concluded that TD milk yields may replace the 305-day milk yields for genetic evaluation of dairy cattle using suitable TDMs.

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

Department Animal Husbandry
Field of study Animal Breeding
Academic year 2000

Student's signature..... *Sayan Buaban.*
Advisor's signature *Charat Red*
Co-advisor's signature *Stephanurak*

กิตติกรรมประกาศ

การศึกษาครั้งนี้สำเร็จลุล่วงได้เป็นอย่างดี ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์ ดร.จันทร์จรัส เรียวเดชะ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ที่ได้ให้คำปรึกษาแนะนำและตรวจแก้ไขข้อบกพร่องในการเขียนทุกขั้นตอน พร้อมทั้งอำนวยความสะดวกตลอดระยะเวลาของการศึกษาและการทำวิทยานิพนธ์ และขอขอบพระคุณ อาจารย์ ศักดิ์ชัย โดภาณุรักษ์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม และ อาจารย์ ดร. มนต์ชัย ดวงจินดา ที่กรุณาให้คำปรึกษาแนะนำในการวิเคราะห์ข้อมูล และการใช้โปรแกรมในการวิเคราะห์

ขอขอบคุณเจ้าของฟาร์มโคนมแห่งหนึ่งในเขตจังหวัดราชบุรีที่ได้บันทึกและเอื้อเฟื้อข้อมูลโคนมในการศึกษาครั้งนี้ ขอขอบคุณผู้อำนวยการกองผสมเทียม กรมปศุสัตว์ที่ได้สนับสนุนและให้โอกาสข้าพเจ้าได้ลาศึกษาต่อ ขอขอบคุณบัณฑิตวิทยาลัยจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัยที่ให้ทุนสนับสนุน ขอขอบคุณน้องๆที่ได้ให้ความช่วยเหลือในการจัดพิมพ์ ตรวจคำผิดวิทยานิพนธ์ และท้ายสุดกราบขอบพระคุณคุณพ่อ คุณแม่และสมาชิกในครอบครัวทุกท่านที่ทำให้กำลังใจที่ดียั้งตลอดการศึกษา

นายสายันท์ บัวบาน

เมษายน 2544

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	ง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	จ
กิตติกรรมประกาศ.....	ฉ
สารบัญ.....	ช
สารบัญตาราง.....	ฅ
สารบัญรูป.....	ฐ
บทที่	
1. บทนำ.....	1
ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	1
วัตถุประสงค์ของการวิจัย.....	4
ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับจากการวิจัย.....	4
2. เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	5
แนวคิดและทฤษฎี.....	5
อิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะผลผลิตน้ำมันในวันทดสอบ.....	7
แนวทางในการใช้บันทึกผลผลิตน้ำมันในวันทดสอบ.....	10
วิธีการประมาณค่าพารามิเตอร์สำหรับบันทึกผลผลิตน้ำมันในวันทดสอบ.....	18
ค่าอัตราพันธุกรรม.....	21
ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ.....	29
ค่าการผสมพันธุ์.....	31
3. วิธีดำเนินการวิจัย.....	33
แหล่งของข้อมูล.....	33
โครงสร้างของข้อมูล.....	33
การจัดเตรียมข้อมูล.....	33
การจัดการข้อมูลเบื้องต้น.....	34
การจำแนกอิทธิพลของปัจจัยคงที่.....	35

การตรวจสอบการกระจายของข้อมูล.....	36
โมเดลสำหรับการวิเคราะห์.....	37
โมเดลสำหรับการทดสอบหาอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะที่ศึกษา.....	37
โมเดลสำหรับการวิเคราะห์ทางพันธุกรรม.....	37
วิธีการวิเคราะห์.....	45
การวิเคราะห์เบื้องต้น.....	45
การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม.....	45
การประเมินค่าทางพันธุกรรม.....	48
ความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์จาก TDM และ 305DLM.....	49
4. ผลการวิเคราะห์ข้อมูล.....	50
ผลการวิเคราะห์เบื้องต้น.....	50
ค่าเฉลี่ยของลักษณะที่ศึกษา.....	50
อิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะที่ศึกษา.....	50
ผลการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม.....	52
ผลการประเมินค่าทางพันธุกรรม.....	64
ผลของความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์จาก TDM และ 305DLM.....	68
5. อภิปรายผลการวิเคราะห์.....	73
6. สรุปผลการวิเคราะห์ และข้อเสนอแนะ.....	81
รายการอ้างอิง.....	85
ภาคผนวก.....	94
ประวัติผู้เขียน.....	109

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2.1 ค่าอัตราพันธุกรรมของบันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบและบันทึกปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันสำหรับระยะการให้นมครั้งแรก.....	25
2.2 ค่าอัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมจากแนวทางการใช้โมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ.....	26
2.3 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและค่าสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏของบันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบกับบันทึกปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันสำหรับระยะการให้นมครั้งแรก.....	30
2.4 ค่าสหสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากโมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบกับค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากโมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน	32
3.1 ค่าเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของจำนวนวันให้นม ปริมาณน้ำนม และจำนวนข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์สำหรับแต่ละวันทดสอบ.....	35
3.2 การจำแนกกลุ่มพันธุ์ตามระดับเลือดโคยูโรปและจำนวนข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์.....	36
4.1 ผลการวิเคราะห์หาอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน และลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบของระยะการให้นมครั้งแรก.....	51
4.2 ค่าเฉลี่ยกำลังสองน้อยที่สุดสำหรับอิทธิพลที่เป็นกลุ่มของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน และลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบของระยะการให้นมครั้งแรก.....	51
4.3 ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม องค์ประกอบความแปรปรวนของ	

ความคลาดเคลื่อน และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ แต่ละลำดับที่ของวันทดสอบ และปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน..... 53

4.4 ค่าอัตราพันธุกรรม สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ ของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ และปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันของ ระยะการให้นมครั้งแรก..... 54

4.5 ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม ความแปรปรวนของสภาพแวดล้อม ถาวร ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน ค่าอัตราพันธุกรรม และค่าอัตราซ้ำ ของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบภายใต้ FRM ที่มีกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อม เดียวกันต่างกันสำหรับระยะการให้นมครั้งแรก..... 55

4.6 ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม และสหสัมพันธ์ทาง พันธุกรรมของสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มทางพันธุกรรม ความแปรปรวนของ สภาพแวดล้อมถาวร และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน ที่เกี่ยวข้องกับ ปริมาณน้ำนมในวันทดสอบภายใต้ RRM ซึ่งมีความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวรคงที่ (RRM1) สำหรับระยะการให้นมครั้งแรก..... 57

4.7 ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม และสหสัมพันธ์ทาง พันธุกรรมของสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มทางพันธุกรรม และสภาพแวดล้อม ถาวร และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน ที่เกี่ยวข้องกับปริมาณน้ำนม ในวันทดสอบภายใต้ RRM ซึ่งมีความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวรอธิบาย ด้วยสมการถดถอยสุ่ม (RRM2) สำหรับระยะการให้นมครั้งแรก..... 58

4.8 ค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรม ค่าความแปรปรวนของสภาพแวดล้อม และค่า อัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมรายวันในวันให้นมต่างๆ สำหรับ RRM1 และ RRM2.... 59

4.9 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างปริมาณน้ำนมรายวันในวันให้นมต่างๆภายใต้ RRM1 และ RRM2 ซึ่งได้จากค่าความแปรปรวน และความแปรปรวนร่วมที่ประมาณ ได้ระหว่างสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่ม..... 60

- 4.10 ตัวอย่างรายการค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันของแม่พันธุ์จากโมเดลต่างๆ..... 64
- 4.11 ตัวอย่างรายการค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันของพ่อพันธุ์จากโมเดลต่างๆ..... 65
- 4.12 ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่าต่ำสุด ค่าสูงสุด และ ค่า $-2\text{Log}L$ ของค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์ที่มีข้อมูลสำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน จากโมเดลต่างๆ ของระยะการให้นมครั้งแรก..... 66
- 4.13 ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่าต่ำสุด ค่าสูงสุด และ ค่า $-2\text{Log}L$ ของค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์สำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน จากโมเดลต่างๆ ของระยะการให้นมครั้งแรก..... 67
- 4.14 Pearson correlation และ Spearman rank correlation ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์ที่มีข้อมูลสำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน จากโมเดลต่างๆ ของระยะการให้นมครั้งแรก..... 69
- 4.15 Pearson correlation และ Spearman rank correlation ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์สำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน จากโมเดลต่างๆ ของระยะการให้นมครั้งแรก..... 69
- 4.16 Pearson correlation ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ และแม่พันธุ์ที่มีข้อมูลสำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันของการให้น้ำนมครั้งแรกจากโมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบกับโมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน 70
- 4.17 Spearman rank correlation ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ และแม่พันธุ์ที่มีข้อมูล สำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันของการให้น้ำนมครั้งแรกจากโมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบกับโมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน 70

4.18 Peason correlation และ Spearman rank correlation ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ แต่ละส่วนของการให้นมและปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันที่ได้จาก RRM1 สำหรับแม่พันธุ์ของระยะการให้นมครั้งแรก..... 71

4.19 Peason correlation และ Spearman rank correlation ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ แต่ละส่วนของการให้นมและปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันที่ได้จาก RRM1 สำหรับพ่อพันธุ์ของระยะการให้นมครั้งแรก..... 71

4.20 Peason correlation และ Spearman rank correlation ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ แต่ละส่วนของการให้นมและปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันที่ได้จาก RRM2 สำหรับแม่พันธุ์ของระยะการให้นมครั้งแรก..... 72

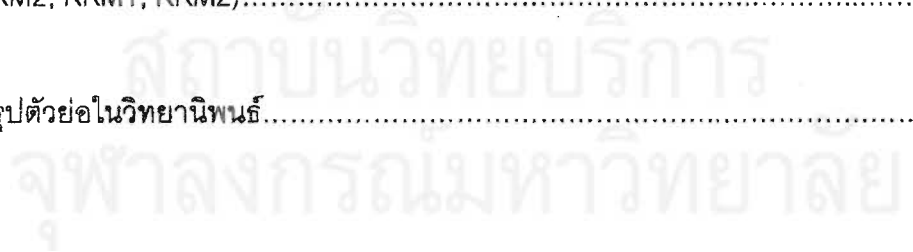
4.21 Peason correlation และ Spearman rank correlation ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ แต่ละส่วนของการให้นมและปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันที่ได้จาก RRM2 สำหรับพ่อพันธุ์ของระยะการให้นมครั้งแรก..... 72

ตารางภาคผนวกที่

1. ค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ 100 ลำดับแรก จาก 305DLM และ TDM (FRM1, FRM2, RRM1, RRM2)..... 95

2. ค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์ที่มีข้อมูล 100 ลำดับแรก จาก 305DLM และ TDM (FRM1, FRM2, RRM1, RRM2)..... 101

3. สรุปตัวย่อในวิทยานิพนธ์..... 107



สารบัญรูป

รูปที่	หน้า
2.1 แสดงความผันแปรของค่าอัตราพันธุกรรมโดยประมาณในระหว่างการให้นมครั้งแรก.....	24
4.1 แสดงความแปรปรวนทางพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบสำหรับระยะการให้นมครั้งแรกตามฟังก์ชันของวันให้นมที่ได้จากโมเดลสมการถดถอยสุ่ม (RRTDM1, RRTDM2) และโมเดลหลายลักษณะ (MTM).....	61
4.2 แสดงความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบสำหรับระยะการให้นมครั้งแรก ตามฟังก์ชันของวันให้นม ที่ได้จากโมเดลสมการถดถอยสุ่ม (RRTDM1, RRTDM2) และโมเดลหลายลักษณะ (MTM).....	62
4.3 แสดงค่าอัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบของระยะการให้นมครั้งแรก ที่ได้จากโมเดลสมการถดถอยสุ่ม (RRTDM1, RRTDM2) และโมเดลหลายลักษณะ (MTM).....	63

บทที่ 1

บทนำ

ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

การปรับปรุงพันธุ์โคนมเพื่อให้มีความก้าวหน้าทางพันธุกรรมสำหรับลักษณะต่างๆที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจตามวัตถุประสงค์ที่วางไว้ จะต้องมีแผนการผสมพันธุ์ (breeding plan) ที่เหมาะสมกับการจัดการและสภาพแวดล้อม และมีวิธีการคัดเลือก (selection) ที่มีประสิทธิภาพ มีความถูกต้องแม่นยำสูงสุด เพื่อที่จะคัดเลือกโคนมที่มีความสามารถทางพันธุกรรมดีเด่นไว้ใช้ในการขยายพันธุ์ในฝูงต่อไป เครื่องมือที่สำคัญและมีประสิทธิภาพดีที่สุดอันหนึ่งซึ่งจะนำมาใช้ในการคัดเลือกและจัดลำดับพ่อแม่พันธุ์แต่ละตัวตามความสามารถทางพันธุกรรมและเป็นที่ยอมรับกันอย่างแพร่หลายทั่วโลกในปัจจุบันนี้คือ การประเมินค่าทางพันธุกรรม (genetic evaluation) หรือที่เรียกว่าค่าการผสมพันธุ์ (breeding value, BV) หรือยีนรวมสะสม (additive gene) (Ptak and Schaeffer, 1993) วิธีการประเมินค่าทางพันธุกรรมได้มีการพัฒนาปรับปรุงให้มีความถูกต้องแม่นยำเพิ่มขึ้นตามลำดับอย่างต่อเนื่องโดยการพัฒนาทั้งวิธีการทางสถิติ โมเดลที่ใช้ในการวิเคราะห์และความสามารถในการคำนวณของคอมพิวเตอร์ที่เพิ่มขึ้นจนกระทั่งปัจจุบันได้ใช้วิธี Best linear unbiased prediction (BLUP) ภายใต้ animal model (AM) ซึ่งยอมรับกันว่าเป็นวิธีที่จะทำให้การประเมินค่าทางพันธุกรรมมีความถูกต้องแม่นยำที่สุด เพราะเป็นวิธีที่สามารถประมาณอิทธิพลของปัจจัยคงที่และปัจจัยสุ่มได้พร้อมกันโดยอาศัยความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์มาช่วยในการประเมินด้วย (Ptak and Schaeffer, 1993; Schaeffer and Dekker, 1994)

การประเมินค่าทางพันธุกรรมของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์โคนมแต่ละตัวสำหรับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในประเทศต่างๆที่มีแผนการผสมพันธุ์และการจดบันทึกข้อมูลอย่างเป็นระบบ รวมทั้งประเทศไทยจะใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นม (lactation records) เป็นหลักโดยเฉพาะอย่างยิ่งการใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน (305-lactation records) โดยแต่ละบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันนี้ได้จากการรวมบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ (test day records) ที่ได้มาจากการทดสอบในแต่ละครั้ง (การชั่งปริมาณน้ำนม และการสุ่มเก็บตัวอย่างน้ำนม) เป็นการบันทึกผลผลิตน้ำนมทุกสัปดาห์ ทุกสองสัปดาห์ หรือทุกเดือนโดยประมาณ สำหรับการทดสอบทุกเดือนในแม่โคที่มีบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน ที่สมบูรณ์จะประกอบไปด้วยบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบโดยเฉลี่ยประมาณ 7-10 บันทึก

ส่วนแม่โคนมที่ให้ผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ไม่สมบูรณ์ คือ มีจำนวนวันของการให้นมไม่ถึง 305 วันจะถูกยืดขยายหรือนำไปปรับให้เป็นมาตรฐานตามที่ตกลงและเป็นที่ยอมรับกัน ซึ่งในปัจจุบันวิธีการที่นิยมใช้คือการปรับไปที่ 305 วัน โดยเป็นเหตุผลเนื่องจากการจัดการเพื่อให้โคสามารถให้ลูกได้ปีละตัว เช่น วิธีของ Wilimink (1987a) หรือการยืดขยายบางส่วนในระยะการให้นมด้วยปัจจัยซึ่งสมมุติให้รูปร่างของกราฟการให้นมมีรูปร่างคงที่สำหรับแม่โคทุกตัว (Wiggans and Van Vleck, 1979; Pander and Hill, 1993) และการประเมินส่วนที่ขาดไปของข้อมูลจากลักษณะมาตรฐานของกราฟการให้ผลผลิตน้ำนมสำหรับแม่โคแต่ละพันธุ์และแต่ละครั้งของการให้นมตามวิธีของ Schaeffer และ Jamrozik (1996) และการคำนวณหาบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน อาจจะใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบตั้งแต่ 2-12 บันทึก จึงส่งผลให้ความถูกต้องของบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันนี้ผันแปรไปตามจำนวนของบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบและวิธีการที่ใช้ปรับและยืดขยาย วิธีการเช่นนี้จึงเป็นสาเหตุทำให้การประเมินพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์โคนมมีความคลาดเคลื่อน

นอกจากนี้การใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันสำหรับการประเมินค่าทางพันธุกรรมนั้นมียุทธวิธีเนื่องจากสภาพแวดล้อมที่กำหนดโดยกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน (contemporary groups, CG) ตามวันที่คลอดส่งผลกระทบต่อแต่ละบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบตลอดระยะเวลาการให้นมสำหรับบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน เป็นค่าคงที่เฉลี่ย ค่าเฉลี่ยนี้จะมีความเหมาะสมถ้าอิทธิพลของสภาพแวดล้อมต่างๆมีผลกระทบต่อแต่ละบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบเหมือนกัน แต่โดยทั่วไปแล้วอิทธิพลของสภาพแวดล้อมต่างๆที่มีผลกระทบจะเปลี่ยนแปลงไปตามแต่ละบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ ตัวอย่างเช่น แม่โคสามารถเปลี่ยนจากกลุ่มการจัดการหนึ่งไปยังอีกกลุ่มการจัดการหนึ่งในระหว่างปีขึ้นอยู่กับระดับการให้ผลผลิตน้ำนม แม่โคจะอยู่ในสภาวะการตั้งท้องในช่วงระหว่าง 6 หรือ 7 บันทึกสุดท้ายของบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ ผลกระทบของอากาศตลอดปีอาจจะแตกต่างกันขึ้นอยู่กับช่วงระยะเวลาของการให้นมของแม่โคในวันทดสอบ แม่โคสามารถเปลี่ยนฝูง และแม่โคอาจจะรีดนม 3 ครั้งต่อวันสำหรับ 4 บันทึกแรกของผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ และรีด 2 ครั้งต่อวันสำหรับบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบที่เหลือของการให้นม และบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมของแม่โคที่อยู่ในกลุ่มการจัดการเดียวกันส่วนมากไม่ได้รวบรวมมาจากวันทดสอบที่เหมือนกันทั้งหมด เพราะความแตกต่างเนื่องจากวันคลอดและความยาวของระยะเวลาการให้นม แม่โคที่คลอดก่อนในกลุ่มการจัดการและถูกคัดทิ้งไปแล้วอาจจะไม่มีวันทดสอบเหมือนกับแม่โคที่คลอดในช่วงหลังของกลุ่มการจัดการเดียวกัน จึงทำให้การพิจารณาอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมที่มีผลกระทบต่อ

ผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันไม่ถูกต้องและมีอคติ (Pander et al., 1992; Jamrozik and Schaeffer, 1997)

สำหรับประเทศไทยในปัจจุบันนี้ทั้งหน่วยงานราชการและฟาร์มเอกชนที่มีการประเมินค่าทางพันธุกรรมของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์โคนมยังคงใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันเหมือนกับประเทศอื่นๆ โดยเฉพาะอย่างยิ่งกองผสมเทียม กรมปศุสัตว์จะมีการสุ่มเก็บและทดสอบตัวอย่างน้ำนมของแม่โคแต่ละตัวโดยเจ้าหน้าที่เดือนละครั้งติดต่อกันจนกว่าจะหยุดรีดนมหรือที่เรียกว่า 4 weekly control หรือ monthly control ซึ่งในการปฏิบัติเช่นนี้แต่ละครั้งจะต้องเสียค่าใช้จ่ายสูง และถ้าในแต่ละระยะของการให้นมของแม่โคแต่ละตัวมีบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบไม่ครบหรือน้อยเกินไป เช่น ให้น้ำมน้อยกว่า 150 วัน ซึ่งอาจเกิดจากแม่โคตาย ป่วย หรือเปลี่ยนเจ้าของและไม่สามารถติดตามได้ จะไม่นำข้อมูลเหล่านั้นมาใช้ในการวิเคราะห์ ทำให้ข้อมูลที่เก็บมาได้นั้นสูญเสียไปโดยเปล่าประโยชน์

วิธีหนึ่งที่จะหลีกเลี่ยงปัญหาดังกล่าวข้างต้นและเพิ่มความถูกต้องแม่นยำในการประเมินค่าทางพันธุกรรมได้คือการใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบซึ่งมีโมเดลที่เหมาะสมสำหรับประเมินค่าทางพันธุกรรมของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ เนื่องจากมีข้อดีหลายประการ เช่น สามารถอธิบายอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมที่มีผลกระทบต่อการเปลี่ยนแปลงผลผลิตน้ำนมของแม่โคได้โดยตรงในแต่ละวันทดสอบภายในระยะการให้นมของแม่โคได้ถูกต้องมากกว่า สามารถเปรียบเทียบผลผลิตน้ำนมของแม่โคในวันทดสอบด้วยกลุ่มสัตว์ทั้งหมดที่วัดหรือทดสอบในเวลาและสภาพที่เหมือนกันซึ่งส่งผลให้การเปรียบเทียบมีความถูกต้องมากกว่า ไม่จำเป็นต้องมีการยืดขยายบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมไปที่ 305 วันในกรณีที่แม่โคให้ผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ไม่สมบูรณ์ หรือให้นมสมบูรณ์แต่ไม่ถึง 305 วัน มีความยืดหยุ่นในการวางแผนการจัดเก็บข้อมูลและลดต้นทุนในการจัดเก็บ และมีจำนวนบันทึกสำหรับใช้ในการประเมินมากกว่าสำหรับสัตว์แต่ละตัวเมื่อเปรียบเทียบกับการใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน รวมทั้งหลีกเลี่ยงอิทธิพลอื่นๆที่จะเพิ่มเข้ามาในแต่ละช่วงของการให้นม นอกจากนี้ทุกๆบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบสามารถนำไปใช้ในการประเมินค่าได้โดยไม่ต้องรอจนแม่โคหยุดรีดนม และที่สำคัญสามารถประเมินค่าทางพันธุกรรมได้บ่อยครั้งขึ้น เร็วขึ้นเมื่อเปรียบเทียบกับวิธีการเดิม จึงทำให้การคัดเลือกพันธุ์ทำได้ดีขึ้นส่งผลให้ชีวของอายุลดลงและมีความก้าวหน้าทางพันธุกรรมเพิ่มขึ้น (Meyer et al., 1989; Ptak and Schaeffer, 1993; Reents et al, 1994; Reents et al, 1995a; Jamrozik and Schaeffer, 1997; Swalve, 1998; Van der Werf et al., 1998; Vargas et al., 1998)

ดังนั้นจึงมีความจำเป็นที่จะต้องทำการศึกษาเพื่อให้ทราบค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม สำหรับการประเมินค่าทางพันธุกรรมโดยใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ ความเป็นไปได้และความเหมาะสมที่จะใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบแทนการใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน

วัตถุประสงค์ของการวิจัย

1. เพื่อประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมโดยใช้บันทึกปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน
2. เพื่อประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมโดยใช้บันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ
3. เพื่อเปรียบเทียบผลจากการประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมระหว่างการใช้นักบันทึกปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน และการใช้บันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ
4. เพื่อเปรียบเทียบความเป็นไปได้และความเหมาะสมของการใช้บันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบแทนการใช้บันทึกปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับจากการวิจัย

1. ทราบค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมจากการประเมินโดยใช้บันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบและใช้บันทึกปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน
2. นำผลที่ได้จากการศึกษาไปประยุกต์ใช้ในการตัดสินใจเลือกบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบสำหรับใช้ในการประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์โคนมในอนาคตเพื่อเพิ่มความถูกต้องแม่นยำ เพิ่มความก้าวหน้าทางพันธุกรรมและลดต้นทุนในการทดสอบ

บทที่ 2

เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

แนวคิดและทฤษฎี

ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในโคนม เช่น ลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมันนม ปริมาณโปรตีนนม ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน และลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีน ฯลฯ เป็นลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจและถูกพิจารณาเพื่อการปรับปรุงและคัดเลือกในแผนการปรับปรุงพันธุ์ โดยทั่วไป ลักษณะเหล่านี้เป็นลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยีนหลายคู่ หรือที่รู้จักกันในนามของ ลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative traits) ซึ่งสามารถ ชั่ง ตวง วัดได้ และสภาพแวดล้อมจะมีอิทธิพลอย่างมากต่อการแสดงออกของลักษณะ (สมชัย จันทร์สว่าง, 2530) หรืออาจกล่าวได้ว่าค่าสังเกตจากลักษณะปรากฏ (phenotypic observation, P) ของสัตว์แต่ละตัวจะมีค่าแตกต่างกันขึ้นอยู่กับอิทธิพลที่สำคัญ 2 ประการคือ อิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรม (genetic effect, G) และอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อม (environmental effect, E) ที่สัตว์ได้รับ ความสัมพันธ์ที่เกิดขึ้นแสดงในรูปสมการได้ดังนี้ (Falconer and Mackay, 1996)

$$P = G + E \quad \text{----}[2.1]$$

สมการ [2.1] หมายถึงลักษณะใดลักษณะหนึ่งของสัตว์ที่ปรากฏออกมามีผลมาจากพันธุกรรมที่ได้รับจากพ่อแม่ และสภาพแวดล้อม เช่น อาหาร การจัดการเลี้ยงดู ความร้อน ความชื้น อุณหภูมิ โรค และรวมไปถึงสภาพแวดล้อมทั้งก่อนคลอดและหลังคลอด โดยทั่วไปอิทธิพลทางพันธุกรรมที่ส่งผลต่อลักษณะปรากฏที่สำคัญทางเศรษฐกิจส่วนใหญ่จะมาจาก (Sivarajasingam, et al., 1998)

1. อัลลีลจากมากกว่า 1 ตำแหน่ง (polygenic)
2. มีอัลลีล 2 ชนิดหรือมากกว่าในแต่ละตำแหน่ง (polymorphism)
3. ความถี่ของอัลลีลที่คู่กันแตกต่างกันที่ตำแหน่งต่างๆ
4. ตำแหน่งต่างๆอาจมีการเชื่อม (linked) หรือไม่เชื่อมกัน (unlinked)
5. แต่ละคู่ของยีนเป็นสาเหตุในการแสดงออกครั้งสุดท้ายของลักษณะ (อิทธิพลเนื่องจากยีนรวมสะสม)
6. ยีนบางคู่มีอิทธิพลต่อลักษณะมากกว่าคู่อื่น

7. มีปฏิภริยาร่วมระหว่างยีนที่อยู่ในตำแหน่งเดียวกัน (อิทธิพลจากการซ่มของยีน, dominant gene effect, D)
8. ปฏิภริยาร่วมระหว่างคู่ของยีนที่อยู่ต่างตำแหน่งกัน (อิทธิพลจากปฏิภริยาร่วมของยีนต่างตำแหน่ง, epistatic gene effect, I)
9. ความแปรปรวนของโครโมโซม (ploidy และ aberration)

จากสมการที่ 2.1 สามารถเขียนใหม่ได้ดังนี้

$$P = A + D + I + E \quad \text{---- [2.2]}$$

หรือ

$$P = A + E^* \quad \text{---- [2.3]}$$

เมื่อ	A	=	อิทธิพลเนื่องจากยีนรวมสะสม
	D	=	อิทธิพลเนื่องจากการซ่มของยีน
	I	=	อิทธิพลเนื่องจากปฏิภริยาร่วมของยีนต่างตำแหน่ง
	E	=	อิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อม
	E^*	=	เป็นการรวมของอิทธิพลเนื่องจากการซ่มของยีน อิทธิพลเนื่องจากปฏิภริยาร่วมของยีนต่างตำแหน่ง และอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อม

จะเห็นได้ว่าอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมในชนิดของอิทธิพลเนื่องจากยีนรวมสะสม หรือที่เรียกกันอีกชื่อหนึ่งว่า ค่าการผสมพันธุ์ เป็นสิ่งซึ่งไม่สามารถซัง ดวง หรือวัดได้โดยตรง แต่เป็นสิ่งที่ต้องการปรับปรุงเพื่อเพิ่มความสามารถในการให้ผลผลิตน้ำมัน ทั้งนี้เพราะอิทธิพลนี้สามารถถ่ายทอดจากชั่วอายุหนึ่งไปยังอีกชั่วอายุหนึ่งได้ ส่วนอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมเป็นอิทธิพลที่ไม่สามารถจะถ่ายทอดได้ และเป็นอิทธิพลที่อาจจะบดบังความสามารถที่แท้จริงทางพันธุกรรมของตัวสัตว์ ในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ (estimated breeding value, EBV) ของลักษณะว่ามีค่าสูงต่ำเพียงใดภายในฝูงนั้นจะเน้นพันธุกรรมในอิทธิพลเนื่องจากยีนรวมสะสม ซึ่งมีความสลับซับซ้อนและจำเป็นต้องอาศัยความรู้หลายด้าน เช่น พันธุศาสตร์ คณิตศาสตร์ สถิติ และเทคนิคทางด้าน Biometrics ถ้าลักษณะดังกล่าวถูกควบคุมด้วยอัลลีลส่วนมากที่แสดงอิทธิพลเนื่องจากยีนรวมสะสมย่อมมีผลต่อการเพิ่ม EBV ของลักษณะ ในอีกทางหนึ่งถ้าอัลลีลเหล่านั้นแสดงอิทธิพลส่วนใหญ่เป็นแบบไม่ใช่อิทธิพลเนื่องจากยีนรวมสะสมย่อมมีผลต่อการลด EBV เมื่อนั้นอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมย่อมมีผลมาก การคัดเลือกสัตว์ที่แสดงลักษณะดีย่อมไม่แน่ว่าจะสามารถ

ถ่ายทอดลักษณะดังกล่าวไปยังลูกเพื่อให้เห็นลักษณะผลผลิตน้ำนมเฉลี่ยได้ดีกว่าเฉลี่ยในรุ่นพ่อแม่ และที่สำคัญหากสามารถแยกหรืออธิบายถึงอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมออกจากอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมได้ละเอียดขึ้น มีจำนวนบันทึกที่ใช้ในการประเมินมากขึ้นก็จะทำให้ผลของการวิเคราะห์มีความถูกต้องและแม่นยำมากขึ้น ซึ่งจะมีส่วนช่วยในการทำนายค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ให้ได้ค่าใกล้เคียงกับค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริง (true breeding value, TBV) มากขึ้น ยิ่งสามารถประเมินค่าการผสมพันธุ์เข้าใกล้ค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริงได้มากเท่าไรก็ยิ่งทำให้การประเมินค่าทางพันธุกรรมมีความแม่นยำและความคงที่มากขึ้น ส่งผลให้ความก้าวหน้าทางพันธุกรรมเร็วขึ้น และมีความเชื่อมั่นในสารสนเทศทางพันธุกรรมมากขึ้น

บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ เช่น ปริมาณน้ำนม ไขมัน และโปรตีน เป็นข้อมูลพื้นฐานที่ได้จากการชั่งน้ำหนักและสุ่มเก็บตัวอย่างซึ่งเป็นตัวแทนของลักษณะดังกล่าวใน 1 วัน (24 ชั่วโมง) สามารถใช้คำนวณหาบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน หรือสามารถใช้แทนบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันได้โดยตรงในการประเมินค่าทางพันธุกรรม (Swalve, 1995; Jamrozik and Schaeffer, 1997; Jamrozik et al., 1997; Kettunen et al., 1998; Machado et al., 1998; Pool and Meuwissen, 1999; Rekaya et al., 1999; Pool and Meuwissen, 2000) จากการตรวจเอกสารจะเห็นว่าในช่วงระยะ 10 ปีที่ผ่านมาได้มีการศึกษาและรายงานการใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบในการประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมไว้อย่างกว้างขวาง และได้มีการนำมาประยุกต์ใช้เป็นงานประจำในการประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะที่เกี่ยวข้องกับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในโคนมในหลายประเทศแล้วในปัจจุบัน เช่น ประเทศนิวซีแลนด์ (Johnson, 1996) อ้างโดย Wiggans และ Goddard (1997) ประเทศออสเตรเลียได้มีการใช้ตั้งแต่ปี ค.ศ. 1984 (Jones and Goddard, 1990) ประเทศแคนาดาได้เริ่มใช้สำหรับประเมินค่าเซลล์เม็ดเลือดขาว (somatic cell score, SCS) ตั้งแต่ปี ค.ศ. 1996-1998 และเปลี่ยนมาใช้เหมือนกับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมอื่นๆ เมื่อต้นปี 1999 (Schaeffer et al., 2000) และประเทศสหรัฐอเมริกาจะเริ่มใช้ในปี ค.ศ. 2000 (Wiggans and Gengler, 1999)

อิทธิพลที่มีผลกระทบต่อผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ

ตามหลักการโดยทั่วไปแล้วอิทธิพลที่เกี่ยวข้องและมีผลกระทบต่อผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบจะไม่แตกต่างไปจากอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมของแม่โคนม (Danell, 1990) สามารถแยกได้เป็นอิทธิพลทางพันธุกรรมและอิทธิพลที่ไม่เกี่ยวข้องกับทาง

พันธุกรรม เทียมพบ ก้านเหลือง (2541) และอังคณา เมฆวิสัย (2541) ได้รายงานว่ อิทธิพลทางพันธุกรรมที่มีผลต่อผลผลิตน้ำนมในระยะการให้น้ำนมประกอบไปด้วย พันธุ์ กลุ่มพันธุ์หรือระดับสายเลือด และอิทธิพลที่ไม่เกี่ยวข้องกับพันธุกรรมประกอบไปด้วย ฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอด จำนวนวันให้นม (day in milk, DIM) ลำดับของระยะการให้ผลผลิตน้ำนม อายุเมื่อคลอดลูกตัวแรก และการจัดการฟาร์ม

อย่างไรก็ตามยังมีอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบโดยตรงนอกเหนือจากอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อผลผลิตน้ำนมในระยะการให้น้ำนม โดยเฉพาะอย่างยิ่งอิทธิพลที่ไม่เกี่ยวข้องกับพันธุกรรม ได้แก่ ฝูง-ปี-ฤดูกาลให้ผลผลิตน้ำนม ลักษณะทางภูมิศาสตร์ของพื้นที่ ช่วงเวลาของระยะการให้นม (stage of lactation) กลุ่มการจัดการภายในฝูงในวันทดสอบ จำนวนวันให้นม ช่วงระหว่างคลอดถึงผสมติด สถานภาพการตั้งท้อง (จำนวนวันอุ้มท้อง) การให้ยา และจำนวนครั้งที่รีดนมต่อวัน (Meyer et al., 1989; Pander et al., 1992; Ptak and Schaeffer, 1993; Schaeffer and Jamrozik, 1996; Jamrozik and Schaeffer, 1997; Wiggan, 1998) อิทธิพลเหล่านี้บางอิทธิพลจะมีการเปลี่ยนแปลงสำหรับแม่โคจากวันทดสอบหนึ่งไปยังอีกวันทดสอบหนึ่ง ซึ่งจะจำแนกได้ยากหากพิจารณาถึงผลกระทบที่มีต่อบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นม

โมเดลส่วนใหญ่ที่ใช้สำหรับประเมินค่าทางพันธุกรรมของบันทึกการแสดงออกของลักษณะในโคนม โดยปกติแล้วอิทธิพลของ ฝูง-ปี-ฤดูกาล (herd-year-season, HYS) จะใช้เพื่ออธิบายอิทธิพลของแต่ละฝูง แต่ละปี และแต่ละฤดูกาลของการคลอด และปฏิภีรยาร่วมระหว่างฝูง-ปี-ฤดูกาล แต่ในโมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ (test day model, TDM) จะแทน HYS ด้วยฝูง-วันทดสอบ (herd-test date, HTD) ซึ่งอิทธิพลนี้จะอธิบายสำหรับอิทธิพลของฝูงและปีของการให้ผลผลิตน้ำนมและครอบคลุมไปถึงฤดูกาลให้ผลผลิตน้ำนม อิทธิพลของฤดูกาลให้ผลผลิตน้ำนมมีความสำคัญมากกว่าอิทธิพลของฤดูกาลคลอด (Pander et al., 1992 ; Stanton et al., 1992) โมเดลในอุดมคติจะอธิบายทั้งสองอิทธิพล คือ เมื่อโมเดลย่อยสำหรับวันให้นมถูกซ้อน (nested) อยู่ภายในอิทธิพลคงที่หลัก เช่น ฤดูกาลคลอด ตามที่เสนอโดย Ptak และ Schaeffer (1993) นอกจากนี้อิทธิพลที่มีผลตามปกติในบางโมเดลสำหรับการประเมินบันทึกการแสดงออกของลักษณะในโคนมคือ อายุเมื่อคลอดและระยะการให้นม โดยเฉพาะอิทธิพลของระยะการให้นมเป็นอิทธิพลที่สำคัญในโมเดลใช้สำหรับอธิบายข้อมูลที่มีบันทึกการให้นมหลายระยะ

ช่วงเวลาของระยะการให้นมเป็นอิทธิพลที่สำคัญอีกอิทธิพลหนึ่งของ TDM เพราะว่ามี ความสัมพันธ์กับการให้ผลผลิตน้ำนม ซึ่งมีการนำเสนอโมเดลต่างๆมากมายเพื่อที่จะอธิบายกราฟ

การให้นมต่อระดับการแสดงออกของลักษณะ (Grossman and Koops, 1988; Danell, 1990) โมเดลที่อธิบายกราฟการให้นมนี้สามารถแยกออกได้เป็น 2 กลุ่มใหญ่ๆ คือ โมเดลที่เป็นเส้นตรง และโมเดลที่ไม่ใช่เส้นตรง โดยโมเดลที่เป็นเส้นตรงจะเป็นฟังก์ชันเส้นตรงของวันให้นมซึ่งสามารถคำนวณได้ง่ายโดยใช้เทคนิคสมการถดถอยเชิงเส้นตรงอย่างง่าย ส่วนโมเดลที่ไม่ใช่เส้นตรงจะไม่สามารถแสดงฟังก์ชันของพารามิเตอร์เป็นเส้นตรงได้ ดังนั้นจึงต้องใช้เทคนิคการวนซ้ำ (iteration) เพื่อแก้ปัญหา (Masselin et al., 1987 อ้างโดย Vargas et al., 2000) โมเดลเหล่านี้จะเป็นที่รู้จักกันดี เพราะสามารถอธิบายกราฟการให้นมได้อย่างกว้างขวาง เช่น โมเดลของ Wood (1967) Shanks et al. (1981) Cobby และ LeDu (1987) Wilmink (1987a) Morant และ Gnanasakthy (1989) และ Rook et al. (1993) ฟังก์ชันที่เป็นแบบฉบับที่น่าเชื่อถือได้ส่วนมากสามารถอธิบายตามรูปแบบของสมการถดถอยเชิงเส้นตรง ดังนั้น TDM จึงใช้ตัวแปรร่วมเหล่านี้เพื่อที่จะอธิบายกราฟการให้นม และฟังก์ชันของกราฟการให้นมภายใน TDM อาจจะใช้เป็นโมเดลย่อยภายใน TDM (Swalve, 1998)

อิทธิพลเนื่องจากสถานภาพการตั้งท้องในระบะการให้นม เป็นอิทธิพลที่มีผลกระทบอย่างมีนัยสำคัญต่อการให้ผลผลิตน้ำนม ซึ่งในโมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในระบะการให้นม (lactation model, LM) มีความพยายามที่จะอธิบายอิทธิพลนี้โดยการพิจารณาช่วงห่างของการให้ลูกแต่ไม่สามารถอธิบายได้ดีเท่ากับใน TDM เพราะ TDM ได้เสนอแนวทางที่ตรงกว่าภายใต้ข้อกำหนดที่รู้วันที่ผสมติด อิทธิพลเนื่องจากสถานภาพการตั้งท้องมีปฏิกริยาร่วมกับช่วงเวลาของระบะการให้นมสามารถพิจารณาได้ใน 2 แนวทางคือ การให้ผลผลิตน้ำนมที่สูงในช่วงต้นของระบะการให้นมมีผลทางลบต่อสมรรถภาพการสืบพันธุ์ และเมื่อแม่โคให้ลูกอีกครั้งความต้องการสารอาหารเพื่อการเจริญเติบโตของตัวอ่อนนำไปสู่ผลผลิตน้ำนมที่ลดลง ซึ่งการลดลงนี้ขึ้นอยู่กับช่วงเวลาของระบะการให้นม (Swalve, 2000)

สำหรับการศึกษาในประเทศไทย อิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม โดยเฉพาะอย่างยิ่งปริมาณน้ำนมในระบะการให้นมที่ 305 วัน หรือปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน นั้น มีผลการศึกษาของวิโรจน์ ภู่ออง (2530) โดยใช้ข้อมูลที่รวบรวมจากแม่โคนมลูกผสมต่างๆ จากฐานข้อมูลโคนมขององค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อ.ส.ค.) ในระหว่างปี พ.ศ. 2519-2537 รายงานว่าอิทธิพลที่มีผลต่อปริมาณน้ำนมในระบะการให้นมที่ 305 วันในระบะการให้นมครั้งแรก คือ กลุ่มพันธุ์หรือระดับเลือดแม่โค ปีที่คลอด กลุ่มการผลิต ระบะการให้นม จำนวนวันแห้งนม และจำนวนวันให้นม ส่วนระบะการให้นม และจำนวนวันให้นมมีผลต่อปริมาณน้ำนมในระบะการให้นมที่ 305 วันของระบะการให้นมอื่นๆ ซึ่งให้ผลสอดคล้องกับการศึกษาของอังกฤษ

เมฆวิไลย (2541) ที่ใช้ข้อมูลจากฐานข้อมูลโคนมจากแหล่งเดียวกันแต่เป็นข้อมูลตามแผนการปรับโครงสร้างและระบบการผลิตการเกษตร (คปร.) ในช่วงปี 2537-2539 แต่ในการศึกษาครั้งนี้กลุ่มพันธุ์ไม่มีผลต่อปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน กรรณิการ์ เร่งศิริกุล และคณะ (2542) ศึกษาข้อมูลโคนมจากศูนย์วิจัยและพัฒนาการผลิตน้ำนม มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ระหว่างปี พ.ศ. 2530-2539 รายงานว่าระดับพันธุกรรมมีผลต่อการให้ผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมครั้งแรกจนถึงครั้งที่ 4 ส่วนฤดูที่แม่โคคลอดลูกไม่มีอิทธิพลต่อผลผลิตน้ำนม ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของพัชรินทร์ จินกล้าและคณะ (2534) และการศึกษาของเทียมพบ ก้านเหลือง (2541) ซึ่งใช้ข้อมูลจากฐานข้อมูลโคนมของกองผสมเทียม กรมปศุสัตว์ในช่วงปี 2533-2539 ที่รายงานว่าอิทธิพลที่มีผลต่อปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน ได้แก่ อิทธิพลของฝูง-ปี-ฤดูกาล กลุ่มพันธุ์ และลำดับของระยะการให้ผลผลิตน้ำนม โดยกลุ่มพันธุ์ที่มีระดับเลือดของโคยุโรป 100% มีอิทธิพลต่อลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันมากที่สุด และกลุ่มพันธุ์ที่มีระดับเลือดของโคยุโรป 87.5% มีอิทธิพลต่อลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันนี้น้อยที่สุด ซึ่งแตกต่างจากการศึกษาของ พัชรินทร์ จินกล้า และคณะ (2534) สุวรรณิ สิมะกรพันธ์ (2537) กัลยา เก่งวิทย์กรรม และคณะ (2537) พินิจ ลำดวนหอม (2540) กรรณิการ์ เร่งศิริกุล และคณะ (2542) ที่รายงานว่าแม่โคนมที่มีระดับเลือดโคยุโรปเพิ่มขึ้นมีแนวโน้มทำให้ผลผลิตน้ำนมเพิ่มขึ้นด้วย

แนวทางในการใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ

Swalve (1998) ได้สรุปแนวทางโดยทั่วไปในการใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบสำหรับวิเคราะห์และประเมินค่าทางพันธุกรรม ที่แตกต่างกัน 2 แบบได้แก่

1. แบบขั้นตอนเดียว (one-step method) เป็นการใช้โมเดลที่เหมาะสมกับบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบโดยตรงในการประเมิน EBV สำหรับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมของโคนม
2. แบบสองขั้นตอน (two-step method) เป็นการใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบโดยอ้อมคือจะต้องมีการปรับอิทธิพลของสภาพแวดล้อมบางอย่างที่มีผลกระทบต่อบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบในขั้นตอนแรก และขั้นตอนต่อไปจึงดำเนินการประเมิน EBV โดยใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมซึ่งเป็นบันทึกที่ได้จากการรวมกันของบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบที่ได้ปรับแล้วจากขั้นตอนแรก

1. แบบชั้นตอนเดียว

สำหรับแนวทางนี้ได้มีการศึกษาไว้ในหลายประเทศ เช่น ในประเทศแคนาดาผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบจะถูกวิเคราะห์โดยตรงสำหรับการประเมินค่าทางพันธุกรรมของบางลักษณะ และลักษณะปริมาณน้ำนมของแพะนม (Schaeffer and Sullivan, 1994) และ SCS ของโคนม (Reents et al., 1995a) และปัจจุบันนี้ได้นำมาประยุกต์ใช้เป็นงานประจำในการประเมินค่าทางพันธุกรรมซึ่งได้เริ่มใช้ตั้งแต่ต้นปี 1999 (Schaeffer et al., 2000) นอกจากนี้ยังมีประเทศต่างๆสนใจศึกษาเพิ่มขึ้นอีกอย่างมาก เช่น ประเทศฟินแลนด์ ประเทศสเปน และประเทศเยอรมัน (Wiggan and Goddard, 1997) โมเดลที่สำคัญซึ่งนำมาใช้ในการศึกษาตามแนวทางนี้สามารถจำแนกได้ดังนี้

1.1 Fixed regression model (FRM)

เป็นโมเดลที่ได้กำเนิดมาจาก repeatability model ซึ่งถือว่าเป็นโมเดลแรกที่น่าเสนอเพื่อจำลองบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบและเป็นโมเดลที่นิยมใช้กันอย่างแพร่หลาย (Wiggans and Goddard, 1997) ภายใต้โมเดลนี้บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบภายในระยะเวลาให้นมเดียวกันจะถูกพิจารณาให้เป็นการวัดซ้ำในลักษณะเดียวกัน และพิจารณาผลกระทบจากสภาพแวดล้อมถาวรเพื่ออธิบายถึงความคล้ายคลึงของสภาพแวดล้อมระหว่างบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบต่างๆในระยะเวลาให้นมเดียวกัน แนวทางนี้ได้มีการนำเสนอครั้งแรกโดย Meyer และคณะ (1989) โดยใช้โมเดลทางสถิติในรูปแบบของ sire model (SM) แต่กลายมาเป็นที่รู้จักกันมากหลังจากที่ได้มีรายงานการวิจัยของ Ptak และ Schaeffer (1993) ซึ่งเป็นผู้ที่สนับสนุนการใช้ repeatability model โดยจะพิจารณาทันทีผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบเป็นการวัดซ้ำของลักษณะเดียวกันสำหรับการให้นมครั้งแรก รูปร่างมาตรฐานของกราฟการให้นมสำหรับแม่โคทั้งหมดจะอธิบายด้วยสมการถดถอยที่มีตัวแปรร่วมตามฟังก์ชันกราฟการให้นมของ Ali และ Schaeffer (1987) และอิทธิพลทางพันธุกรรมของสัตว์จะแตกต่างกันด้วยความสูงของกราฟนี้ ความแปรปรวนทางพันธุกรรม ความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวรจะถูกกำหนดให้คงที่ตลอดระยะเวลาให้นม และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบที่ต่างกันจะกำหนดให้มีค่าเท่ากับ 1 โดยไม่คำนึงว่าแต่ละบันทึกในวันทดสอบจะอยู่ห่างกันอย่างไร

รูปแบบโดยทั่วไปของโมเดลสามารถอธิบายได้ดังนี้

$$Y = HTD + \sum b_i X_i + a + pe + e \quad \text{---- [2.4]}$$

- เมื่อ Y คือ บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ
 HTD คือ อิทธิพลคงที่ของ ฝูง-วันทดสอบ
 a คือ อิทธิพลสุ่มเนื่องจากพันธุกรรมของสัตว์
 pe คือ อิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร
 $\sum b_i X_i$ คือกลุ่มของสัมประสิทธิ์การถดถอยของสมการถดถอยคงที่ (fixed regression coefficient) ของผลผลิตน้ำนมตามวันให้นม หรือ ฟังก์ชันของวันให้นม (Ali and Schaeffer, 1987) ซึ่งอธิบายถึงรูปร่างโดยทั่วไปของกราฟการให้นมสำหรับแม่โคทั้งหมด
 e คืออิทธิพลเนื่องจากความคลาดเคลื่อน

Ptak และ Schaeffer (1993) ได้แสดงให้เห็นว่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนจะน้อยกว่าเมื่อใช้ ฝูง-วันทดสอบ เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกันแทน ฝูง-ปี-ฤดูกาลตลอด โดยที่แม่โคสามารถจัดให้เป็นกลุ่มที่มีการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกันภายในฝูงตามช่วงระยะเวลาการให้นม ซึ่งความถูกต้องของการประเมินจะสูงขึ้นถ้าค่าอัตราพันธุกรรมของบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบอยู่ในช่วงเดียวกันกับบันทึกผลผลิตน้ำนมที่ 305 วัน ซึ่งให้ผลสอดคล้องกับการศึกษาของ Meyer และคณะ (1989) Pander และคณะ (1992) Swalve (1995) Poso และคณะ (1996) อ้างโดย Rekaya และคณะ (1999) และ Vargas และคณะ (1998) นอกจากนี้ยังได้เน้นว่าสมการถดถอยที่อธิบายรูปร่างมาตรฐานของกราฟการให้นมควรจะซ่อนอยู่ภายในชั้นของอิทธิพลคงที่ที่เพิ่มเข้าไปในโมเดลซึ่งทำให้กราฟมีลักษณะแตกต่างกัน เช่น อายุ-ฤดูกาลตลอด หรือเดือนที่คลอดตามการศึกษาของ Kettunen และคณะ (1998) ตลอดจนควรพิจารณาความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนที่แตกต่างกันของบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบตลอดระยะเวลาการให้นมด้วย

1.2. Multiple trait model (MTM)

แนวทางของ FRM ได้มีการขยายไปเป็น MTM โดยที่บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบภายในระยะเวลาการให้นมเดียวกันจะถูกพิจารณาว่าเป็นการวัดซ้ำ และระยะเวลาการให้นมต่างกันจะถูกพิจารณาให้เป็นลักษณะที่แยกจากกันชัดเจน (Reents et al., 1995a; Reents et al., 1995b) ในเบื้องต้นโมเดลชนิดนี้ได้นำมาใช้เพื่อประเมินค่าทางพันธุกรรมสำหรับบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบเกี่ยวกับ SCS ในประเทศแคนาดาตั้งแต่ปี ค.ศ.1996-1998 และใช้ในประเทศเยอรมันเพื่อประเมินค่าทางพันธุกรรมสำหรับบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบเกี่ยวกับ SCS และการให้ผลผลิตน้ำนม สำหรับโมเดลของประเทศเยอรมันสำหรับการประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำมนั้นสมการถดถอยจะถูกซ่อนอยู่ภายใน ระยะเวลาการให้นมครั้งที่ อายุ ปี ฤดูกาล คลอด ภูมิภาค พันธุ์ และระยะห่างของการคลอด และต่อมา Wiggans และ Goddard (1997) ได้นำเสนอ MTM ซึ่งเป็นโมเดลที่ทำให้ความแตกต่างทางพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมของบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบภายในและระหว่างระยะเวลาการให้นมต่างๆ ในหลายลักษณะซึ่งประกอบด้วย ปริมาณน้ำนม ไขมัน และโปรตีน (ทั้งหมด 60 ลักษณะ) โดยการใช้แนวทาง canonical transformation ขณะที่ Jamrozik et al.(1997b) ได้พิจารณาการประเมินหลายลักษณะที่แท้จริงสำหรับทุกลักษณะ และทุกครั้งที่ของระยะเวลาการให้นม (ระยะเวลาให้นมที่ 1-3) โดยใช้ข้อมูลจริง

1.3. Random regression model (RRM)

เป็นโมเดลที่พัฒนาต่อมาจาก FRM มีหลักการโดยทั่วไปที่เสนอแนะไว้โดย Henderson, Jr (1982) และ Henderson (1984) ว่าใน RRM สัมประสิทธิ์การถดถอยจะถูกนำมาเป็นตัวแปรสุ่ม ดังนั้นจึงให้โครงสร้างของตัวแปรร่วมซึ่งความแปรปรวนทางพันธุกรรมตลอดระยะเวลาการให้นม และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบที่ต่างกันจะมีความผันแปรแตกต่างกันไป Schaeffer และ Dekkers (1994) ได้เสนอแนวทางการใช้ RRM สำหรับบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบโดยการใช้สมการถดถอยสุ่มสำหรับอิทธิพลทางพันธุกรรมของสัตว์ซึ่งให้โครงสร้างของตัวแปรร่วมระหว่างสัมประสิทธิ์การถดถอย โมเดลนี้เป็นโมเดลที่ใช้สมการถดถอยคงที่อธิบายรูปร่างของกราฟการให้นมที่เหมือนกันภายในกลุ่มเฉพาะของแม่โค (เช่น กลุ่มของภูมิภาคอายุ) และสมการถดถอยสุ่มจะใช้อธิบายความผันแปรของอิทธิพลทางพันธุกรรมของสัตว์แต่ละตัว และอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวร ต่อมา Jamrozik และ Schaeffer (1997) และ Jamrozik และคณะ (1997b) ได้นำมาประยุกต์ใช้สำหรับประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและประเมินค่าทางพันธุกรรมตามลำดับ ซึ่งได้กำหนดโมเดลที่ชัดเจนขึ้นโดยอาศัยโมเดลของ Ptak และ

Schaeffer (1993) โมเดลย่อยที่ใช้อธิบายกราฟของการให้นมสำหรับแม่โคแต่ละตัวจะแยกได้เป็น 2 กลุ่มการถดถอยของวันให้นม คือ สมการถดถอยคงที่จะอธิบายรูปร่างโดยทั่วไปสำหรับแม่โคทั้งหมดภายในกลุ่มย่อยที่เหมือนกัน (เช่น ภูมิภาค อายุเมื่อคลอด และฤดูกาลคลอด) และสมการถดถอยสุ่มของ Ali และ Schaeffer (1987) จะอธิบายส่วนเบี่ยงเบนทางพันธุกรรมจากสมการถดถอยคงที่ของกราฟการให้นมของแม่โคโดยสัมประสิทธิ์การถดถอย 5 ค่า (จุดตัดแกน และพารามิเตอร์ 4 ค่า) ซึ่งทำให้แม่โคแต่ละตัวมีรูปร่างของกราฟการให้นมแตกต่างกัน สัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มทั้ง 5 ค่าจะเหมือนกับลักษณะ 5 ลักษณะที่เกี่ยวข้องกันในสัตว์ 1 ตัว ซึ่งมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์บนพื้นฐานความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ความแปรปรวนทางพันธุกรรมจากการใช้โมเดลนี้สามารถคำนวณได้ทุกวันที่กผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบหรือเป็นการรวมของวันที่กผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบระหว่างช่วงการให้น้ำนม ต่อมา Rekaya et al. (1999) ได้มีการใช้สมการถดถอยสุ่มอธิบายอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรเหมือนกับที่ใช้อธิบายอิทธิพลทางพันธุกรรม

รูปแบบโดยทั่วไปของโมเดลสามารถอธิบายได้ดังนี้

$$Y = HTD + \sum bZ + \sum aZ + \sum pZ + e \quad \text{---- [2.5]}$$

เมื่อ	<i>Y</i>	คือ	บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ
	<i>HTD</i>	คือ	อิทธิพลคงที่ของฝูง-วันทดสอบ
	<i>b</i>	คือ	สัมประสิทธิ์สมการถดถอยคงที่ภายใน ภูมิภาค อายุ ฤดูกาล
	<i>a</i>	คือ	สัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มสำหรับอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมที่มีความเฉพาะเจาะจงสำหรับสัตว์แต่ละตัว
	<i>p</i>	คือ	สัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มสำหรับอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวรสำหรับแม่โคแต่ละตัว
	<i>Z</i>	คือ	อิทธิพลของตัวแปรร่วมที่เกี่ยวข้องกับวันให้นมในระยะเวลาการให้นมซึ่งอธิบายรูปร่างของกราฟการให้นม
	<i>e</i>	คือ	อิทธิพลของความคลาดเคลื่อน

โมเดลย่อยสำหรับรูปร่างของกราฟการให้นมจะเหมือนกันทั้งสมการถดถอยคงที่และสมการถดถอยสุ่ม ซึ่งอาจจะเป็นฟังก์ชันของ Wilimink (1987a) ซึ่งมีตัวแปรร่วม 3 ค่า หรือฟังก์ชันของ Ali และ Schaeffer (1987) ซึ่งมีตัวแปรร่วม 5 ค่า และจากการเปรียบเทียบตัวแปรร่วมที่เป็นไปได้

สำหรับใช้ใน RRM ของ Jamrozik et al., (1997a) รายงานว่าโมเดลที่ใช้สมการถดถอยซึ่งมีตัวแปร
รวม 5 ค่าจะมีข้อดีกว่าเพียงเล็กน้อยเมื่อเปรียบเทียบจากการทำนายค่าความแปรปรวนของ
ความคลาดเคลื่อนของผลผลิตน้ำมันในแต่ละวันและต้องใช้เวลาสำหรับการคำนวณมากกว่าสม
การถดถอยซึ่งมีตัวแปรรวม 3 ค่า แต่ในทางปฏิบัติโดยเฉพาะประเทศแคนาดาตั้งแต่เดือน
กุมภาพันธ์ 1999 จะเลือกใช้ฟังก์ชันของ Wilminck (1987) โดยจะใช้เหมือนกันทั้งสมการถดถอยคง
ที่และสมการถดถอยสุ่ม แต่ Kettunen และคณะ (1998) ได้เสนอโมเดลที่เหมือนกันที่ประกอบไป
ด้วยอิทธิพลของฝูง-เดือน ของการให้ผลผลิตน้ำมัน และมีโมเดลย่อยสำหรับอิทธิพลเนื่องจากพันธุ
กรรมและสภาพแวดล้อมต่างกัน

1.4. Covariance function model (CFM)

เป็นโมเดลที่พยายามอธิบายความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของฟังก์ชันของ
บันทึกผลผลิตน้ำมันในวันทดสอบบนพื้นฐานฟังก์ชันแบบต่อเนื่อง (continuous functions)
(Kirkpatrick et al., 1994) ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมมีค่าเท่ากับเมตริกซ์ความแปรปรวนร่วม
สำหรับลักษณะที่มีข้อมูลไม่จำกัดซึ่งความแปรปรวนร่วมถูกกำหนดตามฟังก์ชันของอายุหรือเวลา
(Meyer and Hill, 1997) การเริ่มต้นจากหลายลักษณะฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมจะทำให้มีการ
ลดอันดับของเมตริกซ์ความแปรปรวนร่วมระหว่างลักษณะที่เกี่ยวข้องกันจาก n (จำนวนของ
ลักษณะ) ถึง k (จำนวนของฟังก์ชัน) Orthogonal polynomials เป็นกลุ่มของฟังก์ชันที่มีความ
เหมาะสมสำหรับอธิบายฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม การประมาณค่าของเมตริกซ์ของสัมประสิทธิ์
ของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมได้นำเสนอโดย Kirkpatrick และคณะ (1990) และ Kirkpatrick
และคณะ (1994) ลักษณะสำคัญที่ทำให้ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมเป็นที่น่าสนใจสำหรับใช้ใน
การวิเคราะห์ทางพันธุกรรมคือค่าเฉพาะและเวกเตอร์เฉพาะของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมมีการ
แปรผลของตัวเอง เช่น ค่าเฉพาะชั้นนำ (leading eigenvalue) สอดคล้องกับสัมประสิทธิ์คงที่
ของ polynomial (Meyer and Hill, 1997) ยิ่งไปกว่านั้น likelihood ratio test (LRT) สามารถใช้
เป็นตัวตัดสินได้ว่าโมเดลใดที่เป็นโมเดลที่เป็นไปได้ดีที่สุด

Meyer และ Hill (1997) และ Van der Werf และคณะ (1998) ได้แสดงให้เห็นว่า CFM
สามารถมีค่าเท่ากับ RRM ถ้าใช้ฟังก์ชันที่เหมือนกัน ในกรณีที่จำนวนของลักษณะเท่ากับ
จำนวนของฟังก์ชัน ($n=k$) CFM และ RRM จะเหมือนกันกับ MTM ดังนั้นความเหมือนกันของ
CFM และ RRM จึงขึ้นอยู่กับข้อสมมติที่ได้กำหนดขึ้น เมื่อจุดเริ่มต้นของค่าจำกัดความของโมเดล
เป็น MTM ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมจะถูกใช้เพื่อลดอันดับของเมตริกซ์ความแปรปรวนร่วม เช่น

legendre polynomial ซึ่งเป็นฟังก์ชันที่ใช้เพื่อจำลองกราฟการให้นม ส่วนมากจะใช้เป็น CFM ดังนั้นความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมจึงถูกประมาณค่าโดยวิธีการของ Kirkpatrick และคณะ (1990) ในแบบสองขั้นตอน แต่ถ้าจุดเริ่มต้นเป็น repeatability model และโมเดลของกราฟการให้นมแบบเดิม เช่น ฟังก์ชันของ Ali และ Schaeffer (1987) ถูกใช้เพื่อจำลองรูปร่างของกราฟการให้นม โมเดลชนิดนี้โดยปกติจะเรียกว่าเป็น RRM และความแปรปรวนร่วมจะถูกประมาณค่าด้วยแบบขั้นตอนเดียวตามการศึกษาของ Jamrozik และ Schaeffer (1997)

2. แบบสองขั้นตอน

ปัจจุบันนี้มีอยู่หลายประเทศที่ได้นำรูปแบบโดยทั่วไปของแนวทางนี้ไปใช้เป็นงานประจำในการประเมินค่าทางพันธุกรรม เช่น ประเทศออสเตรเลีย (Jones and Goddard, 1990) ประเทศนิวซีแลนด์ (Johnson, 1996 อ้างโดย Wiggans และ Goddard, 1997) และทางตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศสหรัฐอเมริกา (Kachman and Everett, 1989; Stanton et al., 1992; Van Tassell et al., 1992; Everett et al., 1994; ABC, 1999) สำหรับระบบของประเทศออสเตรเลียที่ได้มีการเริ่มใช้ในปี ค.ศ. 1984 (Jones and Goddard, 1990) นั้นบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบจะถูกปรับเอาอิทธิพลที่มีผลกระทบ เช่น อายุเมื่อคลอด และช่วงของการให้นม ออกไปก่อนที่จะรวมเป็นบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นม Johnson (1996) ได้รายงานว่ารระบบของประเทศนิวซีแลนด์ได้มีการใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบเพื่อที่จะประเมินแม่โค ซึ่งภายใต้ระบบที่มีการพัฒนาขึ้นมาใหม่ การปรับอิทธิพลของฝูง-วันทดสอบจะประมาณได้โดยการประยุกต์ใช้ฟังก์ชันกราฟการให้นมของ Wood (1967) บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบหรือความคลาดเคลื่อนสุ่มหลังจากการปรับแล้วจะถูกรวมกันเป็นบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นม บันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ได้ทำให้เป็นมาตรฐานแล้วจะนำไปเป็นตัวหลักเพื่อที่จะวิเคราะห์ด้วย AM ต่อไป The Cornell group (ABC, 1999) จะปรับบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบสำหรับอิทธิพลเนื่องจากการจัดการภายในฝูง อายุ วันให้นม เดือนที่คลอด และสภาพการตั้งท้อง ก่อนที่จะรวมเป็นบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 320 วัน

Wiggans และ Gengler (1999) ได้เสนอแนวทางแบบสองขั้นตอนสำหรับใช้ในการวิเคราะห์และประเมินค่าทางพันธุกรรมอย่างเป็นทางการของประเทศสหรัฐอเมริกาซึ่งเริ่มใช้ในปี ค.ศ. 2000 โดยอันดับแรกบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบจะถูกปรับสำหรับอิทธิพลเนื่องจากอายุ-ฤดูกาลคลอด ระยะเวลาตั้งแต่คลอดถึงผสมติด ความถี่ในการรีดนม ช่วงเวลาของระยะเวลา

ให้นม อายุที่รีดนม และจำนวนวันที่ตั้งท้อง และต่อจากนั้น EBV สำหรับบันทึกผลผลิตน้ำนมใน
ระยะการให้นมจึงถูกประมาณโดยวิธีการที่ใช้ AM ที่มีอยู่ในปัจจุบัน

ปัญหาบางอย่างของการใช้โมเดลต่างๆในการวิเคราะห์ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในวัน
ทดสอบยังไม่ได้มีการชี้ให้เห็นกันอย่างแท้จริง ปัญหาที่สำคัญของการใช้ FRM คือความแปรปรวน
ของความคลาดเคลื่อนที่ต่างกัน (heterogeneity) ระหว่างระยะการให้นม (Ptak and Schaeffer,
1993) แต่สามารถแก้ปัญหานี้ได้โดยการใช้ MTM แต่ปัญหาที่ตามมาคือจะมีจำนวนข้อมูลเพิ่มขึ้น
มากกว่าแนวทางเดิมเกือบ 10 เท่า ซึ่งทำให้มีภาระในการคำนวณเพิ่มขึ้นเหมือนกับการใช้ RRM ที่
พารามิเตอร์ที่จะใช้สำหรับการจำลองอิทธิพลทางพันธุกรรมเพิ่มขึ้น (Jamrozik et al., 1997b)

อย่างไรก็ตามการใช้ RRM ในการวิเคราะห์จะต้องพิจารณาถึงอันดับและชนิดของ RRM
อันดับของสมการถดถอยที่สูงกว่ามีแนวโน้มที่จะจำลองรูปร่างของความแปรปรวนได้ดีกว่า
(Jamrozik and Schaeffer, 1997; Jamrozik et al., 1997a; Pool and Meuwissen, 1999; Van
der Werf et al., 1998) แต่จะเพิ่มจำนวนพารามิเตอร์ที่มากขึ้นและคุณสมบัติของการประเมินค่า
ของตัวแปรจะไม่ดี เช่น สมการถดถอยที่มี 3 อันดับสามารถให้ผลที่เหมาะสมที่สุดในช่วงกลาง
ของระยะการให้นม แต่จะไม่เหมาะสมในส่วนปลายของระยะการให้นม

ดังนั้นการเลือกโมเดลที่เหมาะสมสำหรับใช้ในการประเมินค่าทางพันธุกรรมอาจจะแตกต่างกันไปในแต่ละประเทศ ถ้าใช้โมเดลไม่เหมาะสมอิทธิพลที่มีผลกระทบเนื่องจากพันธุกรรมและ
สภาพแวดล้อมจะปนกัน หลักเกณฑ์สำคัญสำหรับเลือกใช้โมเดลที่เหมาะสมคือให้เลือกโมเดลที่มี
ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนน้อยที่สุดและมีผลจากพันธุกรรมมากที่สุด (Swalve, 2000)

สำหรับประเทศที่ไม่ได้เก็บข้อมูลของบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบมาก่อน การปรับ
เปลี่ยนไปใช้ TDM จะทำได้ง่ายและสะดวกขึ้นถ้าใช้แนวทางแบบสองขั้นตอน เพราะว่าการรวมข้อมูล
ของบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมและบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบเป็นไปอย่าง
ตรงไปตรงมามากกว่าการใช้แนวทางแบบขั้นตอนเดียว การรวมบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการ
ให้นมที่ผ่านมากับบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบที่เป็นปัจจุบันเป็นสิ่งจำเป็นเพราะว่าการ
พิสูจน์ของสัตว์ที่มีชีวิตสามารถเปลี่ยนแปลงอย่างมากเมื่อมีการปรับเปลี่ยนเกิดขึ้นเพราะอิทธิพล
ของสัตว์รุ่นที่เก่าสุดไม่มีบันทึกการให้ผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบแต่เกี่ยวข้องกับสัตว์ที่ยังมีชีวิตซึ่ง
มีบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ (Swalve, 2000)

วิธีการประมาณค่าพารามิเตอร์สำหรับบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ

โมเดลซึ่งประกอบไปด้วยอิทธิพลสุ่ม การประเมินค่าพารามิเตอร์ถือได้ว่าเป็นสิ่งที่สำคัญมากประการแรกสุดในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ เพราะค่าที่ได้จากการประมาณจะเป็นตัวชี้วัดทำให้เกิดความเข้าใจในกลไกการถ่ายทอดทางพันธุกรรมมากขึ้น และเป็นค่าเริ่มต้นสำหรับใช้ในการประเมิน EBV ของสัตว์ ถ้าค่าพารามิเตอร์ที่ได้จากการประมาณไม่ถูกต้องหรือมีอคติจะทำให้ EBV ที่ประเมินได้อาจเป็นค่าที่ไม่ถูกต้อง โดยทั่วไปการประเมินค่าพารามิเตอร์จะต้องอยู่บนพื้นฐานของการมีข้อมูลที่เพียงพอ และโครงสร้างของข้อมูล การประมาณอาจใช้ข้อมูลแตกต่างกันตามชนิดของข้อมูล เช่น ข้อมูลจากภาคสนามจะใช้มากกว่าข้อมูลจากการทดลอง โดยจะทำการประมาณค่าพารามิเตอร์ก็ต่อเมื่อเราสนใจลักษณะใหม่ๆ ลักษณะหนึ่ง ค่าพารามิเตอร์อาจมีการเปลี่ยนแปลงตามระยะเวลา และมีการเปลี่ยนแปลงเกิดขึ้นในประชากรหนึ่ง ๆ เนื่องมาจากการย้ายเข้ามาของสัตว์ (Sivarajasingam et al., 1998) จะเห็นว่าโมเดลที่ใช้สำหรับวิเคราะห์บันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันหรือวิเคราะห์บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบอย่างง่ายที่รู้จักกันดีจะอยู่ในรูปแบบของ repeatability model มีอิทธิพลสุ่ม เช่น ตัวสัตว์ สภาพแวดล้อมถาวร และปฏิกริยาร่วมระหว่างฝูงกับพ่อพันธุ์ ซึ่งต้องการพารามิเตอร์เพียง 2-3 ตัว ขณะที่โมเดลที่ใช้สำหรับวิเคราะห์บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบซึ่งมีความซับซ้อนมากกว่าอาจต้องการพารามิเตอร์จำนวนมากกว่า ซึ่งการประมาณโดยใช้โมเดลที่มีพารามิเตอร์จำนวนมากจะทำให้สิ้นเปลืองและใช้เวลาในการคำนวณมากขึ้นแต่ความถูกต้องมากกว่า หากมีความไม่ถูกต้องเพียงเล็กน้อยในพารามิเตอร์สำหรับสมการถดถอยที่มีอันดับที่สูงกว่าจะให้ค่าอัตราพันธุกรรมที่มากผิดปกติที่ส่วนปลายของวันให้นม ซึ่งเป็นค่าที่ไม่จริง (artifacts) (Van der Werf et al., 1998) ดังนั้นการประมาณค่าพารามิเตอร์จึงต้องพิจารณาขนาดของข้อมูล ชนิดของข้อมูล และวิธีการในการวิเคราะห์ที่เหมาะสม ด้วย (Misztal et al., 2000)

Lee (2000) ได้สรุปวิธีการโดยทั่วไปสำหรับประมาณค่าพารามิเตอร์ว่าวิธีการต่างๆหลายวิธี เช่น วิธีของ Henderson (1984) โดยใช้สมการกำลังสองน้อยที่สุด (least squares equation), minimum variance quadratic unbiased estimation (MIVQUE), likelihood method เช่น maximum likelihood (ML) และ restricted maximum likelihood (REML), Gibbs sampling method, method R และวิธีที่มีโมเดลไม่ใช่เส้นตรง แต่วิธีการที่ใช้ในการประมาณค่าพารามิเตอร์สำหรับบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบนั้นส่วนใหญ่จะได้มาจาก 3 วิธี คือ

1. General-model REML (GM REML)

เป็นวิธี ML ที่ใช้หากลุ่มของพารามิเตอร์ซึ่งให้ความเหมือนของข้อมูลมากที่สุด โดยพิจารณาถึงความสูญเสียของระดับความเป็นอิสระเนื่องจากปรับอิทธิพลคงที่ และเป็นวิธีที่ต้องการให้ค่าสังเกตนั้นมีการกระจายแบบปกติหลายโค้ง (multivariate normal distribution) แต่ Meyer (1990) ชี้ให้เห็นว่าการใช้ REML เป็นตัวประเมินที่อาจจะมีความเหมาะสมแม้ว่าค่าสังเกตนั้นจะไม่มีกรกระจายแบบปกติ ปัจจุบันนี้การวิเคราะห์ด้วย REML ส่วนมากจะใช้วิธีการหาอนุพันธ์ (derivative REML) ซึ่งแตกต่างกับวิธีการที่ไม่ต้องหาอนุพันธ์ (derivative-free REML) เพราะจะให้ตัวเลขที่มีเสถียรภาพมากกว่าเมื่อจำนวนพารามิเตอร์มากขึ้น

Expectation-maximization (EM) algorithm (Little and Rubin, 1987 อ้างโดย Misztal et al., 2000) เป็นวิธีที่ใช้เพียงการหาอนุพันธ์แรกของฟังก์ชันความน่าจะเป็น (likelihood) เช่นตามที่ใช้ใน REMLF90 (Misztal, 1999) มีเสถียรภาพมาก แต่คำตอบที่แท้จริงต่ำ และอาจจำเป็นต้องใช้จำนวนรอบที่วนซ้ำ 100-300 รอบสำหรับคำตอบที่น่าพอใจ

Average information (AI) REML (Meyer, 1997 อ้างโดย Misztal et al., 2000) เป็นวิธีที่ใช้การหาอนุพันธ์แรก และที่ 2 ของฟังก์ชันความน่าจะเป็น ซึ่งอาจจะให้คำตอบที่แท้จริงเร็วที่สุดด้วยจำนวนรอบที่วนซ้ำน้อยกว่า 10 รอบ แต่ในกรณีที่เมตริกซ์ของ AI ไม่มีค่ากำหนดที่เป็นบวก (positive definite) อาจจะทำให้ไม่ได้คำตอบที่แท้จริงออกมาหรือการคำนวณจะช้ามาก

2. General-model Markov Chain Monte Carlo (MCMC)

เป็นวิธีที่รู้จักกันในชื่อ Gibbs sampling (Jensen et al., 1994 อ้างโดย Misztal et al., 2000) และกำลังได้รับความนิยม โดยต้องการเพียงที่จัดเก็บของสมการโมเดลผสม (mixed model equation, MME) ด้วยเหตุนี้จึงมีความต้องการหน่วยความจำในสัดส่วนที่เหมาะสมกับจำนวนสัตว์ที่มี เวลาในการคำนวณต่อรอบจะเพิ่มขึ้นอย่างเป็นเส้นตรงกับจำนวนสัตว์ นอกจากนี้การเพิ่มจำนวนลักษณะที่ศึกษาและอันดับของสมการถดถอยสุ่มจากกำลังสองสำหรับการสุ่มที่มีขนาดแต่ไม่มีทิศทาง (scalar sampling) เป็นกำลังสามสำหรับการสุ่มเป็นกลุ่ม (block sampling) ด้วยกลุ่มขนาดใหญ่ การสุ่มเป็นกลุ่มจะทำให้เกิดการผสมของข้อมูลที่เร็วกว่ามาก ดังนั้นจำนวนรอบวนซ้ำที่ใช้เพื่อที่จะได้รับ posterior mean ที่ถูกต้องก็น้อยกว่า จำนวนรอบที่จำเป็นจะแตกต่างจากวิธี

REML โดยจะใช้จำนวนรอบประมาณ 100,000 รอบหรือมากกว่าซึ่งทำให้ต้องใช้เวลาในการวิเคราะห์ยาวนานขึ้น

3. Canonical transformation REML (CT REML)

เป็นวิธีการที่นำเสนอโดย Meyer (1985) อ้างโดย Misztal et al., 2000 โดยได้มีการขยายการใช้ REML จากในลักษณะเดียวไปเป็นหลายลักษณะด้วยต้นทุนที่ต่ำ วิธีนี้มีข้อจำกัดคือโมเดลที่ใช้แต่ละลักษณะจะต้องเหมือนกัน ไม่มีการสูญหายของลักษณะ และมีอิทธิพลสุ่มได้ 1 ตัว แต่การประมาณที่ได้ค่าใกล้เคียงสามารถทำได้โดยใช้หลายอิทธิพลสุ่มได้ (Lin and Smith, 1990; Misztal et al., 1995) ข้อได้เปรียบที่สำคัญของ CT REML (Meyer, 1985 อ้างโดย Misztal et al., 2000) คือเรื่องค่าใช้จ่าย เพราะว่าเมื่อจำนวนลักษณะเพิ่มขึ้น การคำนวณก็เพิ่มขึ้น แต่การใช้หน่วยความจำเพิ่มขึ้นน้อยมาก วิธีการ CT REML บรรจุกลไกเพื่อที่จะคำนวณค่าประมาณอย่างน่าเชื่อถือจากลักษณะที่เกี่ยวข้องกันสูง ขณะที่ GM REML มีข้อจำกัดคือสามารถคำนวณได้เพียง 6 ลักษณะ ส่วน CT REML สามารถรองรับได้มากกว่า 30 ลักษณะด้วยชุดของข้อมูลที่มีขนาดใหญ่กว่า

ปัจจุบันนี้การวิเคราะห์ด้วยวิธี MCMC ที่มีการสุ่มเป็นกลุ่ม (block Gibbs sampling) และมีเมตริกซ์ขนาดใหญ่ที่สุด คือการวิเคราะห์ของ Jamrozik และคณะ (1998) โดยพิจารณาจากจำนวนของพารามิเตอร์ที่ประมาณได้คือโมเดลที่วิเคราะห์ 12 ลักษณะ (ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม 4 ลักษณะ x 3 ระยะการให้นม) ซึ่งใช้ RRM ด้วยฟังก์ชันของ Wilmink (1987a) มีการคำนวณด้วยจำนวนสัตว์ที่มีข้อมูลประมาณ 3,700 ตัว ใช้เวลาเป็นสัปดาห์ และเมื่อขยายต่อไปโดยใช้สมการถดถอยสุ่มอันดับที่ 4 การวิเคราะห์ที่เหมือนกันจะใช้เวลาในการคำนวณ 3.5 เดือน ส่วนการวิเคราะห์ที่มีเมตริกซ์ขนาดใหญ่ที่สุดด้วยวิธี REML นั้นเป็นการศึกษาของ Strabel และ Misztal (1999) ที่วิเคราะห์ 2 ลักษณะ ด้วย quadratic RRM โดยมีจำนวนสัตว์ที่มีข้อมูลประมาณ 12,000 ตัว การคำนวณใช้ EM-REML algorithm ซึ่งช่วยเร่งเวลาให้เร็วขึ้นใช้เวลาประมาณ 2 สัปดาห์

ค่าอัตราพันธุกรรม (heritability, h^2)

ค่าอัตราพันธุกรรม โดยทั่วไปหมายถึงสัดส่วนความแปรปรวนของลักษณะปรากฏอันเนื่องมาจากความแปรปรวนของพันธุกรรม หรืออาจกล่าวได้ว่าเป็นค่าสัมประสิทธิ์การถดถอยของความสามารถทางพันธุกรรมต่อลักษณะปรากฏ นั่นคือ

$$b_{G|P} = \frac{COV(G,P)}{V_P} \quad \text{เมื่อ } COV(GE) = 0$$

แต่ค่าอัตราพันธุกรรมที่ต้องการใช้ในการปรับปรุงพันธุ์เป็นอัตราพันธุกรรมอย่างแคบ (heritability in narrow sense) ซึ่งเป็นสัดส่วนของความแปรปรวนที่มีผลเนื่องมาจากยีนแบบรวมสะสมหรือ EBV ต่อความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ

ดังนั้น

$$\begin{aligned} b_{A|P} &= \frac{COV(A,P)}{V_P} = \frac{COV(A,A) + COV(A,D) + COV(A,I) + COV(A,E)}{V_P} \\ &= \frac{V_A + 0 + 0 + 0}{V_P} \\ &= h^2 \end{aligned} \quad \text{----[2.6]}$$

ค่าอัตราพันธุกรรมนี้ถือว่าเป็นคุณสมบัติเฉพาะของลักษณะหนึ่งของสัตว์แต่ละชนิดที่อยู่ในประชากรหนึ่งภายใต้สภาพแวดล้อมหนึ่งเท่านั้น หากต้องการนำค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการประเมินในประชากรอื่นมาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์กับอีกประชากรหนึ่ง จำเป็นต้องพิจารณาความคล้ายคลึงกันของประชากร และสภาพแวดล้อมด้วย (Falconer and Mackay, 1996) โดยทั่วไปค่าอัตราพันธุกรรมจะมีความแตกต่างกันไปตาม กลุ่มประชากร และวิธีการศึกษา ระดับของค่าอัตราพันธุกรรมในทางทฤษฎีมีค่าได้ตั้งแต่ 0 ถึง 1 (สมชัย จันทร์สว่าง, 2530) สามารถแบ่งออกได้เป็นกลุ่ม คือ ลักษณะที่มีอัตราพันธุกรรมระดับสูง (>0.5) อัตราพันธุกรรมระดับปานกลาง ($0.2-0.5$) และอัตราพันธุกรรมระดับต่ำ (<0.2) (จันทร์จรัส เรียวเดชะ, 2534)

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในโคนม เช่น ปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และเปอร์เซ็นต์โปรตีนนม โดยใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะเวลาการให้นมได้มีการตรวจสอบเอกสารตั้งแต่ปี 1967-1985 โดยวิโรจน์ ภู่ออง (2530) รายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมของ

ลักษณะปริมาณน้ำนมจะมีค่าอยู่ระหว่าง 0.09 ถึง 0.66 และการตรวจเอกสารตั้งแต่ปี 1987-1994 โดยเทียมพบ ก้านเหลือง (2541) รายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมจะมีค่าอยู่ระหว่าง 0.15 ถึง 0.44 ส่วนค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในโคนมโดยใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบจากการตรวจเอกสารตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบัน ซึ่งการศึกษาส่วนใหญ่จะเป็นการศึกษาของลักษณะปริมาณน้ำนม สามารถจำแนกค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้เป็น 2 ลักษณะคือ

1. ค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับแต่ละบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ
2. ค่าอัตราพันธุกรรมภายใต้โมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ (TDM)

ค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับแต่ละบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบเป็นค่าที่ได้จากแต่ละบันทึกของผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบแยกกันต่างหาก ให้เป็นหลักเกณฑ์ในการคัดเลือก ซึ่งจะไม่เหมือนกับค่าอัตราพันธุกรรมภายใต้ TDM ที่เป็นค่าที่ได้มาจากการพิจารณาหลายวันทดสอบต่อแต่ละระยะการให้นม (Swalve, 1998)

1. ค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับแต่ละบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ

จากการตรวจเอกสารสามารถสรุปค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบที่มีวิธีการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและใช้โมเดลต่างๆกันได้ดังตารางที่ 2.1 โดยค่าอัตราพันธุกรรมจะมีค่าต่ำในช่วงต้นและช่วงท้ายของระยะการให้นม และจะสูงขึ้นในช่วงกลางของระยะการให้นม (Keown and Van Vleck, 1970; Wilmlink, 1987b; Meyer et al., 1989 ; Pander et al., 1992; Reents et al., 1994; Swalve, 1995; Rekaya, 1995 อ้างโดย Swalve, 1998; Vargas et al., 1998; Machado et al., 1998; Rekaya et al., 1999) ยกเว้นการศึกษาของ Dalal และคณะ (1999) ที่ได้ค่าอัตราพันธุกรรมไม่เป็นไปตามรูปแบบของการศึกษาส่วนใหญ่ รวมทั้งมีค่าน้อยกว่ามาก ซึ่งอาจจะเนื่องมาจากจำนวนข้อมูลที่ใช้ศึกษามีจำนวนน้อย อย่างไรก็ตามเมื่อเปรียบเทียบกับค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันจะเห็นว่าค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบจะมีค่าไม่ถึงค่าที่ได้จากปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน แต่จะมีค่าใกล้เคียงอยู่ที่ช่วงกลางของระยะการให้นม นอกจากนี้ Vargas et al. (1998) ยังได้รายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบในระยะการให้นมหลังจะสูงกว่าค่าอัตราพันธุกรรมในระยะการให้นมครั้งแรก และเมื่อมีการใช้บันทึกที่ปรับเป็นมาตรฐานแทนบันทึกการให้ผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบที่แท้จริงแล้วจะให้ค่าอัตราพันธุกรรมที่สูงกว่าเนื่องมาจากความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนลดลง และการเพิ่มขึ้นของความแปรปรวนทางพันธุกรรม (Swalve, 1995)

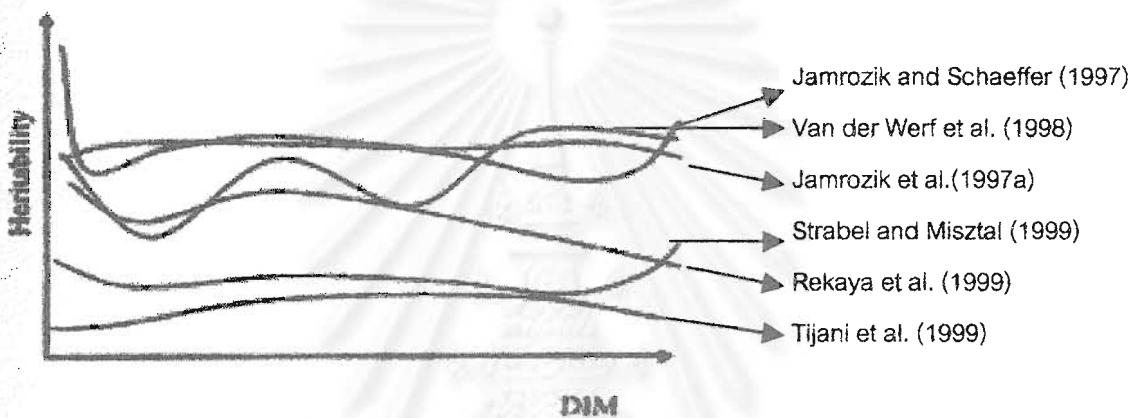
2. ค่าอัตราพันธุกรรมภายใต้โมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ (TDM)

ค่าเฉลี่ยและรูปร่างกราฟของค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้ภายใต้ TDM ต่างๆจะมีความผันแปรแตกต่างกันไปตามชนิดโมเดล วิธีวิเคราะห์ และกลุ่มของประชากรที่แตกต่างกัน สามารถสรุปได้ดังตารางที่ 2.2 โดยตามแนวทางแบบสองขั้นตอนค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้ภายใต้ TDM สามารถเปรียบเทียบได้โดยตรงกับค่าที่สอดคล้องกันจากบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน และพบว่ามีความสูงกว่ค่าที่ได้จากบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน ซึ่งชี้ให้เห็นถึงข้อได้เปรียบของ TDM ในเรื่องความถูกต้องของการประเมินค่าทางพันธุกรรมได้อย่างชัดเจน ส่วนแนวทางแบบขั้นตอนเดียว ข้อได้เปรียบเช่นนี้ไม่ชัดเจนเมื่อค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้ภายใต้ TDM เปรียบเทียบกับค่าที่สอดคล้องกันจากบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน เว้นเสียแต่ค่าประมาณสำหรับ TDM มีขนาดเท่ากับหรือสูงกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับแนวทางเดิม สิ่งนี้จะเห็นได้ชัดในกรณีการศึกษาของ Strabel และ Swaczkowski (1997) ซึ่งต่างไปจากการศึกษาของนักวิจัยท่านอื่นๆ ที่รายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมภายใต้ TDM มีค่าต่ำกว่า (Swalve, 1995; Poso et al., 1996 อ้างโดย Swalve (1998); Glengler et al., 1999) การเปรียบเทียบแบบคร่าวๆ ของการประมาณด้วย FRM/MTM และ CFM/RRM อาจทำได้โดยการใช้ผลการศึกษาของ Reents และคณะ (1995a) และ Jamrozik และ Schaeffer (1997) เพราะการศึกษาทั้งสองได้ใช้ข้อมูลของประเทศแคนาดาเหมือนกัน หรือใช้ผลการศึกษาของ Rekaya และคณะ (1999) เพราะได้มีการวิเคราะห์ทั้งสองแบบนี้โดยใช้ข้อมูลชุดเดียวกัน ซึ่งได้ชี้ให้เห็นถึงค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการประมาณภายใต้ CFM/RRM มีค่าสูงกว่าการประมาณภายใต้ FRM/MTM เล็กน้อย

ค่าอัตราพันธุกรรมเฉลี่ยเป็นรายวันของระยะเวลาให้นมที่ 1 จะมีค่าใกล้เคียง 0.17 แต่พบค่าต่ำสุดเท่ากับ 0.11 (Verkamp and Goddard., 1998) และค่าสูงสุดเท่ากับ 0.43 (Van der Werf et al., 1998) รูปร่างกราฟของค่าอัตราพันธุกรรมที่มีรายงานมากที่สุดคือค่าอัตราพันธุกรรมในระยะเวลาให้นมครั้งแรก ซึ่งมีความผันแปรของค่าอัตราพันธุกรรมดังแสดงในรูปที่ 2.1

โดยทั่วไปแล้วในการวิเคราะห์ด้วย RRM ค่าอัตราพันธุกรรมจะเพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็วที่ส่วนปลายของระยะเวลาให้นม (Van der Werf et al., 1998; Strabel and Misztal, 1999) การเพิ่มขึ้นเช่นนี้จะมีมากขึ้นเมื่อโมเดลที่ใช้ในการวิเคราะห์มีการกำหนดให้ความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวรคงที่ (Jamrozik and Schaeffer, 1997; Kettunen et al., 1998; Strabel and Misztal, 1999) การเพิ่มขึ้นของค่าอัตราพันธุกรรมจะมีค่าน้อยกว่าเมื่อการวิเคราะห์ของระยะเวลาให้นมทั้ง 2

เหมือนกับเป็นหลายลักษณะ (Strabel and Misztal, 1999) และเมื่อการวิเคราะห์ให้เพียงบันทึก
 ระยะการให้นมที่สมบูรณ์ (Pool and Meuwissen, 1999) โดยเฉพาะการศึกษาด้วยตัวแปรร่วมของ
 สมการถดถอย 5 ค่าของ Rekaya และคณะ (1999) รายงานว่าที่จุดเริ่มต้นของการให้นมจะมีรูป
 ร่างกราฟของค่าอัตราพันธุกรรมที่โค้งชันมาก (sharp spike) และเมื่อเปรียบกับ MTM ที่ใช้ข้อมูล
 ชุดเดียวกันจะเห็นว่ามึรูปร่างที่แตกต่างกัน ซึ่งสามารถชี้ให้เห็นว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่มีค่าสูงที่
 ส่วนปลายของการให้นมนั้นมีข้อบกพร่องและเป็นค่าที่ไม่จริง



รูปที่ 2.1 แสดงความผันแปรของค่าอัตราพันธุกรรมโดยประมาณในระยะการให้นมครั้งแรก

ตารางที่ 2.1 ค่าอัตราพันธุกรรม (x100) ของบันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบและบันทึกปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน สำหรับระยะเวลาให้นมครั้งแรก

เอกสารอ้างอิง	วิธี/โมเดล ^A	ชนิด ^B	ค่าอัตราพันธุกรรม (x 100)										
			บันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ										บันทึกที่ 305 วัน
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Keown และ Van Vleck (1970)	HDS 1/SM	TDI	14	14	20	20	22	24	23	23	22	20	25
Wilmlink (198b)	REML/SM	CSI	16	25	29	30	30	29	29	25	26		31
Meyer และคณะ (1989) ^C	REML/SM	TDI	20	22	25	27	24	25	24	24	21	17	37
Pander และคณะ (1992) ^D	REML/SM	TD	27	33	34	36	35	38	39	43			49
Reents และคณะ (1994)	REML/AM	TD	10	14	21	30	32	37	35	31	30		
Swalve (1995)	REML/AM	TD	18	24	28	33	33	36	31	26			39
		ASI	18	24	29	34	34	37	35	33	30		
Rekaya (1995) อ้างโดย swalve(1998)	REML/AM	TD	18	19	22	21	23	25	25	27	28		31
Vargas และคณะ (1998) ^E	REML/AM	TD	23	15	20	21	17	15	20	23	19	23	
			13	16	21	20	22	22	24	24	23	20	
Dalal และคณะ (1999) ^F	HDS 3/SM	TD	06	31	08	20	13	09	05	04	18	18	11
Machado และคณะ (1998) ^G	REML/SM	TD	20	20	20	20	32	20	24	16	12	04	
Rekaya(1999) ^H	MCMC/AM	TD	26	30	31	33	29	30	32	31	23	19	

^A HDS 1,3 = Henderson 1,3 ; REML= Restricted maximum likelihood; MCMC= Markov Chain Monte Carlo (Gibbs sampling method) ; SM= sire model; AM= animal model

^B ASI=ปริมาณผลผลิตน้ำนมเฉลี่ยในช่วงเวลา 30 วัน CSI= ปริมาณผลผลิตน้ำนมที่สะสมในช่วงเวลา 30 วัน TD=บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบตามบันทึกวันให้นม TDI=บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบที่มีช่วงเท่ากัน

^C ผลที่รวบรวมจากค่าประมาณของข้อมูล 3 ชุด ระยะเวลาให้นมที่สมบูรณ์ที่ 300 วัน วิเคราะห์ที่ละ 2 ลักษณะ

^D ผลที่ได้จากชุดข้อมูลที่ 1 ซึ่งใช้สำหรับการวิเคราะห์พร้อมกันของวันทดสอบที่ 1(TD1) ถึงวันทดสอบที่ 8 (TD8)

^E แถวแรกเป็นผลที่ได้จากระยะการให้นมที่ 1 แถวที่สองเป็นผลที่ได้จากระยะการให้นมตั้งแต่ที่ 2 ขึ้นไป

^F เป็นผลจากการคำนวณโดย half-sib correlation method

^G อธิปไตยของช่วงระหว่างคลอดถึงวันทดสอบครั้งแรกของ TD3 เป็นต้นไปจะไม่รวมเข้าไปในการวิเคราะห์

^H เป็นผลที่ได้จากระยะการให้นมที่สมบูรณ์ คือมากกว่าหรือเท่ากับ 285 วัน ซึ่งมีจำนวนบันทึกเท่ากันยกเว้น TD10

ตารางที่ 2.2 ค่าอัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมจากแนวทางการใช้โมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ

เอกสารอ้างอิง	วิธี/โมเดล ^A	ค่าอัตราพันธุกรรม (x 100) ^B					
		แนวทางการใช้ TDM			ค่าประมาณที่ 305 วัน		
		M	F	P	M	F	P
แบบขั้นตอนเดียว							
Fixed regression model(FRM) / Multiple traits model(MTM)							
Meyer และคณะ (1989) ^C	REML, SM	17	14	13	17	13	
Swalve (1995) ^D	REML, AM	24	16	16	39	32	30
		28	18	19			
Reents และคณะ (1995a) ^E	MT, MCMC (Gibbs), AM	30	25	25			
		24	20	23			
		23	18	20			
Poso และคณะ (1996) ^F อ้างโดย Swalve (1998)	REML, SM	23			32		
Strabel และ Swaczkowski(1997) ^G	REML, SM	27	22	25	16	10	12
		29	20	20	15	10	11
Kettunen และคณะ (1998) ^H	MT, REML, AM	29					
Rekaya et al.(1999) ^I	MT, MCMC (Gibbs), AM	30		28			
		27		26			
		24		24			
Gengler และคณะ (1999) ^J	MT, REML, AM	27	25	25	28	26	26
Covariance function model(CFM) / Random regression model(RRM)							
Jamrozik และ Schaeffer(1997) ^K	MCMC (Gibbs),AM	40-59	35-68	33-69			
Jamrozik และ Schaeffer(1997c) ^L	MCMC (Gibbs),AM	38-40					
		37-40					
		36-42					
Kettunen และคณะ (1998) ^M	MT, REML, AM	41-58					
		31-52					
Rekaya และคณะ (1999) ^N	MCMC (Gibbs), AM	30-67					
		24-34					
Olori และคณะ (1999) ^O	REML,AM	22-50					
		31-51					
		41-52					

ตารางที่ 2.2 (ต่อ) ค่าอัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมจากแนวทางการใช้โมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ

เอกสารอ้างอิง	วิธี/โมเดล ^A	ค่าอัตราพันธุกรรม (x 100) ^B					
		แนวทางการใช้ TD			ค่าประมาณที่ 305 วัน		
		M	F	P	M	F	P
Strabel และ Misztal (1999) ^P	REML,AM	14-19 10-16	11-16 11-22	10-15 06-15			
Tijani และคณะ (1999) ^Q	REML,AM	16-22	10-18	15-19			
Brotherstone และคณะ (2000) ^R	REML, AM	13-24 08-22 06-25 08-27 09-32					
แบบสองขั้นตอน							
Meyer และคณะ (1989) ^S	MT, REML,SM	38 42 33			36 42 33		
Van Tassell และคณะ (1992) ^T	MT, REML, SM	+12%	+11%	+17%			
Visscher และ Goddard(1995) ^U	MT REML,SM	33 39	29 37	29 35	24 28	20 26	21 26

^A MT = multiple trait ; REML= restricted maximum likelihood; MCMC= Markov Chain Monte Carlo (Gibbs sampling method) ; SM= sire model; AM= animal model

^B M = milk yield ; F = fat yield ; P = protein yield

^C การประมาณที่สอดคล้องกันที่ได้มาจาก Meyer (1985) อ้างโดย Swalve (1998) สำหรับข้อมูลจาก NSW ที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้

^D แถวแรกใช้โมเดลที่มีอิทธิพลของฝูง-ปี-ฤดูกาล แถวที่สองใช้โมเดลที่มีอิทธิพลของฝูง-วันทดสอบ

^E ค่าประมาณสำหรับระยะเวลาให้นมครั้งแรก, ครั้งที่ 2 และ ครั้งที่ 3

^F โมเดลที่มีอิทธิพลของฝูง-วันทดสอบ

^G แถวแรกใช้บันทึกที่เป็นข้อมูลดิบ แถวที่สองใช้บันทึกที่เป็นข้อมูลที่มีการเปลี่ยนแปลง (Box-Cox)

^H เป็นผลที่รวบรวมจากค่าเฉลี่ยโดย multiple trait

^I ใช้โมเดลที่มีอิทธิพลของฝูง-วันทดสอบ ในการวิเคราะห์ โดยแถวแรกเป็นระยะเวลาให้นมครั้งแรก แถวที่สองเป็นระยะเวลาให้นมครั้งที่ 2 และแถวที่สามเป็นระยะเวลาให้นมครั้งที่ 3

^J ในการวิเคราะห์ได้แบ่งช่วงเวลาของระยะเวลาให้นมออกเป็น 4 ช่วง แต่ละช่วงห่างกัน 75 วัน

^K สมการถดถอยคงที่และสมการถดถอยสุ่มเป็นฟังก์ชันของ Ali และ Schaeffer (1987) และความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวรคงที่

- ^L สมการถดถอยคงที่และสมการถดถอยสุ่มเป็นฟังก์ชันของ Ali และ Schaeffer (1987) และความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวรไม่คงที่ แกวแรกเป็นระยะเวลาให้นมครั้งแรก แกวที่สองเป็นระยะเวลาให้นมครั้งที่ 2 แกวที่สามเป็นระยะเวลาให้นมครั้งที่ 3
- ^M สมการถดถอยคงที่เป็นฟังก์ชันของ Ali และคณะ (1987) ส่วนสมการถดถอยสุ่มในแกวแรกเป็นฟังก์ชันของ Ali และ Schaeffer (1987) และในแกวที่สองเป็นฟังก์ชันของ Snedecor และ Cochran (1980)
- ^N แกวแรกเป็นผลมาจากโมเดลที่อิทธิพลทางพันธุกรรมถูกอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่มอย่างเดียว ส่วนแกวที่สองทั้งอิทธิพลทางพันธุกรรมและอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรถูกอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่ม
- ^O เป็นผลมาจาก orthogonal polynomial regression ที่มีลำดับต่างๆ คือ แกวแรกเป็น quadratic แกวที่สองเป็น cubic และแกวที่สามเป็น quartic
- ^P เป็นผลมาจากฟังก์ชันของ legendre polynomial regression โดยแกวแรกเป็นระยะเวลาให้นมครั้งแรก แกวที่สองเป็นระยะเวลาให้นมครั้งที่ 2
- ^Q เป็นผลมาจากฟังก์ชันของ legendre polynomial regression
- ^R เป็นผลมาจากฟังก์ชันของ legendre polynomial regression ที่มีลำดับต่างๆ (quadratic, cubic และ quartic) ในแกวที่แรกถึงแกวที่สาม ตามลำดับ แกวที่สี่เป็นผลมาจากฟังก์ชันของ Wilink (1987a) และแกวที่ห้าเป็นผลมาจากฟังก์ชันของ Ali และ Schaeffer (1987)
- ^S เป็นผลจากชุดข้อมูล 3 ชุด 9 TD ต่อระยะเวลาให้นมที่ได้พิจารณา
- ^T ค่าประมาณไม่ได้ให้ เปอร์เซ็นต์เพิ่มขึ้นมากกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับแนวทาง ระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน
- ^U แกวแรกเป็นของโคพันธุโฮลสไตน์ แกวที่สองเป็นของโคพันธุเจอร์ซี่

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ (genetic correlation and phenotypic correlation , r_{gg} , and r_{pp})

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม เป็นความสัมพันธ์ร่วมทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะ 2 ลักษณะที่มีสาเหตุมาจากการยีนบนตำแหน่งหนึ่งมีผลในการควบคุมลักษณะมากกว่าหนึ่งลักษณะ (pleiotropy) หรือเนื่องจากยีน หรือกลุ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะทั้งสองมีตำแหน่งอยู่ใกล้ชิดกันบนโครโมโซมเดียวกัน (linkage) โดยสาเหตุอันหลังนี้ยีนจะถ่ายทอดไปด้วยกันจะแยกกันก็ต่อเมื่อเกิดการแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซม (crossing over) เท่านั้น ส่วนสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏนั้นเป็นความสัมพันธ์ร่วมระหว่างลักษณะ 2 ลักษณะที่มีสาเหตุมาจากพันธุกรรม และจากสภาพแวดล้อม (สมชัย จันทร์สว่าง, 2530) ทั้งสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ ที่มีต่อลักษณะทั้งสองอาจเป็นแบบสนับสนุนซึ่งกันและกัน (synergistic effect) หรืออาจเป็นแบบตรงกันข้ามกัน (antagonistic effect) มีระดับความสัมพันธ์ตั้งแต่ -1 ถึง $+1$

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏสำหรับบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบที่อยู่ใกล้ชิดต่อเนื่องกันมีค่าสูงเกือบเท่ากับ 1 และจะมีค่าลดน้อยลงไปเมื่อระยะห่างระหว่างบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบเพิ่มมากขึ้น โดยสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏจะมีค่าต่ำกว่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Wilmink, 1987b; Meyer et al., 1989; Pander et al., 1992; Reents et al., 1994; Rekaya et al., 1995 อ้างโดย Swalve, 1998; Swalve, 1995; Dalal et al., 1999; Gadini et al., 1998; Kettunen et al., 1998; Machado et al., 1998; Vargas et al., 1998; Olori et al., 1999; Rekaya et al., 1999) ถ้าพิจารณาเป็นช่วงของระยะการให้นมก็ให้ผลที่มีลักษณะทำนองเดียวกัน คือสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของช่วงระยะการให้นมที่อยู่ติดกันจะมีค่าสูงกว่าช่วงระยะการให้นมที่อยู่ห่างออกไปและสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมช่วงของระยะการให้นมเริ่มต้นกับช่วงของระยะการให้นมสุดท้ายจะมีค่าเป็นบวก (Tijani et al., 1999) แต่จากการศึกษาโดยใช้ RRM รายงานว่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมระหว่างบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบที่อยู่ส่วนปลายทั้งสองมีค่าเป็นลบหรือเข้าใกล้ศูนย์เมื่อความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวรคงที่ (Jamrozik and Schaeffer, 1997; Kettunen et al., 1998; Rekaya et al., 1999) และเมื่อสภาพแวดล้อมถาวรได้อธิบายโดยสมการถดถอยสุ่มด้วย (Jamrozik and Schaeffer, 1998; Rekaya et al., 1999; Strabel and Misztal, 1999) และเมื่อพิจารณาสหสัมพันธ์ของบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบแต่ละบันทึกกับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน ดังสรุปจากการตรวจเอกสารในตารางที่ 2.3 รายงานว่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏของบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบแต่ละบันทึกกับปริมาณน้ำนม

ในระยะเวลาให้นมที่ 305 วันจะมีค่าสูงที่สุด (>0.7) ในช่วงกลางของการให้นม ซึ่งให้ผลสอดคล้องกับการศึกษาของ Jamrozik และ Schaeffer (1997) Kettunen และคณะ (1998) และ Machado และคณะ (1998) นอกจากนี้จากการศึกษาของ Strabel และ Misztal (1999) ยังรายงานว่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างระยะเวลาให้นมที่หนึ่งและระยะเวลาให้นมที่สองมีค่าต่ำกว่า 0.5-0.6 ที่ช่วงต้นของระยะเวลาให้นม และได้เพิ่มขึ้น 0.8-0.9 ที่ช่วงท้ายของระยะเวลาให้นม ซึ่งให้ผลสอดคล้องกับการศึกษาของ Jamrozik และ Schaeffer (1997) ที่มีค่าน้อยเมื่อเปรียบเทียบกับค่าที่ได้จากการวิเคราะห์โดย repeatability model ของ Rekaya และคณะ (1999) ที่มีค่าเท่ากับ 0.94

ตารางที่ 2.3 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและค่าสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ ($\times 100$) ของบันทึกปริมาณน้ำนมใน วันทดสอบกับบันทึกปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วันสำหรับระยะเวลาให้นมครั้งแรก

เอกสารอ้างอิง	วิธี/โมเดล ^A	ชนิดบันทึก ^B	พารามิเตอร์ ^C	ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏ ($\times 100$)									
				บันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ									
				1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Keown และ Van Vleck (1970)	HDS 1/SM	TDI	r_{gg}	76	95	97	98	98	97	98	96	95	92
			r_{pp}	70	82	86	89	90	90	89	85	79	65
Wilink (1987)	REML/SM	CSI	r_{gg}	61	88	94	95	99	99	95	99	80	
Pander และคณะ (1992) ^D	REML/SM	TD	r_{gg}	87	89	97	98	99	97	98	97		
			r_{pp}	66	77	81	83	84	84	84	83		
Rekaya(1995) อ้างโดย Swalve(1998)	REML/AM	TD	r_{gg}	89	76	72	74	78	74	70	72	68	72
Dalal และคณะ(1999) ^E	HDS 3/SM	TD	r_{gg}	54	86	89	92	84	96	96	97	58	48
			r_{pp}	54	71	74	69	75	67	67	67	71	63
Machadoและคณะ (1998) ^F	REML/SM	TD	r_{gg}	100	80	92	96	89	95	100	93	78	100
			r_{pp}	56	64	97	97	76	78	95	91	74	73

^A HDS 1,3 = Henderson 1,3 ; REML= restricted maximum likelihood ; SM= sire model; AM= animal model

^B CSI = ปริมาณผลผลิตน้ำนมที่ระสมภายในช่วงเวลา 30 วัน

TD = บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบตามที่ได้บันทึกด้วยวันให้นม

TDI = บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบภายในช่วงเวลาที่เหมาะสม

^C r_{gg} = สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

r_{pp} = สหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ

^D เป็นผลที่ได้จากชุดข้อมูลที่ 1 ซึ่งใช้สำหรับการวิเคราะห์พร้อมกันของวันทดสอบที่1(TD1) ถึงวันทดสอบที่8 (TD8)

^E เป็นผลจากการคำนวณโดย half-sib correlation method

^F เป็นผลที่ได้จากระยะการให้นมที่สมบูรณ์ คือมากกว่าหรือเท่ากับ 285 วัน ซึ่งมีจำนวนบันทึกเท่ากับ TD10

ค่าการผสมพันธุ์ (breeding value, BV)

ค่าการผสมพันธุ์ หรือ ยีนรวมสะสม คือค่าประมาณความสามารถในทางพันธุกรรมของลักษณะหนึ่ง โดยประมาณจากค่าเฉลี่ยของข้อมูลลักษณะของตัวสัตว์ที่วัดได้ (จากแหล่งข้อมูลต่างๆ เช่น ข้อมูลของตัวสัตว์เอง ข้อมูลจากลูก ข้อมูลจากญาติพี่น้อง ข้อมูลจากบรรพบุรุษ) แสดงเปรียบเทียบความแตกต่างจากพันธุกรรมพื้นฐาน (genetic base) ซึ่งหมายถึงค่าเฉลี่ยของประชากรทั้งหมด ณ เวลาใดเวลาหนึ่ง โดย EBV จะแสดงในรูปความแตกต่างจากค่าพันธุกรรมพื้นฐาน ดังนั้น EBV จึงเป็นค่าสัมพัทธ์หรือค่าเปรียบเทียบ (relative value) ไม่ใช่ค่าสมบูรณ์หรือค่าปริมาณจริง (absolute value) โดยจะมีความแตกต่างกันไปในแต่ละประเทศ เนื่องจากค่ามาตรฐานย่อมแตกต่างกันไปตามประชากรโคนม วิธีการคำนวณ และแหล่งที่มาของข้อมูลของแต่ละประเทศ

ความถูกต้องแม่นยำของ EBV ขึ้นอยู่กับ แหล่งข้อมูลที่ใช้ จำนวนและความถูกต้องของการเก็บข้อมูลหรือการวัดลักษณะ การจำแนกอิทธิพลต่างๆที่นอกเหนือจากพันธุกรรมในตัวสัตว์ และความรู้ความสามารถในเชิงสถิติที่จะนำไปใช้เพื่อปรับลดอิทธิพลเหล่านี้ โดยเฉพาะจำนวนและความถูกต้องของการเก็บข้อมูล ยังมีข้อมูลจำนวนมากเท่าใดความถูกต้องในการประมาณค่ายิ่งสูงขึ้นเท่านั้น วิธีการประเมิน EBV โดยใช้แหล่งข้อมูลต่างๆสามารถศึกษาได้จาก Mrode (1996)

จากการตรวจเอกสารเกี่ยวกับการใช้บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบสำหรับประเมินค่าทางพันธุกรรมของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ดังตารางที่ 2.4 พบว่าสหสัมพันธ์ระหว่างคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จาก FRM กับคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากโมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน (305-day lactation model, 305DLM) จะมีค่าอยู่ในช่วงระหว่าง 0.87-0.97 (Ptak and Schaeffer, 1993) ซึ่งถือว่ามีค่าสูงเหมือนกับการศึกษาของ Swalve (1995) และ Akbas และคณะ (1999) โดยมีโมเดลเหมือนกัน และมีค่าใกล้เคียงกับการศึกษาของ Jamrozik และคณะ (1997b) และ Jamrozik และคณะ (1997c) ที่ EBV ที่ได้จาก RRM ซึ่งมีความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวรคงที่ และ ไม่คงที่ที่อธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่มตามลำดับ ซึ่งจะสังเกตเห็นว่าอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรที่อธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่มไม่ได้เปลี่ยนแปลงสหสัมพันธ์ของพ่อพันธุ์ในการเปรียบเทียบกับโมเดลที่มีสภาพแวดล้อมคงที่ แต่อย่างไรก็ตาม RRM ที่มีความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวรคงที่ จะประมาณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมเกินจริงและให้ค่าการผสมพันธุ์ที่เกิดอคติมากกว่าโมเดลที่สภาพแวดล้อมถาวรที่อธิบายโดยสมการถดถอยสุ่ม และเมื่อพิจารณาถึงการจัดเรียงลำดับใหม่ของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์จะพบว่ามีความแตกต่างอย่างมีนัย

สำคัญระหว่าง TDM กับ 305DLM ซึ่งการเปลี่ยนแปลงลำดับจะเกิดขึ้นสำหรับแม่พันธุ์มากกว่าพ่อพันธุ์ที่มีลูกสาวมากกว่า 20 ตัว หากประเมินด้วย TDM แล้วการจัดลำดับของพ่อพันธุ์จะไม่มีผลกระทบรุนแรง (Swalve, 1995) อย่างไรก็ตามการเปรียบเทียบ EBV สำหรับการจัดลำดับจากโมเดลต่างๆไม่ได้ชี้ว่าจะเป็นโมเดลที่ดีกว่าหรือถูกต้องมากกว่า แต่จะแสดงให้เห็นว่ามีความแตกต่างกันจริงในแต่ละโมเดล สิ่งที่จะบอกว่าการประเมินค่าจากโมเดลไหนให้ความถูกต้องมากกว่าจะต้องพิจารณาจากความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนที่น้อยกว่า (Jamrozik and Schaeffer, 2000)

ตารางที่ 2.4 ค่าสหสัมพันธ์ (x100) ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากโมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ กับค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากโมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน

เอกสารอ้างอิง	Test day model ^A	ค่าสหสัมพันธ์ (x 100) ^B						
		พ่อพันธุ์				แม่พันธุ์		
		M	F	P	S	M	F	P
Ptak และ Schaeffer (1993) ^C	FRM/SM	88 90						
Swalve (1995) ^D	FRM/AM	91 88 93 96	92 91 92 95	90 88 92 96		89	90	89
Jamrozik และคณะ(1997a) ^E	RRM/AM, PE คงที่	94	93	93				
Jamrozik และคณะ(1997b)	RRM/AM, PE ไม่คงที่	93	93	94	92	90	90	90

^AFRM = fixed regression model (repeatability model); RRM = random regression model;

SM = sire model; AM = animal model; PE = permanent environment

^BM = milk yield; F = fat yield; P = protein yield; S = somatic cell score

^Cแถวแรก เป็นผลจากการใช้ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนเหมือนกัน

แถวที่สอง เป็นผลจากการใช้ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนต่างกัน

^Dแถวแรก เป็นพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ทั้งหมด

แถวที่สอง เป็นพ่อพันธุ์ที่มีลูกสาวมากกว่าหรือเท่ากับ 10 ตัว

แถวที่สาม เป็นพ่อพันธุ์ที่มีลูกสาวมากกว่าหรือเท่ากับ 20 ตัว

แถวที่สี่ เป็นพ่อพันธุ์ที่มีลูกสาวมากกว่าหรือเท่ากับ 50 ตัว

^Eเป็นผลจากพ่อพันธุ์ที่มีลูกสาวมากกว่าหรือเท่ากับ 50 ตัว

บทที่ 3

วิธีดำเนินการวิจัย

แหล่งของข้อมูล (data source)

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้เป็นข้อมูลลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมรายตัวของแม่โคนมที่ให้น้ำนมสมบูรณ์ (complete lactation) ซึ่งได้รวบรวมไว้ในระบบฐานข้อมูลของฟาร์มโคนมแห่งหนึ่งในเขตจังหวัดราชบุรีในช่วงระหว่างปี พ.ศ.2527-2543 ข้อมูลเหล่านี้ได้มาจากการชั่งน้ำหนักน้ำนมและการสุ่มเก็บตัวอย่างทดสอบเป็นประจำตลอดระยะเวลาการให้นมด้วยเจ้าหน้าที่ของฟาร์มโดยตรงประมาณเดือนละครั้งติดต่อกันไปจนกระทั่งแม่โคหยุดให้นม โดยแต่ละบันทึกในวันทดสอบจะเป็นผลรวมของการชั่งน้ำหนักน้ำนมและสุ่มเก็บตัวอย่างทดสอบในตอนเย็น 1 ครั้งและเข้าวันรุ่งขึ้นอีกครั้ง ซึ่งจะเห็นว่าในแต่ละระยะของการให้นมที่สมบูรณ์จะมีบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบโดยเฉลี่ย 7-10 บันทึก แม่โคนมดังกล่าวประกอบด้วยโคนมพันธุ์แท้เรดเดน ไฮลด์โคโรน ฟรีเซียน เรดซินดี เจอร์ซี บราวน์สวิส ซาฮิวาล ซิมเมนทอล และโคนมลูกผสมระดับเลือดต่างๆระหว่างโคพันธุ์ยุโรป (*Bos taurus*) x โคพันธุ์อินเดีย (*Bos indicus*) การเลี้ยงและการจัดการโดยทั่วไปในฟาร์มนี้แม่โคจะถูกเลี้ยงไว้ในโรงเรือนอย่างอิสระและมีการให้อาหารหยาบและเสริมด้วยอาหารข้นภายในโรงเรือน และทำการรีดนมวันละ 2 ครั้งในโรงรีดนมด้วยเครื่องรีดอัตโนมัติ

โครงสร้างของข้อมูล (data structure)

ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมของโคนมที่ศึกษาประกอบด้วยปริมาณน้ำนมในระยะเวลาการให้นมที่ 305 วัน และปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ โดยปริมาณน้ำนมในวันทดสอบจะเป็นตัวแทนน้ำหนักของนมทั้งหมดที่ให้ในวันหนึ่งวัน (24 ชั่วโมง) ซึ่งกำหนดตาม Pander และคณะ (1992) ส่วนปริมาณน้ำนมในระยะเวลาการให้นมที่ 305 วันจะเป็นปริมาณน้ำนมจริงที่โคให้ โดยแม่โคที่ให้ผลผลิตน้ำนมเกิน 305 วันจะคิดเฉพาะปริมาณน้ำนมเพียง 305 วัน แต่หากแม่โคให้ผลผลิตน้ำนมไม่ถึง 305 วันจะใช้ตัวเลขนั้นเป็นการให้นมที่ 305 วัน โดยคำนวณจากปริมาณน้ำนมในวันทดสอบด้วยวิธี test interval method (TIM) (Everette and Carter, 1968; Sargent et al., 1968) ซึ่งใช้กันโดยทั่วไปในขณะนี้ การที่ต้องจำกัดปริมาณน้ำนมในระยะเวลาการให้นมที่ 305 วัน ก็เพื่อที่จะรวบรวมปริมาณน้ำนมในวันทดสอบที่เหมาะสมและหลีกเลี่ยงการรวมเอาข้อมูลของแม่โคที่ไม่ได้มาตรฐานหรือมีกราฟการให้นมที่ต่างไปจากที่ควรจะเป็นเข้ามาในการวิเคราะห์ (Schaeffer et al., 2000)

ข้อมูลที่ใช้ประกอบด้วยรายละเอียดต่างๆ สามารถแยกได้เป็น 2 แฟ้มข้อมูลดังนี้

1. แฟ้มข้อมูลพันธุ์ประวัติ (pedigree file)
 - หมายเลขประจำตัวสัตว์ (animal ID)
 - หมายเลขพ่อพันธุ์โคนม
 - หมายเลขแม่พันธุ์โคนม
 - วัน เดือน ปีเกิด
2. แฟ้มข้อมูลผลผลิตน้ำนม (production file)
 - หมายเลขประจำตัวสัตว์
 - พันธุ์
 - วัน เดือน ปีเกิด
 - วัน เดือน ปีคลอด
 - ระยะเวลาให้นม
 - วัน เดือน ปีทดสอบ
 - วัน เดือน ปีที่หยุดรีดนม
 - ข้อมูลลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม (ปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน และปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ)

การจัดเตรียมข้อมูล (data editing and manipulation)

1. การจัดการข้อมูลเบื้องต้น

ข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบทุกระยะเวลาให้นมจากแฟ้มข้อมูลผลผลิตน้ำนมในฐานข้อมูลของแม่โคนมที่คลอดลูกในช่วงระหว่างปี พ.ศ. 2527-2542 เริ่มต้นมีทั้งหมด 21,090 บันทึก แต่ในการศึกษาครั้งนี้จะจำกัดเฉพาะข้อมูลของแม่โคนมที่ให้น้ำนมสมบูรณ์ในระยะเวลาให้นมครั้งแรก (first lactation) จำนวนวันให้นมไม่น้อยกว่า 150 วัน วันทดสอบครั้งแรกต้องอยู่ระหว่างวันที่ 5-45 ของการให้นม แม่โคมีอายุเมื่อคลอดลูกครั้งแรกอยู่ระหว่าง 16-52 เดือน วันให้นมที่ทดสอบอยู่ระหว่างวันที่ 5-305 วัน ช่วงห่างของวันทดสอบที่อยู่ติดกันจะอยู่ระหว่าง 10-40 วัน ปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วันจะอยู่ระหว่าง 1,000-8,000 กิโลกรัม และปริมาณน้ำนมในวันทดสอบอยู่ระหว่าง 1.9-35 กิโลกรัม ดังนั้นหลังจากแก้ไขแล้วพบว่าข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบจำนวน 5,684 บันทึก ข้อมูลปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วันจำนวน 645

บันทึก จากแม่โคนมจำนวน 645 ตัว ซึ่งเกิดจากพ่อพันธุ์จำนวน 179 ตัว และแม่พันธุ์จำนวน 487 ตัว มีจำนวนสัตว์ในแฟ้มข้อมูลพันธุ์ประวัติจำนวน 969 ตัว ดังรายละเอียดในตารางที่ 3.1

ตารางที่ 3.1 ค่าเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของจำนวนวันให้นม ปริมาณน้ำนม และจำนวนข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์สำหรับแต่ละวันทดสอบ

วันทดสอบ	จำนวนวันให้นม (วัน)		ปริมาณน้ำนม (กิโลกรัม)	จำนวนข้อมูล (บันทึก)
	ค่าเฉลี่ย \pm SD	ต่ำสุด - สูงสุด		
1	19.99 \pm 10.01	5-45	14.90 \pm 4.86	645
2	50.01 \pm 10.46	24-79	16.40 \pm 4.47	595
3	80.21 \pm 10.51	51-116	15.51 \pm 4.51	617
4	110.36 \pm 10.87	75-144	14.40 \pm 4.22	606
5	140.38 \pm 11.20	105-170	13.23 \pm 4.10	607
6	170.67 \pm 11.38	132-201	12.38 \pm 4.00	598
7	200.65 \pm 12.06	159-234	11.52 \pm 3.85	575
8	230.67 \pm 12.32	183-265	10.84 \pm 3.75	539
9	260.19 \pm 12.83	206-295	10.15 \pm 3.52	514
10	287.83 \pm 11.70	234-305	9.58 \pm 3.33	388
รวม	147.11 \pm 84.75	5-305	13.08 \pm 4.67	5,684

2. การจำแนกอิทธิพลของปัจจัยคงที่ ประกอบด้วย

2.1 อิทธิพลของปีที่แม่โคคลอด ปี พ.ศ. 2529-2542

2.2 อิทธิพลของปีที่แม่โคถูกทดสอบ ปี พ.ศ. 2529-2543

2.3 อิทธิพลของฤดูกาลคลอด และฤดูกาลทดสอบ จำแนกตามค่าเฉลี่ยปริมาณน้ำฝน อุณหภูมิ และความชื้นสัมพัทธ์ของแต่ละเดือนที่ตรวจวัดโดยสถานีตรวจอากาศจังหวัดราชบุรีในช่วงระหว่างปี พ.ศ. 2535-2543 ซึ่งรายงานโดยกรมอุตุนิยมวิทยา สามารถแบ่งได้เป็น 3 ช่วงคือ

- ระหว่างเดือนมีนาคม - พฤษภาคม มีอุณหภูมิเฉลี่ย 35.7 องศาเซลเซียส ความชื้นสัมพัทธ์เฉลี่ย 43.1 เปอร์เซ็นต์ และปริมาณน้ำฝนเฉลี่ย 76.5 มิลลิเมตร

- ระหว่างเดือนมิถุนายน - ตุลาคม มีอุณหภูมิเฉลี่ย 32.8 องศาเซลเซียส ความชื้นสัมพัทธ์เฉลี่ย 58.0 เปอร์เซ็นต์ และปริมาณน้ำฝนเฉลี่ย 180.8 มิลลิเมตร
- ระหว่างเดือนพฤศจิกายน - กุมภาพันธ์ มีอุณหภูมิเฉลี่ย 31.8 องศาเซลเซียส ความชื้นสัมพัทธ์เฉลี่ย 45.6 เปอร์เซ็นต์ และปริมาณน้ำฝนเฉลี่ย 21.7 มิลลิเมตร

2.4 อิทธิพลของกลุ่มพันธุ์ จำแนกตามระดับเลือดโคพันธุ์ยุโรป เช่น พันธุ์เรดเดน โฮลส ไตน์ ฟรีเชียน เจอร์ซี บราวน์สวิส ซิมเมนทอล และระดับเลือดโคพันธุ์อินเดีย เช่น พันธุ์เรดซินดี ซาฮิวาล และพันธุ์พื้นเมือง การศึกษาครั้งนี้จะรวมโคนมที่มีระดับเลือดโคยุโรป ตั้งแต่ 62.50 เปอร์เซ็นต์ ลงมาไว้เป็นกลุ่มเดียวกันเช่นเดียวกับการศึกษาของเทียมพบ ก้านเหลือง (2541) ดังตารางที่ 3.2

ตารางที่ 3.2 การจำแนกกลุ่มพันธุ์ตามระดับเลือดโคยุโรป และจำนวนข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์

กลุ่มพันธุ์	ระดับเลือดโคยุโรป (เปอร์เซ็นต์)	จำนวนข้อมูล (บันทึก)	
		ปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ	ปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน
1	100	737	82
2	87.50 - 100	3,553	402
3	75.00 - 87.50	866	99
4	62.50 - 75.00	442	52
5	น้อยกว่า 62.50	86	10
รวม		5,684	645

3. การตรวจสอบการกระจายของข้อมูล

เนื่องจากข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาเป็นข้อมูลที่เก็บมาจากภาคสนาม ซึ่งสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลต่อลักษณะที่ใช้ในการศึกษา อีกทั้งจำนวนข้อมูลในแต่ละชั้นของอิทธิพลต่างๆมีค่าไม่เท่ากัน เมื่อทำการทดสอบการกระจายของข้อมูลด้วย proc univariate โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป statistical analysis system (SAS, 1998) พบว่าข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ และปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้เป็นตัวอย่างที่สุ่มมาจากประชากรที่มีการกระจายแบบปกติที่ระดับความเชื่อมั่น 99 และ 98 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ

โมเดลสำหรับการวิเคราะห์ (model analysis)

1. โมเดลสำหรับการทดสอบหาอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะที่ศึกษา

โดยกำหนดให้ทุกอิทธิพลเป็นอิทธิพลคงที่ (fixed effects) ยกเว้นอิทธิพลเนื่องจากตัวสัตว์ และค่าความคลาดเคลื่อนกำหนดให้เป็นอิทธิพลสุ่ม (random effects)

1.1 สำหรับการวิเคราะห์ของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน

$$Y_{ijkl} = \mu + HYS_i + BG_j + b_1 AG_{ijkl} + b_2 AG_{ijkl}^2 + b_3 DM_{ijkl} + b_4 FD_{ijkl} + a_k + e_{ijkl} \quad \text{----}[3.1]$$

1.2 สำหรับการวิเคราะห์ของลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ

$$Y_{ijkl} = \mu + HTD_i + BG_j + b_1 AG_{ijkl} + b_2 AG_{ijkl}^2 + b_3 DR_{ijkl} + b_4 DR_{ijkl}^2 + a_k + p_k + e_{ijkl} \quad \text{----}[3.2]$$

2. โมเดลสำหรับการวิเคราะห์ทางพันธุกรรม

2.1 สำหรับการวิเคราะห์ของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน

$$Y_{ijkl} = \mu + HYS_i + BG_j + b_1 AG_{ijkl} + b_2 AG_{ijkl}^2 + b_3 DM_{ijkl} + b_4 FD_{ijkl} + a_k + e_{ijkl} \quad \text{----}[3.3]$$

และสามารถเขียนเป็นโมเดลในรูปทั่วไปได้ดังนี้

$$Y = Xb + Za + e \quad \text{----}[3.4]$$

โดยมีข้อกำหนดว่า

$$\begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} \sim NID(0, V)$$

$$V = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

สามารถเขียน MME ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} XX & XZ \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} XY \\ Z'Y \end{bmatrix} \quad \text{----}[3.5]$$

เมื่อ $\alpha = \sigma_e^2 / \sigma_a^2$

2.2 สำหรับการวิเคราะห์ลักษณะปริมาณน้ำนมในวัวทดสอบ

2.2.1 Multiple trait model (MTM)

$$Y_{ijkl} = \mu + HTD_i + BG_j + b_1 AG_{ijkl} + b_2 AG_{ijkl}^2 + b_3 DR_{ijkl} + b_4 DR_{ijkl}^2 + a_k + e_{ijkl} \quad \text{----}[3.6]$$

และสามารถเขียนเป็นโมเดลในรูปทั่วไปได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} Y_i \\ Y_j \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_i & 0 \\ 0 & X_j \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_i \\ b_j \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_i & c \\ 0 & Z_j \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_i \\ a_j \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_i \\ e_j \end{bmatrix} \quad \text{----}[3.7]$$

โดยที่

$$Y_i, Y_j = Y_1, Y_2, Y_3, \dots, Y_{11} \quad = \text{เวกเตอร์ของค่าสังเกต ปริมาณน้ำนมในวัวทดสอบ}$$

ครั้งที่ 1-10 และปริมาณน้ำนมที่ 305 วัน

- $X_i, X_j = X_1, X_2, X_3, \dots, X_{11}$ = เมตริกซ์ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับอิทธิพลคงที่
 $Z_i, Z_j = Z_1, Z_2, Z_3, \dots, Z_{11}$ = เมตริกซ์ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับอิทธิพลสุ่ม
 $b_i, b_j = b_1, b_2, b_3, \dots, b_{11}$ = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ที่ไม่ทราบค่าของลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบครั้งที่ 1-10 และปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน
 $a_i, a_j = a_1, a_2, a_3, \dots, a_{11}$ = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มที่ไม่ทราบค่าของลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบครั้งที่ 1-10 และปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน
 $e_i, e_j = e_1, e_2, e_3, \dots, e_{11}$ = เวกเตอร์ของความคลาดเคลื่อนของลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบครั้งที่ 1-10 และปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน

โดยมีความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมดังนี้

$$V \begin{bmatrix} a_i \\ a_j \\ e_i \\ e_j \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{ai}^2 & A\sigma_{aj} & 0 & 0 \\ A\sigma_{aj} & A\sigma_{aj}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{ei}^2 & I\sigma_{ej} \\ 0 & 0 & I\sigma_{ej} & I\sigma_{ej}^2 \end{bmatrix}$$

เมื่อ A = เมตริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์

I = Identity matrix

และความแปรปรวนร่วมระหว่างพันธุกรรมและความคลาดเคลื่อน = 0

2.2.2. Fixed regression model (FRM)

$$Y_{ijkl} = \mu + CG_i + BG_j + b_1 AG_{ijkl} + b_2 AG_{ijkl}^2 + \sum_{m=3}^5 b_m x_{klm} + a_k + p_k + e_{ijkl} \quad \text{----}[3.8]$$

และสามารถเขียนเป็นโมเดลในรูปทั่วไปได้ดังนี้

$$Y = Xb + Za + Wp + e \quad \text{----}[3.9]$$

โดยมีข้อกำหนดว่า

$$\begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} = NID(0, V)$$

และ

$$V \begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

สามารถเขียน MME ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\alpha_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'Y \\ Z'Y \\ W'Y \end{bmatrix} \quad \text{----}[3.10]$$

เมื่อ $\alpha_1 = \sigma_e^2 / \sigma_a^2$ และ $\alpha_2 = \sigma_e^2 / \sigma_p^2$

2.2.3 Random regression model (RRM)

2.2.3.1 อิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมถูกอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่ม (RRM1)

$$Y_{ijkl} = \mu + HTD_i + BG_j + b_1 AG_{ijkl} + b_2 AG_{ijkl}^2 + \sum_{m=3}^5 b_m X_{klm} + \sum_{m=3}^5 a_{km} X_{klm} + p_k + e_{ijkl} \quad \text{----}[3.11]$$

และสามารถเขียนเป็นโมเดลในรูปทั่วไปได้ดังนี้

$$Y = Xb + Za + Wp + e \quad \text{----}[3.12]$$

โดยมีข้อกำหนดว่า

$$\begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim N(0, V)$$

ซึ่งมี

$$V = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

สามารถเขียน MME ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + G^{-1} \otimes A^{-1} & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + Ik \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'Y \\ Z'Y \\ W'Y \end{bmatrix} \quad \text{----}[3.13]$$

เมื่อ $k = 1/\sigma_p^2$ โดย σ_p^2 กำหนดให้คงที่ตลอดระยะเวลาการให้นม

2.2.3.2 อิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมถาวรถูกอธิบายด้วยสม

การถดถอยสุ่ม (RRM2)

$$Y_{ijkl} = \mu + HTD_i + BG_j + b_1 AG_{ijkl} + b_2 AG_{ijkl}^2 + \sum_{m=3}^5 b_m X_{klm} + \sum_{m=3}^5 a_{km} + \sum_{k=3}^5 p_{km} X_{klm} + e_{ijkl} \quad \text{----}[3.14]$$

และสามารถเขียนเป็นโมเดลในรูปทั่วไปได้ดังนี้

$$Y = Xb + Za + Wp + e \quad \text{----}[3.15]$$

โดยมีข้อกำหนดว่า

$$\begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim N(0, V)$$

ซึ่งมี

$$V = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & P \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

สามารถเขียน MME ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + G^{-1} \otimes A^{-1} & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I \otimes P^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} XY \\ ZY \\ WY \end{bmatrix} \quad \text{----}[3.16]$$

โดยที่

- Y_{ijkl} = บันทึกของลักษณะที่ทำการศึกษา ประกอบด้วยบันทึกปริมาณน้ำนม
 ในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน และบันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ
 ของการให้น้ำนมครั้งแรก ที่ i ของสัตว์ตัวที่ k ที่ได้รับอิทธิพลจาก
 ฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอด หรือ ฝูง-วันทดสอบที่ i ตามลำดับ กลุ่มพันธุ์ที่ j
- μ = ค่าเฉลี่ยของลักษณะเป็นอิทธิพลร่วมซึ่งค่าสังเกตทุกค่าได้รับ
- HYS_i = อิทธิพลคงที่ของฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอดที่ i ($i = 1, 2, 3, \dots, 42$)
- HTD_i = อิทธิพลคงที่ของฝูง-วันทดสอบ (ปี-เดือน-วันทดสอบ) ที่ i ($i = 1, 2, 3, \dots, 369$)

- CG_i = อิทธิพลคงที่ของกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน i คือ (HYS ของการคลอดลูก และ HTD ของการทดสอบ) โดย HYS_i ($i = 1, 2, 3, \dots, 42$) และ HTD_i ($i = 1, 2, 3, \dots, 369$)
- BG_j = อิทธิพลคงที่ของกลุ่มพันธุ์ที่ j ($j = 1, 2, 3, 4, 5$)
- $b_1 AG_{ijkl}$ = สัมประสิทธิ์การถดถอยเชิงเส้นตรงของอายุเมื่อคลอดลูก (วัน)
- $b_2 AG_{ijkl}^2$ = สัมประสิทธิ์การถดถอยเชิงเส้นโค้งของอายุเมื่อคลอดลูก (วัน)
- $b_3 DM_{ijkl}$ = สัมประสิทธิ์การถดถอยเชิงเส้นตรงของจำนวนวันให้นม (วัน)
- $b_3 DR_{ijkl}$ = สัมประสิทธิ์การถดถอยเชิงเส้นตรงของจำนวนวันให้นมในวันทดสอบ (วัน)
- $b_4 DR_{ijkl}^2$ = สัมประสิทธิ์การถดถอยเชิงเส้นโค้งของจำนวนวันให้นมในวันทดสอบ (วัน)
- $b_4 FD_{ijkl}$ = สัมประสิทธิ์การถดถอยเชิงเส้นตรงของจำนวนวันหลังคลอดถึงวันทดสอบครั้งแรก (วัน)
- b_m = สัมประสิทธิ์การถดถอยคงที่ m ($m = 3, 4, 5$)
- X_{klm} = ตัวแปรร่วมที่เกี่ยวข้องกับวันให้นมในระยะเวลาให้นม ซึ่งอธิบายรูปร่างของกราฟการให้นมสำหรับสัตว์ตัวที่ k โดยมีตัวแปรร่วมตามฟังก์ชันของ Wilmink (1987b) คือ
- $$X_{kl1} = 1$$
- $$X_{kl2} = t$$
- $$X_{kl3} = \exp^{-0.05t}$$
- เมื่อที่ $t =$ วันให้นม
- a_k = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากสัตว์ตัวที่ k โดยที่ $a_k \sim NID(0, \sigma_a^2)$
- p_k = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวรที่เกี่ยวข้องกับทุกบันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบของแม่โค k โดยที่ $p_k \sim NID(0, \sigma_p^2)$
- α_{km} = สัมประสิทธิ์การถดถอยทางพันธุกรรมแบบสุ่มที่ m สำหรับสัตว์แต่ละตัวที่ k ($m = 3, 4, 5$)
- p_{km} = สัมประสิทธิ์การถดถอยเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวรที่ m ซึ่งเกี่ยวข้องกับทุกบันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบของแม่โค k ($m = 3, 4, 5$)
- e_{ijkl} = อิทธิพลสุ่มอื่นๆที่ค่าสังเกตได้รับ โดยที่ $e_{ijkl} \sim NID(0, \sigma_e^2)$
- A = เมตริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์

- G = เมตริกซ์ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมระหว่างสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มทางพันธุกรรม ซึ่งกำหนดให้เท่ากันสำหรับสัตว์ทุกตัว
- I = Identity matrix
- P = เมตริกซ์ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมระหว่างสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มทางสภาพแวดล้อม ซึ่งกำหนดให้เท่ากันสำหรับสัตว์ทุกตัว
- W = เมตริกซ์ปรากฏที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับปัจจัยสุ่มเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร
- X = เมตริกซ์ปรากฏที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับปัจจัยคงที่
- Y = เวกเตอร์ของค่าสังเกต
- Z = เมตริกซ์ปรากฏที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับปัจจัยสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์
- a = เวกเตอร์ของปัจจัยสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์หรือเวกเตอร์สัมประสิทธิ์การถดถอยทางพันธุกรรมแบบสุ่ม โดยให้ $a \sim NID(0, A\sigma_a^2)$
- b = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ที่ไม่ทราบค่า
- e = เวกเตอร์ของความคลาดเคลื่อน โดยให้ $e \sim NID(0, I\sigma_e^2)$
- p = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร สำหรับแม่โคที่มีบันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบภายในระยะการให้นม โดยให้ $p \sim NID(0, I\sigma_p^2)$
- σ_a^2 = องค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม
- σ_p^2 = องค์ประกอบความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวร
- σ_e^2 = องค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน
- \otimes = kronecker product function (Searl, 1982)

วิธีการวิเคราะห์ (statistical and genetic analysis)

1. การวิเคราะห์เบื้องต้น

ทำการวิเคราะห์หาปัจจัยต่างๆที่มีอิทธิพลต่อลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน และปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ โดยทำการวิเคราะห์แบบ univariate analysis โดยใช้คำสั่ง proc mixed ของโปรแกรมสำเร็จรูป statistical analysis system (SAS, 1998) ซึ่งมีโมเดลในการวิเคราะห์ดังสมการที่ [3.1] และ [3.2]

2. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม (estimation of genetic parameters)

2.1 ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม (variance and covariance components)

วิเคราะห์หาองค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะที่ทำการศึกษา เพื่อจะนำไปประมาณค่าอัตราพันธุกรรมและใช้ในการประเมิน EBV ซึ่งจะทำการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนด้วยวิธี Restricted maximum likelihood (REML) ซึ่งใช้ Expectation maximization (EM) algorithm โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป REMLF90 (Misztal, 1999) และใช้ AM ซึ่งมีกฎเกณฑ์สำหรับพิจารณาการคำนวณสิ้นสุดเมื่อค่าความแปรปรวนที่ได้จากการคำนวณแต่ละซ้ำต่างกันอย่างน้อยกว่า 10^{-9} และกำหนดให้ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนมีค่าคงที่ตลอดระยะเวลาการให้นม เนื่องจากมีข้อจำกัดของโปรแกรม ดังมีโมเดลในการวิเคราะห์ตามสมการที่ [3.3], [3.6],[3.8], [3.11] และ [3.14]

โดยเฉพาะการวิเคราะห์ด้วยโมเดล MTM ตามสมการที่ [3.3] และ [3.6] ซึ่งจะต้องหาค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏระหว่างแต่ละครั้งที่ทดสอบ และระหว่างครั้งที่ทดสอบกับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันด้วยจึงทำการวิเคราะห์ที่ละสองลักษณะพร้อมกันเหมือนกับ Meyer และคณะ (1989)

สำหรับ RRM ตามสมการที่ [3.11] และ [3.14] คำตอบจากการวิเคราะห์จะได้ค่าสัมประสิทธิ์การถดถอยทางพันธุกรรมสุ่ม (random regression coefficient) ซึ่งสามารถนำไปหา

ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมสำหรับแต่ละวันทดสอบได้โดยอาศัยฟังก์ชันของตัวแปรร่วมในโมเดลตามวิธีการของ Jamrozik และ Schaeffer (1997)

สำหรับวันให้นมที่ t ของระยะการให้นม

$$X_t' = [1 \quad t \quad \exp^{-0.05t}] \quad \text{----}[3.17]$$

การประมาณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบในวันให้นมที่ t คือ

$$\hat{\sigma}_{g_t}^2 = X_t' \hat{G} X_t \quad \text{----}[3.18]$$

การประมาณค่าความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบในวันให้นมที่ t และ s คือ

$$\hat{\sigma}_{g_{ts}} = X_t' \hat{G} X_s \quad \text{----}[3.19]$$

เมื่อ \hat{G} = เมตริกซ์ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมระหว่างสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มทางพันธุกรรม

การประมาณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันจากปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ คือ

$$\hat{\sigma}_{g_c}^2 = X_c' \hat{G} X_c \quad \text{----}[3.20]$$

การประมาณค่าความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันจากปริมาณน้ำนมในวันทดสอบกับปริมาณน้ำนมในวันให้นม t คือ

$$\hat{\sigma}_{g_{tc}} = X_t' \hat{G} X_c \quad \text{----}[3.21]$$

โดยที่ $X_c = \sum_{t=1}^{305} X_t = \begin{bmatrix} 305 \\ 46,665 \\ 19,5042 \end{bmatrix}$

2.2 ค่าอัตราพันธุกรรม (heritability)

จากค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่ได้จะนำไปใช้ในการประมาณค่าอัตราพันธุกรรม จากสูตรการคำนวณดังนี้ (Falconer and Mackay, 1996)

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2} \quad \text{----}[3.22]$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} \quad \text{----}[3.23]$$

2.3 ค่าอัตราซ้ำ (repeatability)

จากค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่ได้จะประมาณค่าอัตราซ้ำจากสูตรการคำนวณ ดังนี้ (Falconer and Mackay, 1996)

$$r = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_p^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} \quad \text{----}[3.24]$$

2.4 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏ (genetic and phenotypic correlation)

จากค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่ได้จากการวิเคราะห์จะประมาณค่าสหสัมพันธ์ทาง พันธุกรรมและสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏจากสูตรการคำนวณดังนี้ (Falconer and Mackay, 1996)

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม,
$$r_{gg} = \frac{\text{cov}(g_1, g_2)}{\sqrt{\text{var}(g_1) \text{var}(g_2)}} \quad \text{----}[3.25]$$

สหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ,
$$r_{pp} = \frac{\text{cov}(p_1, p_2)}{\sqrt{\text{var}(p_1) \text{var}(p_2)}} \quad \text{----}[3.26]$$

3. การประเมินค่าทางพันธุกรรม (genetic evaluation)

จากค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะที่ทำการศึกษาที่ประมาณได้ของแต่ละโมเดล โปรแกรมสำเร็จรูป REMLF90 (Misztal, 1999) จะนำไปใช้ในการประเมินค่าทางพันธุกรรมโดยวิธี BLUP จนได้คำตอบต่อไป

สำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลโดยใช้ RRM คำตอบจากการวิเคราะห์ที่ได้นั้นเป็นค่า EBV สำหรับสัมประสิทธิ์การถดถอยทางพันธุกรรมสุ่ม ซึ่งค่าที่ได้เหล่านี้ไม่สามารถนำไปใช้สำหรับการเรียงลำดับ หรือการคัดเลือกสัตว์ได้ แต่ฟังก์ชันของ EBV เหล่านี้สามารถให้รายละเอียดที่เป็นประโยชน์ต่อผู้ผลิตเพื่อประกอบการตัดสินใจคัดเลือก คำนวณหาค่า EBV ของลักษณะสำหรับสัตว์แต่ละตัวตามวิธีการของ Jamrozik et al., (1997b)

ถ้าให้ผลรวมของ EBV สำหรับสัมประสิทธิ์การถดถอยทางพันธุกรรมแบบสุ่มสำหรับสัตว์ตัวที่ k คือ

$$\hat{a}'_k = [\hat{a}_{1k} \quad \hat{a}_{2k} \quad \hat{a}_{3k}] \quad \text{----}[3.27]$$

EBV ของสัตว์ตัวที่ k สำหรับผลผลิตน้ำนมในวันให้นมที่ t (D) สามารถคำนวณได้ดังนี้

$$D_t = \hat{a}_{1k} + \hat{a}_{2k}t + \hat{a}_{3k} \exp^{-0.05t} \quad \text{----}[3.28]$$

EBV สำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันจากปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ (T) หาได้โดยการรวม EBV สำหรับแต่ละวันให้นม

$$\begin{aligned} T &= \sum_{t=1}^{305} D_t \\ &= \sum_{t=1}^{305} [\hat{a}_{1k} + \hat{a}_{2k}t + \hat{a}_{3k} \exp^{-0.05t}] \\ &= \left[\sum_{t=1}^{305} 1 \right] \hat{a}_{1k} + \left[\sum_{t=1}^{305} t \right] \hat{a}_{2k} + \left[\sum_{t=1}^{305} \exp^{-0.05t} \right] \hat{a}_{3k} \\ &= [305 \quad 46,665 \quad 19.5042] \hat{a}_k \quad \text{----}[3.29] \end{aligned}$$

EBV สำหรับปริมาณน้ำนมในช่วงต่างๆของระยะการให้นม หาได้โดย

$$C_1 = \sum_{t=1}^{100} D_t$$

$$= [100 \quad 5050 \quad 19.3728] \hat{a}_k \quad \text{----}[3.30]$$

$$C_2 = \sum_{t=101}^{200} D_k$$

$$= [100 \quad 15050 \quad 0.1305] \hat{a}_k \quad \text{----}[3.31]$$

$$C_3 = \sum_{t=201}^{305} D_k$$

$$= [105 \quad 26565 \quad 0.0009] \hat{a}_k \quad \text{----}[3.32]$$

4. ความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์จาก TDM และ 305DLM

EBV ของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน ที่ได้จากการวิเคราะห์แบบดั้งเดิมด้วย LM (305DLM) นำมาหาความสัมพันธ์กับ EBV ของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันที่ได้จากการวิเคราะห์ปริมาณน้ำนมในวันทดสอบด้วย TDM ต่างๆ (FRM และ RRM) ด้วยชุดข้อมูลทั้งหมดกับชุดข้อมูลบางส่วน (เฉพาะวันทดสอบครั้งที่ 1,3,5,7 และ9 ของระยะการให้นมที่ใช้ในการวิเคราะห์ จากทั้งหมด 10 วันทดสอบ) โดยใช้

4.1 Pearson correlation coefficient

4.2 Spearman rank correlation coefficient

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

บทที่ 4

ผลการวิเคราะห์ข้อมูล

1. ผลการวิเคราะห์เบื้องต้น

1.1 ค่าเฉลี่ยของลักษณะที่ศึกษา

ค่าเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะที่ศึกษาในครั้งนี้ทั้ง 2 ลักษณะคือ ลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน มีค่าเท่ากับ $3,767.91 \pm 1095.27$ กิโลกรัม และลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบมีค่าเท่ากับ 13.08 ± 4.67 กิโลกรัม เมื่อพิจารณาจากตารางที่ 3.1 จะพบว่าปริมาณน้ำนมในวันทดสอบโดยเฉลี่ยจะมีค่าสูงสุดในช่วงของวันทดสอบที่ 2 (อยู่ระหว่างวันให้นมที่ 40-60 หลังคลอด) และหลังจากนั้นมีแนวโน้มที่จะลดลงตามลำดับอย่างต่อเนื่องจนถึงช่วงท้ายของระยะเวลาให้นม แต่ความผันแปรของปริมาณน้ำนมมีแนวโน้มที่จะลดลงตั้งแต่ช่วงต้นจนถึงช่วงท้ายของระยะเวลาให้นม

1.2 อิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะที่ศึกษา

จากการวิเคราะห์หาอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน และลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบสำหรับระยะเวลาให้นมครั้งแรก พบว่าอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน คือ ผุ่-ปี-ฤดูกาลตลอด กลุ่มพันธุ์ อายุเมื่อคลอดลูก จำนวนวันให้นม และจำนวนวันหลังคลอดถึงการทดสอบครั้งแรก ส่วนอิทธิพลที่มีผลต่อลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ คือ ผุ่-วันทดสอบ กลุ่มพันธุ์ อายุเมื่อคลอดลูก และจำนวนวันให้นมในวันทดสอบ โดยเฉพาะอย่างยิ่งอิทธิพลของกลุ่มพันธุ์จะให้ปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วันและปริมาณน้ำนมในวันทดสอบสูงที่สุดเมื่อมีระดับเลือดของโคยุโรป 100.00 เปอร์เซนต์ (ค่าเฉลี่ยกำลังสองน้อยที่สุดเท่ากับ $3,798.76 \pm 95.55$ และ 12.09 ± 0.38 ตามลำดับ) และต่ำสุดเมื่อมีระดับเลือดของโคยุโรปน้อยกว่า 62.50 เปอร์เซนต์ (ค่าเฉลี่ยกำลังสองน้อยที่สุดเท่ากับ $2,896.92 \pm 264.89$ และ 8.33 ± 0.98 ตามลำดับ)(ตารางที่ 4.1) (ตารางที่ 4.2)

ตารางที่ 4.1 ผลการวิเคราะห์หาอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน และลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบของระยะการให้นมครั้งแรก

อิทธิพล	ปริมาณน้ำนมในระยะ	ปริมาณน้ำนมในวัน
	การให้นมที่ 305 วัน	ทดสอบ
อิทธิพลหลัก		
ฝูง- ปี-ฤดูกาลตลอด	**	-
ฝูง-วันทดสอบ	-	**
กลุ่มพันธุ์	**	**
สัมประสิทธิ์การถดถอยเชิงเส้นตรง		
จำนวนวันให้นม	**	-
จำนวนวันให้นมในวันทดสอบ	-	**
จำนวนวันหลังคลอดถึงการทดสอบครั้งแรก	*	-
อายุเมื่อคลอดลูก	*	*

* p < 0.05

** p < 0.01

ตารางที่ 4.2 ค่าเฉลี่ยกำลังสองน้อยที่สุด (least square means, LSM)^{1/} สำหรับอิทธิพลที่เป็นกลุ่มของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน และลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบของระยะการให้นมครั้งแรก

อิทธิพล	ปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน		ปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ	
	จำนวน	LSM±SE	จำนวน	LSM±SE
	ข้อมูล		ข้อมูล	
กลุ่มพันธุ์				
(%ระดับเลือดโคยุโรป)				
100	82	3,798.76±95.55 ^a	737	12.09±0.38 ^a
87.50-100	402	3,710.71±48.42 ^{ab}	3,553	11.60±0.22 ^{ab}
75.00-87.50	99	3,435.38±85.78 ^{ce}	866	10.72±0.35 ^c
62.50-75.00	52	3,539.55±129.03 ^{abcd}	442	11.31±0.46 ^{abc}
น้อยกว่า 62.50	10	2,896.92±264.89 ^e	86	8.33±0.98 ^e

^{1/} ค่า LSM ที่มีตัวอักษรที่ต่างกันแสดงถึงความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ (p < 0.05)

2. ผลการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

2.1 Multiple trait model (MTM) สำหรับปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ และปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน

2.1.1 ค่าองค์ประกอบความแปรปรวน

จากการวิเคราะห์โดยใช้โมเดลตามสมการที่ [3.6] สำหรับปริมาณน้ำนมในวันทดสอบแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบ และโมเดลตามสมการที่ [3.3] สำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน ในการหาองค์ประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรมและความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน พบว่าค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมมีค่าอยู่ในช่วงจาก 4.08 ± 1.47 ถึง 6.75 ± 0.94 และ $348,380 \pm 49185.70$ ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนมีค่าอยู่ในช่วง 1.62 ± 1.10 ถึง 11.47 ± 1.15 และ $280,870 \pm 25,396.65$ สำหรับปริมาณน้ำนมในวันทดสอบแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบ และปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันตามลำดับ ค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบจะเพิ่มขึ้นจนถึงลำดับที่ของวันทดสอบที่ 3 (อยู่ในช่วงระหว่างวันให้นมที่ 51-116) และหลังจากนั้นมีแนวโน้มที่จะลดลงและเพิ่มขึ้นอีกครั้งในลำดับที่ของวันทดสอบสุดท้าย ส่วนค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนจะมีค่าสูงในลำดับที่ของวันทดสอบแรก และมีแนวโน้มที่จะลดลงตามลำดับจนถึงช่วงท้ายของระยะการให้นม (ตารางที่ 4.3)

2.1.2 ค่าอัตราพันธุกรรม

จากค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรมและความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนนำไปวิเคราะห์หาค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับปริมาณน้ำนมในวันทดสอบแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบ และปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับปริมาณน้ำนมในวันทดสอบแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบที่ประมาณได้มีค่าอยู่ในช่วงจาก 0.32 ถึง 0.81 มีค่าต่ำในลำดับที่ของวันทดสอบที่สอง (0.32) และมีแนวโน้มที่จะมีค่ามากขึ้นตามลำดับ โดยเฉพาะในช่วงกลางของระยะการให้นม (TD3-TD8) จะมีค่าคงที่ (0.33-0.53) ยกเว้นลำดับที่ของวันทดสอบที่ 10 มีค่าสูงที่สุด (0.81) ส่วนปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันมีค่าเท่ากับ 0.55 (ตารางที่ 4.4)

2.1.3 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ

จากค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมและความคลาดเคลื่อนที่ได้จากการวิเคราะห์โดยใช้โมเดลตามสมการที่ [3.3] และ [3.6] วิเคราะห์ทีละ

2 ลักษณะ นั้นนำไปวิเคราะห์หาค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ พบว่าค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างปริมาณน้ำนมในวันทดสอบแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบมีค่าสูงอยู่ในช่วงจาก 0.64 ถึง 1.00 และค่าสหสัมพันธ์มีแนวโน้มที่จะมีค่าสูงที่สุดอยู่ระหว่างลำดับที่ของวันทดสอบที่อยู่ใกล้ชิดต่อเนื่องกันและจะมีค่าลดลงตามช่วงระหว่างลำดับที่ของวันทดสอบเพิ่มขึ้น ส่วนสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างปริมาณน้ำนมในวันทดสอบแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบและปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันจะมีค่าสูงเหมือนกัน (0.76-0.97) และมีค่าสูงอยู่ในช่วงกลางถึงช่วงท้ายของระยะการให้นม (TD3-TD10) ค่าสูงที่สุดจะอยู่ที่ลำดับที่ของวันทดสอบที่ 7 (1.00) สหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏระหว่างแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบจะมีรูปแบบที่เหมือนกับสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแต่มีค่าต่ำกว่าซึ่งอยู่ในช่วงจาก 0.37 ถึง 0.84 และมีสหสัมพันธ์กับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันอยู่ในช่วงจาก 0.69 ถึง 0.85 (ตารางที่ 4.4)

ตารางที่ 4.3 ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม องค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบ และปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน

TD ^A	องค์ประกอบ	
	ความแปรปรวนทางพันธุกรรม	ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน
1	6.14±1.27	11.47±1.15
2	4.73±1.60	10.28±0.85
3	7.65±0.80	6.74±0.34
4	4.28±2.01	8.63±1.04
5	4.23±1.51	7.22±0.32
6	6.03±1.69	5.65±0.99
7	5.90±1.11	5.39±0.79
8	5.24±1.67	5.18±1.29
9	4.08±1.47	5.16±1.06
10	6.75±0.94	1.62±1.10
MY305 ^B	348,380.00±49,185.70	280,870.00±25,396.65

^A ปริมาณน้ำนมในวันทดสอบแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบ

^B ปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน

ตารางที่ 4.4 ค่าอัตราพันธุกรรม (ตามเส้นทะแยงมุม) สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (เหนือเส้นทะแยงมุม) และสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ (ใต้เส้นทะแยงมุม) ของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ และปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันของระยะการให้นมครั้งแรก

TD ^A	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	MY305 ^B
1	0.35	0.87	0.64	0.82	0.71	0.57	0.74	0.84	0.88	0.80	0.76
2	0.67	0.32	0.87	0.96	0.92	0.85	0.82	0.76	0.93	0.91	0.87
3	0.55	0.70	0.53	0.97	0.96	0.93	0.91	0.71	0.94	0.93	0.86
4	0.48	0.59	0.70	0.33	0.98	0.94	0.94	0.89	0.96	1.00	0.92
5	0.44	0.53	0.68	0.81	0.37	0.97	0.98	0.95	0.97	0.97	0.94
6	0.41	0.49	0.64	0.72	0.82	0.52	1.00	0.97	0.99	1.00	0.92
7	0.40	0.50	0.59	0.69	0.76	0.83	0.52	1.00	1.00	0.96	1.00
8	0.37	0.45	0.49	0.65	0.70	0.77	0.84	0.50	0.97	1.00	0.86
9	0.42	0.51	0.59	0.62	0.69	0.74	0.77	0.81	0.44	0.93	0.94
10	0.37	0.50	0.51	0.51	0.65	0.75	0.72	0.71	0.82	0.81	0.93
MY305	0.69	0.74	0.80	0.83	0.85	0.84	0.82	0.78	0.81	0.77	0.55

^A ปริมาณน้ำนมในวันทดสอบแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบ

^B ปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน

ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานสำหรับค่าอัตราพันธุกรรมมีช่วงจาก 0.10 ถึง 0.28 ซึ่งคำนวณได้จากการจัดเตรียมชุดข้อมูลโดยสุ่มซึ่งประกอบด้วยข้อมูล 80 % ของข้อมูลทั้งหมด จำนวน 5 ชุดข้อมูล แล้ววิเคราะห์หาองค์ประกอบความแปรปรวนของแต่ละชุดข้อมูล พร้อมกับหาค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของแต่ละองค์ประกอบความแปรปรวน แล้วใช้สูตร

$$V(h^2) = V\left(\frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}\right) = \frac{[SD(\sigma_a^2)]^2}{\sigma_p^2} \quad \text{ดังนั้น} \quad SE(h^2) = \sqrt{\frac{V(h^2)}{n}}$$

เมื่อ n = จำนวนของชุดข้อมูล

σ_p^2 = ความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ

2.2. Fixed regression model (FRM)

ผลการวิเคราะห์เพื่อหาค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบโดยใช้ TDM ตามสมการที่ [3.8] เมื่อกำหนดกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกันตามฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอด (FRM1) และ ฝูง-วันทดสอบ (FRM2) พบว่าองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนจากโมเดลที่มีกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกันตามฝูง-วันทดสอบ (5.23) มีค่าต่ำกว่าโมเดลที่มีกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกันตามฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอด (6.20) คิดเป็น 15.64 เปอร์เซ็นต์ องค์ประกอบความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวรเมื่อใช้โมเดลที่มีกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกันตามฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอด (3.64) จะมีค่าสูงกว่าเมื่อใช้โมเดลที่มีกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกันตามฝูง-วันทดสอบ (4.34) ขณะที่องค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม (4.07 และ 3.97) และค่าอัตราพันธุกรรมมีค่าเกือบเท่ากันทั้งคู่ (0.29) ส่วนค่าอัตราซ้ำจะมีค่าเท่ากับ 0.55 และ 0.61 สำหรับโมเดลที่มี ฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอดและฝูง-วันทดสอบตามลำดับ โดยเฉพาะอย่างยิ่งค่าอัตราซ้ำสำหรับโมเดลที่มี ปี-วันทดสอบ จะมีค่าใกล้เคียงกับค่าเฉลี่ยของสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏระหว่างแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบที่พบจากผลการวิเคราะห์ในตารางที่ 4.4 (ตารางที่ 4.5)

ตารางที่ 4.5 ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม ความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวร ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน ค่าอัตราพันธุกรรม และค่าอัตราซ้ำ ของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบภายใต้ FRM ที่มีกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกันต่างกันสำหรับระยะการให้นมครั้งแรก

พารามิเตอร์ทางพันธุกรรม	กลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน (CG)	
	HYS ^A (FRM1)	HTD ^B (FRM2)
ความแปรปรวนทางพันธุกรรม (σ_a^2)	4.07±0.41	3.97±0.64
ความแปรปรวนของสภาพแวดล้อม (σ_p^2)	3.64±0.38	4.34±0.57
ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน (σ_e^2)	6.20±0.43	5.23±0.06
ค่าอัตราพันธุกรรม (h^2) ^C	0.29±0.1	0.29±0.1
ค่าอัตราซ้ำ (r) ^D	0.55±0.1	0.61±0.1

^AHYS = ฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอด

^BHTD = ฝูง-วันทดสอบ

^{C,D} = แสดงด้วยค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน

2.3 Random regression model (RRM)

ผลการวิเคราะห์เพื่อหาค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ เช่น องค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม และสหสัมพันธ์ที่เกี่ยวข้องกับสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่ม โดยใช้ TDM ตามสมการที่ [3.11] (RRM1) และ สมการที่ [3.14] (RRM2) พบว่าองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนภายใต้ RRM2 (3.20) จะมีค่าต่ำกว่าองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนภายใต้ RRM1 เล็กน้อย (3.29)

สำหรับ RRM1 สัมประสิทธิ์ a_3 มีสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมในทางตรงกันข้ามกับสัมประสิทธิ์ $a_4(-0.81)$ และ $a_5(-0.31)$ ในขณะที่ RRM2 สัมประสิทธิ์ a_3 มีสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมในทางตรงกันข้ามกับสัมประสิทธิ์ $a_4(-0.74)$ และ $a_5(-0.63)$ ส่วนสหสัมพันธ์ระหว่างสัมประสิทธิ์ a_4 และ a_5 จะมีค่าเป็นบวกที่เข้าใกล้ 0 สำหรับ RRM1 (0.09) และมีค่าเท่ากับ 0.27 สำหรับ RRM2 (ตารางที่ 4.6) (ตารางที่ 4.7)

ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมในแต่ละวันทดสอบสำหรับอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมและเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวรที่ได้จากการคำนวณตามสมการที่ [3.18] และ [3.19] พบว่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมในแต่ละวันทดสอบที่ประมาณได้จาก RRM1 และ RRM2 จะมีค่าสูงในวันทดสอบช่วงต้นของระยะการให้นมและลดลงตามลำดับจนถึงวันทดสอบช่วงท้ายของระยะการให้นม ยกเว้นวันทดสอบช่วงท้ายของ RRM1 ความแปรปรวนทางพันธุกรรมของ RRM1 จะมีค่าสูงกว่าที่ประมาณได้จาก RRM2 และเมื่อเปรียบเทียบกับค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ของแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบจาก MTM (ตามตารางที่ 4.3) แล้วจะมีค่าสูงกว่าด้วย โดยเฉพาะอย่างยิ่งช่วงต้นและช่วงท้ายของระยะการให้นม แต่ RRM2 จะประมาณค่าได้ใกล้เคียงมากกว่า RRM1 เมื่อพิจารณาความแปรปรวนของสภาพแวดล้อม (เป็นการรวมของความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวร และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนสำหรับ RRM1 และ RRM2 และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนสำหรับแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบตาม MTM) จะเห็นว่าความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมสำหรับ RRM2 จะมีแนวโน้มเหมือนกับความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมจากแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบตาม MTM ซึ่งจะให้ค่าสูงในช่วงต้นของระยะการให้นม (ตารางที่ 4.8) (รูปที่ 4.1) (รูปที่ 4.2)

ค่าอัตราพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้รับจากความแปรปรวนในแต่ละวันที่คำนวณได้จากสมการที่ [3.18] และ [3.19] และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนภายใต้

RRM1 และ RRM2 ได้แสดงไว้ในตารางที่ 4.8 และตารางที่ 4.9 ตามลำดับ ค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จาก RRM1 และ RRM2 มีค่าอยู่ในช่วงจาก 0.33 ถึง 0.81 และ จาก 0.20 ถึง 0.36 ตามลำดับ ซึ่งจะเห็นว่า RRM1 จะมีค่ามากกว่า RRM2 และเมื่อเปรียบเทียบกับค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จาก MTM จะมีรูปแบบไปในทำนองเดียวกันในช่วงต้นยกเว้นครั้งที่ของวันที่ทดสอบสุดท้ายจะมีค่าผิดปกติ (ดังแสดงในตารางที่ 4.3 และรูปที่ 4.3) สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีค่าสูงเมื่อระยะห่างของแต่ละวันใกล้เคียงกัน และมีแนวโน้มที่จะลดลงตามระยะห่างของแต่ละวันเพิ่มขึ้น สำหรับสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมภายใต้ RRM1 จะมีค่าต่ำกว่า RRM2 และมีค่าเป็นลบระหว่างวันที่ทดสอบในช่วงต้นและช่วงท้ายของระยะเวลาให้นม และเมื่อพิจารณาเปรียบเทียบกับในตารางที่ 4.4 แล้วส่วนใหญ่จะมีค่าต่ำกว่ามาก

ตาราง 4.6 ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม (เหนือ และอยู่บนเส้นทแยงมุม) และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (ใต้เส้นทแยงมุม) ของสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มทางพันธุกรรม ความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวร และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน ที่เกี่ยวข้องกับปริมาณน้ำนมในวันทดสอบภายใต้ RRM ซึ่งมีความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวรคงที่ (RRM1) สำหรับระยะเวลาให้นมครั้งแรก

องค์ประกอบ	a_3	a_4	a_5	
ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของ	a_3	11.22	-4.07E-02	-7.83
สัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มทางพันธุกรรม	a_4	-0.81	2.27E-04	1.02E-02
	a_5	-0.31	0.09	57.55
ความแปรปรวนของสภาพแวดล้อม (σ_p^2)		4.64		
ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน (σ_e^2)		3.29		

สัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มทางพันธุกรรม a_3 ถึง a_5 สอดคล้องกับตัวแปรร่วม $x_3 = 1$, $x_4 = t$, $x_5 = \exp^{-0.05t}$ ตามลำดับ เมื่อ $t =$ วันให้นม

ตารางที่ 4.7 ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม (เหนือ และอยู่บนเส้นทแยงมุม) และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (ใต้เส้นทแยงมุม) ของสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มทางพันธุกรรม และสภาพแวดล้อมถาวร และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน ที่เกี่ยวข้องกับปริมาณน้ำนมในวันทดสอบภายใต้ RRM ซึ่งมีความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวรอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่ม (RRM2) สำหรับระยะเวลาให้นมครั้งแรก

องค์ประกอบ		a_3	a_4	a_5
ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของ	a_3	6.62	-1.23E-02	-7.83
สัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มทางพันธุกรรม	a_4	-0.74	4.13E-05	8.38E-03
	a_5	-0.63	0.27	23.69
ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของ		p_3	p_4	p_5
สัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มของสภาพแวดล้อม	p_3	8.22	-2.23E-02	-3.95
ถาวร	p_4	-0.64	1.49E-04	7.57E-03
	p_5	-0.25	0.11	31.32
ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน (σ_e^2)		3.20		

สัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มทางพันธุกรรม a_3 ถึง a_5 และสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มของสภาพแวดล้อมถาวร p_3 ถึง p_5 สอดคล้องกับตัวแปรร่วม $x_3 = 1$, $x_4 = t$, $x_5 = \exp^{-0.05t}$ ตามลำดับ เมื่อ $t =$ วันให้นม

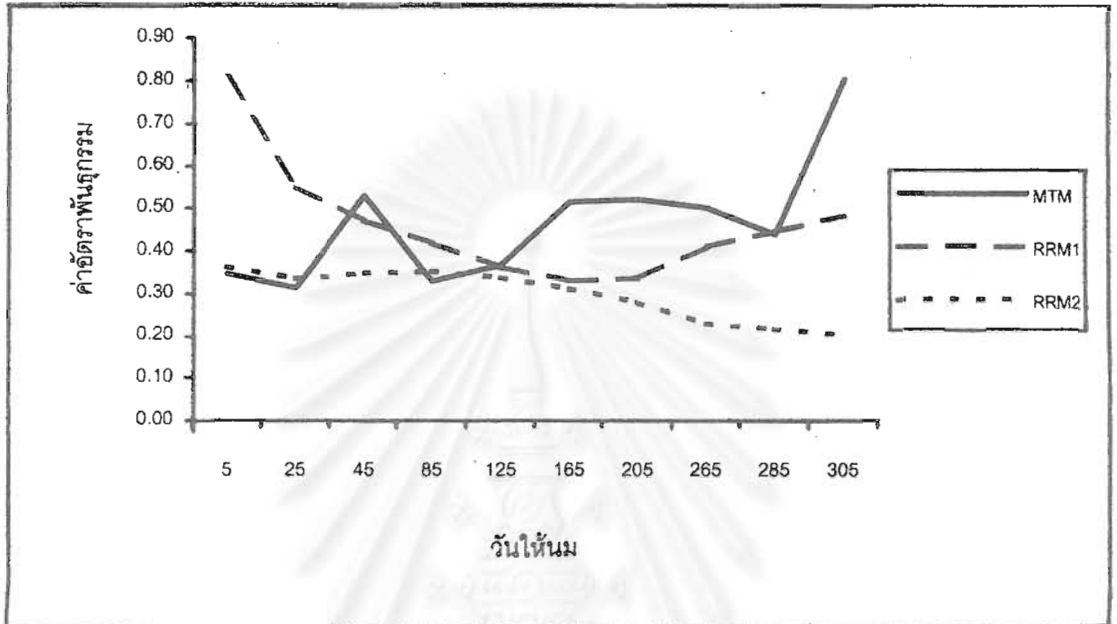
ตาราง 4.8 ค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรม ค่าความแปรปรวนของสภาพแวดล้อม และค่าอัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมรายวันในวันให้นมต่างๆ สำหรับ RRM1 และ RRM2

วันให้นม	RRM1				RRM2			
	σ_a^2	σ_p^2	σ_e^2	h^2	σ_a^2	σ_p^2	σ_e^2	h^2
5	33.60	4.64	3.29	0.81	13.85	20.90	3.20	0.36
25	9.71	4.64	3.29	0.55	5.49	7.61	3.20	0.34
45	7.10	4.64	3.29	0.47	4.99	6.10	3.20	0.35
85	5.75	4.64	3.29	0.42	4.73	5.41	3.20	0.35
125	4.55	4.64	3.29	0.36	4.19	4.96	3.20	0.34
165	3.95	4.64	3.29	0.33	3.70	4.91	3.20	0.31
205	4.05	4.64	3.29	0.34	3.33	5.33	3.20	0.28
265	5.57	4.64	3.29	0.41	3.02	6.86	3.20	0.23
285	6.43	4.64	3.29	0.45	2.98	7.61	3.20	0.22
305	7.48	4.64	3.29	0.49	2.98	8.48	3.20	0.20

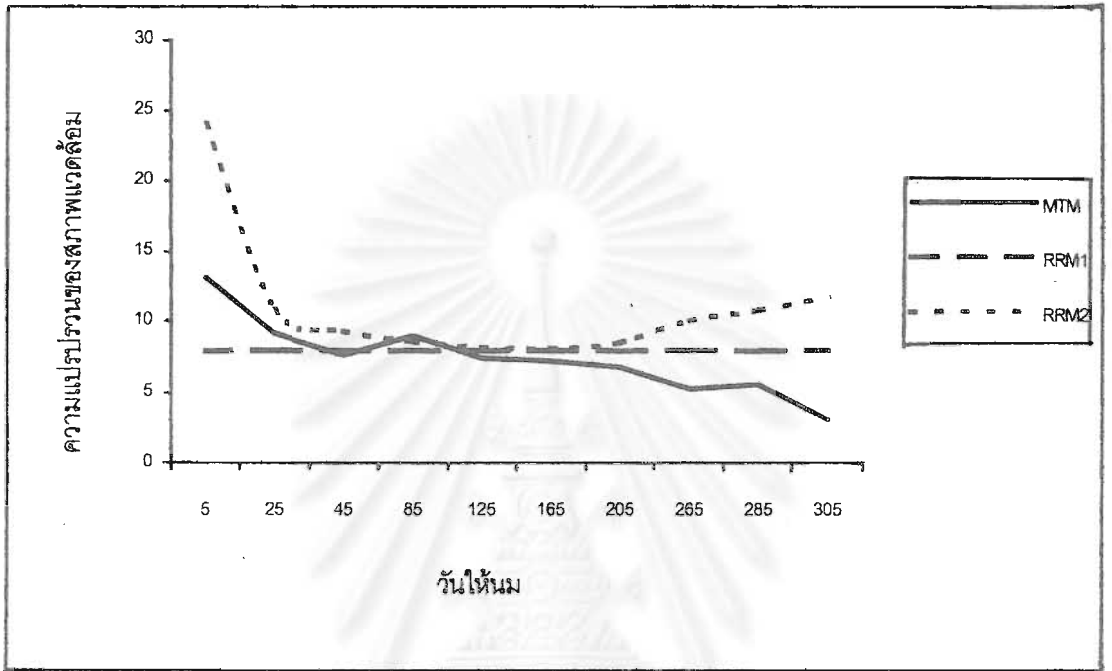
ตารางที่ 4.9 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างปริมาณน้ำนมรายวันในวันให้นมต่างๆภายใต้ RRM1 (ได้เส้นทะแยงมุม) และ RRM2 (เหนือเส้นทะแยงมุม) ซึ่งได้จากค่าความแปรปรวน และความแปรปรวนรวมที่ประมาณได้ระหว่างสัมประสิทธิ์การถดถอยคู่

วันให้นม	5	25	45	85	125	165	205	265	285	305	MY305 ^A
5	-	0.79	0.51	0.34	0.31	0.29	0.28	0.24	0.22	0.21	0.44
25	0.81	-	0.93	0.84	0.82	0.79	0.75	0.66	0.62	0.57	0.87
45	0.48	0.90	-	0.98	0.96	0.94	0.89	0.79	0.75	0.70	0.96
85	0.20	0.72	0.95	-	0.99	0.98	0.94	0.85	0.81	0.77	0.97
125	0.08	0.59	0.86	0.97	-	0.99	0.97	0.90	0.87	0.83	0.98
165	0.03	0.43	0.70	0.87	0.96	-	0.99	0.94	0.92	0.88	0.99
205	0.13	0.22	0.47	0.68	0.83	0.95	-	0.98	0.96	0.94	0.98
265	-0.25	-0.08	0.12	0.35	0.56	0.77	0.93	-	1.00	0.99	0.93
285	-0.28	-0.15	0.02	0.26	0.48	0.71	0.88	1.00	-	1.00	0.90
305	-0.30	-0.22	-0.06	0.17	0.40	0.64	0.84	0.98	1.00	-	0.87
MY305	0.22	0.62	0.89	0.89	0.95	0.97	0.90	0.69	0.62	0.56	-

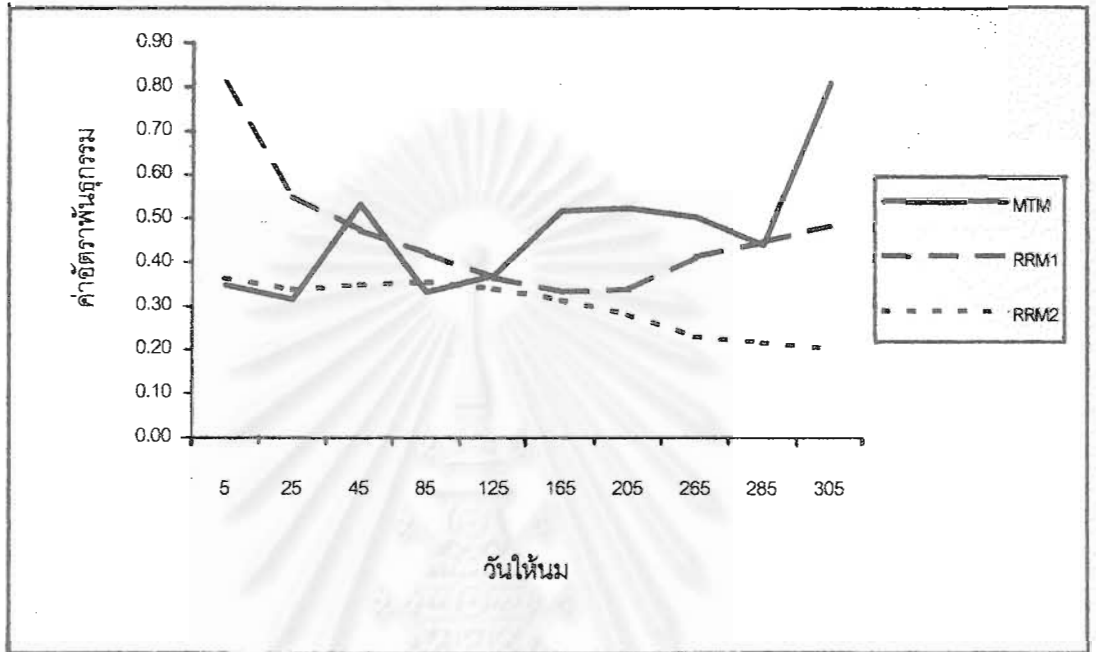
^A MY305 = ปริมาณน้ำนมในระยะเวลาการให้นมที่ 305 วัน



รูปที่ 4.1 แสดงความแปรปรวนทางพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบสำหรับระยะการให้นมครั้งแรก ตามฟังก์ชันของวันให้นมที่ได้จากโมเดลสมการถดถอยคู่สม (RRTDM1, RRTDM2) และโมเดลหลายลักษณะ (MTM) สำหรับโมเดลหลายลักษณะนั้นวันให้นมของแต่ละความแปรปรวนทางพันธุกรรมเป็นค่าเฉลี่ยวันให้นมของแต่ละวันทดสอบ



รูปที่ 4.2 แสดงความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบสำหรับระยะการให้นมครั้งแรก (ผลรวมของความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวร และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนสำหรับโมเดลสมการถดถอยสุ่ม และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน สำหรับโมเดลหลายลักษณะ) ตามฟังก์ชันของวันให้นม ที่ได้จากโมเดลสมการถดถอยสุ่ม (RRTDM1, RRTDM2) และโมเดลหลายลักษณะ (MTM) สำหรับโมเดลหลายลักษณะนั้นวันให้นมของแต่ละความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมเป็นค่าเฉลี่ยวันให้นมของแต่ละวันทดสอบ



รูปที่ 4.3 แสดงค่าดัชนีคุณภาพของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบของระยการให้นมครั้งแรก ที่ได้จากโมเดลสมการถดถอยคู่สม (RRTDM1, RRTDM2) และโมเดลหลายลักษณะ (MTM) สำหรับโมเดลหลายลักษณะวันให้นมของแต่ละค่าดัชนีคุณภาพเป็นค่าเฉลี่ยวันให้นมของแต่ละวันทดสอบ

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

3. ผลการประเมินค่าทางพันธุกรรม

ตัวอย่างของ EBV สำหรับแม่พันธุ์ และพ่อพันธุ์ที่ได้จากการวิเคราะห์โดยใช้โมเดลต่างๆ ทั้ง 305DLM และ TDM เพื่อที่จะนำไปหาค่าความสัมพันธ์ต่อไปได้แสดงไว้ในตารางที่ 4.10 และตารางที่ 4.11 ตามลำดับ

ตารางที่ 4.10 ตัวอย่างรายการค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันของแม่พันธุ์จากโมเดลต่างๆ

หมายเลข แม่พันธุ์	จำนวน ลูกสาว	บันทึกในวัน ทดสอบ	โมเดลที่ใช้วิเคราะห์				
			305DLM	FRM1	FRM2	RRM1	RRM2
101	1	10	-231.71	-138.23	-428.34	111.41	134.91
104	1	9	322.27	349.01	-310.92	416.27	381.62
105	1	9	-684.17	-469.00	-894.41	-320.61	-420.73
106	1	9	-199.00	-149.21	-677.56	-161.97	-193.06
107	1	10	-175.25	-4.85	-419.92	127.01	121.07
108	1	8	-662.22	-808.77	-1238.48	-628.54	-650.77
112	1	10	-186.97	-58.32	-627.54	-42.70	-70.56
114	1	10	468.56	447.22	-84.15	403.85	340.22
116	1	10	-372.17	-446.61	-820.33	-286.96	-301.55
117	1	7	621.38	710.16	-80.73	418.44	369.26

305DLM = 305-day lactation model, FRM1 = fixed regression model ที่มี HYS เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน, FRM2 = fixed regression model ที่มี HTD เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน, RRM1=Random regression model ซึ่งมีอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมถูกอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่ม, RRM2 = random regression model ซึ่งมีทั้งอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมและอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมถูกอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่ม

ตารางที่ 4.11 ตัวอย่างรายการค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันของพ่อพันธุ์จากโมเดลต่างๆ

หมายเลข พ่อพันธุ์	จำนวน ลูกสาว	บันทึกในวัน ทดสอบ	โมเดลที่ใช้วิเคราะห์				
			305DLM	FRM1	FRM2	RRM1	RRM2
11B520	7	60	95.58	21.93	-443.87	108.75	21.81
11B521	8	72	301.55	377.29	-292.74	369.77	327.50
11B529	2	18	24.77	133.41	-358.04	212.65	179.32
11B531	2	16	-210.75	-144.57	-786.05	-32.31	-76.22
11B534	4	34	72.95	-37.70	-629.86	2.37	-56.15
11B543	3	25	164.70	225.40	-222.53	277.10	247.22
11B544	8	72	318.05	288.59	-167.84	420.52	405.30
11H1056	2	20	-301.62	-200.17	-586.33	69.81	60.07
11H1162	11	93	-322.15	-335.47	-830.58	-328.52	-419.78
11H1191	9	78	-450.67	-386.62	-741.06	-268.14	-267.16

305DLM = 305-day lactation model, FRM1 = fixed regression model ที่มี HYS เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน, FRM2 = fixed regression model ที่มี HTD เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน, RRM1=Random regression model ซึ่งมีอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมถูกอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่ม, RRM2 = random regression model ซึ่งมีทั้งอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมและอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมถดถอยสุ่ม

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่าต่ำสุด-ค่าสูงสุด และ $-2\log L$ ของ EBV สำหรับแม่พันธุ์ และพ่อพันธุ์ที่ได้จากการวิเคราะห์โดยใช้โมเดลต่างๆทั้ง 305DLM และ TDM ได้แสดงไว้ในตารางที่ 4.12 และตารางที่ 4.13 ตามลำดับ พบว่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน และช่วงห่างของค่าต่ำสุดและสูงสุดของ EBV ของปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันจาก RRM จะมีค่าต่ำกว่า 305DLM และ FRM แต่ค่าเฉลี่ยของ EBV จะมีค่าสูงกว่าทั้งพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ ค่าเฉลี่ยสำหรับพ่อพันธุ์จะต่ำกว่าแม่พันธุ์ ค่า $-2\log L$ จาก RRM2 ทั้งพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์มีค่าต่ำสุดเมื่อเทียบเฉพาะกลุ่มของ TDM

ตารางที่ 4.12 ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่าต่ำสุด ค่าสูงสุด และ ค่า $-2\log L$ ของค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์ที่มีข้อมูลสำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน จากโมเดลต่างๆ ของระยะการให้นมครั้งแรก

โมเดล	ค่าเฉลี่ย	ส่วนเบี่ยงเบน มาตรฐาน	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด	$-2\log L$
305DLM	230.18	485.75	-1,237.69	2,080.51	8,619.24
FRM1	249.09	496.05	-1,252.76	1,986.37	17,617.70
FRM2	-213.68	510.18	-1,640.08	1,771.04	16,427.39
RRM1	295.52	456.05	-931.82	1,990.92	15,600.73
RRM2	279.67	460.04	-954.09	2,002.81	15,529.30

305DLM = 305-day lactation model, FRM1 = fixed regression model ที่มี HYS เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน, FRM2 = fixed regression model ที่มี HTD เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน, RRM1=Random regression model ซึ่งมีอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมถูกอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่ม, RRM2 = random regression model ซึ่งมีทั้งอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมและอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมถดถอยสุ่ม

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ตารางที่ 4.13 ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่าต่ำสุด ค่าสูงสุด และ ค่า -2LogL ของค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์สำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน จากโมเดลต่างๆ ของระยะการให้นมครั้งแรก

โมเดล	ค่าเฉลี่ย	ส่วนเบี่ยงเบน มาตรฐาน	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด	-2LogL
305DLM	144.90	365.50	-890.47	1182.68	8,619.24
FRM1	156.07	374.15	-891.27	1234.91	17,617.70
FRM2	-355.15	374.01	-1410.93	761.07	16,427.39
RRM1	200.87	335.77	-617.91	1105.58	15,600.73
RRM2	182.10	340.88	-649.12	1125.42	15,529.30

305DLM = 305-day lactation model, FRM1 = fixed regression model ที่มี HYS เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน, FRM2 = fixed regression model ที่มี HTD เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน, RRM1=Random regression model ซึ่งมีอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมถูกอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่ม, RRM2 = random regression model ซึ่งมีทั้งอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมและอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมถูกอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่ม

4. ผลของความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์จาก TDM และ 305DLM

ผลการวิเคราะห์หาค่าสหสัมพันธ์ระหว่าง EBV ของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันที่ประเมินได้จาก TDM ตามสมการที่ [3.8], [3.11] และ [3.14] และ ลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันจาก 305DLM ตามสมการที่ [3.3] ของแม่พันธุ์และพ่อพันธุ์ โดยใช้ Pearson correlation และ Spearman rank correlation ได้แสดงไว้ในตารางที่ 4.14 (สำหรับแม่พันธุ์) และ ตารางที่ 4.15 (สำหรับพ่อพันธุ์) พบว่าค่าสหสัมพันธ์ระหว่างปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันจาก 305DLM และปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันที่ประเมินได้จาก TDM (FRM และ RRM) ทั้งพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์มีค่าสูง (>0.87) โดยแม่พันธุ์และพ่อพันธุ์มีค่าเกือบเท่ากัน และใน TDM ที่มีอิทธิพลของปี-ฤดูกาลคลอด (FRM1) จะมีค่าสหสัมพันธ์กับ 305DLM (0.96) มากกว่าใน TDM ที่มีอิทธิพลของปี-วันทดสอบ (FRM2)(0.90)

เมื่อทำการลดจำนวนข้อมูลลงโดยใช้เฉพาะข้อมูลของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบครั้งที่ 1,3,5,7 และ 9 ของระยะการให้นมพบว่าสหสัมพันธ์ระหว่าง EBV ของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันที่ประเมินได้จาก TDM (FRM และ RRM) และลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันจาก 305DLM ก็จะมีค่าเท่าเดิมหรือต่ำกว่าเล็กน้อยทั้งแม่พันธุ์และพ่อพันธุ์ ดังแสดงไว้ในตารางที่ 4.16 (สำหรับแม่พันธุ์) และ ตารางที่ 4.17 (สำหรับพ่อพันธุ์)

จากการวิเคราะห์ปริมาณน้ำนมในวันทดสอบโดยใช้ RRM เพื่อหา EBV ของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันสำหรับนำไปหาสหสัมพันธ์กับ EBV ของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันจาก LM และจาก FRM แล้วยังสามารถหาสหสัมพันธ์ของ EBV ของแต่ละช่วงในระยะการให้นมกับลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันในแต่ละ RRM ได้ดังแสดงไว้ในตารางที่ 4.18 และ ตารางที่ 4.19(RRM1) และ ตารางที่ 4.20 และ ตารางที่ 4.21 (RRM2) พบว่าสหสัมพันธ์ระหว่างช่วงในระยะการให้นมจากวันให้นมที่ 101 ถึง 200 (C2) และช่วงในระยะการให้นมจากวันให้นมที่ 201 ถึง 305 (C3) จะมีค่าสูงกว่าระหว่างช่วงในระยะการให้นมจากวันให้นมที่ 1 ถึง 100 (C1) และช่วงในระยะการให้นมจากวันให้นมที่ 101 ถึง 200 (C2) แต่สหสัมพันธ์ทั้งสองจะสูงกว่าระหว่างช่วงในระยะการให้นมจากวันให้นมที่ 1 ถึง 100 (C1) และช่วงในระยะการให้นมจากวันให้นมที่ 201 ถึง 305 (C3) เมื่อพิจารณาสหสัมพันธ์ระหว่าง EBV แต่ละช่วงในระยะการให้นมและ EBV ของปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน พบว่า EBV ในช่วงในระยะการให้นมจากวันให้นมที่ 101 ถึง 200 (C2) มีสหสัมพันธ์กับ EBV ของปริมาณน้ำนมที่ 305 มากที่สุด โดยมีรูปแบบที่เหมือนกันทั้ง 2 โมเดล

ตารางที่ 4.14 Pearson correlation (เหนือเส้นทแยงมุม) และ Spearman rank correlation (ใต้เส้นทแยงมุม) ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์ที่มีข้อมูลสำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน จากโมเดลต่างๆ ของระยะการให้นมครั้งแรก

EBV	305DLM	FRM1	FRM2	RRM1	RRM2
305DLM	-	0.96	0.90	0.92	0.92
FRM1	0.95	-	0.94	0.96	0.96
FRM2	0.88	0.94	-	0.97	0.98
RRM1	0.91	0.95	0.97	-	1.00
RRM2	0.91	0.95	0.97	0.99	-

305DLM = 305-day lactation model, FRM1 = fixed regression model ที่มี HYS เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน, FRM2 = fixed regression model ที่มี HTD เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน, RRM1=Random regression model ซึ่งมีอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมถูกอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่ม, RRM2 = random regression model ซึ่งมีทั้งอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมและอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวรถูกอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่ม

ตารางที่ 4.15 Pearson correlation (เหนือเส้นทแยงมุม) และ Spearman rank correlation (ใต้เส้นทแยงมุม) ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์สำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน จากโมเดลของระยะการให้นมครั้งแรก

EBV	305DLM	FRM1	FRM2	RRM1	RRM2
305DLM	-	0.96	0.89	0.91	0.91
FRM1	0.94	-	0.94	0.96	0.95
FRM2	0.89	0.93	-	0.96	0.96
RRM1	0.90	0.95	0.96	-	1.00
RRM2	0.90	0.94	0.96	0.99	-

305DLM = 305-day lactation model, FRM1 = fixed regression model ที่มี HYS เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน, FRM2 = fixed regression model ที่มี HTD เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน, RRM1=Random regression model ซึ่งมีอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมถูกอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่ม, RRM2 = random regression model ซึ่งมีทั้งอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมและอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวรถูกอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่ม

ตารางที่ 4.16 Pearson correlation ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ และแม่พันธุ์ที่มีข้อมูลสำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันของการให้น้ำนมครั้งแรกจากโมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบกับโมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน

สหสัมพันธ์	พ่อพันธุ์		แม่พันธุ์	
	ข้อมูลทั้งหมด ^a	ข้อมูลบางส่วน ^b	ข้อมูลทั้งหมด ^a	ข้อมูลบางส่วน ^b
305DLM-FRM1	0.96	0.96	0.96	0.95
305DLM-FRM2	0.89	0.89	0.90	0.90
305DLM-RRM1	0.91	0.90	0.92	0.90
305DLM-RRM2	0.91	0.89	0.92	0.90

^a เป็นบันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบทั้งหมดที่ใช้ในการวิเคราะห์

^b เป็นบันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบบางส่วนเฉพาะวันทดสอบครั้งที่ 1,3,5,7,9 ของระยะการให้นมที่ใช้ในการวิเคราะห์

ตารางที่ 4.17 Spearman rank correlation ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ และแม่พันธุ์ที่มีข้อมูลสำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันของการให้น้ำนมครั้งแรกจากโมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบต่างๆ กับ โมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน

สหสัมพันธ์	พ่อพันธุ์		แม่พันธุ์	
	ข้อมูลทั้งหมด ^a	ข้อมูลบางส่วน ^b	ข้อมูลทั้งหมด ^a	ข้อมูลบางส่วน ^b
305DLM-FRM1	0.96	0.96	0.95	0.94
305DLM-FRM2	0.89	0.89	0.88	0.86
305DLM-RRM1	0.91	0.90	0.91	0.88
305DLM-RRM2	0.91	0.89	0.91	0.88

^a เป็นบันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบทั้งหมดที่ใช้ในการวิเคราะห์

^b เป็นบันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบบางส่วนเฉพาะวันทดสอบครั้งที่ 1,3,5,7,9 ของระยะการให้นมที่ใช้ในการวิเคราะห์

ตารางที่ 4.18 Peason correlation (เหนือเส้นทแยงมุม) และ Spearman rank correlation (ใต้เส้นทแยงมุม) ระหว่างค่าการผสมพันธุ์แต่ละส่วนของการให้นมและปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันที่ได้จาก RRM1 สำหรับแม่พันธุ์ของระยะการให้นมครั้งแรก

EBV	C ₁	C ₂	C ₃	T
C ₁	-	0.66	0.16	0.73
C ₂	0.65	-	0.79	0.98
C ₃	0.16	0.77	-	0.78
T	0.72	0.98	0.76	-

T= EBV สำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน

C_m= EBV สำหรับปริมาณน้ำนมที่แบ่งเป็นส่วนๆ เช่น m=1 เป็นปริมาณน้ำนมจากวันให้นมที่ 1 ถึง 100, m=2 เป็นปริมาณน้ำนมจากวันให้นมที่ 101 ถึง 200 และ m=3 เป็นปริมาณน้ำนมจากวันให้นมที่ 201 ถึง 305

ตารางที่ 4.19 Peason correlation (เหนือเส้นทแยงมุม) และ Spearman rank correlation (ใต้เส้นทแยงมุม) ระหว่างค่าการผสมพันธุ์แต่ละส่วนของการให้นมและปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันที่ได้จาก RRM1 สำหรับพ่อพันธุ์ของระยะการให้นมครั้งแรก

EBV	C ₁	C ₂	C ₃	T
C ₁	-	0.68	0.11	0.76
C ₂	0.66	-	0.74	0.98
C ₃	0.12	0.75	-	0.72
T	0.75	0.98	0.71	-

T= EBV สำหรับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน

C_m= EBV สำหรับปริมาณน้ำนมที่แบ่งเป็นส่วนๆ เช่น m=1 เป็นปริมาณน้ำนมจากวันให้นมที่ 1 ถึง 100, m=2 เป็นปริมาณน้ำนมจากวันให้นมที่ 101 ถึง 200 และ m=3 เป็นปริมาณน้ำนมจากวันให้นมที่ 201 ถึง 305

ตารางที่ 4.20 Pearson correlation (เหนือเส้นทแยงมุม) และ Spearman rank correlation (ใต้เส้นทแยงมุม) ระหว่างค่าการผสมพันธุ์แต่ละส่วนของการให้นมและปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วันที่ได้จาก RRM2 สำหรับแม่พันธุ์ของระยะการให้นมครั้งแรก

EBV	C ₁	C ₂	C ₃	T
C ₁	-	0.90	0.77	0.93
C ₂	0.89	-	0.96	0.99
C ₃	0.77	0.95	-	0.95
T	0.92	0.99	0.95	-

T= EBV สำหรับปริมาณน้ำนมในระยะเวลาการให้นมที่ 305 วัน

C_m= EBV สำหรับปริมาณน้ำนมที่แบ่งเป็นส่วนๆ เช่น m=1 เป็นปริมาณน้ำนมจากวันให้นมที่ 1 ถึง 100, m=2 เป็นปริมาณน้ำนมจากวันให้นมที่ 101 ถึง 200 และ m=3 เป็นปริมาณน้ำนมจากวันให้นมที่ 201 ถึง 305

ตารางที่ 4.21 Pearson correlation (เหนือเส้นทแยงมุม) และ Spearman rank correlation (ใต้เส้นทแยงมุม) ระหว่างค่าการผสมพันธุ์แต่ละส่วนของการให้นมและปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วันที่ได้จาก RRM2 สำหรับพ่อพันธุ์ของระยะการให้นมครั้งแรก

EBV	C ₁	C ₂	C ₃	T
C ₁	-	0.93	0.87	0.96
C ₂	0.93	-	0.98	0.99
C ₃	0.86	0.97	-	0.97
T	0.96	0.99	0.96	-

T= EBV สำหรับปริมาณน้ำนมในระยะเวลาการให้นมที่ 305 วัน

C_m= EBV สำหรับปริมาณน้ำนมที่แบ่งเป็นส่วนๆ เช่น m=1 เป็นปริมาณน้ำนมจากวันให้นมที่ 1 ถึง 100, m=2 เป็นปริมาณน้ำนมจากวันให้นมที่ 101 ถึง 200 และ m=3 เป็นปริมาณน้ำนมจากวันให้นมที่ 201 ถึง 305

อภิปรายผลการวิเคราะห์

1. ผลการวิเคราะห์เบื้องต้น

1.1 ค่าเฉลี่ยของลักษณะที่ศึกษา

จากผลการวิเคราะห์หาค่าเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของปริมาณน้ำนมในระยะเวลาการให้นมที่ 305 วัน และปริมาณน้ำนมในวันทดสอบของระยะการให้นมครั้งแรกที่พบว่ามีค่าเท่ากับ $3,767.91 \pm 1095.27$ กิโลกรัม และ 13.08 ± 4.67 กิโลกรัมตามลำดับ จากจำนวนข้อมูลปริมาณน้ำนมในระยะเวลาการให้นมที่ 305 วันทั้งหมด 645 บันทึก และจำนวนข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบทั้งหมด 5,684 บันทึก มีค่าสูงกว่าค่าเฉลี่ยจากรายงานอื่นๆที่ใช้ข้อมูลศึกษาจากแม่โคนมที่คลอดอยู่ในช่วงเวลาใกล้เคียงกันแต่ต่างประชากร เช่น การศึกษาของเทียมพบ ก้านเหลือง (2541) ที่ใช้ข้อมูลจากฝูงโคนมในเขตจังหวัดเพชรบูรณ์ จังหวัดเพชรบุรี และจังหวัดประจวบคีรีขันธ์ มีค่าเฉลี่ยปริมาณน้ำนมในระยะเวลาการให้นมที่ 305 วันเท่ากับ $3,081.18 \pm 1,918.16$ กิโลกรัม การศึกษาของพัชรินทร์ จินกล้า และคณะ (2534) ในโคลูกผสมที่มีระดับสายเลือดไฮลด์โตน์ ฟรีเซียน 75 เปอร์เซนต์จากฟาร์มของศูนย์วิจัยและบำรุงพันธุ์สัตว์เชียงใหม่ จังหวัดเชียงใหม่ มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ $2,646.00 \pm 777.90$ กิโลกรัม และเมื่อเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วันก็ยังมีค่าสูงกว่าด้วย เช่น การศึกษาจากโคลูกผสมที่มีระดับสายเลือดไฮลด์โตน์ ฟรีเซียน 75 และ 87.50 เปอร์เซนต์จากฟาร์มเกษตรกรในจังหวัดเพชรบุรี และจังหวัดประจวบคีรีขันธ์ ของ กัลยา เก่งวิทย์กรรม และคณะ(2538) พบว่ามีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 2,864.78 และ 3,137.57 กิโลกรัมตามลำดับ และการศึกษาจากโคลูกผสมที่มีระดับสายเลือดไฮลด์โตน์ ฟรีเซียนมากกว่า 75 เปอร์เซนต์จากศูนย์วิจัยและพัฒนาการผลิตนม มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ของกรรณิกา เร่งศิริกุล และคณะ (2542) มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 2874 ± 702.11 กิโลกรัม การที่ค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนมในระยะเวลาการให้นมที่ 305 วันจากประชากรที่ศึกษาในครั้งนี้มีค่าสูงกว่าประชากรอื่นอาจเนื่องจากข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ประชากรโคนมส่วนใหญ่มีระดับเลือดโคยุโรปสูงมากถึง 75 เปอร์เซนต์ หรือสูงกว่า ซึ่งรายงานการศึกษาโดยทั่วไปเห็นพ้องกันว่าปริมาณผลผลิตน้ำนมเพิ่มตามระดับพันธุกรรมที่เพิ่มขึ้น (Reaves et al., 1985; Mudgal et al., 1992; กัลยา เก่งวิทย์กรรม และคณะ, 2538 และ พิณิจ ลำดวนหอม, 2540)

ปริมาณน้ำนมโดยเฉลี่ยต่อวันที่มีค่าสูงสุดอยู่ในช่วงระหว่างวันที่ 40-60 หลังคลอดนั้นเป็นช่วงเวลาที่ใกล้เคียงกับการศึกษาในโคนมลูกผสมของ อังคณา เมฆวิสัย (2541) และการศึกษาในโคไฮลส์ไตร์น ฟริเซียน ของ Pander และคณะ (1992) และ Swalve (1995) ที่รายงานว่าจุดสูงสุดของกราฟการให้นมใกล้เคียงวันให้นมที่ 40 หลังคลอด และสอดคล้องกับรายงานโดย Jamrozik และ Schaeffer (1997) ที่รายงานว่าจุดสูงสุดของกราฟการให้นมจะอยู่ระหว่างวันให้นมที่ 35 และ 50 หลังคลอด

ความผันแปรของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบมีแนวโน้มลดลงตั้งแต่ช่วงต้นจนถึงช่วงท้ายของการให้นมซึ่งสอดคล้องกับ Rekaya และคณะ (1999) แต่แตกต่างไปจากการศึกษาของ Ptak และ Schaeffer (1993), Swalve (1995) และ Vargas et al. (1998) ที่รายงานว่าปริมาณน้ำนมในวันทดสอบที่ช่วงต้นและช่วงท้ายของการให้นมมีความผันแปรมากกว่าในช่วงกลางของระยะการให้นม

1.2 อิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะที่ศึกษา

จากการศึกษาเพื่อหาอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันในระยะการให้นมครั้งแรกพบว่าอิทธิพลคงที่มีผลต่อลักษณะดังกล่าว ได้แก่ อิทธิพลของปี-ฤดูกาลคลอด กลุ่มพันธุ์ อายุเมื่อคลอดลูกครั้งแรก จำนวนวันให้นม และจำนวนวันหลังคลอดถึงการทดสอบครั้งแรก โดยเฉพาะ อิทธิพลของ ปี-ฤดูกาลคลอด กลุ่มพันธุ์ จำนวนวันให้นม จะให้ผลสอดคล้องกับการศึกษาของ วิโรจน์ ภูด้อง (2531) Ptak และคณะ (1993) และเทียบพบก้านเหลือ (2541) ส่วนอายุเมื่อคลอดลูกครั้งแรกจะให้ผลสอดคล้องกับการศึกษาของ Bangnato และคณะ (1994) และ Khan และ Shook (1996) ที่รายงานว่าโคนมที่มีจำนวนครั้งที่ให้ผลผลิตน้ำนมเดียวกันแต่อายุไม่เท่ากันจะทำให้ผลผลิตน้ำนมที่ได้รับแตกต่างกันไป โดยโคนมที่มีอายุเมื่อให้ลูกตัวแรกสูงจะให้ผลผลิตน้ำนมมากกว่าโคนมที่มีอายุเมื่อให้ลูกตัวแรกต่ำ แต่สำหรับอิทธิพลของกลุ่มพันธุ์จากการศึกษาของ อังคณา เมฆวิสัย (2541) รายงานว่าไม่มีอิทธิพลต่อการให้ผลผลิตน้ำนมซึ่งให้ผลแตกต่างไปจากการศึกษาของ Acosta และคณะ (1998) ที่รายงานว่าอิทธิพลของกลุ่มพันธุ์ของโคนมลูกผสมระดับสายเลือดต่างๆกันจะมีผลต่อปริมาณน้ำนมตลอดระยะการให้นมอย่างมีนัยสำคัญยิ่งสอดคล้องกับการศึกษาในครั้งนี้

จากการศึกษาครั้งนี้พบว่าอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบส่วนมากจะเหมือนกับอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน

คือ อิทธิพลของ ปี-วันทดสอบ กลุ่มพันธุ์ อายุเมื่อคลอดลูกครั้งแรก และจำนวนวันให้นมในวันทดสอบ สอดคล้องกับการศึกษาของหลายรายงาน (Meyer et al., 1989; Pander et al., 1992; Ptak and Schaeffer, 1993; Schaeffer and Jamrozik, 1996; Jamrozik and Schaeffer, 1997; Wiggan, 1998)

2. ผลการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

2.1 ค่าองค์ประกอบความแปรปรวน

การวิเคราะห์หาค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ เช่น ความแปรปรวนทางพันธุกรรม ความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวร และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนจากการศึกษาครั้งนี้โดยใช้ทั้ง MTM สำหรับการพิจารณาว่าแต่ละวันทดสอบเป็นลักษณะที่แตกต่างกัน FRM และ RRM พบว่าค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่ได้มีค่าแตกต่างกัน และมีความผันแปรสูงสำหรับวันให้นมและโมเดลที่ใช้ต่างกัน ซึ่งส่งผลให้ได้ค่าอัตราพันธุกรรมที่แตกต่างกัน โดยเฉพาะอย่างยิ่งค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน เมื่อโมเดลสำหรับใช้ในการวิเคราะห์สามารถจำแนกอิทธิพลต่างๆที่มีผลต่อปริมาณน้ำนมในวันทดสอบได้อย่างละเอียดถูกต้องแล้วจะทำให้ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนลดลง (Ptak and Schaeffer, 1993) เช่น การเปรียบเทียบของ FRM ที่ใช้ ฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอด และ ฝูง-วันทดสอบ เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน จะเห็นว่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนจากการใช้ ฝูง-วันทดสอบเป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกันมีแนวโน้มที่มีค่าต่ำกว่า ซึ่งให้เห็นว่าความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถูกกำจัดออกไปโดยการพิจารณาการเปรียบเทียบสัตว์ภายในวันที่มีการทดสอบเหมือนกันมากกว่าการเปรียบเทียบสัตว์ในช่วงระยะเวลาของการคลอดที่เหมือนกัน

หากพิจารณาเปรียบเทียบเฉพาะองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนที่ได้จาก TDM ต่างๆคือ FRM1, FRM2, RRM1 และ RRM2 จะเห็นว่าองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนภายใต้ RRM1 (3.29) มีค่าต่ำกว่าค่าที่ได้จาก FRM2 (5.23) และองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนภายใต้ RRM2 (3.20) จะมีค่าต่ำกว่า FRM1 (6.20), FRM2 และ RRM1 ในการศึกษาครั้งนี้ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนที่น้อยกว่าของ RRM1 และ RRM2 ซึ่งให้เห็นว่าการรวมเอาสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มเข้าไปในโมเดลจะเพิ่มความเหมาะสมของโมเดลมากกว่า FRM2 ซึ่งให้ผลสอดคล้องกับการศึกษาที่ได้รายงานไว้โดย

Jamrozik และคณะ (1996) อ้างโดย Rekaya et al., (1999) ด้วยข้อมูลของประเทศแคนาดา และ Rekaya และคณะ (1999) ด้วยข้อมูลของประเทศสเปน (1999) และที่สำคัญค่าองค์ประกอบของความคลาดเคลื่อนนี้ยังเป็นค่าที่ใช้ตัดสินได้ว่าโมเดลไหนจะเหมาะสมที่สุด (Jamrozik and Schaeffer, 2000)

หากพิจารณาจาก MTM พบว่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนในครั้งที่ของวันทดสอบแรกจะมีค่าสูงกว่าครั้งที่ของวันทดสอบอื่นๆที่เป็นเช่นนี้อาจเกิดจากการที่ไม่สามารถควบคุมอิทธิพลของสภาพแวดล้อมในช่วงต้นของระยะเวลาให้นมได้ ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Olori et al, (1999)

2.2 ค่าอัตราพันธุกรรม

ค่าอัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบสำหรับระยะเวลาให้นมครั้งแรกของแต่ละโมเดลที่ศึกษา คือ MTM, FRM และ RRM มีค่าเท่ากับ 0.27-0.66, 0.29 และ 0.20-0.81 ตามลำดับ ส่วนใหญ่มีค่าค่อนข้างสูงแต่อยู่ในช่วงของค่าที่ได้จากการตรวจเอกสารคือ MTM จะมีค่าอยู่ระหว่าง 0.04-0.43 FRM จะมีค่าอยู่ระหว่าง 0.17-0.30 และ RRM มีค่าอยู่ระหว่าง 0.20-0.67 ยกเว้นค่าสูงสุดของ MTM (0.66) และ RRM (0.81) ซึ่งเป็นค่าที่ได้จากวันทดสอบสุดท้ายและวันทดสอบแรกของระยะเวลาให้นม โดยเฉพาะค่าสูงสุดของวันทดสอบแรกจาก RRM1 จะให้ผลสอดคล้องกับการศึกษาของ Jamrozik และ Schaeffer (1997) Kettunen และคณะ (1998) Kettunen และคณะ (1999) และ Rekaya และคณะ (1999) ที่อิทธิพลทางพันธุกรรมพิจารณาด้วยสมการถดถอยสุ่มและมีข้อกำหนดให้ความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวรมีค่าคงที่ตลอดระยะเวลาให้นมเหมือนกันแต่ต่างกันในส่วนของตัวแปรร่วมที่เกี่ยวข้องกับวันให้นม แล้วพบว่าวันเริ่มต้นของระยะเวลาให้นมมีค่าอัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบสูงถึง 0.59 และ 0.67 ตามลำดับ ส่วนค่าอัตราพันธุกรรมที่เพิ่มสูงขึ้นอย่างรวดเร็วในช่วงท้ายของระยะเวลาให้นมเนื่องจากการใช้ RRM ในการประมาณค่าจะสอดคล้องกับการศึกษาของ Van der Werf และคณะ (1998) และ Strabel และ Misztal (1999) หากอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรถูกพิจารณาด้วยสมการถดถอยสุ่มเหมือนกับอิทธิพลทางพันธุกรรมตาม RRM2 พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมจะน้อยกว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จาก RRM1 และค่าอัตราพันธุกรรมในช่วงต้นและช่วงท้ายของระยะเวลาให้นมจะมีค่าลดลง ทั้งนี้อาจเนื่องจากการแบ่งส่วนที่ไม่ถูกต้องขององค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมและความแปรปรวนของสภาพแวดล้อม คือมีค่าความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมคงที่เหมือนกันตลอดระยะเวลาให้นม และเมื่อเปรียบเทียบกับค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จาก MTM จะมีรูปแบบใน

ทำนองเดียวกันในช่วงต้น ยกเว้นครั้งที่ของวันทดสอบสุดท้ายจะมีค่าผิดปกติ (ดังแสดงในตารางที่ 4.3 และรูปที่ 4.3) เนื่องจากข้อมูลในครั้งที่ของวันทดสอบนี้มีจำนวนน้อยกว่าปกติมาก

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบที่ประมาณได้มีค่าน้อยกว่า ลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน (0.55) สอดคล้องกับการศึกษาของ Keown และ Van Vleck (1970) Wilmink (1987) Meyer และคณะ (1989) Pander และคณะ (1992) Rekaya (1995) อ้างโดย Swalve (1998) Swalve (1995) Poso และคณะ (1996) อ้างโดย Swalve (1998) และ Gengler และคณะ (1999) แต่แตกต่างจากการศึกษาของ Strabel และ Szwaczkowski (1997) ได้รายงานค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้สำหรับลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบมีค่ามากกว่าลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน สาเหตุที่ทำให้การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบและลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันแตกต่างกันคือโมเดลของสมการเส้นตรงที่ประกอบด้วยอิทธิพลที่มีผลกระทบแตกต่างกัน และวิธีการคำนวณหาปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันต่างกัน โดยทั่วไปแล้ว TDM อธิบายจุดเริ่มต้นของตัวแปรได้ถูกต้องมากกว่า 305DLM

ค่าอัตราพันธุกรรมจาก FRM ที่มี ฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอด และ ฝูง-วันทดสอบ เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกันจะมีค่าเท่ากัน (0.29) แตกต่างจากการศึกษาของ (Swalve, 1995) ที่ได้รายงานค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณด้วยโมเดลที่ประกอบด้วย ฝูง-วันทดสอบ (0.28) มีค่าสูงกว่าโมเดลที่ประกอบด้วย ฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอด (0.25) ทั้งนี้เนื่องจากการลดลงของความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน และการเพิ่มขึ้นของความแปรปรวนของสิ่งแวดล้อมถาวร แต่ความแปรปรวนทางพันธุกรรมคงเดิม

หากพิจารณาอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้ทั้งค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน (0.55) และลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ (0.27-0.81) พบว่าลักษณะเหล่านี้มีค่าอยู่ในระดับปานกลาง-ค่อนข้างสูง ถ้าแบ่งค่าอัตราพันธุกรรมตาม จันทรจักรัส เรียวเดชะ (2534) แต่ถ้าเปรียบเทียบกับการศึกษาที่ผ่านมาในประเทศไทยจาก จุรีรัตน์ แสโนโชนและคณะ (2529) วิโรจน์ ภูต้อง (2530) ธวัชชัย อินทรตุล และคณะ (2540) จันทรา กอนันทา และคณะ (2540) เทียมพบ ก้านเหลือง และคณะ (2541) และ อังคณา เมฆวิสัย (2541) ซึ่งได้ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน หรือปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วันเท่ากับ 0.05, 0.16-0.63, 0.20, 0.40, 0.5 และ 0.05 ตามลำดับ จะเห็นว่าอัตราพันธุกรรมที่ได้นั้นมีค่าแตกต่างกันออกไปทั้งนี้เนื่องจากการใช้โมเดลในการ

วิเคราะห์ที่ที่แตกต่างกัน ชุดข้อมูลที่ได้มาจากประชากรที่แตกต่างกันในปีต่างๆกัน และการมีอคติ เนื่องจากอิทธิพลที่ไม่ใช่อิทธิพลทางพันธุกรรม ดังนั้นค่าอัตราพันธุกรรมของประชากรที่ศึกษาใน ครั้งนี้มีค่าสูงกว่าประชากรอื่นอาจเนื่องมาจาก

1. มีการบันทึกพันธุประวัติของสัตว์และความสัมพันธ์ของสัตว์ครบถ้วนสมบูรณ์
2. ความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมต่ำกว่าเนื่องจากประชากรที่ศึกษามีเพียงฝูงเดียว
3. วิธีการประเมินค่าที่ใช้มีความละเอียดถูกต้องมากกว่าในอดีตช่วยให้แยกแยะความแปรปรวนทางพันธุกรรมได้ชัดเจนขึ้น
4. ค่าเฉลี่ยและความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ ที่ศึกษาสูงกว่าประชากรที่อ้างถึง อาจส่งผลต่อค่าอัตราพันธุกรรมตามการศึกษาของ Hill et al. (1983) ที่รายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่สูงเกี่ยวข้องกับค่าเฉลี่ยและความแปรปรวนที่สูงขึ้น

2.3 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏ

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างแต่ละวันทดสอบจาก MTM จะมีค่าสูง (มากกว่า 0.8) และมีแนวโน้มที่จะลดลงตามช่วงห่างระหว่างวันทดสอบที่เพิ่มขึ้นเหมือนกับการศึกษาที่ผ่านมา (Meyer et al., 1989; Pander et al., 1992; Rekaya, 1995; Rekaya, 1999) และสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏมีค่าน้อยกว่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Keown และ Van Vleck (1970) Pander และคณะ (1992) Machado และคณะ (1998) และ Rekaya และคณะ (1999) และเมื่อเปรียบเทียบกับค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จาก RRM1 และ RRM2 แล้วก็จะให้ผลไปในทำนองเดียวกันแต่มีค่ามากกว่า RRM1 และ RRM2 ยกเว้นสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างแต่ละวันทดสอบของ RRM1 และ RRM2 ที่อยู่ในช่วงต้นและช่วงท้ายของระยะการให้นม และเป็นวันทดสอบที่มีค่าอัตราพันธุกรรมที่สูงผิดปกติจะมีผลทำให้สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมต่ำลงหรือมีค่าติดลบสอดคล้องกับการศึกษาของ Jamrozik และ Schaeffer (1997), Kettunen และคณะ (1998), Rekaya และคณะ (1999) และ Brotherstone et al. (2000) แต่ต่างจากการศึกษาของ Tijani et al. (1999) ที่สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างจุดเริ่มต้นและจุดสุดท้ายของระยะการให้นมจะมีค่าเป็นบวก และมีค่าสูงปานกลาง (0.52)

การที่มีค่าสหสัมพันธ์ระหว่างวันทดสอบมีค่าสูงในชุดข้อมูลที่ศึกษาในครั้งนี้สามารถใช้เป็นเหตุผลที่สำคัญในการพิจารณาแต่ละวันทดสอบในระยะการให้นมเดียวกันว่าเป็นการวัดซ้ำของลักษณะที่เหมือนกัน แล้วเลือกใช้ FRM ในการวิเคราะห์อาจจะมีความเหมาะสมกว่าถ้ามีข้อจำกัดเกี่ยวกับทรัพยากรที่ใช้ในการคำนวณ (Rekaya et al., 1999)

2.4 ค่าอัตราซ้ำ

ค่าอัตราซ้ำของลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบในระยะการให้นมครั้งแรกที่วิเคราะห์ได้จาก FRM มีค่าค่อนข้างสูงทั้งกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกันเป็น HYS (0.55) และ HTD (0.61) สอดคล้องกับการศึกษาของ Rekaya และคณะ (1999) (0.65) และ Kettunen และ Mantysaari (1996) อ้างโดย Vargas et al. (1998) ที่ประมาณค่าอัตราซ้ำได้เท่ากับ 0.52, 0.71 และ 0.66 สำหรับช่วงแรก ช่วงที่สอง และช่วงสุดท้ายของระยะการให้นมตามลำดับ และเมื่อเปรียบเทียบกับค่าสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏระหว่างบันทึกในวันทดสอบจากการวิเคราะห์ด้วย MTM จะมีค่าอยู่ในช่วงใกล้เคียงกัน (0.37-0.84) การที่ค่าอัตราซ้ำมีค่าสูงอาจจะเป็นเพราะความแปรปรวนที่มีผลมาจากสภาพแวดล้อมชั่วคราวสำหรับลักษณะนี้มีค่าต่ำ เนื่องจากบันทึกของปริมาณน้ำนมในแต่ละครั้งที่วันทดสอบไม่แตกต่างกันมาก

3. ผลการประเมินค่าทางพันธุกรรม

RRM ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานและช่วงของค่าต่ำสุด-ค่าสูงสุดของ EBV ต่ำกว่าเมื่อเทียบกับโมเดลอื่นๆ ด้วยเหตุนี้จึงทำให้ช่วงแตกต่างของค่าการประเมินที่ได้ลดลงมากกว่า และเมื่อพิจารณาว่า -2LogL ก็ยังมีค่าต่ำกว่าโมเดลอื่นๆอีก จึงสามารถชี้ได้ว่า RRM น่าจะเป็นโมเดลที่มีความเหมาะสมที่จะใช้สำหรับการประเมินข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ โดยเฉพาะ RRM2 จะมีค่า -2LogL ต่ำสุด (จะไม่เปรียบเทียบค่า -2LogL กับ 305DLM เนื่องจากข้อมูลที่ใช้วิเคราะห์หาค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมต่างกัน คือ ปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ และปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน) ส่วนค่าเฉลี่ยของ EBV ก็สูงกว่าโมเดลอื่นๆ โดยแม่พันธุ์ที่มีข้อมูลการให้ผลผลิตปริมาณน้ำนมจะมีค่าสูงกว่าพ่อพันธุ์ ต่างจากการศึกษาของ Jamrozik และ Schaeffer (2000) ที่แม่พันธุ์ที่มีข้อมูลการให้ผลผลิตปริมาณน้ำนมจะมีค่าต่ำกว่าพ่อพันธุ์ การที่โมเดลต่างๆ ให้ค่าเฉลี่ยของ EBV แตกต่างกันนี้ชี้ให้เห็นว่าการประมาณของแนวโน้มทางพันธุกรรมก็มักจะแตกต่างกันตามโมเดลที่ต่างกันด้วย

4. ผลของความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของ TDM และ 305DLM

สหสัมพันธ์ที่ได้จาก Pearson correlation และ Spearman rank correlation ระหว่าง EBV ที่ประเมินได้จาก TDM ต่างๆ กับที่ประเมินได้จาก LM ของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์มีค่าค่อนข้างสูง (>0.87) แสดงว่า EBV ที่ประเมินได้จาก TDM ต่างๆ กับที่ประเมินได้จาก LM มีความเกี่ยวข้อง

และมีความสัมพันธ์กันอย่างสูง สอดคล้องกับการศึกษาของ Ptak และ Schaeffer (1993) และ Swalve (1995) ซึ่งใช้ FRM ที่มีค่าสหสัมพันธ์มากกว่า 0.88 และ Jamrozik et al.,(1997b) ซึ่งใช้ RRM โดยมีความแปรปรวนของสิ่งแวดล้อมภาวะคงที่มีค่าสหสัมพันธ์เท่ากับ 0.93 เมื่อพิจารณาเฉพาะ FRM จะเห็นว่าสหสัมพันธ์ระหว่าง EBV ที่ประเมินได้จาก LM และ FRM ที่ในโมเดลมี ผู่-ปี-ฤดูกาลตลอด เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน (FRM1) จะมีค่าสูงกว่าที่ในโมเดลมี ผู่-วันทดสอบ (FRM2) และมีค่าสูงกว่าทุกโมเดล ทั้งนี้เนื่องจาก FRM1 มีอิทธิพลของ ผู่-ปี-ฤดูกาลตลอด ที่ประมาณอิทธิพลโดยทั่วไปของวันทดสอบทั้งหมดภายในระยะให้นมสำหรับแม่โคทั้งหมดซึ่งตลอดในปีและฤดูกาลเดียวกันเหมือนกับ LM และเมื่อพิจารณาเฉพาะ RRM จะเห็นว่าสหสัมพันธ์ระหว่าง EBV ที่ประเมินได้จาก LM และ RRM ที่อิทธิพลของสิ่งแวดล้อมภาวะคงที่มีค่าคงที่ (RRM1) จะมีค่าไม่แตกต่างจาก RRM ที่อิทธิพลของสิ่งแวดล้อมภาวะคงที่ถูกพิจารณาด้วยสมการถดถอยสุ่มทั้งแม่พันธุ์และพ่อพันธุ์ ซึ่งให้ผลสอดคล้องกับการศึกษาของ Jamrozik และคณะ (1997c)

จากสหสัมพันธ์ระหว่าง EBV ที่ประเมินได้จาก TDM ต่างๆ กับที่ประเมินได้จาก LM ของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์โดยการใช้ข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบเพียงบางส่วนจากระยะการให้นม (เฉพาะครั้งที่วันทดสอบที่ 1,3,5,7 และ 9) จะให้ค่าไม่แตกต่างจากการใช้ข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบทั้งหมดของระยะการให้นม แสดงว่าในการประเมินค่าทางพันธุกรรมมีความเป็นไปได้ที่จำนวนปริมาณน้ำนมในวันทดสอบต่อระยะการให้นมสามารถลดลงได้ หรืออาจกล่าวได้ว่าสามารถที่จะมีช่วงห่างของวันทดสอบที่ยืดยาวออกไปได้จากที่เคยปฏิบัติมา

อย่างไรก็ตามการเปรียบเทียบ EBV ด้วยความสัมพันธ์ไม่ได้ชี้ว่าโมเดลไหนดีกว่า ถูกต้องกว่า สำหรับการลำดับ แต่จะแสดงให้เห็นว่ามีความแตกต่างอย่างแท้จริงระหว่าง TDM กับ LM แต่ตัวที่จะบอกว่าการประเมินค่าจากโมเดลไหนมีความถูกต้องมากกว่าคือค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนที่น้อยกว่า (Jamrozik and Schaffer, 2000)

บทที่ 6

สรุปผลการวิเคราะห์ และข้อเสนอแนะ

จากการศึกษาการประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในโคนมลูกผสม โดยให้บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบในครั้งนี ได้ค่าสำคัญทางสถิติและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมต่างๆที่เกี่ยวข้องกับประชากรและลักษณะที่ทำการศึกษาดังนี้

ค่าเฉลี่ย และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน

ค่าเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน และปริมาณน้ำนมในวันทดสอบของระยะการให้นมครั้งแรกมีค่าเท่ากับ $3,767.91 \pm 1095.27$ กิโลกรัม และ 13.08 ± 4.67 กิโลกรัมตามลำดับ ปริมาณน้ำนมในวันทดสอบจะมีค่าสูงสุดอยู่ระหว่างวันให้นมที่ 40-60 หลังคลอด อิทธิพลที่มีผลต่อค่าเฉลี่ยของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน คือ ผุง-ปี-ฤดูกาลคลอด กลุ่มพันธุ์ อายุเมื่อคลอดลูก จำนวนวันให้นม จำนวนวันหลังคลอดถึงการทดสอบครั้งแรก ส่วนอิทธิพลที่มีผลต่อค่าเฉลี่ยของลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ คือ ผุง-วันทดสอบ กลุ่มพันธุ์ อายุเมื่อคลอดลูก และจำนวนวันให้นมในวันทดสอบ

ค่าองค์ประกอบความแปรปรวน

ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมของ MTM และ RRM จะมีค่าสูงในช่วงแรกของระยะการให้นมและมีแนวโน้มที่จะลดลงตามลำดับ โดย RRM1 จะมีค่าสูงที่สุด RRM2 มีความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนต่ำสุด (3.20) เมื่อเปรียบเทียบกับ FRM1, FRM2 และ RRM1 ซึ่งมีค่าเท่ากับ 6.20, 5.23 และ 3.29 ตามลำดับ โดยค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนจากโมเดลที่ประกอบด้วย ผุง-วันทดสอบ (FRM2) มีค่าต่ำกว่าโมเดลที่ประกอบด้วย ผุง-ปี-ฤดูกาลคลอด (FRM1) 15.64 เปอร์เซ็นต์

ค่าอัตราพันธุกรรม

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันมีค่าเท่ากับ 0.55 และลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบมีค่าเท่ากับ 0.32-0.81, 0.29 และ 0.20-0.81

สำหรับ MTM, FRM และ RRM ตามลำดับ ใน MTM ค่าอัตราพันธุกรรมมีแนวโน้มสูงขึ้นในช่วงกลางของระยะการให้นม RRM2 (อิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมและอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อม ถูกอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่มมีช่วงของค่าอัตราพันธุกรรมที่แคบกว่า RRM1 (อิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมอธิบายด้วยสมการถดถอยสุ่ม)

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และลักษณะปรากฏ

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบมีค่าเท่ากับ 0.64-1.00 และ -0.30-1.00 สำหรับ MTM และ RRM ตามลำดับ โดยมีแนวโน้มที่จะมีค่าสูงอยู่ระหว่างลำดับที่ของวันทดสอบที่อยู่ใกล้ชิดต่อเนื่องกันและจะมีค่าลดลงตามช่วงระหว่างลำดับที่ของวันทดสอบที่เพิ่มขึ้น สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมภายใต้ RRM1 จะมีค่าเป็นลบระหว่างวันทดสอบในช่วงต้นและช่วงท้ายของระยะการให้นม สหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏจะมีรูปแบบไปในทางเดียวกับสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแต่มีค่าต่ำกว่า และค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างแต่ละลำดับที่ของวันทดสอบกับปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน มีค่าเท่ากับ 0.76-0.97

ค่าอัตราซ้ำ

ค่าอัตราซ้ำของลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบในระยะการให้นมครั้งแรกที่ได้จากการวิเคราะห์โดยใช้ FRM มีค่าเท่ากับ 0.55 และ 0.61 เมื่อในโมเดลใช้ ผุง-ปี-ฤดูกาลคลอด และ ผุง-วันทดสอบ เป็นกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกันตามลำดับ

ค่าการผสมพันธุ์

EBV ที่ได้จากการวิเคราะห์โดยใช้โมเดลที่แตกต่างกันจะให้ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่าต่ำสุด ค่าสูงสุดแตกต่างกัน RRM เป็นโมเดลที่ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานและช่วงของค่าต่ำสุด-ค่าสูงสุดของ EBV ต่ำกว่า และให้ค่าเฉลี่ยสูงกว่าเมื่อเทียบกับโมเดลอื่นๆ ดังนั้นจึงเป็นโมเดลที่เหมาะสมสำหรับการประเมินค่าทางพันธุกรรม

จากการหาความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้จาก TDM ที่ใช้บันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ และค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้จาก LM ที่ใช้บันทึกปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน (305DLM) โดย Pearson correlation และ Spearman rank

correlation ซึ่งใช้ทั้งข้อมูลปริมาณน้ำนมทั้งหมด และบางส่วนได้ค่าสหสัมพันธ์มากกว่า 0.87 ทั้งแม่พันธุ์และพ่อพันธุ์แสดงให้เห็นว่า EBV ที่ได้จากการใช้ปริมาณน้ำนมในวันทดสอบมีความเกี่ยวข้องกับสัมพัทธ์กันอย่างสูงกับ EBV ที่ได้จากการใช้ปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน ประกอบกับการใช้ TDM ได้อธิบายกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน ด้วย ผุง-วันทดสอบ ซึ่งจำแนกอิทธิพลของสภาพแวดล้อมได้ดีกว่าการอธิบายกลุ่มการจัดการและสภาพแวดล้อมเดียวกัน ด้วย ผุง-ปี-ฤดูกาลตลอด ทำให้ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนลดลง จึงน่าจะให้ความถูกต้องมากกว่า ด้วยผลที่ได้นำเสนอและวิจารณ์ผลจากการวิเคราะห์ในครั้งนี้อย่างละเอียด สามารถสรุปได้ว่ามีความเป็นไปได้ที่จะใช้บันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบแทนบันทึกปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วันสำหรับประเมินค่าทางพันธุกรรมของโคนม และเนื่องจากข้อได้เปรียบของการใช้ปริมาณน้ำนมในวันทดสอบที่มีอยู่มากมาย TDM ควรจะนำมาใช้ในการประเมินค่าทางพันธุกรรม



จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ข้อเสนอแนะ

การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่ได้รับจากการศึกษาครั้งนี้โดยใช้ข้อมูลจากประชากรโคนมเพียงฝูงเดียว ซึ่งไม่ใช่ตัวแทนประชากรโคนมของทั้งประเทศ ดังนั้นค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ได้จึงไม่สามารถใช้เป็นค่าพารามิเตอร์สำหรับปริมาณน้ำนมในวันทดสอบของประชากรโคนมของประเทศได้ แต่อย่างไรก็ตามการศึกษานี้ก็เป็นจุดที่จะชี้ให้เห็นถึงแนวโน้มหรือแนวทางที่จะนำไปประยุกต์เพื่อปรับปรุงการประเมินค่าทางพันธุกรรมแบบเดิมซึ่งจะทำให้การประเมินค่าทางพันธุกรรมมีความถูกต้องมากขึ้นเนื่องจากการใช้โมเดลบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบสามารถที่จะอธิบายถึงอิทธิพลทางสภาพแวดล้อมที่มีผลต่อลักษณะผลผลิตในวันทดสอบ และข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์จะมีมากกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับแนวทางเดิมที่ใช้ปริมาณน้ำนมในระยะเวลาให้นมที่ 305 วัน และที่สำคัญโมเดลนี้มีความยืดหยุ่นสูงสามารถที่จะรองรับการจัดเก็บข้อมูลในอนาคตที่มีความแตกต่างกันตั้งแต่การจัดเก็บน้ำนมแบบรายวันไปจนถึงการจัดเก็บเพียง 2-3 ครั้งต่อระยะการให้นม

การศึกษาวิจัยที่น่าจะพิจารณาในอนาคตต่อจากการศึกษาในครั้งนี้เมื่อมีข้อมูลที่มากขึ้นมีดังนี้

1. ควรจะศึกษาถึงฟังก์ชันที่อธิบายถึงกราฟการให้นมที่เหมาะสมสำหรับโคนมของประเทศเพื่อเป็นโมเดลย่อยในโมเดล โดยเฉพาะฟังก์ชันที่ใช้อธิบายกราฟแสดงการให้นมที่เป็นสมการถดถอยคงที่ควรจะซ่อนอยู่ในอายุและฤดูกาลคลอด
2. ควรจะศึกษาถึงการใช้องค์ประกอบของความแปรปรวนของความเคลื่อนที่มีค่าแตกต่างกัน (heterogeneity of the residual variances) ในแต่ละช่วงของระยะการให้นม
3. ควรจะศึกษาถึงแนวทางการใช้ multiple trait test day model ซึ่งประกอบไปด้วยปริมาณน้ำนม ไขมัน และโปรตีน หรือการพิจารณาแต่ละระยะการให้นมเป็นลักษณะที่แตกต่างกัน

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

รายการอ้างอิง

ภาษาไทย

กรรณิกา เวงศิริกุล สมเกียรติ ประสานพานิช และศิริรัตน์ บัวผัน. 2542. ประสิทธิภาพการให้ผลผลิตน้ำนมของโคนมลูกผสมไฮลด์โตน์ ฟรีเซียน ภายใต้สภาพการเลี้ยงของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กำแพงแสน. ประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 37. สาขาสัตว และสัตวแพทยศาสตร์ 3-5 กุมภาพันธ์ 2542 มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ หน้า 183-197.

กัลยา เก่งวิทย์กรรม พรรณพิไล เสกสิทธิ์ จุรีรัตน์ แสนโภชนี และไพโรจน์ อ่างโอบาส. 2537. ผลผลิตน้ำนมของโคสายพันธุ์ไฮลด์โตน์ฟรีเซียนระดับต่างๆที่จังหวัดเพชรบุรีและจังหวัดประจวบคีรีขันธ์. ประมวลเรื่องการประชุมวิชาการสัตวแพทยสมาคม ครั้งที่ 21. โรงแรมดิเอ็มเมอรัลด์, กรุงเทพฯ.

จันทร์จรัส เรียวเดชะ. 2534. เรื่องควรรู้เกี่ยวกับการปรับปรุงพันธุ์สัตว์. ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย. 167 หน้า.

จันทร์ทรา กอนันทา อุดมศรี อินทรโชติ และกัลยา บุญญานุกวัตร. 2540. ดัชนีการคัดเลือกในโคนมเอเอฟ เอส (แอฟเพนดิกซ์ 3). การประชุมทางวิชาการมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 35. สาขาสัตวและสัตวแพทยศาสตร์ 3-5 กุมภาพันธ์ 2540 มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ หน้า 539-544.

จุรีรัตน์ แสนโภชนี พรรณพิไล เสกสิทธิ์ ประเสริฐ ศงสะเสน สุรพงศ์ โชติกเสถียร สัมพันธ์ สิงห์จันทร์ และวิโรจน์ ทองเหลือ. 2529. โครงการทดสอบฟอโคนมที่ใช้ในการผสมเทียม. 4. อัตราพันธุ์กรรมของฟอพันธุ์และคุณค่าการผสมพันธุ์. ประมวลเรื่องการประชุมทางวิชาการปศุสัตว์ ครั้งที่ 5. 6-8 พฤษภาคม 2529. หน้า 32-44.

เทียมพบ ก้านเหลือง. 2541. การประเมินค่าการผสมพันธุ์ฟอพันธุ์โคนมภายใต้สภาพแวดล้อมประเทศไทย. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทบริหารธุรกิจ ภาควิชาสัตวบาล. จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, กรุงเทพฯ

เทียมพบ ก้านเหลือง จันทร์จรัส เรียวเดชะ จุรีรัตน์ แสนโภชนี และปาริฉัตร สุขโต 2542 การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของโคนมภายใต้สภาพแวดล้อมประเทศไทย การประชุมทางวิชาการมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 37. สาขาสัตวและสัตวแพทยศาสตร์ 3-5 กุมภาพันธ์ 2542 มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ หน้า 143-150.

- ธวัชชัย อินทรตูล จันทรา กอนันทา และกัลยา บุญญาวัตร. 2540. ดัชนีการคัดเลือกในโคนม. การประชุมทางวิชาการมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 35. สาขาสัตวและสัตวแพทยศาสตร์ 3-5 กุมภาพันธ์ 2540 มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ หน้า 533-538.
- พัชรินทร์ จินกล้า สมเพชร ต้อยคำภีร์ วิสุทธิ์ ทิมารัตน์ และอังคณา ผ่องแผ้ว. 2534. ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อการให้น้ำนมครั้งแรกของโคนมลูกผสมไฮลด์โคไต้หวันฟรีเซียน. รายงานผลการวิจัยโคนมสถาบันพัฒนาฝึกอบรมและวิจัยโคนมแห่งชาติ จ.เชียงใหม่. หน้า 2-28.
- พินิจ ลำดวนหอม. 2540. สมรรถภาพการผลิตของโคนมพันธุ์ผสมชาฮิวาล-ฟรีเซียน ที่นำเข้าจากต่างประเทศในสถานภาพการเลี้ยงที่จังหวัดเชียงใหม่. แก่นเกษตร. 25 (2) : 78-85.
- วิโรจน์ ภู້ตอง. 2530. ดัชนีพันธุกรรมและความสัมพันธ์ทางสภาพแวดล้อมระหว่างลูกวัวพ่อของลักษณะการให้นมในโคนม. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต สาขาสัตวบาล ภาควิชาสัตวบาล. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.
- สมชัย จันทร์สว่าง. 2530. การปรับปรุงพันธุ์สัตว์. ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 505 หน้า.
- สุวรรณณี สิมะกรพันธ์. 2537. ผลผลิตน้ำนมโคนมไฮลด์โคไต้หวัน ฟรีเซียน ระดับสายเลือดต่าง ๆ. วารสารสัตวบาล. ปีที่ 4(20):40-49. สมาคมสัตวบาลแห่งประเทศไทย. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. กรุงเทพฯ.
- อังคณา เมฆวิสัย. 2541. กราฟแสดงการให้นมของโคนมลูกผสมไฮลด์โคไต้หวันฟรีเซียนในประเทศไทย. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวบาล. จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, กรุงเทพฯ

ภาษาอังกฤษ

- ABC.1999.Ai Bull Census, Animal Breeding Cornell,
<http://www.abc.cornell.edu/abc/siretabs/about.html> (accessed June 1999).
- Acosta, J., S. Padon, N. Pereira, E. Rincon, Z. Chilinos, R. Villalobos, and D. Marin. 1998. Milk production of a crossbred cattle in tropical dry forest zone. Revista cientifica. 2:99-104.
- Akbas, Y. , I. Kaya., C. Uzmay., C. Yakupogh., and Y. Unver. 1999. Breeding value estimating of dairy cattle using test day milk yields.
<http://www.agrege.edu.tr/~zootekni/arnz/r29.html>.
- Ali, T.E., and L.R. Schaeffer. 1987. Accounting for covariance among test day milk yields in dairy cows. Can. J. Anim. Sci. 67:637-644.

- Bagnato, A., F. Canavesi, and P. Rozzi. 1994. Effect of parity in age adjustment factors in the Italian Holstein Friesian cattle breed. Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Guelph, Ontario, Canada 17 : 1057-1064.
- Brotherstone, S. I., M. S. White, and K. Meyer. 2000. Genetic modeling of daily milk yield using orthogonal polynomials and parametric curves. Anim. Sci. 70:407-415.
- Cobby J.M., and Y. L.P. LeDu. 1987. On fitting curves to lactation data. Anim. Prod. 26:127-133.
- Dalal, D. S., S. S. Rathi, and A. K Vinayak. Genetic studies on test day milk records and first lactation milk yield in Haryana cattle. 1999. Indian J. Dairy Sci. 52(3)193-196.
- Danell, B. 1990. Genetic aspects of different parts of lactation. Proc. 4th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Edinburgh, Scotland XIII:114-117.
- Everett, R. W., and H. W. Carter. 1968. Accuracy of test interval method of calculating Dairy Herd Improvement Association record. J. Dairy Sci. 51:1937.
- Everett, R. W., F. Schmitz, and L. H. Wadell. 1994. A test-day model for monitoring management and genetics in dairy cattle (Abstr.). J. Dairy Sci. 77(Suppl. 1):267.
- Falconer, D. S., and T. F. C. Mackay. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. Longman House, Jarlow, Eng. 464 p.
- Gadini, C. H., J. F. Keown and L. D. Van Vleck. 1998. Genetic parameters of test day milk, fat and protein yields. Proc. 6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale, New South Wales, Australia 23:311-314.
- Gengler, N., A. Tijani, G. R. Wiggins, C. P. Van Tassell and J. C. Philpot. 1999. Estimation of (co) variance of test day yields for first lactation Holsteins in United States. J. Dairy Sci. 82:(Jan)
- Grossman, M., and W. J. Koops. 1988. Multiphasic analysis of lactation curves in dairy cattle. J. Dairy Sci. 71:1598-1608.
- Henderson. C. R. 1984. Applications of linear models in animal breeding. University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada.
- Henderson. C. R., Jr. 1982. Analysis of covariance in the mixed model: higher level, nonhomogeneous, and random regressions. Biometrics 38:623-640.

- Hill, W. G., M. R. Edwards, M. K. A. Ahmed, and R. Thompson. 1983. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. *Anim. Prod.* 36:59-68.
- Jamrozik, J., L. R. Schaeffer, and F. Grignola. 1998. Genetic parameters for production traits and somatic cell score of Canadian Holsteins with multiple trait random regression model. *Proc. 6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Armidale, New South Wales, Australia 23:303-306.
- Jamrozik, J., and L. R. Schaeffer. 1997. Estimates of genetic parameters for a test-day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. *J. Dairy Sci.* 80:762-770.
- Jamrozik, J., and L. R. Schaeffer. 2000. Canadian test day model for production traits with orthogonal polynomials as random regressions.
<http://egil.uoguelph.ca/gebte/agenda00007/rmnvartc.htm>
- Jamrozik, J., G. J. Kistemaker, J. C. M. Dekkers, and L. R. Schaeffer. 1997a. Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analysis of test day yields. *J. Dairy Sci.* 80:2250-2556.
- Jamrozik, J., L. R. Schaeffer, and J. C. M. Dekkers. 1997b. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression models. *J. Dairy Sci.* 80:1217-1226.
- Jamrozik, J., L. R. Schaeffer, Z. Liu and G. Jansen. 1997c. Test day model update.
<http://www.cdn.ca/geb/dec97/tadm9711.html>.
- Jones, L. P., and M. E. Goddard. 1990. Five years experience with the animal model for dairy evaluations in Australia. *Proc. 4th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.* Edinburgh, Scotland XIII:382-385.
- Kachman, S. D., and R. W. Everett. 1989. Test day data model with individual herd correction factors. *J. Dairy Sci.* 72(Suppl. 1):60.(Abstr.)
- Keown J. F. and L. D. Van Vleck. 1970. Selections on test-day fat percentage and milk production. *J. Dairy Sci.* 54:199-203.
- Kettunen, A., E. A. Mantysaari, I. Strandén, J. Poso, and M. Lidauer. 1998. Estimation of genetic parameters for first lactation milk production using random regression

- models. Proc.6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale, New South Wales, Australia 23:307-310.
- Kettunen, A., E. A. Mantysaari, I. Strandén, J. Poso, and M. Lidauer. 1999. Genetic parameters for test day milk yields of Finish Ayrshires with random regression model. J. Dairy Sci. 80 (Suppl.1) :197.
- Khan, M. S., and G. E. Shook.1996. Effect of age on milk yield: time trends and method of adjustment. J. Dairy Sci. 79:1057-1064.
- Kirkpatrick, M., D. Lofsvold, and M. Bulmer. 1990. Analysis of the inheritance, selection, and evolution of growth trajectories. Genetics 124:979-993.
- Kirkpatrick, M., W. G. Hill, and R. Thompson. 1994. Estimating the covariance structure of traits during growth and aging, illustrated with lactation in dairy cattle. Gent. Res. 64:57-69.
- Lee, C. 2000. Method and techniques for variance component estimation in animal breeding. (Review). Asian-Aus. J. Anim. Sci. 13: 413-422.
- Lin, C. Y., and S. P. Smith. 1990. Transformation of multitrait to unitrait mixed model analysis of data with multiple random effects. J. Dairy Sci. 73:2494-2502.
- Machado, S. G., M. A. Ramalho de Freitas, and C. H. Gadini. 1998. Genetic parameters of test-day milk yield of Holstein cows. Proc.6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale, New South Wales, Australia. 427-429.
- Meyer, K. 1990. Present status of knowledge about statistical procedures and algorithms to estimate variance and covariance components. Proc.4th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.,Edinburgh. p403.
- Meyer, K., and W. G. Hill. 1997. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or repeated records by restricted maximum likelihood. Livest. Prod. Sci. 47:185-200.
- Meyer, K., H. U. Graser, and K. Hammond. 1989. Estimates of genetic parameters for first lactation test day production of Australian black and white cows. Livest. Prod. Sci. 21:177-199.
- Misztal, I. 1999. REMLF90 manual. URL:ftp://nec.ads.nga.edu/pub/ignancy/blupf90/. Accessed Jun, 15, 1999.

- Misztal, I., T. J. Lawlor, and K. Weigel. 1995. Approximation of estimates of (co) variance components with multiple-trait restricted maximum likelihood by maximum diagonalization for more than one random effect. J. Dairy Sci. 78:1862-1872.
- Misztal, I., T. Strabel, J. Jamrozik, E. A. Mantysaari and T. H. E. Meuwissen. 2000. Strategies for estimating the parameters needed for different test-day models J. Dairy Sci. 83:1125-1134.
- Morant, S. V., and A. Gnanasakthy. 1989. A new approach to the mathematical formulation of lactation curves. Anim. Prod. 49:151-162.
- Mrode, R. A. 1996. Linear models for the prediction of animal breeding values. CAB International, Wallingford UK. 187 p.
- Mudgal, V. D., R. N. Singh and R. A. Singhal. 1992. Development of Friesian Cattle for higher milk production in India. Animal product and rural development Vol1, The animal husbandry association of Thailand. 491 p.
- Olori, V. E., W. G. Hill, B. J. McGuirk and S. Brotherstone. 1999. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. Livest. Prod. Sci. 61:53-63.
- Pander, B. L., W. G. Hill, and R. Thompson. 1992. Genetic parameters of test day records of British Holstein-Friesian heifers. Anim. Prod. 55:11-21.
- Pander, B. L., W. G. Hill. 1993. Genetic evaluation of lactation yield from test day records on incomplete lactation. Livest. Prod. Sci. 37:23-36.
- Pool, M. H., and T. H. E. Meuwissen. 1999. Prediction of daily milk yields from a limited number of test day using test day models. J. Dairy Sci. 82:1555-1564.
- Pool, M. H., and T. H. E. Meuwissen. 2000. Reduction of the number of parameters needed for a polynomial random regression test day model. Livest. Prod. Sci. 64:133-145.
- Ptak, E., and L. R. Schaeffer. 1993. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. Livest. Prod. Sci. 34:23-34.
- Reaves, C. W., C. J. Wilcox, J. M. Salazar, and R. W. Adkinson. 1985. Factors affecting productive and reproductive performance of dairy cows in El Salvador. J. Dairy Sci. 68:3104-3109.

- Reents, R., J. C. M. Dekkers, and L. R. Schaeffer. 1995a. Genetic evaluation for somatic cell score with a multiple lactation test day model. J. Dairy Sci. 78:2858-2870.
- Reents, R., J. Jamrozik, L. R. Schaeffer, and J. C. M. Dekkers. 1995b. Estimation of genetic parameters for test day somatic cell score. J. Dairy Sci. 78:2847-2857.
- Reents, R., J.C.M. Dekkers, and L. R. Schaeffer. 1994. Genetic parameters of test day somatic cell counts and production traits. Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Guelph, Ontario, Canada 18.
- Rekaya, R., M. J. Carabano, and M. A. Toro. 1999. Use of test day yields for the genetic evaluation of production traits on Holstein-Friesian cattle. Livest. Prod. Sci. 57:203-217.
- Rook, A. J., J. France, and M. S. Dhanoa. 1993. On the mathematical description of lactation curves. J. Agri Sci. 121:97-102.
- Sargent, F. D., V. H. Lyton, and O. G. Wall, Jr. 1968. Test interval method of calculating Dairy Herd Improvement Association record. J. Dairy Sci. 51:170.
- SAS. 1998. SAS User's Guide. Version 6.12. SAS. Inst., Inc., Cary, NC.
- Schaeffer, L. R. and J. C. M. Dekkers. 1994. Random regressions in animal models for test day production in dairy cattle. Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Guelph, Ontario, Canada 18:443-446.
- Schaeffer, L. R. and J. Jamrozik. 1996. Multi-trait prediction of lactation yields for dairy cows. J. Dairy. Sci. 79:2044-2055.
- Schaeffer, L. R., and B. P. Sullivan. 1994. Genetic evaluation of dairy goats using test day yields, Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Guelph, Ontario, Canada, 18:182.
- Schaeffer, L. R., J. Jamrozik, G.T. Kistemaker, and B. J. Van Doormaal. 2000. Experience with a test-day model. J. Dairy Sci. 83:1135-1144.
- Searle, S. R., 1982. Matrix Algebra Useful for Statistics. John Wiley & Sons, Inc., New York, NY.
- Shanks, R. D., P. J. Berger, A.E. Freeman, and F. N. Dickinson. 1981. Genetic aspects of lactation curves. J. Dairy Sci. 64:1852-1860.
- Sivarajasingam, S., B. Kinghorn, and J. Van der werf. 1998. Animal breeding and genetics for the tropics. U. of New England Armidale, NSW, Australia.

- Snedecor, G. W. and W. G. Cochran. 1980. Statistical Methods 7th ed. Iowa state university press, Ames. pp. 404-407.
- Stanton, T. L., L. R. Jones, R.W.Everett, and S. D.Kachman. 1992. Estimating milk, fat, and protein lactation curves with a test day model. J. Dairy Sci. 75:1691-1700.
- Strabel, T. and I. Misztal. 1999. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of Polish black and white cattle with random regression test-day models. J. Dairy Sci. 82:2805-2810.
- Strabel, T. and T. Swaekowski. 1997. Additive genetic and permanent environmental variance components for test day milk traits in Black-White cattle. Livest. Prod. Sci. 48:91-98.
- Swalve, H. H. 1995. The effect of test day models on the estimation of genetic parameters and breeding values for dairy yield traits. J. Dairy Sci. 78:929-938.
- Swalve, H. H. 1998. Use of test day records in genetic evaluation. Proc. 6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale, New South Wales, Australia 23:295-302.
- Swalve, H. H. 2000. Theoretical basis and computational method for different test-day genetic evaluation methods. J. Dairy Sci. 83:1115-1124.
- Tijani A., G. R.Wiggans, C. P. Van Tasell, J. C. Philpot, and N. Gengler. 1999. Use of (co)variance functions to describe (co)variances for test day yield. J. Dairy Sci. 82(Jan)
- Van der Werf, J. H. J., M. E. Goddard, and K. Meyer. 1998. The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. J. Dairy Sci. 81:3300-3306.
- Van Tassell, C. P., R. L. Quaas, and R. W. Everett. 1992. Parameters estimates for 305-day ME records and 305-d test-day residual records. J. Dairy Sci. 75 (Suppl. 1):251. (Abstr.)
- Vargas, B., E. Perez and J. A. M. Van Arendonk. 1998. Analysis of test day yield data of Costa Rican dairy cattle. J. Dairy. Sci. 81:255-263.
- Vargas, B., W. J. Koops, M. Herrero and J. A. M. Van Arendonk. 2000. Modeling extended lactation of dairy cows. 2000. J. Dairy Sci. 82:1371-1380.

- Verkamp, R. F., and M. E. Goddard. 1998. Covariance function across herd production levels for test day records on milk, fat and protein yield. J. Dairy Sci. 81:1690-1701.
- Visscher, P. M. and M. E. Goddard. 1995. Genetic parameters for milk yield, survival, workability and type traits for Australian dairy cattle. J. Dairy Sci. 78:205-220.
- Wiggan, G. R. 1998. What's changing in genetic evaluations. Data, model, dissemination. <http://www.aip/arsusda.gov/memos/html/chngrw.html/>.
- Wiggan, G. R. and L. D. Van Vleck. 1979. Extending partial lactation milk and fat records with a function of last sample production. J. Dairy Sci. 62:316-325.
- Wiggans, G. R., and M. E. Goddard. 1997. A computationally feasible test day model for yield traits in the United States. J. Dairy Sci. 80:1795-1800.
- Wiggans, G. R., and N. Gengler. 1999. Strategies for combining test day evaluations into an index for lactation performance. J. Dairy Sci. 82(Suppl. 1):102. (Abstr.)
- Wilmink, J. B. M. 1987a. Comparison of different methods of predicting 305-day milk yield using means calculated from within-herd lactation curves. Livest. Prod. Sci. 17:1-17.
- Wilmink, J. B. M. 1987b. Adjustment of test-day milk, fat and protein yield for age, season and stage of lactation. Livest. Prod. Sci. 16:335.
- Wood, P. D. P. 1967. Algebraic model of the lactation curve in cattle. Nature 216:164-165.



ภาคผนวก

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ตารางภาคผนวกที่ 1 ค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ 100 ลำดับแรก จาก 305DLM และ TDM (FRM1, FRM2, RRM1,RRM2)

ลำดับที่	หมายเลข	305DLM	หมายเลข	FRM1	หมายเลข	FRM2	หมายเลข	RRM1	หมายเลข	RRM2
1	14H1140	1182.68	14H1140	1234.91	14H1140	761.07	14H1140	1105.58	14H1140	1125.42
2	29H4568	1010.52	11H1273	1080.16	11H1273	620.10	11H1273	1103.71	11H1273	1065.84
3	7H1865	954.56	29H4568	949.74	29H4568	441.09	11H2188	1005.60	11H2188	946.26
4	11H1273	944.67	11H2188	945.01	11H2188	432.64	29H4568	931.49	29H4568	925.66
5	11H369	929.20	23H263	831.37	7H1865	296.83	23H263	857.75	23H263	819.09
6	7H3039	791.74	11H1208	808.01	23H263	223.17	7H1865	804.92	7H1865	785.01
7	11H2188	766.00	7H3039	792.05	11H1208	214.90	11H3606	734.63	1H546	732.02
8	23H263	748.85	7H1865	771.80	1H546	210.24	11H2143	694.86	11H3606	710.11
9	11H1208	747.65	11H369	747.68	11H3606	174.09	1H546	689.71	11H2143	688.79
10	11H2235	676.35	14H1380	679.91	14B0190	109.68	14B0190	650.52	11H1587	663.22
11	14H1380	663.59	11H1340	609.24	11H1830	109.28	11H1208	649.53	14B0190	654.49
12	11H3606	654.04	11H1830	603.93	1924828	80.06	11H1587	645.88	14H1380	618.84
13	11H1587	597.96	ALLAMOY	595.79	21B450	61.76	11H1830	639.33	21B450	601.03
14	11H2143	590.37	11H3606	585.11	11H369	58.41	21B450	633.12	11H1208	599.31
15	14B0190	570.48	11H1587	576.76	14H1380	51.18	14H1380	624.22	11H1830	585.40
16	11H1830	563.16	1924828	569.28	1697572	45.35	E885	599.23	7H3039	562.07
17	21B450	556.37	21B450	560.86	11H1941	44.59	11H2597	555.44	E885	561.18

ตารางภาคผนวกที่ 1 (ต่อ) ค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ 100 ลำดับแรก จาก 305DLM และ TDM (FRM1, FRM2, RRM1,RRM2)

ลำดับที่	หมายเลข	305DLM	หมายเลข	FRM1	หลายเลข	FRM2	หมายเลข	RRM1	หมายเลข	RRM2
18	11H1340	544.91	B750	542.47	B750	36.66	1697572	547.59	11H2597	541.69
19	1924828	544.76	1697572	534.42	HF820	30.04	1924828	516.29	1697572	522.00
20	F623	544.23	14B0190	532.32	11H2235	19.95	11H369	513.95	LUTZ-BROO	471.90
21	1697572	530.51	E885	530.49	11H1587	18.70	B750	509.01	11H369	469.86
22	ALLAMOY	510.78	F623	521.86	E885	17.63	11H1340	490.14	1924828	466.62
23	B750	490.24	1H546	520.21	7H3039	11.56	LUTZ-BROO	489.26	11H1340	463.76
24	11H1438	484.66	11H2143	515.97	S2619	-57.46	70H0253	480.46	HF820	461.25
25	1H546	472.82	9H914	513.04	11H224	-68.90	11H1438	468.38	B750	460.34
26	9H914	462.67	11H2235	504.20	ET7	-75.82	7H3039	465.84	11H1438	454.57
27	LUTZ-BROO	448.92	LUTZ-BROO	456.71	LUTZ-BROO	-97.63	11J388	465.25	11H2235	437.93
28	14H0372	414.53	11H2175	447.19	11H2175	-99.67	HF820	464.83	ET7	434.38
29	11H2175	363.12	11H2597	428.65	11H2364	-110.35	ALLAMOY	427.80	11J388	432.09
30	11J388	351.34	11H1438	406.35	11H1340	-111.94	7H1111	426.27	7H1111	428.60
31	7H1111	335.10	11J388	394.15	7H1111	-113.49	11B544	420.52	11B544	405.30
32	11H3566	324.84	11B521	377.29	ALLAMOY	-124.17	SOGEL	410.96	70H0253	385.50
33	SOGEL	322.83	11H2364	363.93	14H0372	-126.12	11H2235	408.13	ALLAMOY	380.57
34	11B544	318.05	7H1111	363.59	F623	-143.66	ET7	397.44	F623	375.20

ตารางภาคผนวกที่ 1 (ต่อ) ค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ 100 ลำดับแรก จาก 305DLM และ TDM (FRM1, FRM2, RRM1,RRM2)

ลำดับที่	หมายเลข	305DLM	หมายเลข	FRM1	หมายเลข	FRM2	หมายเลข	RRM1	หมายเลข	RRM2
35	11H1941	308.79	14H0372	358.80	11H2143	-146.13	F623	391.94	11H1941	367.57
36	E885	303.54	SOGEL	319.37	11H2597	-147.41	11B521	369.77	11H2356	346.84
37	11B521	301.55	JULIO	319.21	11J388	-148.93	11H2175	334.32	S2619	338.76
38	11H2364	273.48	G030	317.38	SOGEL	-167.11	11H2356	327.79	SOGEL	337.13
39	10H1057	272.11	11H3566	310.46	11B544	-167.84	11J395	322.09	14H0372	330.59
40	17H353	264.71	ET7	304.45	17H353	-180.19	14H0372	321.41	11B521	327.50
41	3110F	248.97	H158	300.94	11H1438	-186.48	S2619	318.62	11H2175	316.66
42	BSLAI	236.21	70H0253	297.71	C155	-196.36	9H914	311.55	11J395	314.93
43	11H2597	228.97	11B544	288.59	11H3081	-196.79	24H0415	302.68	9H914	305.84
44	14B0175	228.85	HF820	267.49	11H3566	-216.95	7B640	293.67	11H1790	302.74
45	11J395	227.16	C155	261.05	H158	-221.74	11H1790	293.39	24H0415	289.95
46	ET7	227.12	17H353	259.92	11B543	-222.53	11H2364	291.11	G031	279.23
47	C155	221.04	11J395	251.32	7B640	-223.96	C155	287.59	14B0175	269.84
48	70H0253	217.06	14B0175	244.46	11J395	-224.02	11B543	277.10	7B640	266.39
49	H158	209.10	G031	239.64	70H0253	-234.27	14B0175	276.01	11H3566	263.33
50	C151	203.14	7B640	236.19	G031	-237.50	G031	275.76	C155	259.83
51	G031	200.96	C151	232.20	C151	-240.07	11H1941	266.63	11B543	247.22

ตารางภาคผนวกที่ 1 (ต่อ) ค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ 100 ลำดับแรก จาก 305 DLM และ TDM (FRM1, FRM2, RRM1, RRM2)

ลำดับที่	หมายเลข	305DLM	หมายเลข	FRM1	หมายเลข	FRM2	หมายเลข	RRM1	หมายเลข	RRM2
52	HF820	176.85	24H0415	230.09	9H914	-279.75	11H224	263.52	11H224	241.11
53	HAXON	171.84	3110F	228.48	14B0155	-281.12	C151	256.09	H158	237.33
54	11B543	164.70	11B543	225.40	14B0175	-287.22	11H3566	244.19	70H00387	236.86
55	BSBANGKAEN	161.80	11H1941	221.22	70H00387	-287.52	H158	235.10	11H2364	234.92
56	JULIO	159.31	13750	200.39	11B521	-292.74	70H00387	233.30	C151	233.21
57	24H0415	158.16	BREEDERMIG	190.32	11H2356	-305.98	BREEDERMIG	233.02	BREEDERMIG	224.99
58	13750	153.18	GIG	187.94	GIG	-318.02	G030	226.84	11H3081	220.05
59	GIG	141.06	S2619	168.45	G030	-323.06	11H3081	221.65	FON006	205.72
60	BREEDERMIG	116.94	FON006	146.86	BREEDERMIG	-334.34	11B529	212.65	3110F	196.58
61	11H3081	111.57	72H0415	145.45	3110F	-339.04	13750	208.16	G030	184.89
62	S2619	108.56	10H1057	142.01	13750	-339.92	3110F	206.19	11B529	179.32
63	B787	106.67	11B529	133.41	FON006	-351.88	FON006	205.78	13750	179.08
64	4	105.98	BS33	128.89	11B529	-358.04	11H1733	182.38	11H1733	166.09
65	11B520	95.58	BSLAI	122.76	A72	-365.54	11H3685	166.81	11H3685	165.91
66	C186	94.16	70H00387	121.66	11H3685	-382.87	4	164.98	10H1057	161.41
67	11H1733	85.50	11H224	113.98	24H0415	-399.31	17H353	162.81	11H1709	157.36
68	11B534	72.95	C186	110.26	5	-399.40	11H1709	161.78	17H353	150.86

ตารางภาคผนวกที่ 1 (ต่อ) ค่าการผสมพันธู์ของพ้อพันธู์ 100 ลำดับแรก จาก 305DLM และ TDM (FRM1, FRM2, RRM1,RRM2)

ลำดับที่	หมายเลข	305DLM	หมายเลข	FRM1	หมายเลข	FRM2	หมายเลข	RRM1	หมายเลข	RRM2
69	7B640	71.05	ROBO	106.75	11H1709	-401.96	JULIO	158.71	ET3	135.19
70	72H0415	63.92	11H2126	87.05	BSBANGKAEN	-402.33	14B0155	152.14	C186	122.78
71	FON006	62.59	14B0155	84.03	11H2126	-415.20	10H1057	149.42	GIG	120.56
72	70H00387	60.32	5	79.85	11H1790	-417.24	C186	129.55	4	116.68
73	7B644	60.23	7J166	75.73	A75	-430.90	GIG	124.25	JULIO	113.70
74	11H2325	32.22	11H3081	75.52	11B520	-443.87	ROBO	114.90	ROBO	108.91
75	C766	32.17	A75	75.37	BSLAI	-447.59	11B520	108.75	5	90.85
76	11B529	24.77	14B0161	63.14	C186	-450.06	C766	100.58	14B0155	88.30
77	14B0155	21.88	11H2356	55.39	ROBO	-462.38	11H2126	100.53	BSLAI	84.27
78	A75	19.04	4	52.25	C766	-480.41	ET3	96.67	C766	83.28
79	11H1709	18.20	HAXON	46.73	HAXON	-493.83	HAXON	93.61	11H2126	83.00
80	11H2092	11.70	11H1733	21.99	JULIO	-499.16	5	87.13	HAXON	65.52
81	14B0161	10.59	11B520	21.93	7J166	-500.17	A75	85.13	11H1056	60.07
82	11H2126	3.77	A72	18.82	11H1733	-511.49	BSLAI	83.38	B787	58.44
83	11H2356	-7.65	B787	9.39	11H1479	-513.50	7J166	77.62	A75	48.58
84	11J0483	-8.05	C766	-2.44	10H1057	-519.57	BSBANGKAEN	76.14	7J166	48.15
85	11H224	-8.11	11H2092	-21.84	7H1939	-531.37	11H1056	69.81	BSBANGKAEN	46.80

ตารางภาคผนวกที่ 1 (ต่อ) ค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ 100 ลำดับแรก จาก 305DLM และ TDM (FRM1, FRM2, RRM1,RRM2)

ลำดับที่	หมายเลข	305DLM	หมายเลข	FRM1	หมายเลข	FRM2	หมายเลข	RRM1	หมายเลข	RRM2
86	ROBO	-9.94	11H1790	-37.42	BS33	-535.40	A72	66.58	BS33	41.98
87	G030	-10.86	11B534	-37.70	EM308	-538.29	BS33	64.83	A72	26.85
88	7J166	-13.99	BSBANGKAEN	-60.27	Z707	-549.85	B787	57.66	11B520	21.81
89	5	-22.03	JACK	-72.07	4	-551.53	14B0161	35.26	7H1939	18.28
90	BS33	-27.53	EM308	-73.78	ET3	-553.42	72H0415	25.54	14B0161	12.27
91	7H1939	-40.93	11H3685	-77.65	JACK	-553.45	11B534	2.39	72H0415	-7.51
92	11H8009	-47.52	11H1709	-91.87	B787	-561.20	7H1939	0.19	JACK	-13.29
93	A72	-62.42	HAXREL	-106.51	11J336	-568.25	JACK	-1.47	11H1479	-25.19
94	EM308	-75.97	ET3	-119.19	11H1056	-586.33	EM308	-27.53	11H2092	-45.22
95	11J354	-78.82	11H8009	-119.38	11H2092	-590.91	11B531	-32.31	EM308	-55.85
96	HAXREL	-90.40	11J354	-121.66	14B0161	-593.99	11H2092	-32.50	11B534	-56.15
97	ET3	-94.34	11H1479	-123.10	11H358	-606.49	BOOTMAKER	-52.44	11B531	-76.22
98	JACK	-127.05	11H2325	-132.25	11B534	-629.86	11J336	-57.91	11J336	-80.25
99	Z707	-145.28	11B531	-144.57	BOOTMAKER	-673.78	11H1479	-65.39	11H2325	-95.77
100	11H3685	-157.82	11H2078	-156.80	11J483	-677.34	11J483	-77.51	BOOTMAKER	-98.47

ตารางภาคผนวกที่ 2 ค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์ที่มีข้อมูล 100 ลำดับแรก จาก 305DLM และ TDM (FRM1, FRM2, RRM1, RRM2)

ลำดับที่	หมายเลข 305DLM	หมายเลข FRM1	หลายเลข FRM2	หมายเลข RRM1	หมายเลข RRM2					
1	38	2080.51	38	1986.37	38	1771.04	38	1990.92	38	2002.81
2	573	1982.27	573	1864.19	573	1340.23	573	1661.39	573	1650.70
3	215	1592.55	215	1632.70	43	1313.48	23	1643.61	43	1645.66
4	728	1543.80	728	1607.41	23	1286.67	728	1605.53	23	1614.07
5	134	1474.35	538	1532.32	134	1063.44	43	1590.88	728	1590.90
6	508	1421.93	441	1482.09	215	1056.86	215	1470.99	134	1402.37
7	538	1411.13	134	1464.09	728	1044.50	134	1444.03	215	1381.25
8	43	1409.84	23	1418.16	704-1	1037.34	441	1421.68	3925	1348.85
9	3925	1401.94	508	1367.01	961	858.61	3925	1377.31	441	1311.77
10	441	1389.66	3037	1347.25	3925	858.09	961	1313.94	664	1305.47
11	584	1293.70	584	1332.76	743-1	844.27	538	1294.08	961	1303.92
12	23	1291.37	43	1329.83	441	843.90	3104	1250.00	538	1273.14
13	664	1255.59	3925	1326.26	653-1	843.54	664	1247.02	3104	1240.47
14	603	1250.96	961	1302.11	31-Jan	838.78	603	1245.76	603	1239.20
15	551	1243.92	690	1279.54	538	813.22	713	1216.51	584	1236.96
16	620	1235.75	652	1276.91	21	800.75	6100	1195.12	6100	1216.12
17	652	1231.73	551	1267.98	603	792.54	3037	1193.74	508	1195.73

ตารางภาคผนวกที่ 2 (ต่อ) ค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์ที่มีข้อมูล 100 ลำดับแรก จาก 305DLM และ TDM (FRM1, FRM2, RRM1, RRM2)

ลำดับที่	หมายเลข 305DLM	หมายเลข FRM1	หมายเลข FRM2	หมายเลข RRM1	หมายเลข RRM2
18	961 1218.10	3109 1265.17	664 773.63	584 1189.61	713 1172.43
19	3037 1209.88	3114 1232.17	584 767.38	31-Jan 1170.13	3037 1168.84
20	690 1206.62	146 1224.48	18 752.28	690 1161.72	31-Jan 1165.54
21	572 1182.90	664 1187.40	722-1 750.51	21 1156.43	21 1141.52
22	932-1 1164.82	603 1168.33	3104 750.39	3109 1153.31	690 1136.77
23	6100 1148.20	713 1152.32	652 747.13	508 1143.18	652 1122.55
24	580 1142.92	572 1150.12	620 743.74	652 1137.43	401 1121.97
25	781 1121.98	209 1132.47	925-1 718.70	401 1134.12	653-1 1118.83
26	793 1120.12	932-1 1117.70	690 714.22	146 1129.33	3109 1098.99
27	452 1112.22	21 1107.49	6100 689.64	653-1 1123.92	572 1098.38
28	3109 1107.77	31-Jan 1100.71	932-1 665.36	704-1 1113.91	551 1085.27
29	3923 1100.64	334 1097.85	146 648.64	572 1086.32	146 1083.64
30	624 1077.26	793 1095.71	713 643.73	209 1085.90	704-1 1076.93
31	334 1071.64	649 1094.61	572 643.55	580 1060.76	288 1073.64
32	713 1067.31	580 1090.65	209 638.21	620 1056.04	209 1072.42
33	602 1052.03	602 1083.94	580 637.51	551 1055.93	620 1072.02
34	649 1046.13	620 1079.12	508 624.55	292 1051.17	580 1049.03

ตารางภาคผนวกที่ 2 (ต่อ) ค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์ที่มีข้อมูล 100 ลำดับแรก จาก 305DLM และ TDM (FRM1, FRM2, RRM1, RRM2)

ลำดับที่	หมายเลข 305DLM	หมายเลข FRM1	หลายเลข FRM2	หมายเลข RRM1	หมายเลข RRM2
35	3104 1044.26	575 1078.60	3109 623.88	288 1036.10	602 1037.10
36	209 1042.24	555 1073.20	3037 620.25	558 1032.66	722-1 1030.14
37	558 1042.00	3104 1063.75	854-1 615.58	602 1021.11	18 1029.56
38	575 1040.15	6100 1051.70	3113 606.22	3113 1018.83	575 993.65
39	31-Jan 1038.71	925-1 1050.33	719-1 604.21	462 1007.14	3113 986.33
40	21 1031.98	731-1 1033.31	602 598.99	722-1 995.45	292 983.47
41	3114 1024.57	743-1 1025.84	3110 577.37	452 984.75	123 978.65
42	146 1024.32	288 1017.30	935-1 571.17	932-1 974.15	925-1 968.81
43	560 1013.72	840 1013.15	335 555.37	18 971.82	5107 967.37
44	3065 1006.85	624 1012.23	46 553.94	743-1 970.00	452 956.07
45	731-1 1001.91	787 1006.47	894 550.46	649 969.57	932-1 948.48
46	5107 996.26	3110 997.47	3114 547.38	3058 969.43	3058 947.04
47	46 994.75	46 995.92	575 546.68	852-1 968.10	840 946.72
48	3965 989.16	704-1 994.15	3965 537.93	123 961.96	470 944.85
49	3110 976.00	558 987.07	852 530.64	925-1 961.58	558 944.27
50	288 962.71	935-1 986.98	852-1 530.64	935-1 957.43	649 928.02
51	555 955.00	569 975.60	401 528.90	575 950.05	462 919.99

ตารางภาคผนวกที่ 2 (ต่อ) ค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์ที่มีข้อมูล 100 ลำดับแรก จาก 305DLM และ TDM (FRM1, FRM2, RRM1, RRM2)

ลำดับที่	หมายเลข 305DLM	หมายเลข FRM1	หมายเลข FRM2	หมายเลข RRM1	หมายเลข RRM2					
52	569	953.74	292	967.00	649	527.13	5107	942.98	879	911.98
53	292	943.44	401	956.97	731-1	522.28	3110	935.09	852-1	911.65
54	268	927.16	854-1	949.80	551	513.89	793	931.91	743-1	911.48
55	704-1	925.54	578	938.97	288	493.06	879	927.32	935-1	906.86
56	617	922.34	3065	928.51	744-1	492.64	840	916.47	3065	906.14
57	339OLD	919.47	344	927.90	879	486.60	787	915.78	854-1	900.85
58	3113	915.30	542	920.06	842-1	457.65	3065	914.93	3110	892.51
59	925-1	912.74	3113	919.64	5107	445.12	470	911.09	727	883.63
60	578	910.99	5107	917.38	840	444.32	854-1	908.17	793	882.42
61	840	903.26	617	912.96	558	437.71	852	898.51	3105	879.44
62	842-1	899.85	3105	908.44	123	434.26	431	897.86	335	877.83
63	542	896.00	781	896.46	787	429.68	727	897.11	555	869.30
64	565	894.49	339OLD	892.28	938-1	424.87	335	886.47	569	865.63
65	401	887.53	123	892.16	128	424.62	3007	883.26	542	862.81
66	5108	886.59	560	887.98	569	408.79	3114	875.48	3007	861.76
67	344	872.60	452	886.64	3956	405.56	46	867.01	4104-1	855.82
68	123	862.69	653-1	885.08	3105	403.97	6113	859.35	852	851.39

ตารางภาคผนวกที่ 2 (ต่อ) ค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์ที่มีข้อมูล 100 ลำดับแรก จาก 305DLM และ TDM (FRM1, FRM2, RRM1, RRM2)

ลำดับที่	หมายเลข	305DLM	หมายเลข	FRM1	หมายเลข	FRM2	หมายเลข	RRM1	หมายเลข	RRM2
69	937-1	860.56	128	882.98	3940	400.34	128	858.43	3114	849.99
70	470	851.40	852	881.51	578	397.93	417	853.74	268	848.47
71	3105	849.61	4104-1	877.36	4008	397.38	268	852.46	6113	848.32
72	143	848.85	470	876.81	462	397.26	569	847.96	128	839.83
73	3007	845.98	3965	867.76	942-1	390.31	555	847.93	578	834.47
74	854-1	842.38	842-1	863.64	6113	382.50	938-1	847.77	938-1	825.12
75	552	829.77	335	861.84	829-1	381.13	942-1	846.66	787	823.77
76	852-1	824.44	462	847.56	555	379.57	358	840.68	431	818.94
77	935-1	819.50	3923	838.90	3058	377.41	542	834.26	417	818.93
78	787	815.18	3007	827.98	624	371.67	3057	833.66	3940	812.79
79	335	801.87	619	824.29	793	369.54	4104-1	829.95	3023	811.84
80	414	796.89	772	823.01	3923	368.53	334	822.93	565	811.35
81	298	796.81	18	813.65	3106	358.83	578	819.84	298	806.77
82	797	795.79	852-1	809.17	710-1	358.74	277	819.65	3072	804.96
83	619	783.29	797	806.66	339OLD	355.60	3105	819.47	3068	803.87
84	646	780.80	5105	806.51	5108	355.54	842-1	813.58	277	802.67
85	402	780.08	7102	805.02	727	354.01	565	812.28	3956	794.43

ตารางภาคผนวกที่ 2 (ต่อ) ค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์ที่มีข้อมูล 100 ลำดับแรก จาก 305DLM และ TDM (FRM1, FRM2, RRM1, RRM2)

ลำดับที่	หมายเลข 305DLM	หมายเลข FRM1	หมายเลข FRM2	หมายเลข RRM1	หมายเลข RRM2
86	6113	938-1	452	3023	942-1
87	593	268	292	3072	334
88	128	277	321	3965	568
89	321	417	3065	3923	46
90	772	705	3007	734	3057
91	3956	3108	652-1	568	842-1
92	5105	646	4104-1	567	3965
93	233	567	802-1	570	3923
94	265	321	565	617	7102
95	7102	448	963	583	570
96	583	3106	583	3940	358
97	963	6113	721-1	3068	734
98	277	829-1	617	339OLD	339OLD
99	570	909-1	334	859	583
100	4100	5108	909-1	624	859

ตารางภาคผนวกที่ 3 สรุปตัวย่อในวิทยานิพนธ์

คำย่อ	คำอธิบาย
305DLM	305-day lactation mod
AI	Average information
AM	Animal model
BLUP	Best linear unbiased prediction
BV	Breeding value
CFM	Covariance function model
CG	Contemporary group
CT REML	Canonical transformation REML
DIM	Day in milk
EBV	Estimated breeding value
EM	Expectation-maximization
FRM	Fixed regression model
GM REML	General-model REML
HDS	Henderson
HTD	Herd-test date of recording
HYS	Herd-year-season of calving
ID	Identification
LM	Lactation model
LRT	Likelihood ratio test
LSM	Least square means
MCMC	General model Markov Chain Monte Carlo
MIVQUE	Minimum variance quadratic unbiased estimation
ML	Maximum likelihood
MME	Mixed model equation
MTM	Multiple trait model
PE	Permanent environment
REML	Restricted maximum likelihood

ตารางภาคผนวกที่ 3 (ต่อ) สรุปลงย่อในวิทยานิพนธ์

คำย่อ	คำอธิบาย
r_{gg}	Genetic correlation
r_{pp}	Phenotypic correlation
RRM	Random regression model
SAS	Statistical analysis system
SCS	Somatic cell score
SD	Standard deviation
SM	Sire model
TBV	True breeding value
TDM	Test day model
TIM	Test interval method

ประวัติผู้เขียน

ข้าพเจ้า นายสายัณห์ บัวบาน เกิดเมื่อวันที่ 11 ธันวาคม 2505 ที่ตำบลดงลิงชั้น อำเภอเมือง จังหวัดสระบุรี สำเร็จการศึกษาปริญญาตรีวิทยาศาสตร์ สาขา สัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ในปีการศึกษา 2528 หลังจากจบการศึกษาปริญญาตรีแล้วได้เข้าทำงานครั้งแรกในบริษัท สหฟาร์ม จำกัด ในตำแหน่งเจ้าหน้าที่ฝ่ายส่งเสริมและวิชาการ (ไก่ประจักษ์) จนถึงปี 2531 จึงได้เข้ามารับราชการที่กองผสมเทียม กรมปศุสัตว์ ในตำแหน่งนักวิชาการสัตวบาล รับผิดชอบงานที่เกี่ยวข้องกับการปรับปรุงพันธุ์ และขยายพันธุ์โคนมมาโดยตลอดจนกระทั่งถึงปัจจุบัน



สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย