

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนมของโคนมลูกผสม
โฮลสไตน์-ฟรีเซียนโดยใช้ MULTIPLE-TRAIT MODEL และ
RANDOM REGRESSION TEST DAY MODEL ด้วยวิธี
RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD (REML)

นาง วริษา สันทวีวรกุล

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรดุษฎีบัณฑิต

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี

ปีการศึกษา 2545

ISBN974-533-230-5

**ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS OF MILK
PRODUCTION FOR CROSSBRED HOLSTEIN-FRIESIAN USING
MULTIPLE-TRAIT AND RANDOM REGRESSION TEST DAY
MODEL BY RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD (REML)**

Mrs. Warisa Sintaweewarakul

**A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements for the Degree of
Philosophy of Doctor of Science in Animal Production Technology**

Suranaree University of Technology

Academic Year 2002

ISBN 974-533-230-5

หัวข้อวิทยานิพนธ์

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนมของโคนมลูกผสม โฮลสไตน์-ฟรีเซียนโดยใช้ MULTIPLE-TRAIT MODEL และ RANDOM REGRESSION TEST DAY MODEL ด้วยวิธี RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD (REML)

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี อนุมัติให้หัวข้อวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นส่วนหนึ่งของการ
ศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

.....

(รศ.ดร.กนก ผลารักษ์)

ประธานกรรมการ

.....

(รศ.ดร.พงษ์ชาญ ฌ ลำปาง)

กรรมการ(อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์)

.....

(รศ.ดร.วิศิษฐ์พร สุขสมบัติ)

กรรมการ

.....

(ผศ.น.สพ.ดร.บัญญัติ ลิขิตเดชาโรจน์)

กรรมการ

.....

(ผศ.ดร.มนต์ชัย ดวงจินดา)

กรรมการ

.....

(รศ.ดร.ทวิช จิตรสมบูรณ์)

รองอธิการบดีฝ่ายวิชาการ

.....

(รศ.ดร.กนก ผลารักษ์)

คณบดีสำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร

นางวริษา สันทวีรกุล : การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนมของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนโดยใช้ MULTIPLE-TRAIT MODEL และ RANDOM REGRESSION TEST DAY MODEL ด้วยวิธี RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD (REML)

(ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS OF MILK PRODUCTION FOR CROSSBRED HOLSTEIN-FRIESIAN USING MULTIPLE-TRAIT AND RANDOM REGRESSION TEST DAY MODEL BY RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD [REML]) อาจารย์ที่ปรึกษา : รศ.ดร.พงษ์ชาญ ฌ ลำปาง, 75 หน้า, ISBN 974-533-230-5

ข้อมูลลักษณะการให้น้ำนมของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนจากฟาร์มโคนมของเกษตรกรที่อยู่ภายใต้การดูแลของสหกรณ์โคนมมวกเหล็กจำนวน 40 ฟาร์ม และฟาร์มขององค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทยระหว่างปี พ.ศ. 2543-2544 จำนวน 857 ตัวรวม 6,245 บันทึก ทำการศึกษาและเปรียบเทียบการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมด้วย single-trait lactation model (STLM), multiple-trait lactation model (MTLM) และ random regression test day model (RRTDM) โดยวิธี restricted maximum likelihood (REML) ด้วยข้อมูล 2 ชุดคือข้อมูลชุดที่ 1 มีเฉพาะข้อมูลของแม่โคที่ให้นมครั้งแรก และข้อมูลชุดที่ 2 เป็นข้อมูลของแม่โคทั้งหมดที่ทำการเก็บบันทึกข้อมูล

อัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และ เปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันในข้อมูลทั้ง 2 ชุดที่ได้จากทั้ง 3 model มีค่าอยู่ระหว่าง 0.30-0.43, 0.22-0.60, 0.28-0.61, 0.16-0.67, 0.20-0.61, 0.22-0.40, 0.31-0.58, 0.12-0.46 และ 0.32-0.68 ตามลำดับ ความคลาดเคลื่อนมาตรฐานของค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จาก RRTDM ในทุกลักษณะที่ศึกษามีค่าต่ำกว่า STLM และ MTLM

genetic and phenotypic correlation ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมันมีค่าเป็นบวกอยู่ระหว่าง 0.57-0.98 genetic and phenotypic correlation ของลักษณะปริมาณน้ำนม กับลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันมีค่าเป็นลบอยู่ระหว่าง -0.53 ถึง -0.007 genetic and phenotypic correlation ระหว่างลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันมีค่าเป็นบวกอยู่ระหว่าง 0.01-0.84 การคัดเลือกเพื่อปรับปรุงลักษณะปริมาณน้ำนมให้เพิ่มสูงขึ้นจะมีผลกระทบต่อลักษณะเปอร์เซ็นต์องค์ประกอบน้ำนมมีผลทำให้เปอร์เซ็นต์องค์ประกอบน้ำนมลดลง

จากการใช้ RRTDM ประเมินพันธกรรมของโคได้ผลลัพธ์เป็น model ที่ทำให้ทราบการเปลี่ยนแปลงของคุณค่าการผสมพันธุ์ตลอดระยะเวลาการให้นม และได้กราฟคุณค่าการผสมพันธุ์ของโคแต่ละตัวที่แตกต่างกัน ทำให้ทราบความคงทนของการให้นม และจุดสูงสุดของการให้นมซึ่งช่วยเพิ่มข้อมูลในการคัดเลือก จากความสัมพันธ์ของลำดับสัตว์ที่ได้จากการประมาณค่าคุณค่าการผสมพันธุ์ระหว่างการใช้ STLM, MTLM และ RRTDM ในข้อมูลทั้ง 2 ชุดและทั้งของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์มีค่าอยู่ในช่วง 0.51-0.91 แสดงให้เห็นว่าการใช้ RRTDM ในการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์สัตว์ให้ผลของการจัดลำดับสัตว์คล้ายคลึงกับการใช้ STLM และ MTLM ซึ่งเป็น model ที่ใช้ในการประเมินพันธกรรมโคนมในปัจจุบัน ดังนั้นจากผลการศึกษาสามารถสรุปได้ว่า RRTDM สามารถใช้ในการประมาณค่าอัตราพันธกรรมและการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์แทนที่ STLM และ MTLM

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์

ปีการศึกษา 2545

ลายมือชื่อนักศึกษา.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....

WARISA SINTAWEEWARAKUL : ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS OF MILK PRODUCTION FOR CROSSBRED HOLSTEIN-FRIESIAN USING MULTIPLE-TRAIT AND RANDOM REGRESSION TEST DAY MODEL BY RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD (REML) THESIS ADVISOR : Assoc.Prof.PONGCHAN NA-LAMPANG, Ph.D. 75 PP.ISBN 974-533-230-5

6,245 test day records of 857 crossbred Holstein-Friesian cows during 2000-2001 were used to estimate the genetic parameters. Milk yield, fat yield, protein yield, lactose yield, solid not fat yield, fat percentage, protein percentage, lactose percentage and solid not fat percentage were analyzed. The variance components were estimated via Expectation-Maximization Restricted maximum likelihood under single-trait lactation model (STLM), multiple-trait lactation model (MTLM) and random regression test day model (RRTDM) with 2 data sets, only first lactation data and all data collected. The heritability of those traits were between 0.30-0.43, 0.22-0.60, 0.28-0.61, 0.16-0.67, 0.20-0.61, 0.22-0.40, 0.12-0.46, 0.12-0.71 and 0.32-0.68 respectively. The standard error of heritability estimates of test day milk yield, composition yield and composition percentages were lower compared to 305-d traits. All genetic and phenotypic correlations between yields were high and positive (0.57-0.98). The correlations between milk yield and milk composition percentages were moderate and negative (-0.53 to -0.007) and those between milk composition percentages were positive (0.01-0.84). These correlations showed that the selection for milk yield increases resulted in the milk composition percentage decreases. RRTDM gave estimated breeding value (EBV) curves for lactation of each animal. These curves showed the peak and persistency of milk production, which are additional useful informations for the selection. EBV rank correlation of RRTDM between STLM and MTLM were in the range of 0.5-0.91. This showed that the use of RRTDM gave the EBV rank similar STLM and MTLM. In conclusion, RRTDM has potential to estimate heritability and genetic evaluation instead of STLM and MTLM.

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์

ลายมือชื่อนักศึกษา.....

ปีการศึกษา 2545

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์นี้สำเร็จล่วงด้วยดี ผู้วิจัยขอกราบขอบพระคุณ บุคคล และกลุ่มบุคคลต่าง ๆ ที่ได้กรุณาให้คำปรึกษา แนะนำ ช่วยเหลืออย่างดียิ่ง ทั้งในด้านวิชาการ และด้านการดำเนินงานวิจัย อาทิเช่น

- รองศาสตราจารย์ ดร.พงษ์ชาญ ณ ลำปาง อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์
- รองศาสตราจารย์ ดร.กนก ผลารักษ์
- รองศาสตราจารย์ ดร.วิศิษฐ์พร สุขสมบัติ
- ผู้ช่วยศาสตราจารย์ น.สพ. ดร.บัญญัติ ลิขิตเดชาโรจน์
- ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.มนต์ชัย ดวงจินดา ที่กรุณาให้คำปรึกษาด้านวิชาการ เอื้อเพื่อ

โปรแกรมที่ใช้ในการประมวลผล ให้ความรู้ และให้กำลังใจมาโดยตลอด

-คุณสุทธิศักดิ์ แก้วแกมจันทร์ ฟาร์มองค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย และเกษตรกรผู้เลี้ยงโคนมทั้ง 40 ฟาร์ม ที่กรุณาเอื้อเพื่อให้ข้อมูลเพื่อใช้ในการศึกษารั้ครั้งนี้

-ภาควิชาสัตวศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ที่ให้ความอนุเคราะห์สถานที่ในการดำเนินการวิจัย

-พี่ น้อง และเพื่อนร่วมสถาบัน และต่างสถาบันที่เป็นกำลังใจ โดยเฉพาะ คุณสุภาวดี มานะไตรนนท์ ที่ช่วยเก็บข้อมูลและให้กำลังใจ

-ผู้ช่วยศาสตราจารย์จรูญ สันทวีวรกุล ที่ให้โอกาสและกำลังใจในการศึกษามาโดยตลอด

ท้ายนี้ขอกราบของพระคุณบิดา มารดา ที่ให้การเลี้ยงดูอบรม และส่งเสริมการศึกษาเป็นอย่างดีตลอดมาจนทำให้ผู้วิจัยประสบความสำเร็จในการศึกษา

วริษา สันทวีวรกุล

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อ (ภาษาไทย).....	ก
บทคัดย่อ(ภาษาอังกฤษ).....	ค
กิตติกรรมประกาศ.....	ง
สารบัญ.....	จ
สารบัญตาราง.....	ช
สารบัญภาพ.....	ฉ
คำอธิบายสัญลักษณ์ และคำย่อ.....	ญ

บทที่

1 บทนำ.....	1
ความสำคัญของปัญหา.....	1
วัตถุประสงค์การวิจัย.....	3
สมมติฐานการวิจัย.....	3
ขอบเขตการวิจัย.....	3
ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ.....	4
2 ปรัชษฐ์วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	5
การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม (estimation of genetic (co)variance component)	5
Model การให้ผลผลิต 305 วัน และ model วันทดสอบ.....	6
ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม.....	10
ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมภายใต้บันทึกการให้นมวันทดสอบ.....	16
ค่า genetic correlation และค่า phenotypic correlation.....	22
3 วิธีดำเนินการวิจัย.....	26
การเก็บรวบรวมข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา.....	26
อิทธิพลคงที่ (fixed effects) ที่ใช้ในการศึกษา.....	27
การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรม (estimation of genetic (co)variance component)	28
การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม.....	32
การประมาณค่า genetic and phenotypic correlation.....	33

การประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ (estimated breeding value).....	33
การเปรียบเทียบความสัมพันธ์ของลำดับของสัตว์ (rank correlation).....	34
สถานที่ทำการศึกษา.....	34
ระยะเวลาในการทำการศึกษา.....	34
4 ผลการวิเคราะห์ข้อมูลและการอภิปรายผล	35
ค่าเฉลี่ยของลักษณะการให้น้ำนม.....	35
ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตที่ 305 วัน.....	36
การเปรียบเทียบค่าอัตราพันธุกรรมและความคลาดเคลื่อนมาตรฐานที่ได้จาก	
การประมาณ โดย STLM, MTLM และ RRTDM.....	41
ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมสำหรับลักษณะการให้นมที่วันให้นมต่าง ๆ	
ตลอดระยะเวลาการให้นม.....	45
genetic and phenotypic correlation.....	49
คุณค่าการผสมพันธุ์.....	53
สหสัมพันธ์ระหว่างลำดับจากค่าการผสมพันธุ์โดย model ต่าง ๆ.....	55
5 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ.....	57
สรุปผลการวิจัย.....	58
ข้อเสนอแนะ.....	60
รายการอ้างอิง.....	61
ภาคผนวก.....	69
ประวัติผู้เขียน.....	75

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2.1 สรุปค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม 305 วันของปริมาณน้ำนม (MY), ปริมาณไขมัน (FY), ปริมาณโปรตีน (PY), ปริมาณแลคโตส (LY), ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFY), เปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP), เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP), เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFP) จากการรวบรวมเอกสาร.....	13
2.2 ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม (h^2) ของบันทึกผลผลิตวันทดสอบ (h^2 TD) ที่ 305 วัน หรือในช่วงการให้นม และของบันทึกการให้ผลผลิตที่ 305 วัน (h^2 305 วัน) ของ ลักษณะปริมาณน้ำนม (MY), ปริมาณไขมัน (FY), ปริมาณโปรตีน (PY), ปริมาณแลคโตส (LY), ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFY), เปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP), เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP), เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFP) จากการรวบรวมเอกสาร.....	19
2.3 ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม (h^2) ของลักษณะปริมาณน้ำนม (MY), ปริมาณไขมัน (FY), ปริมาณโปรตีน (PY), ปริมาณแลคโตส (LY), ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFY), เปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP), เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP), เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFP) ที่วันทดสอบต่าง ๆ จากการรวบรวมเอกสาร.....	20
2.4 สรุปค่า phenotypic correlation (r_p) และ genetic correlation (r_g) ของลักษณะ ปริมาณน้ำนม(MY) ปริมาณไขมัน(FY) ปริมาณโปรตีน(PY) ปริมาณแลคโตส(LY) และปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน(SY) จากการรวบรวมเอกสาร.....	23
2.5 สรุปค่า phenotypic correlation (r_p) และ genetic correlation (r_g) ของ ลักษณะปริมาณน้ำนม(MY) เปอร์เซ็นต์ไขมัน(FP) เปอร์เซ็นต์โปรตีน(PP) เปอร์เซ็นต์แลคโตส(LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน(SP) จากการรวบรวมเอกสาร.....	25
3.1 รายละเอียดของข้อมูลลักษณะปริมาณน้ำนม (MY) ปริมาณไขมัน (FY) ปริมาณโปรตีน (PY) ปริมาณแลคโตส (LY) ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFY) เปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP) เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP) เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFP) ของฝูงโคนมที่ทำการศึกษา.....	28

ตารางที่	หน้า
4.1 ค่าเฉลี่ย(\bar{x})และค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (S.D.)ของลักษณะการให้นมในข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2 ด้วยบันทึกการให้นม 305 วัน และด้วยบันทึกการให้นมวันทดสอบ.....	36
4.2 ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม (h^2) และค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน(empirical standard error, S.E.) ของลักษณะการให้นม 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 และในข้อมูลชุดที่ 2 โดย single-trait lactation model (STLM), multiple-trait lactation model (MTLM) และ random regression test day model (RRTDM).....	45
4.3 genetic correlation (ค่าเหนือเส้นทแยงมุม) และphenotypic correlation (ค่าใต้เส้นทแยงมุม) ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนม (MY) ปริมาณไขมัน (FY) ปริมาณโปรตีน (PY) ปริมาณแลคโตส (LY) และปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFY) ในข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2.....	52
4.4 genetic correlation (ค่าเหนือเส้นทแยงมุม) และphenotypic correlation (ค่าใต้เส้นทแยงมุม) ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนม (MY) เปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP) เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP) เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน(SNFP) ในข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2.....	53
4.5 Spearman correlation ระหว่างลำดับของคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในข้อมูลชุดที่ 1 โดย single-trait lactation model (STLM), multiple-trait lactation model (MTLM) และ random regression test day model (RRTDM).....	56
4.6 Spearman correlation ระหว่างลำดับของคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในข้อมูลชุดที่ 2 โดย single-trait lactation model (STLM), multiple-trait lactation model (MTLM) และ random regression test day model (RRTDM).....	57

สารบัญภาพ

ภาพที่	หน้า
4.1 กราฟอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม (MY) ปริมาณไขมัน (FY) ปริมาณโปรตีน (PY) ปริมาณแลคโตส (PL) และปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFY) ในข้อมูลชุดที่ 1 โดย random regression test day model.....	47
4.2 กราฟอัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP) เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP) เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFP) ในข้อมูลชุดที่ 1 โดย random regression test day model.....	47
4.3 กราฟอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม (MY) ปริมาณไขมัน (FY) ปริมาณโปรตีน (PY) ปริมาณแลคโตส (PL) และปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFY) ในข้อมูลชุดที่ 2 โดย random regression test day model.....	48
4.4 กราฟอัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP) เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP) เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFP) ในข้อมูลชุดที่ 2 โดย random regression test day model.....	48
4.5 กราฟคุณค่าการผสมพันธุ์สำหรับลักษณะปริมาณน้ำนมของโคพ่อพันธุ์ 5 ลำดับแรก ที่มีค่าการผสมพันธุ์สูงสุดในข้อมูลชุดที่ 1.....	54

คำอธิบายสัญลักษณ์ และคำย่อ

305DLM = 305-day lactation model

BLUP = Best Linear Unbiased Prediction

Expectation-Maximization algorithm (EM)

FP = fat percentage

FY = fat yield

h^2 = heritability

LP = lactose percentage

LY = lactose yield

MTLM = multiple-trait lactation model

MY = milk yield

PP = protein percentage

PY = protein yield

REML = Restricted Maximum Likelihood

RRTDM = random regression test day model

SNFP = solid not fat percentage

SNFY = solid not fat yield

STLM = single-trait lactation model

TDM = test day model

อ.ส.ค. = องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย

NRC = National Research Council

บทที่ 1

บทนำ

ความสำคัญของปัญหา

การปรับปรุงพันธุ์โคนมของประเทศไทยเน้นการปรับปรุงพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนมเพื่อให้โคนมมีการผลิตน้ำนมเพิ่มขึ้นเป็นหลัก แต่ให้ความสำคัญต่อการปรับปรุงพันธุกรรมของลักษณะองค์ประกอบน้ำมน้อยมาก ลักษณะองค์ประกอบน้ำนมเป็นลักษณะหนึ่งที่บ่งชี้ถึงคุณภาพของน้ำนม เนื่องจากปัจจุบันในการรับซื้อน้ำนมมีการพิจารณาไขมัน โปรตีน หรือของแข็งไม่รวมไขมัน (solid not fat, SNF) ร่วมกับการให้ราคาตามปริมาณน้ำนม ถ้าน้ำนมที่มีคุณภาพต่ำกว่าเกณฑ์มาตรฐานที่ตลาดรับซื้อกำหนดราคานั้นก็จะลดลงเช่นกัน จากรายงานการศึกษาของสมภพ (2539) และสุทธิศักดิ์ และคณะ (2544) พบว่าลักษณะเปอร์เซ็นต์องค์ประกอบน้ำนมเช่น ไขมันนม และของแข็งไม่รวมไขมันของน้ำนมจากศูนย์รวมนมต่าง ๆ ขององค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อ.ส.ค.) เขตภาคกลางตั้งแต่ปี 2539-2542 มีแนวโน้มลดลงทุกปี โดยเฉพาะลักษณะเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันมีการลดต่ำกว่าเกณฑ์มาตรฐานตามกฎหมายกำหนด จากการที่น้ำนมมีลักษณะเปอร์เซ็นต์องค์ประกอบน้ำนมต่ำกว่าเกณฑ์มาตรฐานที่กฎหมายกำหนดทำให้เกษตรกรต้องสูญเสียรายได้เพราะโรงงานแปรรูปน้ำนมดิบได้นำลักษณะองค์ประกอบน้ำนมเหล่านี้มาใช้ในการประเมินราคาน้ำนม นอกจากนี้ยังทำให้มีการสูญเสียเงินตราออกนอกประเทศเนื่องจากทางโรงงานแปรรูปน้ำนมดิบต้องนำเข้านมผงเพื่อปรับคุณภาพน้ำนมให้ได้มาตรฐานตามกฎหมายกำหนด

การปรับปรุงโคนมเพื่อเพิ่มผลผลิตการให้น้ำนมและปรับปรุงคุณภาพน้ำนมให้ดีขึ้นทำได้โดยการปรับปรุงสภาพแวดล้อมและการปรับปรุงพันธุกรรม การปรับปรุงพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนมของแม่โคนมเป็นการเพิ่มความสามารถในการให้น้ำนมโดยการปรับปรุงที่พันธุกรรมของตัวสัตว์เองซึ่งเป็นวิธีการปรับปรุงลักษณะที่ถาวร สามารถถ่ายทอดผลการปรับปรุงพันธุ์ไปยังรุ่นต่อไปได้ ลักษณะการให้น้ำนมเป็นลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative traits) ถูกควบคุมด้วย gene หลายคู่ ในการปรับปรุงพันธุ์ต้องอาศัยแผนการปรับปรุงพันธุ์ (breeding plan) ที่ประกอบด้วย 2 ระบบ ที่สำคัญคือ ระบบการคัดเลือก และระบบการผสมพันธุ์ ซึ่งมีความจำเป็นต้องทราบค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมต่าง ๆ เช่น อัตราพันธุกรรม (heritability, h^2) สหสัมพันธ์พันธุกรรมระหว่างลักษณะต่าง ๆ ทางพันธุกรรมและทางปรากฏ (genetic and phenotypic correlations) และคุณค่าการ

ผสมพันธุ์ (breeding value) เพื่อใช้ในการวางแผนการคัดเลือก และการผสมพันธุ์ให้เป็นไปตามเป้าหมายของการปรับปรุงลักษณะที่ต้องการ ทำให้สามารถวางแผนการคัดเลือกและการผสมพันธุ์ได้อย่างถูกต้องและมีประสิทธิภาพ

ความแม่นยำของค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมขึ้นอยู่กับวิธีการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน (variance component) และ model ที่ใช้ในการวิเคราะห์ การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนด้วยวิธี Restricted maximum likelihood (REML) เป็นวิธีการที่นิยมใช้ในปัจจุบัน ส่วน model ที่ใช้ในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม ในปัจจุบันประเทศต่าง ๆ ได้มีการปรับเปลี่ยนการประเมินพันธุกรรมโคนมจากเดิมที่ใช้ค่าประมาณการให้ผลผลิตน้ำนม 305 วัน โดยใช้ผลผลิตของแต่ละวันทดสอบเป็นข้อมูลพื้นฐานของระบบการประเมินพันธุกรรมแทน จึงมีการนำ Test day model (TDM) ซึ่งเป็น model สำหรับข้อมูลที่มีลักษณะเป็นแบบวันทดสอบโดยตรงมาใช้ในการประเมินพันธุกรรมแทนที่ 305-day lactation model (305DLM) TDM ดีกว่า 305DLM เพราะมีการพิจารณาอิทธิพลสภาพแวดล้อมได้อย่างถูกต้องมากกว่า (Jamrozik and Schaeffer, 1997) เนื่องจาก TDM เป็น model ที่มีการรวมปัจจัยต่าง ๆ ที่มีอิทธิพลต่อผลผลิตวันทดสอบที่เฉพาะเจาะจงในแต่ละวันทดสอบ (Jamrozik et al., 1997a)

วิธีการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและประเมินพันธุกรรมของโคในประเทศไทยหน่วยงานต่าง ๆ ทั้งภาครัฐและเอกชนที่เกี่ยวข้องกับงานด้านการปรับปรุงพันธุ์โคนมยังคงใช้ผลผลิตน้ำนมปรับ 305 วันในการวิเคราะห์ ซึ่งค่าผลผลิตน้ำนมปรับ 305 วันที่ใช้ในประเทศได้มาจากรวบรวมบันทึกข้อมูลของโคนมที่วันทดสอบต่าง ๆ โดยทำการเก็บและทดสอบตัวอย่างน้ำนมของแม่โครายตัวโดยเฉลี่ยเดือนละครั้งซึ่งต้องใช้เวลาและเสียค่าใช้จ่ายในการดำเนินการสูง การใช้ผลผลิตน้ำนมที่ 305 วันในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและประเมินพันธุกรรมของโคจึงเป็นการใช้ประโยชน์จากข้อมูลที่ได้ไม่คุ้มค่ากับเวลาและค่าใช้จ่าย และแม่โคบางตัวที่มีข้อมูลไม่ครบจะไม่ถูกนำมาวิเคราะห์ ทำให้เกิดการสูญเสียไปของการเก็บบันทึกข้อมูล ดังนั้นในการศึกษาค้นคว้าครั้งนี้จึงมุ่งเน้นเพื่อหา model ที่มีความเป็นไปได้และเหมาะสมในการนำไปใช้ประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและเพื่อใช้ในการประเมินพันธุกรรมโคนมของประเทศไทย ก่อให้เกิดการใช้ประโยชน์ของข้อมูลที่มีอยู่ให้เกิดประสิทธิภาพและประโยชน์สูงสุด และทำให้ทราบถึงสถานการณ์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนมและองค์ประกอบของน้ำนมเพื่อช่วยในการวางแผนการปรับปรุงพันธุ์ของลักษณะการให้น้ำนมของโคนมของประเทศไทยได้อย่างถูกต้องและมีประสิทธิภาพ ซึ่งจะเป็นประโยชน์อย่างมากในการพัฒนาและปรับปรุงพันธุ์โคนมของประเทศไทย ช่วยเพิ่มศักยภาพการผลิตและพัฒนาอุตสาหกรรมการเลี้ยงโคนมของประเทศไทยให้มีความก้าวหน้า ทำให้

คุณภาพน้ำนม และปริมาณน้ำนมของประเทศมีการเปลี่ยนแปลงที่คึกซ์ขึ้นและเป็นผลดีต่อเศรษฐกิจของเกษตรกรผู้เลี้ยงโคนม

วัตถุประสงค์การวิจัย

1. เพื่อประมาณและเปรียบเทียบค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนมที่ศึกษาจาก model การให้ผลผลิต 305 วัน (305-day lactation model, 305DLM) แบบ single-trait lactation model (STLM) และ multiple-trait lactation model (MTLM) กับ Model วันทดสอบ (test day model, TDM) แบบ random regression test day model (RRTDM) โดยวิธี Restricted Maximum Likelihood

2. เพื่อประมาณค่า genetic and phenotypic correlation ของลักษณะการให้น้ำนม

3. เพื่อศึกษาผลการประเมินทางพันธุกรรม และเปรียบเทียบผลของลำดับสัตว์ (ranking) ด้วยความสัมพันธ์ของลำดับสัตว์ที่ได้จาก 305-day lactation model แบบ single-trait lactation model และ multiple-trait lactation model กับ test day model แบบ random regression test day model

ลักษณะการให้น้ำนมที่ทำการศึกษาประกอบด้วย 9 ลักษณะคั้งนี้คือ ปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน

สมมติฐานของการวิจัย

ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันที่ประมาณได้จากแต่ละแบบหุ่่นมีความแตกต่างกัน

ขอบเขตการวิจัย

การวิจัยครั้งนี้เป็นการประมาณและเปรียบเทียบค่าประมาณพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนมของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเชียนจากพันธุ์ประวัติของฟาร์มโคนมของเกษตรกรที่อยู่ภายใต้การดูแลของสหกรณ์โคนมมวกเหล็กจำนวน 40 ฟาร์ม และฟาร์มขององค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทยโดยข้อมูลดังกล่าวเป็นบันทึกการให้น้ำนมของแม่โคพันธุ์ลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเชียนตั้งแต่ปี พ.ศ. 2543-2544 เป็นระยะเวลา 1 ปี โดยการศึกษาลักษณะการให้น้ำนมได้แก่ปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. ทำให้ทราบสถานภาพทางพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนมที่ทำการศึกษาจากค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมเพื่อนำไปใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานในการวางแผนการคัดเลือก และผสมพันธุ์โคนมได้อย่างถูกต้องและมีประสิทธิภาพ

2. จากผลการศึกษาทำให้ทราบความเป็นไปได้ในการใช้เลือกใช้ model ที่มีความเหมาะสมเพื่อใช้ในการประมาณค่าพารามิเตอร์และการประเมินพันธุกรรมของโคนมของประเทศไทย ซึ่งเป็นการเพิ่มความถูกต้องและแม่นยำของค่าประมาณพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม และการประเมินพันธุกรรมของโคนมของประเทศ

บทที่ 2

ปริทัศน์วรรณกรรม และงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม (estimation of genetic (co)variance component)

ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์วัตถุประสงค์หลักของการวิเคราะห์ข้อมูลเพื่อประมาณค่าความสามารถทางพันธุกรรมของสัตว์ และประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม (Liu et al., 2001) ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมเป็นเครื่องชี้วัดว่ามีความแปรปรวนและมีการถ่ายทอดทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณเป็นอย่างไร การวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนและนำค่าที่ได้ประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนจึงมีความสำคัญมากเพราะทำให้นักปรับปรุงพันธุ์สัตว์ทราบลักษณะทางพันธุกรรม (Van Tassell et al., 1995) ค่าประมาณพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมสามารถใช้ในการวางแผนการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ และการวิเคราะห์แนวโน้มของพันธุกรรม และการให้ผลผลิตได้อย่างมีประสิทธิภาพ (Harville and Callanan, 1990 ; Searle, 1971) ค่าประมาณพารามิเตอร์ที่มีคุณสมบัติที่ดีเกิดได้จากการเลือกใช้ model ที่เหมาะสมกับลักษณะข้อมูล และการเลือกใช้วิธีการประมาณค่าที่มีประสิทธิภาพเหมาะสมกับคุณสมบัติและลักษณะของข้อมูล

วิธีการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนมีการพัฒนาจากวิธีการที่มีข้อกำหนดเกี่ยวกับข้อมูลมากซึ่งง่ายในการคำนวณแต่ขาดคุณสมบัติที่ดีของค่าประมาณ เป็นวิธีที่มีข้อกำหนดเกี่ยวกับข้อมูลน้อยลงซึ่งการคำนวณมีความยุ่งยากมากขึ้นแต่มีความเหมาะสมกับธรรมชาติของข้อมูลทางพันธุกรรมและข้อมูลที่มีการสูญหายมาก และให้ค่าประมาณที่มีคุณสมบัติของค่าประมาณที่ดี วิธีการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนมีหลายวิธีเช่น Analysis of Variance (ANOVA), REML , Gibbs Sampling และ Method R เป็นต้น (Duangjinda et al., 2001b)

การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนโดยวิธี REML

REML เป็นวิธีการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่นิยมใช้กันอยู่ในปัจจุบัน (Miztal, 1999b) เนื่องจากสามารถจัดอคติอันเนื่องมาจากการคัดเลือก (Graser et al., 1987)

การใช้วิธี ANOVA มี assumption ของข้อมูลที่ใช้พอพันธุต้องไม่มีความสัมพันธ์ทางเครือญาติ เพราะจะทำให้ค่าประมาณที่ได้จากข้อมูลเหล่านี้มีอคติ (biased) REML จึงถูกพัฒนาเพื่อใช้ประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนในกรณีข้อมูลที่มีการคัดเลือก เพราะการประมาณองค์ประกอบความแปรปรวนโดยวิธีนี้ต้องการเพียง assumption ของการกระจาย (distribution) ของข้อมูลเท่านั้น โดยข้อมูลมีการสมมติว่ามีการกระจายแบบ multivariate normal (Meyer et al., 1989) และทำการ maximized เฉพาะส่วนของ likelihood function ซึ่งเป็นอิสระกับปัจจัยคงที่ โดยประเมินค่าปัจจัยคงที่ด้วยวิธี generalized least-squares (Patterson and Thomson, 1971) REML ได้รับการพัฒนาสำหรับวิธีการคำนวณซ้ำ (iterative) ซึ่งเหมาะสำหรับ Mixed model equation (MME) และสามารถใช้ความสัมพันธ์ของสัตว์ร่วมคำนวณด้วย (Mohiudin, 1993) วิธี REML ได้รับการพัฒนาเพื่อใช้ร่วมกับ การประเมินพันธุกรรมของสัตว์โดยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) โดยเฉพาะอย่างยิ่งใน Animal model (Meyer et al., 1989) Dempster et al. (1977) เสนอ Expectation-Maximization algorithm (EM) ซึ่งในการคำนวณต้องการเพียง first derivative ของ likelihood function ที่ต้องการประเมินผลของค่าประมาณอยู่ในรูป quadratics solution วิธีการนี้ค่าประมาณจะเข้าสู่ parameter space ซ้ำ แต่ convergence ดี (Meyer, 1983)

model การให้ผลผลิต 305 วัน และ model วันทดสอบ

model ที่ใช้ในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนเพื่อการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของโคนมสามารถแบ่งตามลักษณะข้อมูลที่ใช้วิเคราะห์ได้ 2 แบบคือ 305DLM และ TDM การเลือกใช้ model ใดในการวิเคราะห์ต้องพิจารณาจากลักษณะและคุณสมบัติของข้อมูลที่บ้านทึก

model การให้ผลผลิต 305 วัน

รูปแบบข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์ 305DLM คือผลผลิตรวมใน 305 วัน การคำนวณผลผลิตการให้นม 305 วันได้มาจากการรวมข้อมูลของผลผลิตวันทดสอบ 7-10 ครั้ง อิทธิพลต่าง ๆ ที่มีผลกระทบต่อผลผลิตแต่ละวันทดสอบถูกเฉลี่ย มีการใช้อิทธิพลของฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอดอธิบาย อิทธิพลสภาพแวดล้อมที่มีผลกระทบต่อการให้นม 305 วัน 305DLM ที่นิยมใช้ได้แก่ STLM, MTLM และ repeatability model เป็นต้น

Single-trait Lactation Model (STLM)

STLM เป็น model ซึ่งทำการวิเคราะห์ลักษณะครั้งละลักษณะเป็น model ที่นิยมใช้ในการประมาณและประเมินพันธุกรรมของสัตว์มาตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบันด้วยรูปแบบของ sire model, dam model และ animal model animal model เป็น model ที่นิยมใช้ในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนเพราะช่วยเพิ่มความแม่นยำในการประมาณค่า และเป็นที่ยอมรับของนัก

ปรับปรุงพันธุ์สัตว์ animal model เป็น model ซึ่งประกอบด้วยอิทธิพลแบบสุ่มของสัตว์ที่มีบันทึก และพิจารณาองค์ประกอบความแปรปรวนแบบบวกสะสม animal model มีการใช้กันอย่างกว้างขวางเป็นที่ยอมรับในการปรับปรุงพันธุ์ (Liu et al., 2001)

Multiple-trait Lactation Model (MTLM)

โดยปกติการพิจารณาลักษณะต่าง ๆ ในโคนมจะมีมากกว่า 1 ลักษณะ เพราะลักษณะที่มีผลต่อกำไรหรือรายได้มีหลายลักษณะ เช่นลักษณะการให้ผลผลิต ลักษณะรูปทรง และความต้านทานต่อโรค เป็นต้น MTLM เป็น model ซึ่งทำการวิเคราะห์ตั้งแต่ 2 ลักษณะขึ้นไปพร้อมกัน โดยใช้ประโยชน์จากความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะทางพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมมาใช้ในการวิเคราะห์ร่วม เช่นการวิเคราะห์ลักษณะปริมาณน้ำนม ไขมันและโปรตีนพร้อมกัน (Jamrozik et al., 1997a) การวิเคราะห์หลายลักษณะพร้อมกัน (multivariate) ดีกว่าการวิเคราะห์ครั้งละลักษณะ (univariate) โดยเฉพาะกับลักษณะที่มีความสัมพันธ์กันโดยจะหาค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนน้อยกว่าการวิเคราะห์ครั้งละลักษณะ และช่วยเพิ่มความแม่นยำ หรือเมื่อบางลักษณะมีค่าสังเกตสูญหาย และความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏไม่เท่ากันในสภาพ เช่นนี้การใช้การวิเคราะห์หลายลักษณะพร้อมกันความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะถูกใช้ให้เป็นประโยชน์ ทำให้ทราบความสามารถทางพันธุกรรมของอีกลักษณะที่ไม่มีข้อมูลได้ ซึ่งในการวิเคราะห์ครั้งละลักษณะไม่สามารถทำได้ แต่ข้อดีของการวิเคราะห์หลายลักษณะพร้อมกันในการคำนวณวิเคราะห์หามี computational cost สูงกว่าการวิเคราะห์ครั้งละลักษณะ และมีความยุ่งยากในการทำงานมากกว่า (Schaeffer, 1999)

Test Day Model (TDM)

เนื่องจากการใช้ 305DLM ต้องใช้ค่าประมาณการให้ผลผลิตน้ำนม 305 วันในการวิเคราะห์ ทำให้การประเมินพันธุกรรมของโคเกิดความคลาดเคลื่อนเพราะค่าประมาณการให้ผลผลิตน้ำนม 305 วันเป็นค่าที่ได้จากการคำนวณข้อมูลของผลผลิตวันทดสอบ 7-10 ครั้ง ผลผลิตของแต่ละวันทดสอบของโคได้รับผลกระทบจากปัจจัยต่าง ๆ เช่น พันธุ์ การจัดการฝูง อายุของการให้ลูก เดือนที่คลอดลูก วันให้นม สภาพการตั้งท้อง การรักษา และจำนวนครั้งของการรีดนมต่อวัน เป็นต้น การใช้ค่าประมาณการให้ผลผลิตน้ำนม 305 วัน มีการพิจารณาอิทธิพลของสภาพแวดล้อมที่มีผลกระทบต่อค่าประมาณการให้ผลผลิตน้ำนม 305 วันด้วยอิทธิพลของ ฝูง-ปี-ฤดูกาล ซึ่งการพิจารณาเช่นนี้จะมีความเหมาะสมถ้าหากปัจจัยต่าง ๆ ที่มีผลกระทบต่อผลผลิตในแต่ละวันทดสอบเหมือนกัน แต่ในความเป็นจริงปัจจัยต่าง ๆ ที่มีผลกระทบต่อผลผลิตในแต่ละวันทดสอบมีการเปลี่ยนแปลง ตัวอย่างเช่นในระหว่างปีแม่โคอาจเปลี่ยนจากกลุ่มการจัดการเดิม ไปอยู่กลุ่มอื่นได้ซึ่งขึ้นอยู่กับระดับของปริมาณน้ำนมที่ให้ หรือ โคอาจถูกรีดนม 3 ครั้งต่อวันใน 4 วันทดสอบแรก แต่วันทดสอบ

ที่เหลืออาจถูกรีดนมเพียง 2 ครั้งต่อวัน เป็นต้น (Jamrozik and Schaeffer, 1997) อิทธิพลของสภาพแวดล้อมภายในการให้น้ำนม 305 วันมักจะถูกมองข้าม เมื่อนำค่าการให้น้ำนม 305 วันไปใช้ในการประเมินพันธุกรรมจึงเป็นเหตุให้ประสิทธิภาพในการประเมินพันธุกรรมของโคต่ำกว่าการใช้ข้อมูลวันทดสอบ (Wiggans and Goddard, 1997) จึงมีการนำข้อมูลจากบันทึกวันทดสอบมาใช้วิเคราะห์ประมาณค่าพารามิเตอร์และประเมินพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตในโคนมแทนที่การให้ผลผลิตน้ำนม 305 วัน (Ptak and Schaeffer, 1993 ; Reents et al., 1995a ; Reents et al., 1995b, Jamrozik et al., 1997b ; Schaeffer et al., 2000)

TDM เป็น model สำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลที่มีลักษณะเป็นแบบวันทดสอบ (ผลผลิตวันทดสอบ) ของลักษณะการให้ผลผลิตในโคนมโดยตรง รูปแบบข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์คือผลผลิตวันทดสอบหนึ่ง ๆ TDM มีความแม่นยำมากกว่า model ที่ใช้กันมาในอดีตเพราะมีการพิจารณาอิทธิพลสภาพแวดล้อมได้อย่างถูกต้องมากกว่า เนื่องจาก TDM เป็น model ที่มีการรวมปัจจัยต่าง ๆ ที่มีอิทธิพลต่อผลผลิตวันทดสอบที่เฉพาะเจาะจงในแต่ละวันทดสอบ (Jamrozik et al., 1997a) เช่น กลุ่มการจัดการภายในฝูงของวันทดสอบ วันให้นม สภาพการตั้งท้อง การรักษา และจำนวนครั้งของการรีดนมในวันทดสอบ รวมอยู่ใน model เดียวกัน (Meyer et al., 1989 ; Pander et al., 1992 ; Van tassel et al., 1992 ; Ptak and Schaeffer, 1993 ; Jamrozik et al., 1997a ; Jamrozik and Schaeffer, 1997 ; Schaeffer, 1997 ; Veerkamp and Goddaed, 1998 ; Wiggans and Goddard, 1997 ; Swalve, 1998 ; Gengler et al., 1999a)

ปัจจุบันความสนใจเกี่ยวกับการใช้บันทึกวันทดสอบในการคำนวณแทนที่การใช้บันทึกการให้นมด้วยเหตุผล 3 ข้อคือ 1.ระบบการบันทึกแต่เดิมที่ปฏิบัติกันมามีค่าใช้จ่ายสูง 2.เพื่อลดช่วงห่างระหว่างรุ่น การประเมินทำได้รวดเร็วด้วยการใช้บันทึกทดสอบวันที่ได้ในเวลาที่แตกต่างกัน และ 3 การใช้บันทึกการให้นม TDM มีความยืดหยุ่นสูง ไม่ต้องมีการต่อเติมบันทึก สามารถใช้ข้อมูลได้ทุก ๆ ส่วน (Swalve, 1998) ความสนใจใน TDM เพิ่มขึ้นทั่วโลกมีการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและประเมินพันธุกรรมด้วยผลผลิตวันทดสอบ โดยประเทศต่าง ๆ ที่มีการปรับเปลี่ยนใช้ TDM ได้แก่ออสเตรเลียสหรัฐอเมริกา นิวซีแลนด์ และแคนาดา เป็นต้น (Schaeffer and Dekkers, 1994, Reents et al., 1995a; Reents et al., 1995b ;Jamrozik and Schaeffer, 1997 ; Jamrozik et al., 1997b ; Jamrozik et al., 1997c; Ptak and Schaeffer, 1993; Schaeffer, 1997) จากการที่ TDM เป็น model ของผลผลิตวันทดสอบโดยตรงซึ่งใช้ค่าสังเกตวันทดสอบใน model ทางสถิติ ทำให้จำนวนพารามิเตอร์ที่ทำการประมาณค่าและจำนวนของข้อมูลใช้ในการวิเคราะห์เพิ่มมากขึ้น สิ่งที่มาคือการปรับปรุงรูปแบบของ TDM ซึ่งถูกกำหนดโดยต้องคำนึงถึงการคำนวณ Model ทางสถิติสำหรับข้อมูลวันทดสอบของผลผลิตน้ำนมได้ fixed regression TDM (FRTDM) (Ptak and

Schaeffer, 1993; Reents et al., 1995) random regression TDM (RRTDM) (Schaeffer and Dekkers, 1994; Jamrozik et al., 1997b; Jamrozik et al., 1997c ; Meyer and Hill, 1997 ; Schaeffer et al., 2000) และ multiple trait TDM (MTTDM)(Wiggans and Goddard, 1997 ; Gengler et al.,1999)

FRTDM ใช้ animal model โดยพิจารณาค่าสังเกตต่าง ๆ ภายในการให้นมเป็นค่าสังเกตซ้ำ (Ptak and Schaeffer, 1993; Reents et al., 1995a) มีการพิจารณาระยะของการให้นมเฉพาะในส่วนอิทธิพลที่ของ model ส่วนอิทธิพลพันธุกรรมสัตว์แบบสุ่มใน model สำหรับแต่ละวันให้นม (day in milk, DIM) เป็นค่าคงที่ สมมติความแปรปรวนร่วมระหว่างวันทดสอบที่ต่อเนื่องกันเท่ากับความแปรปรวนร่วมระหว่างวันทดสอบที่อยู่ไกลออกไป FRTDM ประกอบด้วยตัวแปรร่วมต่าง ๆ เพื่ออธิบายรูปร่างของกราฟการให้น้ำนมภายในกลุ่มย่อยของอายุ และฤดูกาลที่เกิดลูก กลุ่มต่าง ๆ ที่อยู่ในระยะเวลาเดียวกันถูกกำหนดเป็นโคทดสอบในวันเหมือนกันภายในฝูงเดียวกัน ซึ่งลดความแปรปรวนส่วนที่เหลือ (residual variation) ได้มากกว่าการใช้ฝูง-ปี-ฤดูกาลของกลุ่มที่เกิดลูก FRTDM นี้สมมุติรูปร่างมาตรฐานของกราฟการให้น้ำนมสำหรับโคทุกตัวในชั้นย่อยอายุ-ฤดูกาลเหมือนกัน และทำการประมาณค่าอิทธิพลพันธุกรรมบวกสะสมของสัตว์ที่ตอบสนองแตกต่างกันด้วยความสูงของเส้นโค้งเหล่านี้ (Jamrozik and Schaeffer, 1997) จากการที่ FRTDM สมมุติให้อิทธิพลพันธุกรรมแบบสะสมคงที่ตลอดระยะเวลาการให้นม และไม่ได้รูปร่างของกราฟการให้นมระหว่างสัตว์ที่แตกต่าง แต่ได้เฉพาะความแตกต่างของรูปร่างของกราฟการให้นมระหว่างกลุ่มการจัดการเดียวกัน ซึ่งดูเหมือนว่าไม่เหมาะในการใช้ประโยชน์จากข้อมูลวันทดสอบ (Liu et al., 2001)

MTTDM (Wiggans and Goddard, 1997 ; Gengler et al.,1999a) เป็น TDM ที่ทำการวิเคราะห์หลายลักษณะพร้อมกัน การใช้ประโยชน์ของ MTTDM โดยการให้นม 305 วันทั้งหมดเป็นลักษณะที่แตกต่างกัน แต่ MTTDM ไม่ได้รับนิยมใช้ในการวิเคราะห์เพราะต้องใช้หน่วยความจำมากในการคำนวณ เนื่องจากมีจำนวนพารามิเตอร์ที่ประมาณค่ามาก model มีความยุ่งยากซับซ้อน และต้องใช้หน่วยความจำ และเวลามากในการคำนวณ ทั้ง MTTDM และ RRTDM สร้างกราฟการให้น้ำนมสำหรับสัตว์แต่ละตัวต่างกัน แต่ MTTDM มีจำนวนพารามิเตอร์สูงมาก การประมาณค่าพารามิเตอร์จำนวนมากต้องใช้เวลาในการคำนวณมาก (ไม่สามารถใช้กับกลุ่มข้อมูลที่มีขนาดใหญ่) (Szyda and Liu, 1999)

Random Regression Test Day Model (RRTDM)

RRTDM (Schaeffer and Dekkerd, 1994 ; Jamrozik and Schaeffer,1997 ; Joanna and Zengting, 1999 ; Jamrozik et al., 1997a) เป็นการต่อเติมจาก FRTDM ใน RRTDM อิทธิพลพันธุกรรมสัตว์แต่ละวันให้นมแตกต่างกัน RRTDM เป็น TDM ที่ประกอบด้วยสมการการถดถอยสุ่ม (random regression function) โดยอิทธิพลของพันธุกรรมแบบบวกสะสม และอิทธิพลของ

สภาพแวดล้อมถาวรเป็นฟังก์ชันของตัวแปรที่ขึ้นกับเวลา (time-dependent function) ของการให้น้ำนม (day in milk) (Jamrozik et al., 1997b ; Kettunen et al., 2000) RRTDM อธิบายความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมในทุกวันนี้ให้นม และแยกกราฟการให้น้ำนมสำหรับอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมและอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรของสัตว์แต่ละตัว ซึ่งทำให้รูปร่างของกราฟการให้น้ำนมของโคแต่ละตัวแตกต่างกัน (Jamrozik et al., 1997a) กราฟการให้น้ำนมของโคของแต่ละตัวแบ่งตามกลุ่มของสมการการถดถอยของวันให้น้ำนม 2 กลุ่มคือ สมการการถดถอยคงที่สำหรับโคทุกตัวในกลุ่มย่อยที่เหมือนกัน เช่นตามภูมิภาค อายุเมื่อคลอดลูก และฤดูกาลคลอดลูก เป็นต้น ใช้อธิบายรูปร่างทั่วไปของโค และสมการการถดถอยสุ่มของโคอธิบายพันธุกรรมที่เบี่ยงเบนจากสมการการถดถอยสุ่ม ซึ่งทำให้โคแต่ละตัวมีรูปร่างของกราฟการให้น้ำนมในระดับของพันธุกรรมแตกต่างกัน (Meyer and Hill, 1997 ; Liu et al., 2001) ซึ่งสามารถอธิบายความแตกต่างของโคแต่ละตัวจากรูปร่างและความสูงของกราฟการให้น้ำนมของโค ซึ่งรวมทั้งความคงทนของการให้น้ำนม (Schaeffer and Dekker, 1994) เป็นประโยชน์ในการทำarviวินิจฉัยเกี่ยวกับลักษณะของสัตว์รายตัว แต่ RRTDM มีข้อด้อยคือเป็น model ที่มีความซับซ้อนมากซึ่งทำให้มี computational cost สูง การแปลผลคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จาก RRTDM มีความยุ่งยากมากกว่า และไม่สามารถใช้ model นี้ได้ถ้าประชากรไม่มีข้อมูลผลผลิตวันทดสอบ (Pool and Meuwissen, 1999)

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม

อัตราพันธุกรรมเป็นสัดส่วนของความแปรปรวนทางพันธุกรรมกับความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ (phenotype) ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่าง ๆ ในสัตว์มีความผันแปรตามองค์ประกอบพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมของสัตว์ที่ทำการศึกษ วิธีประมาณค่า ลักษณะข้อมูลที่บ้านพัก และจำนวนข้อมูล ทำให้รายงานการศึกษาเกี่ยวกับค่าทางพันธุกรรมต่าง ๆ มีความแตกต่างกัน จากการตรวจเอกสารงานวิจัยสามารถสรุปและจำแนกตามลักษณะข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์ดังนี้

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมภายใต้บันทึกผลผลิตการให้น้ำนม 305 วัน

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนมภายใต้บันทึกผลผลิตการให้น้ำนม 305 วันจากการรวบรวมเอกสารสรุปในตารางที่ 2.1 แบ่งออกเป็น 3 กลุ่มคือ กลุ่มที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับต่ำ (ต่ำกว่า 0.20) กลุ่มที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับกลาง (0.20-0.40) และกลุ่มที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับสูง (สูงกว่า 0.40)

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนม

จากการรวบรวมเอกสารพบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมมีค่าอยู่ระหว่าง 0.13-0.53 รายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับต่ำได้แก่ Schutz et al. (1990), Strabel

and Swaczkowski (1997) และ ประชุม และคณะ, 2539 มีค่าอยู่ระหว่าง 0.12-0.18 รายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับกลางได้แก่ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Schutz et al. (1990), Chauhan and Hayes (1991), Welper and Freeman (1992), Santus et al. (1993), Campos et al. (1994), Fuerst and Solkner (1994), Suzuki and Van Vleck (1994), Albuquerque et al. (1995), Swalve (1995), Visscher and Goddard (1995), Van Dorp et al. (1998), Veerkamp et al. (2000) และ เกชา และคณะ (2542) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.23-0.39 และรายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับสูงได้แก่ Misztal et al. (1992), เกชา และคณะ (2542), เทียมพบ และคณะ (2542), สายัณห์ และคณะ(2543) และ Koonawootrittriron et al.(2002) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.44-0.55

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะปริมาณไขมัน

จากการรวบรวมเอกสารพบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมันมีค่าอยู่ระหว่าง 0.16-0.57 รายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับต่ำได้แก่ Schutz et al. (1990) และ Strabel and Swaczkowski (1997) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.10-0.18 รายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับกลางได้แก่ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Schutz et al. (1990), Chauhan and Hayes (1991), Welper and Freeman (1992), Santus et al. (1993), Campos et al. (1994), Suzuki and Van Vleck (1994), Albuquerque et al. (1995), Swalve (1995), Visscher and Goddard (1995), Van Dorp et al. (1998), ประชุม และคณะ (2539) และ Koonawootrittriron et al.(2002) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.20-0.39 และรายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับสูงได้แก่ Misztal et al. (1992), Veerkamp et al. (2000), เกชา และคณะ (2542) และ เทียมพบ และคณะ (2542) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.41-0.58

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะปริมาณโปรตีน

จากการรวบรวมเอกสารพบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณโปรตีนมีค่าอยู่ระหว่าง 0.13-0.47 รายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับต่ำได้แก่ Schutz et al. (1990) และ Strabel and Swaczkowski (1997) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.12-0.15 รายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับกลางได้แก่ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Chauhan and Hayes (1991), Misztal et al. (1992), Welper and Freeman (1992), Santus et al. (1993), Campos et al. (1994), Suzuki and Van Vleck (1994), Albuquerque et al. (1995), Swalve (1995), Visscher and Goddard (1995), Van Dorp et al. (1998) และ Veerkamp et al. (2000) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.20-0.33 และรายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับสูงได้แก่ Campos et al. (1994), เกชา และคณะ (2542) และ เทียมพบ และคณะ (2542) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.41-0.58

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะปริมาณแลคโตส

จากรายงานของ Welper and Freeman (1992) และ ประชุม และคณะ (2539) พบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณแลคโตสมีค่าในระดับกลางอยู่ระหว่าง 0.24-0.26

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน

จากรายงานของ Suzuki and Van Vleck (1994) และ ประชุม และคณะ (2539) พบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณของแข็งไม่รวมไขมันมีค่าอยู่ในระดับกลางอยู่ระหว่าง 0.20-0.27

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน

จากการรวบรวมเอกสารพบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันมีค่าอยู่ระหว่าง 0.35-0.74 รายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับกลางได้แก่ Schutz et al. (1990), Campos et al. (1994), Strabel and Szwaczkowski (1997) และ เทียมพบ และคณะ (2542) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.35-0.38 และรายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับสูงได้แก่ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Schutz et al. (1990), Chauhan and Hayes (1991), Welper and Freeman (1992), Santus et al. (1993), Campos et al. (1994), Fuerst and Solkner (1994) และ เกษา และคณะ (2542) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.41-0.74

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีน

จากการรวบรวมเอกสารพบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนมีค่าอยู่ระหว่าง 0.15-0.66 โดย เทียมพบ และคณะ (2542) รายงานค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์ในระดับต่ำเท่ากับ 0.15 ขณะที่ Santus et al. (1993) พบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะดังกล่าวอยู่ในระดับกลางมีค่าเท่ากับ 0.34 และรายงานส่วนใหญ่พบว่าลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนมีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับสูงได้แก่ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Schutz et al. (1990), Chauhan and Hayes (1991), Welper and Freeman (1992), Campos et al. (1994), Fuerst and Solkner (1994) และ เทียมพบ และคณะ (2542) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.43-0.66

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะเปอร์เซ็นต์แลคโตส

จากรายงานของ Welper and Freeman (1992) พบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์แลคโตสอยู่ในระดับสูงมีค่าอยู่ระหว่าง 0.48-0.53

ตารางที่ 2.1 สรุปค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม 305 วันของปริมาณน้ำนม (MY), ปริมาณไขมัน (FY), ปริมาณโปรตีน (PY), ปริมาณแลคโตส (LY), ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFY), เปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP), เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP), เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFP)จากการรวบรวมเอกสาร

อ้างอิง	วิธี ¹	Model ²	จำนวน		ค่าอัตราพันธุกรรม							
			ข้อมูล	พันธุ์ ³	MY	FY	PY	LY	SNFY	FP	PP	LP
Hargrove et al. (1981)	H-1	SM	9,737	HF ^a	.23	.26	.22	-	-	.71	.64	-
Jager and Kennedy (1987)	H-3	SM	32,077	HF ^a	.28	.31	.20	-	-	.61	.59	-
Meinert et al., (1989)	REML	MTSM	16,305	HF ^a	.28	.40	.33	-	-	.74	.62	-
Schutz et al. (1990)	REML	MTAM	14,762	HF ^a	.16	.16	.13	-	-	.38	.48	-
			7,806	HF ^b	.16	.2	.14	-	-	.45	.57	-
			12,617	HF ^c	.13	.17	.14	-	-	.41	.43	-
	H-3	AM	14,762	HF ^a	.20	.17	.14	-	-	.46	.62	-
			7,806	HF ^b	.17	.20	.13	-	-	.5	.57	-
			12,617	HF ^c	.12	.18	.15	-	-	.44	.46	-
Chauhan and Hayes (1991)	EM-REML	MTAM	40,984	HF ^a	.29	.31	.25	-	-	.65	.61	-
Misztal et al. (1992)	EM-REML	MTAM	20,836	HF ^a	.44	.42	.40	-	-	-	-	-
Welper and Freeman (1992)	EM-REML	MTSM	121,268	HF ^a	.30	.29	.27	.26	-	.45	.47	.53
		STSM	121,268	HF ^a	.29	.28	.25	.25	-	.51	.45	.48
Santus et al. (1993)	EM-REML	MTAM	72,690	IBS ^a	.28	.30	.26	-	-	.42	.34	-

ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

อ้างอิง	วิธี ¹	Model ²	จำนวน		ค่าอัตราพันธุกรรม							
			ข้อมูล	พันธุ์ ³	MY	FY	PY	LY	SNFY	FP	PP	LP
Campos et al. (1994)	DF-REML	AM	4,293	HF ^a	.34	.30	.27	-	-	.38	.51	-
			2,143	J ^a	.39	.39	.43	-	-	.53	.66	-
Fuerst and Solkner (1994)	REML	AM	-	SI ^a	.28	-	-	-	-	.50	.60	-
				SI ^b	.23	-	-	-	-	.44	.53	-
				SI ^c	.23	-	-	-	-	.50	.51	-
Suzuki and Van Vleck (1994)	DF-REML	AM	24,000	HF ^d	.30	.30	.26	-	.27	-	-	-
Albuquerque et al. (1995)	REML	AM	5,504	HF ^a	.30	.31	.29	-	-	-	-	-
Swalve (1995)	DF-REML	AM	15,756	HF ^a	.39	.32	.30	-	-	-	-	-
Visscher and Goddard (1995)	REML	MTSM	143,250	HF ^a	.24	.20	.21	-	-	-	-	-
			32,003	J ^a	.28	.26	.26	-	-	-	-	-
Strabel and Szwaczkowski (1997)	DF-REML	MTAM	8,752	BW ^a	.16	.10	.12	-	-	.37	.38	-
Van Dorp et al. (1998)	DF-REML	MTAM	4,368	HF ^a	.26	.31	.26	-	-	-	-	-
ประชุม และคณะ (2539)	P-H-S	SM	226	AFS	.13	.20	.17	.24	.20	-	-	-
Veerkamp et al. (2000)	REML	MTAM	622	HF ^a	.30	.41	.24	-	-	-	-	-
เกษา และคณะ (2542)	DF-REML	AM	2,800	HF	.55	.58	-	-	-	.44	-	-

ตารางที่ 2.1 (ต่อ)

อ้างอิง	วิธี ¹	Model ²	จำนวน		ค่าอัตราพันธุกรรม							
			ข้อมูล	พันธุ์ ³	MY	FY	PY	LY	SNFY	FP	PP	LP
เกชา และคณะ (2542)	DF-REML	RM	2,800	HF	.32	.57	-	-	-	.43	-	-
เทียมพบ และคณะ (2542)	EM-REML	AM	1,665	HF	.53	.50	.47	-	-	.35	.15	-
สาขันธ์ และคณะ(2543)	EM_REML	AM	645	CB	.55	-	-	-	-	-	-	-
Koonawootrittriron et al.(2002)	AI-REML	2-traitAM	610	CB	.45	.24	-	-	-	-	-	-

^{1/} อักษรย่อวิธีการประมาณค่า ; REML= Restricted Maximum Likelihood , EM-REML=Expectation-maximization Restricted Maximum Likelihood , DF-

REML = Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood, H1= Henderson method 1, H3=Henderson method 3, P-H-S= Paternal Half-Sib

^{2/} Model ; MTM =Multiple-trait model, AM = Animal model, SM =Sire model, MTSM= Multiple-trait Sire model, RM = Repeatability Model

MTAM= Multiple-trait animal model, STSM = Single-trait sire model

^{3/} IBS= Italian Brown Swiss , HF= Holstein Friesian, AFS = Australian Friesian Sahiwal, J = Jersey, SI = Simmental, HF⁺= crossbred- Holstein Friesian,

CB= Crossbreed

^{a, b, c} และ ^d = การให้นมครั้งที่ 1, 2, 3 และการให้นมครั้งที่ 1-3 รวมกัน ตามลำดับ

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมภายใต้บันทึกการให้นมวันทดสอบ

การประมาณอัตราพันธุกรรมโดยใช้บันทึกวันทดสอบ ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการรวบรวมเอกสารมีความแตกต่างกันตามรูปแบบของ model วิธีการวิเคราะห์ กลุ่มพันธุ์ และจำนวนประชากรที่ศึกษา ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของลักษณะการให้นมภายใต้บันทึกการให้นมวันทดสอบ จากการรวบรวมเอกสารสรุปในตารางที่ 2.2 แบ่งออกเป็น 3 กลุ่มคือ กลุ่มที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับต่ำ (ต่ำกว่า 0.20) กลุ่มที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับกลาง (0.20-0.40) และกลุ่มที่มีค่าอัตราพันธุกรรมในระดับสูง (สูงกว่า 0.40)

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมภายใต้บันทึกการให้นมวันทดสอบ จากการรวบรวมเอกสารอยู่ระหว่าง 0.19-0.42 Bormann et al., (2002) รายงานอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม 305 วันโดยการใช้นมวันทดสอบมีค่าระดับต่ำเท่ากับ 0.19 ในขณะที่ Reents et al. (1995b), Swalve (1995), Strabel and Szwaczkowski (1997), Gengler et al. (1999a) Bormann et al., (2002) และ Guo et al. (2002) รายงานอัตราพันธุกรรมของลักษณะดังกล่าวมีค่าระดับกลางระหว่าง 0.24-0.32 และ Jamrozik et al. (1997c) และ Jakobsen et al. (2001) รายงานอัตราพันธุกรรมของลักษณะดังกล่าวมีค่าระดับสูงเท่ากับ 0.50 และ 0.42 ตามลำดับ

อัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมัน 305 วันโดยการใช้นมวันทดสอบมีค่าอยู่ระหว่าง 0.13-0.25 รายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในระดับต่ำได้แก่ Swalve (1995) และ Bormann et al. (2002) เท่ากับ 0.13-0.16 ตามลำดับ รายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในระดับกลางได้แก่ Reents et al. (1995b), Strabel and Szwaczkowski (1997), Gengler et al. (1999a) และ Jakobsen et al. (2001) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.22-0.37

อัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณโปรตีน 305 วันโดยการใช้นมวันทดสอบมีค่าอยู่ระหว่าง 0.16-0.36 รายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในระดับต่ำได้แก่ Swalve (1995) และ Bormann et al. (2002) เท่ากับ 0.16 และ 0.17 ตามลำดับ รายงานที่มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในระดับกลางได้แก่ Reents et al. (1995b), Strabel and Szwaczkowski (1997), Gengler et al. (1999a), Jakobsen et al. (2001) และ Bormann et al. (2002) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.2-0.36

อัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน และเปอร์เซ็นต์โปรตีน 305 วันโดยการใช้นมวันทดสอบมีค่าเท่ากับ 0.18 และ 0.20 ตามลำดับ(Strabel and Szwaczkowski, 1997)

จากรายงานการศึกษาเปรียบเทียบความแตกต่างระหว่างค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่ประมาณด้วย model การให้ผลผลิต 305 วัน กับ model วันทดสอบ พบว่าจากการศึกษาของ Strabel and Szwaczkowski (1997) รายงานค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณด้วย model การให้ผลผลิต 305 วัน สำหรับลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน และปริมาณโปรตีน (0.16, 0.10, 0.12) มีค่าต่ำกว่าการ

ประมาณจาก TDM (0.27, 0.22, 0.25) แต่อัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน และเปอร์เซ็นต์โปรตีน (0.37, 0.38) ที่ประมาณด้วย model การให้ผลผลิต 305 วันมีค่าสูงกว่าการประมาณจาก TDM (0.18, 0.20) รายงานดังกล่าวสอดคล้องกับการศึกษาของ Jamrozik and Schaeffer (1997) พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณด้วย model การให้ผลผลิต 305 วันสำหรับลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน และปริมาณโปรตีนต่ำกว่าจาก TDM (แสดงในตารางที่ 2.2) โดย Van Tassell et al. (1992) พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน และปริมาณโปรตีนเพิ่มสูงขึ้น 12, 11 และ 17 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งตรงกันข้ามกับการศึกษาของ Swalve (1995) พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณจากผลผลิตวันทดสอบของลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน และปริมาณโปรตีน 305 วัน (0.21, 0.16 และ 0.16) มีค่าต่ำกว่าการใช้บันทึกผลผลิต 305 วัน (0.39, 0.2 และ 0.30) และ Gengler et al. (1999a) รายงานค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณจากผลผลิตวันทดสอบของลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน และปริมาณโปรตีน 305 วัน (0.27, 0.25 และ 0.25) มีค่าต่ำกว่าการใช้บันทึกผลผลิต 305 วัน (0.28, 0.26 และ 0.26)

การเปลี่ยนแปลงของค่าอัตราพันธุกรรมที่วันให้นมต่าง ๆ ตลอดการระยะการให้นมจากการรวบรวมเอกสารมีความแตกต่างกันตามชนิดของ model วิธีการวิเคราะห์ จำนวนและกลุ่มของประชากรที่ใช้ในการศึกษา (แสดงในตารางที่ 2.3) จากการศึกษาของ Swalve (1995), Jamrozik et al. (1997a) และ Jakobsen et al. (2001) รายงานว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมมีค่าต่ำสุดอยู่ในช่วงต้นและช่วงปลายของการให้นม และมีค่าสูงสุดที่ช่วงกลางของการให้นม แตกต่างจากผลการศึกษาของ Jamrozik and Schaeffer (1997), Vargas et al. (1998), Van Der Werf et al. (1998), Gengler et al. (1999b), สายัณห์ (2543) และ Guo et al. (2002) รายงานว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมมีค่าสูงสุดอยู่ในช่วงต้นและช่วงปลายของการให้นม และมีค่าต่ำสุดที่ช่วงกลางของการให้นม ขณะที่ Gengler et al. (1999b) รายงานว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมมีค่าสูงสุดอยู่ในช่วงปลายของการให้นม และมีค่าต่ำสุดที่ช่วงต้นของการให้นม

การเปลี่ยนแปลงของค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมันตลอดระยะการให้นมจากรายงานของ Swalve (1995) และ Gengler et al. (1999b) พบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมันมีค่าสูงสุดอยู่ในช่วงปลายของการให้นม และมีค่าต่ำสุดที่ช่วงต้นของการให้นม ขณะที่ Jamrozik and Schaeffer (1997), Jamrozik et al. (1997c), Gengler et al. (1999b) และ Jakobsen et al. (2001) รายงานว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมันมีค่าสูงสุดอยู่ในช่วงต้นและช่วงปลายของการให้นม และมีค่าต่ำสุดที่ช่วงกลางของการให้นม (แสดงในตารางที่ 2.3)

การเปลี่ยนแปลงของค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณโปรตีนตลอดระยะการให้จากรายงานของ Swalve (1995) พบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณโปรตีนมีค่าต่ำสุดในช่วง

แรกของการให้นมหลังจากนั้นค่าอัตราพันธุกรรมจะค่อย ๆ เพิ่มสูงขึ้น จนถึงช่วงปลายของการให้นมค่าดังกล่าวจึงลดลง ขณะที่การศึกษาของ Jamrozik and Schaeffer (1997) และ Gengler et al. (1999) รายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณโปรตีนมีค่าสูงที่สุดในช่วงต้นและปลายของการให้นม แต่การเปลี่ยนแปลงค่าดังกล่าวมีการเพิ่มขึ้นระหว่างช่วงระยะต้นถึงปลายของการให้นม ส่วน Gengler et al. (1999b) และ Jakobsen et al. (2001) รายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณโปรตีนมีค่าต่ำสุดในช่วงแรกของการให้นมและค่าดังกล่าวค่อย ๆ เพิ่มสูงขึ้นตลอดการให้นมและมีค่าสูงสุดในช่วงปลายของการให้นม (แสดงในตารางที่ 2.3)

ตารางที่ 2.2 ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม (h^2) ของบันทึกผลผลิตวันทดสอบ (h^2 TD) ที่ 305 วัน หรือในช่วงการให้นม และของบันทึกการให้ผลผลิตที่ 305 วัน (h^2 305 วัน) ของลักษณะปริมาณน้ำนม (MY), ปริมาณไขมัน (FY), ปริมาณโปรตีน (PY), ปริมาณแลคโตส (LY), ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFY), เปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP), เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP), เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFP) จากการรวบรวมเอกสาร

อ้างอิง	วิธี/model	จำนวน	พันธุ์ ^a	Trait	h^2 TD	h^2 305 วัน
Reents et al. (1995b)	Gibbs Sampling / MTAM	235,100	HF ^{1st}	MY	0.30	-
				FY	0.25	-
				PY	0.25	-
Swalve (1995)	DF-REML / FRTDM	155,494	HF ^{1st}	MY	0.24	0.39
				FY	0.16	0.32
				PY	0.16	0.30
Jamrozik and Schaeffer (1997)	Gibbs Sampling/ RRTDM	5.2 ⁷	HF ^{1st}	MY	.40-.59	0.32
				FY	.34-.68	0.28
				PY	.33-.69	0.28
Jamrozik et al. (1997c)	Gibbs Sampling/ MTRRTDM	1.1 ⁸	HF ^{1st}	MY	0.50	-
Strabel and Szwaczkowski (1997)	DF-REML/MTM	8752	HF ^{1st}	MY	0.27	0.16
				FY	0.22	0.10
				PY	0.25	0.12
				FP	0.18	0.37
				PP	0.20	0.38
Gengler et al. (1999a)	EM-REML/ MTTDM	23,029	HF ^{1st}	MY	0.27	0.28
				FY	0.25	0.26
				PY	0.25	0.26
Gengler et al. (1999b)	EM-REML RRTDM	176,495	HF ^{1st}	MY	.14-.24	-
				FY	.13-.21	-
				PY	.13-.24	-
Strabel and Misztal (1999)	EM-REML/ RRTDM	93,912	PBW ^{1st}	MY	.14-.19	-
				FY	.11-.16	-
				PY	.10-.15	-
Jakobsen et al. (2001)	AI-REML/ RRTDM	64,997	DH ^{1st}	MY	0.42	-
		64,959		FY	0.37	-
		64,988		PY	0.36	-

ตารางที่ 2.2 (ต่อ)

อ้างอิง	วิธี/model	จำนวน	พันธุ์ ^a	Trait	h ² TD	h ² 305 วัน
Bormann et al. (2002)	Method R	4,352,396	HF ^{1st}	MY	0.19	-
				FY	0.13	-
				PY	0.17	-
	RRTDM	991,525	J ^{1st}	MY	0.30	-
				FY	0.15	-
				PY	0.23	-
Guo et al. (2002)	AI-REML/ RRTDM	28,935	DJ ^{1st}	MY	0.32	-

^a HF=Holstein Friesian, PBW=Polish Black and White DH=Danish Holstein, J =Jersey
DJ=Danish Jersey

^{1st} = ระยะการให้นมที่ 1, ^{2nd} =ระยะการให้นมที่ 2, ^{3rd} =ระยะการให้นมที่ 3

ตารางที่ 2.3 ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม (h²) ของลักษณะปริมาณน้ำนม (MY), ปริมาณไขมัน (FY), ปริมาณโปรตีน (PY), ปริมาณ แลคโตส (LY), ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFY), เปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP), เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP), เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFP) ที่วันทดสอบต่าง ๆ จากการรวบรวมเอกสาร

อ้างอิง	Traits	h ² ของ DIM ต่าง ๆ										
		DIM	5-30	60	90	120	150	180	210	250	-	-
Swalve (1995) ¹	DIM											
	MY	.18	.24	.28	.33	.33	.36	.31	.26	-	-	
	FY	.16	.12	.14	.16	.18	.23	.21	.20	-	-	
	PY	.12	.17	.16	.19	.21	.22	.22	.17	-	-	
Jamrozik and Schaeffer (1997) ²	DIM	5	20	45	85	125	165	205	245	285	305	
	MY	.59	.41	.46	.45	.45	.43	.42	.41	.43	.48	
	FY	.68	.42	.40	.37	.34	.35	.36	.40	.41	.47	
	PY	.69	.33	.34	.35	.39	.42	.44	.46	.47	.52	
Jamrozik et al. (1997a) ³	DIM	10	50	100	150	200	250	300				
	MY ^{1st}	.38	.39	.39	.39	.39	.40	.38	-	-	-	
	MY ^{2nd}	.37	.37	.37	.38	.38	.40	.39	-	-	-	
	MY ^{3rd}	.38	.38	.36	.40	.40	.42	.42	-	-	-	
Vargas et al. (1998) ⁴	DIM	4-16	31	60	90	120	150	180	210	230	260	
	MY ^{1st}	.23	.15	.20	.21	.17	.15	.20	.23	.19	.23	
	MY ^{lt}	.13	.16	.21	.20	.22	.22	.24	.24	.23	.20	

ตารางที่ 2.3 (ต่อ)

อ้างอิง	Traits	h ² ของ DIM ต่าง ๆ									
Van Der Werf et al. (1998) ⁵	DIM	5-50	100	150	200	250	300				
	MY	.35	.18	.35	.27	.43	.42	-	-	-	-
Gengler et al. (1999a) ⁶	DIM	18	43	68	93	118	143	168	193	218	293
	MY	.21	.18	.17	.17	.19	.21	.23	.25	.27	.27
	FY	.18	.16	.15	.14	.14	.16	.17	.18	.19	.18
	PY	.20	.16	.14	.14	.16	.19	.22	.25	.28	.28
Gengler et al. (1999b) ⁷	DIM	6-80	155	230	305						
	MY	.15	.18	.21	.21	-	-	-	-	-	-
	FY	.11	.14	.16	.17	-	-	-	-	-	-
	PY	.14	.14	.18	.18	-	-	-	-	-	-
สัชฌ์ (2543) ⁸	DIM	5	25	45	85	125	165	205	265	285	305
	MY	0.81	0.55	0.47	0.42	0.36	0.33	0.34	0.41	0.45	0.49
Jakobsen et al. (2001) ⁹	DIM	5	25	85	165	285					
	MY	.19	.22	.31	.37	.31	-	-	-	-	-
	FY	.26	.26	.25	.23	.30	-	-	-	-	-
	PY	.17	.19	.23	.26	.26	-	-	-	-	-
Guo et al. (2002) ¹⁰	DIM	45	100	200	305						
	MY	.27	.27	.30	.34	-	-	-	-	-	-

หมายเหตุ เลขยกกำลังบนอ้างอิงต่าง ๆ คือวิธี/ Model/จำนวนบันทึก/พันธุ์^{1st} = ระยะการให้นมที่ 1

¹ DF-REML / FRTDM / 155,494 / Holstein Friesian^{1st}

² Gibbs Sampling/ RRTDM / 5.2⁷ / Holstein Friesian^{1st}

³ Gibbs Sampling/ MTRRTDM / 1.1⁸ / Holstein Friesian^{1st}

⁴ DF-REML/ MTM/ 155,49/ Holstein Friesian

⁵ AI-REML/ RRTDM/ 13,109/ Holstein Friesian^{1st}

⁶ EM-REML/ (co)variance function /176,495/ Holstein Friesian^{1st}

⁷ EM-REML/ MTTDM/ 23,029/ Holstein Friesian^{1st}

⁸ EM-REML/RRTDM/5,684/ crossbred^{1st}

⁹ AI-REML/ RRTDM/ 64,99^{MY}, 64,959^{FY}, 64,988^{PY} / Danish Holstein

¹⁰ AI-REML/ RRM/ 28,935/ Danish Jersey^{1st}

ค่า genetic and phenotypic correlation

genetic and phenotypic correlation ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส และปริมาณของแข็งไม่รวมไขมันจากการศึกษาของ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Schutz et al. (1990), Chauhan and Hayes (1991), Misztal et al. (1992), Welper and Freeman (1992), Santus et al. (1993), Campos et al. (1994), Albuquerque et al. (1995), Visscher and Goddard (1995), Van Dorp et al. (1998), Roman and Wilcox (2000) และ Veerkamp et al. (2000) รายงานค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะดังกล่าวเป็นบวกมีค่าอยู่ระหว่าง 0.12-0.99 ดังแสดงสรุปในตารางที่ 2.4

genetic and phenotypic correlation ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนม กับเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันจากรายงานของ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Schutz et al. (1990), Chauhan and Hayes (1991), Welper and Freeman (1992), Santus et al. (1993), Campos et al. (1994), Roman and Wilcox (2000) และ เทียมพบ และคณะ(2542) พบว่ามีค่าเป็นลบมีค่าอยู่ระหว่าง -0.68 - (-0.01) ดังแสดงสรุปในตารางที่ 2.5 ยกเว้นจากการศึกษาของ Roman and Wilcox (2000) ที่พบว่า genetic correlation ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนมและเปอร์เซ็นต์แลคโตสมีค่าเป็นบวกเท่ากับ 0.68

genetic and phenotypic correlation ระหว่างลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันจากรายงาน Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Schutz et al. (1990), Chauhan and Hayes (1991), Welper and Freeman (1992), Santus et al. (1993), Campos et al. (1994), Roman and Wilcox (2000) และ เทียมพบ และคณะ(2542) พบว่ามีค่าเป็นบวกมีค่าอยู่ระหว่าง 0.02-0.80 ดังแสดงสรุปในตารางที่ 2.5 ยกเว้นจากรายงานการศึกษาของ Roman and Wilcox (2000) พบว่า genetic correlation ระหว่างลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันกับเปอร์เซ็นต์แลคโตส เปอร์เซ็นต์โปรตีนกับเปอร์เซ็นต์แลคโตส เปอร์เซ็นต์แลคโตส กับเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันมีค่าเป็นลบเท่ากับ -0.20 , -0.74 และ -0.16 ตามลำดับ และ phenotypic correlation ระหว่างเปอร์เซ็นต์โปรตีนกับเปอร์เซ็นต์แลคโตสมีค่าเป็นลบเท่ากับ -0.70

ตารางที่ 2.4 (ต่อ)

อ้างอิง	MY x FY		MY x PY		MY x LY		MY x SY		FY x PY		FY x LY		FY x SY		PY x LY		PY x SY		LY x SY	
	r _P	r _G	r _P	r _G	r _P	r _G	r _P	r _G	r _P	r _G	r _P	r _G	r _P	r _G	r _P	r _G	r _P	r _G	r _P	r _G
Roman and Wilcoxt (2000)	.86	.75	.93	.90	.98	.99	.99	.99	.89	.87	.84	.77	.89	.81	.86	.86	.95	.93	.98	.98
Veerkamp et al. (2000)	.72	.37	.89	.69	-	-	-	-	.75	.58	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

^{1/}=โคพันธุ์ Holstein Friesian, ^{2/}=โคพันธุ์ Jersey, ^{a, b} และ ^c =จำนวนครั้งการให้นมครั้งที่ 1, 2 และ 3 ตามลำดับ

ตารางที่ 2.5 สรุปค่า phenotypic correlation (r_p) และ genetic correlation (r_G) ของลักษณะปริมาณน้ำนม(MY) เปอร์เซ็นต์ไขมัน(FP) เปอร์เซ็นต์โปรตีน(PP) เปอร์เซ็นต์แลคโตส(LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน(SP) จากการรวบรวมเอกสาร

อ้างอิง*	MY x FP		MY x PP		MY x LP		MY x SP		FP x PP		FP x LP		FP x SP		PP x LP		PP x SP		LP x SP	
	r_p	r_G	r_p	r_G	r_p	r_G	r_p	r_G	r_p	r_G	r_p	r_G	r_p	r_G	r_p	r_G	r_p	r_G	r_p	r_G
Hargrove et al. (1981)	-.34	-.56	-.38	-.48	-	-	-	-	.58	.77	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Jager and Kennedy (1987)	-.31	-.49	-.39	-.54	-	-	-	-	.56	.62	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Meinert et al. (1989)	-.33	-.43	-.43	-.64	-	-	-	-	.55	.56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Schutz et al. (1990) ^a	-.39	-.64	-.44	-.64	-	-	-	-	.60	.78	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Schutz et al. (1990) ^b	-.34	-.60	-.44	-.67	-	-	-	-	.56	.77	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Schutz et al. (1990) ^c	-.29	-.52	-.39	-.48	-	-	-	-	.54	.66	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Chauhan and Hayes (1991)	-	-.20	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Welper and Freeman (1992)	-.34	-.40	-.36	-.47	-.08	-.3	-	-	.51	.59	.11	.16	-	-	.29	.29	-	-	-	-
Santus et al. (1993)	-	-.13	-	-.37	-	-	-	-	-	.51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Campos et al. (1994) ¹	-.23	-.09	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Campos et al. (1994) ²	-	-.23	-	-.29	-	-	-	-	-	.27	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Roman and Wilcox (2000)	-.20	-.21	-.22	-.56	-.03	.68	-.26	-.10	.46	.63	.02	-.20	.66	.72	-.70	-.74	.59	.79	.16	-.16
เทียมพบ และคณะ(2542)	-.02	-.01	-.01	-.02	-	-	-	-	.63	.80	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

^{1/}=โคพันธุ์ Holstein Friesian, ^{2/}=โคพันธุ์ Jersey, ^{a, b} และ ^c =จำนวนครั้งการให้นมครั้งที่ 1, 2 และ 3 ตามลำดับ

บทที่ 3

วิธีดำเนินการวิจัย

การเก็บรวบรวมข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาลักษณะการให้ผลผลิต 9 ลักษณะประกอบด้วยปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เเปอร์เซ็นต์ไขมัน เเปอร์เซ็นต์โปรตีน เเปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันจากบันทึกการให้น้ำนมของแม่โคพันธุ์ลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียนตั้งแต่ปี 2543-2544 รายละเอียดแสดงในตารางที่ 3.1 จากบันทึกการให้น้ำนมและจากพันธุ์ประวัติแม่โคของฟาร์มโคนมที่อยู่ภายใต้การดูแลของสหกรณ์โคนมมวกเหล็กจำนวน 40 ฟาร์ม และฟาร์มขององค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย

แม่โคนมที่ใช้ในการศึกษารุ่นนี้แม่โคที่มีระยะการให้นมมานานเกินกว่า 369 วันจะถูกคัดออก ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาแบ่งเป็น 2 ชุดคือข้อมูลชุดที่ 1 เป็นข้อมูลของแม่โคที่มีเฉพาะบันทึกระยะการให้นมครั้งแรก และข้อมูลชุดที่ 2 เป็นข้อมูลของแม่โคทุกตัวที่ทำการเก็บบันทึกข้อมูลในช่วงเวลาที่ศึกษา โดยเป็นบันทึกการให้นมของแม่โคแต่ละตัวในระยะการให้นมระยะใดระยะหนึ่งเพียงระยะเดียวเท่านั้น และด้วยข้อจำกัดของโปรแกรม REMLF90 ที่ใช้ในการวิเคราะห์ไม่สามารถให้ค่า standard error ของค่าประมาณพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม จึงทำการสุ่มประชากรโคนมที่ทำการศึกษาทั้ง 2 กลุ่มออกเป็นชุดข้อมูลตัวอย่างกลุ่มละ 10 ชุด เพื่อประมาณค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (empirical standard error) จากค่าประมาณพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของกลุ่มตัวอย่าง (Reverter et al.,1994)

แม่โคนมจากทั้ง 41 ฟาร์มแบ่งเป็น 7 กลุ่มตามลักษณะการจัดการได้แก่ 1.กลุ่มแม่โคที่เลี้ยงและรีดนมในฟาร์มของ อ.ส.ค. 2.กลุ่มแม่โคที่เลี้ยงและรีดนมในกลุ่มฟาร์มของเกษตรกรที่มีขนาดแม่โครีดนมต่ำกว่า 10 ตัว มีการจัดการอาหารที่ต่ำกว่ามาตรฐานของ NRC 3.กลุ่มแม่โคที่เลี้ยงและรีดนมในกลุ่มฟาร์มของเกษตรกรที่มีขนาดแม่โครีดนม 10-50 ตัว มีการจัดการอาหารที่ต่ำกว่ามาตรฐานของสภาวิจัยแห่งชาติประเทศสหรัฐอเมริกา (National Research Council, NRC) 4. กลุ่มแม่โคที่เลี้ยงและรีดนมในกลุ่มฟาร์มของเกษตรกรที่มีขนาดแม่โครีดนมมากกว่า 50 ตัว มีการจัดการอาหารที่ต่ำกว่ามาตรฐานของ NRC 5.กลุ่มแม่โคที่เลี้ยงและรีดนมในกลุ่มฟาร์มของเกษตรกรที่มีขนาดแม่โครีดนมต่ำกว่า 10 ตัว มีการจัดการอาหารที่เป็นไปตามมาตรฐานของ NRC 6.กลุ่มแม่โคที่เลี้ยงและรีดนมในกลุ่มฟาร์มของเกษตรกรที่มีขนาดแม่โครีดนม 10-50 ตัว มีการจัดการอาหารที่เป็นไปตาม

มาตรฐานของ NRC และ 7.กลุ่มแม่โคที่เลี้ยงและรีดนมในกลุ่มฟาร์มของเกษตรกรที่มีขนาดแม่โครีดนมมากกว่า 50 ตัว มีการจัดการอาหารที่เป็นไปตามมาตรฐานของ NRC การจัดการในสภาพแวดล้อมทั้ง 7 กลุ่มมีความแตกต่างกันอยู่บ้างอันเนื่องมาจากการเลี้ยงดูแม่โค ความสมบูรณ์ของอาหารและวิธีการรีดนม โดยปกติแม่โคที่อยู่ระหว่างรีดนมจะได้รับอาหารข้นและหญ้าเสริม และทำการรีดนมวันละ 2 ครั้งเหมือนกันทุกกลุ่ม โดยมีสภาพแวดล้อมด้านภูมิประเทศและภูมิอากาศใกล้เคียงกัน

แม่โคจำแนกตามระดับเลือดพันธุ์โฮลสไตน์ได้ 3 กลุ่มพันธุ์คือ กลุ่มแม่โคที่มีระดับเลือดโฮลสไตน์ตั้งแต่ 87.5 เปอร์เซ็นต์ขึ้นไป กลุ่มแม่โคที่มีระดับเลือดโฮลสไตน์ 75- 87.5 เปอร์เซ็นต์ และกลุ่มแม่โคที่มีระดับเลือดโฮลสไตน์ต่ำกว่า 75 เปอร์เซ็นต์ ระยะเวลาให้นมสามารถจำแนกได้ 3 ระยะคือระยะการให้นมครั้งที่ 1 ระยะการให้นมครั้งที่ 2 และระยะการให้นมตั้งแต่ครั้งที่ 3 ขึ้นไป อายุแม่โคเมื่อคลอดถูกแบ่งเป็น 3 กลุ่มคืออายุ 1-3 ปี 4-5 ปี และมากกว่า 6 ปี สภาพอากาศระหว่าง พ.ศ.2543-2544 แบ่งตามปริมาณน้ำฝน อุณหภูมิ และความชื้นสัมพัทธ์ซึ่งตรวจวัดโดยสถานีตรวจอากาศอำเภอหมวกเหล็กแบ่งเป็น 3 ช่วงคือฤดูร้อน(เดือนมีนาคม-มิถุนายน) ฤดูฝน(เดือนกรกฎาคม-ตุลาคม) และฤดูหนาว(เดือนพฤศจิกายน-กุมภาพันธ์)

ผลผลิตการให้นมในระยะให้นม (lactation records) 305 วัน คัดตามวิธีการของ อ.ส.ค. กล่าวคือ เมื่อแม่โคให้นมเกินกว่า 305 วัน จะคิดเพียง 305 วัน ตามวิธีที่ใช้กันอยู่ทั่วไป แต่หากแม่โคให้นมน้อยกว่า 305 วันจะใช้ตัวเลขนั้นเป็นการให้นม 305 วันเพราะถือว่าความสามารถในการให้นม 305 วันของแม่โคมีเพียงเท่านั้น

อิทธิพลคงที่ (fixed effects) ที่ใช้ในการศึกษา

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาได้รับอิทธิพลจากกลุ่มสัตว์ ปีคลอด ฤดูกาล กลุ่มพันธุ์ อายุเมื่อคลอดถูก ระยะเวลาให้นม และวันให้นม (day in milk, DIM) ที่แตกต่างกัน โดยมีรายละเอียดดังแสดงในตารางที่ 3.1 การพิจารณาเลือกอิทธิพลคงที่เพื่อใช้ใน model คัดสินโดยอาศัยการทดสอบนัยสำคัญทางสถิติจากการวิเคราะห์ความแปรปรวนของลักษณะนั้น ๆ อันเนื่องมาจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อมต่าง ๆ โดยทำการทดสอบและวิเคราะห์ข้อมูลด้วยวิธี univariate analysis โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป SAS (Statistical Analysis System) (SAS, 1998)

อิทธิพลคงที่ (fixed effects) ใน model การให้ผลผลิต 305 วันประกอบด้วยอิทธิพลของฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอด กลุ่มพันธุ์ อายุเมื่อคลอดถูก ระยะเวลาให้นม และความแปรปรวนร่วมของวันให้นม ส่วนอิทธิพลคงที่ของ TDM จะต่างจาก model การให้ผลผลิต 305 วันตรงที่มีการใช้อิทธิพลของฝูง-วันทดสอบ อธิบายอิทธิพลสภาพแวดล้อมคงที่แทนการใช้ฝูง-ปี-ฤดูกาลคลอด

ตารางที่ 3.1 รายละเอียดของข้อมูลลักษณะปริมาณน้ำนม (MY) ปริมาณไขมัน (FY) ปริมาณโปรตีน (PY) ปริมาณแลคโตส (LY) ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFY) เปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP) เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP) เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFP) ของฝูงโคนมที่ทำการศึกษา

รายการ	MY	FY	PY	LY	SNFY	FP	PP	LP	SNFP
หน่วย	ก.ก.	ก.ก.	ก.ก.	ก.ก.	ก.ก.	%	%	%	%
จำนวนสัตว์ ^{1/} (ตัว)	226	226	216	216	216	226	216	216	216
จำนวนสัตว์ ^{2/} (ตัว)	857	857	808	808	808	857	808	808	808
จำนวนบันทึก ^{1/}	1,738	1,738	1,629	1,629	1,629	1,738	1,629	1,629	1,629
จำนวนบันทึก ^{2/}	6,245	6,241	5,800	5,800	5,800	6,241	5,800	5,800	5,800
จ.น. สัตว์ในพันธุ์ประวัติ ^{1/}	449	449	449	449	449	449	449	449	449
จ.น. สัตว์ในพันธุ์ประวัติ ^{2/}	1,014	1,014	1,014	1,014	1,014	1,014	1,014	1,014	1,014
ฤดูกาล	3	3	3	3	3	3	3	3	3
กลุ่มอายุเมื่อคลอด	3	3	3	3	3	3	3	3	3
กลุ่มระยะการให้นม	3	3	3	3	3	3	3	3	3
กลุ่มพันธุ์	3	3	3	3	3	3	3	3	3
กลุ่มฟาร์ม	7	7	7	7	7	7	7	7	7

หมายเหตุ เครื่องหมาย^{1/} คือข้อมูลชุดที่ 1, เครื่องหมาย^{2/} คือข้อมูลชุดที่ 2

การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรม (estimation of genetic (co)variance component)

การประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวน และความแปรปรวนร่วมของลักษณะที่ศึกษาใช้วิธี REML ที่อาศัย expectation maximization algorithm โดยใช้โปรแกรม REMLF90 (Miszta, 1999b) ที่อยู่ในโปรแกรมสำเร็จรูป BlupF90-PCPAK1.6 (Duangjinda et al., 2001)

Model ที่ใช้ในการวิเคราะห์

Model ทางสถิติที่ใช้ในการวิเคราะห์ความแปรปรวนของลักษณะการให้น้ำนมเพื่อนำไปประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของการศึกษานี้ประกอบด้วย 2 model หลักคือ model การให้ผลผลิต 305 วัน (305-day lactation model, 305DLM) และ model วันทดสอบ (test day model, TDM) โดยสมมติความผันแปรทางพันธุกรรมที่เกิดขึ้นในแต่ละลักษณะที่ทำการศึกษาเป็นผลมาจากอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเพียงอย่างเดียว

Model การให้ผลผลิต 305 วัน

305DLM ใช้ animal model ในการวิเคราะห์เปรียบเทียบ 2 model คือ single-trait lactation model และ multiple-trait lactation model คือ

1. Single- trait lactation model (Mrode,1996)

$$y = Xb + Za + e \quad \dots\dots\dots(1)$$

โดย

$$V \begin{pmatrix} a \\ e \end{pmatrix} \sim \begin{pmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{pmatrix}$$

เขียนในรูป Mixed Model Equation (MME) ดังนี้

$$\begin{pmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \alpha A^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b \\ a \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'y \\ Z'y \end{pmatrix} \quad \dots\dots\dots(2)$$

เมื่อ $\alpha = \sigma_e^2 / \sigma_a^2$; σ_e^2 = ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน

σ_a^2 = ค่าความแปรปรวนของพันธุกรรมแบบบวกสะสม

A^{-1} = อินเวอร์สเมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์ที่ต้องการประเมิน

y = เวกเตอร์ของลักษณะที่ศึกษาลักษณะเดียว

X = Incidence matrices ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับอิทธิพลคงที่

Z = Incidence matrices ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับอิทธิพลสุ่ม

b = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ที่มีผลกระทบต่อลักษณะที่ศึกษาที่ผ่านการทดสอบ

a = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากพันธุกรรมแบบบวกสะสม

e = เวกเตอร์ของความคลาดเคลื่อน (error)

I = identity metric

2. Multiple-trait lactation model (Mrode, 1996)

$$y_i = X_i b_i + Z_i a_i + e_i \quad \dots\dots\dots(3)$$

โดย

$$\begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} a_1 \\ a_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} e_1 \\ e_2 \end{pmatrix}$$

สมมติว่า

$$V \begin{pmatrix} a_1 \\ a_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} A\sigma_{a1}^2 & A\sigma_{a12} & 0 & 0 \\ A\sigma_{a21} & A\sigma_{a2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{e1}^2 & I\sigma_{e12} \\ 0 & 0 & I\sigma_{e21} & I\sigma_{e2}^2 \end{pmatrix}$$

เมื่อ y_i = เวกเตอร์ของลักษณะที่ศึกษาทุกลักษณะที่ i

X = Incidence matrices แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตของลักษณะที่ i กับอิทธิพลคงที่

Z = Incidence matrices แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตของลักษณะที่ i กับอิทธิพลสุ่ม

b = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ที่มีผลกระทบต่อลักษณะที่ศึกษาที่ผ่านการทดสอบ

a = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากพันธุกรรมแบบบวกสะสม

e = เวกเตอร์ของความคลาดเคลื่อน (error)

σ_e^2 = ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน

σ_a^2 = ค่าความแปรปรวนของพันธุกรรมแบบบวกสะสม

A = เมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์ที่ต้องการประเมิน

โดยสมมุติให้ความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลสุ่มเท่ากับ 0

Model วันทดสอบ

TDM เป็นการวิเคราะห์หองค์ประกอบความแปรปรวนโดยใช้วันที่ทำการเก็บตัวอย่างน้ำหนักของสัตว์นำมาใช้ในการวิเคราะห์หองค์ประกอบความแปรปรวน TDM ในการศึกษาครั้งนี้ใช้ single-trait RRTDM (Jamrozik and Schaeffer, 1997)

$$y_{ijkl} = HTD_i + \sum_{m=0}^n \beta_m Z_{klm} + \sum_{m=0}^n \alpha_{km} Z_{klm} + p_k + e_{ijkl} \quad \dots\dots\dots(4)$$

- เมื่อ y_{ijkl} = บันทึกน้ำหนักที่ l ของโคตัวที่ k จากฝูง-วันทดสอบที่ i กลุ่มพันธุ์ที่ j
 HTD_i = อิทธิพลคงที่ของฝูง-วันทดสอบที่ i
 p_k = อิทธิพลสุ่มของสภาพแวดล้อมถาวรของทุกบันทึกวันทดสอบของโคตัวที่ k
 e_{ijkl} = อิทธิพลความคลาดเคลื่อนที่เกี่ยวข้องกับ y_{ijkl}
 β_m และ α_{km} = สัมประสิทธิ์การถดถอยอิทธิพลคงที่และสุ่ม ตามลำดับ
 Z_{klm} = ตัวแปรร่วมที่เกี่ยวข้องกับวันให้น้ำนมในระยะเวลาให้น้ำนมซึ่งอธิบายรูปร่างของกราฟการให้น้ำนมของสัตว์แต่ละตัว ตามสมการดังต่อไปนี้
 $Z_{klm} = (Z_{kl0} \ Z_{kl1} \ Z_{kl2}) = (1 \ \text{DIM} \ \ln(305/\text{DIM}))$ (Schaeffer and Dekker, 1994)(5)
 เมื่อ DIM คือวันให้น้ำนม (Day in milk)

จากmodelที่ 4 สามารถเขียนในรูปของเมตริกซ์ได้ดังนี้

$$y = Xb + Za + Wp + e \quad \dots\dots\dots(6)$$

โดย

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

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

เขียนในรูป Mixed Model Equation (MME) ดังนี้

$$\begin{pmatrix} X'R'X & X'R'Z & X'R'W \\ Z'R'X & Z'R'Z+G^{-1} \otimes A^{-1} & Z'R'W \\ W'R'X & W'R'Z & W'R'W+Ik \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b \\ a \\ p \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R'y \\ Z'R'y \\ W'R'y \end{pmatrix} \quad \dots\dots\dots(7)$$

โดย $k = 1/\sigma_p^2$, σ_p^2 สมมุติให้คงที่ตลอดการให้น้ำนม

เมื่อ y = เวกเตอร์ของค่าสังเกตของลักษณะที่ศึกษา

b = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ที่มีอิทธิพลต่อลักษณะเช่นฝูง-วันทดสอบ และค่าสัมประสิทธิ์การถดถอยของอิทธิพลคงที่

a = เวกเตอร์ของอิทธิพลพันธุกรรมแบบบวกสะสมของสัตว์

p = เวกเตอร์ของอิทธิพลสภาพแวดล้อมถาวรภายในระยะการให้นม

e = เวกเตอร์ของความคลาดเคลื่อน

X = Incidence matrices ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตของลักษณะที่ i กับอิทธิพลคงที่

Z = Incidence matrices ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตของลักษณะที่ i กับอิทธิพลสุ่มเนื่องจากพันธุกรรมแบบบวกสะสม

W = Incidence matrices ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตของลักษณะที่ i กับอิทธิพลสุ่มเนื่องจากสภาพแวดล้อม

G = เมตริกซ์ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมระหว่างสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มทางพันธุกรรม

σ_c^2 = ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน

σ_p^2 = ค่าความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวร

A = เมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์ที่ต้องการประเมิน

\otimes = Kronecker product

การประมาณค่า σ_{ai}^2 จาก model วันทดสอบได้จาก (Jamrozik and Schaeffer, 1997)

$$\sigma_{ai}^2 = Z_i' G Z_i \dots\dots\dots(8)$$

เมื่อ Z = ตัวแปรร่วมที่เกี่ยวข้องกับวันให้นมในระยะเวลาให้นมซึ่งอธิบายรูปร่างของกราฟการให้นมของสัตว์แต่ละตัว ตามสมการที่ 5

G = เมตริกซ์ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมระหว่างสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มทางพันธุกรรม

การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม

การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมใช้ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่คำนวณได้จากวิธี REML นำมาหาค่าประมาณอัตราพันธุกรรมตามสมการที่ 9 และ 10 (Falconer and Mackay, 1996)

Model การให้ผลผลิต 305 วัน

$$h^2 = \sigma_a^2 / [\sigma_a^2 + \sigma_e^2] \dots\dots\dots(9)$$

Model วันทดสอบ

$$h^2 = \sigma_a^2 / [\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2] \dots\dots\dots(10)$$

การประมาณค่า genetic and phenotypic correlation

การประมาณค่า genetic and phenotypic correlation คำนวณจากองค์ประกอบความแปรปรวนร่วมของ additive covariance ที่คำนวณได้จากวิธี REML สมการที่ใช้ในการหาค่า genetic and phenotypic correlation (Falconer and Mackay, 1996) คือ

การประมาณค่า genetic correlation

$$r_{G(x,y)} = \frac{COV_{a(x,y)}}{\sqrt{[\sigma_{a(x)}^2][\sigma_{a(y)}^2]}} \dots\dots\dots(11)$$

เมื่อ $COV_{a(x,y)}$ = ความแปรปรวนร่วมของลักษณะพันธุกรรมของลักษณะ X และ Y
 $\sigma_{a(x)}^2$ = ความแปรปรวนของลักษณะ X
 $\sigma_{a(y)}^2$ = ความแปรปรวนของลักษณะ Y

การประมาณค่า phenotypic correlation

$$r_{P(x,y)} = \frac{COV_{P(x,y)}}{\sqrt{[\sigma_{P(x)}^2][\sigma_{P(y)}^2]}} \dots\dots\dots(12)$$

เมื่อ $COV_{P(x,y)}$ = ความแปรปรวนร่วมของลักษณะปรากฏ X และ Y ซึ่งได้จาก $COV_{a(x,y)} + COV_e$
 $\sigma_{P(x)}^2$ = ความแปรปรวนร่วมของลักษณะ X ซึ่งได้จาก $\sigma_{a(x)}^2 + \sigma_{e(x)}^2$
 $\sigma_{P(y)}^2$ = ความแปรปรวนร่วมของลักษณะ Y ซึ่งได้จาก $\sigma_{a(y)}^2 + \sigma_{e(y)}^2$

การประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์

ในการศึกษาครั้งนี้ใช้การประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์โดยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) (Henderson,1984) จากตัว model ที่ใช้ในการประมาณองค์ประกอบความแปรปรวน ผลลัพธ์ที่คำนวณได้จาก mixed model equation (MME) จะได้ค่า a ซึ่งมีคุณสมบัติเป็น BLUP ซึ่งเป็นผลลัพธ์ของคุณค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ ช่วยให้สามารถจัดเรียงลำดับสัตว์ (rank) เพื่อใช้เป็นเกณฑ์ในการตัดสินใจเลือกสัตว์ไว้ผสมพันธุ์ตามความดีเด่นทางพันธุกรรม

$$EBV_{305d} = a \quad (\text{Model การให้ผลผลิต 305 วัน}) \dots\dots\dots(13)$$

$$EBV_{1-305d} = a_k \cdot x_i \quad (\text{Model วันทดสอบ}) \dots\dots\dots(14)$$

เมื่อ $X_i = \left[\sum 1 \quad \sum_{i=1}^{305} i \quad \sum_{i=1}^{305} \ln(i) / 305 \right] = [305, 46665, 301.2206]$

a_k = ผลลัพธ์เวกเตอร์ของฟังก์ชันแบบบวกสะสมของสัตว์ที่ k คือ $[a_{1k} \ a_{2k} \ a_{3k}]$

การเปรียบเทียบความสัมพันธ์ของลำดับของสัตว์ (rank correlation)

นำผลลัพธ์ของคุณค่าการผสมพันธุ์ของแต่ละลักษณะของสัตว์ที่ได้จากการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ด้วย 305DLM และ TDM มาทำการจัดลำดับของสัตว์ และเปรียบเทียบความสัมพันธ์ของลำดับของสัตว์โดยวิธี Spearman rank-order correlation coefficient (ρ) ซึ่งมีสูตรการคำนวณดังนี้

$$\rho = 1 - [6 \sum D^2 / (N(N^2-1))] \dots\dots\dots (15)$$

เมื่อ N = จำนวนข้อมูลทั้งหมด

D = ผลต่างของอันดับที่ของข้อมูลแต่ละคู่

สถานที่ทำการศึกษา

1. เก็บรวบรวมข้อมูลที่ฟาร์มของเกษตรกรผู้เลี้ยงโคนมที่อยู่ภายใต้การดูแลของสหกรณ์โคนมมวกเหล็ก อ.มวกเหล็ก จ.สระบุรี และฟาร์มขององค์การส่งเสริมกิจการโคนม

2. วิเคราะห์ข้อมูล ห้องปฏิบัติการพันธุศาสตร์ ภาควิชาสัตวศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น

ระยะเวลาในการทำการศึกษา

1 กันยายน 2544 – 31 มกราคม 2546

บทที่ 4

ผลการวิเคราะห์ข้อมูล และการอภิปรายผล

ค่าเฉลี่ยของลักษณะการให้น้ำนม

ข้อมูลชุดที่ 1

ข้อมูลชุดที่ 1 มีค่าเฉลี่ยและค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน(ในเครื่องหมายวงเล็บ)ของลักษณะ ปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันด้วย บันทึกการให้นม 305 วัน แสดงในตารางที่ 4.1 เท่ากับ 3020.42 (1145), 122.107(101.49), 101.49 (39.22), 152.30(57.06), 269(101.33) กิโลกรัม 4.075(0.70), 3.36(0.31), 4.99(0.21) และ 8.85(0.36) เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ และด้วยบันทึกการให้นมวันทดสอบเท่ากับ 13.60(4.92), 0.55(0.22), 0.46 (0.14), 0.69(0.25), 1.23(0.41) กิโลกรัม 4.10(0.86), 3.39(0.40), 4.97(0.26) และ 8.86(0.45) เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

ข้อมูลชุดที่ 2

ข้อมูลชุดที่ 2 มีค่าเฉลี่ยและค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน(ในเครื่องหมายวงเล็บ)ของลักษณะ ปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันด้วย บันทึกการให้นม 305 วัน แสดงในตารางที่ 4.1 เท่ากับ 3194.89(1218.81), 129.85(54.67), 105.71 (40.54), 158.62(60.18), 280.50(105.92) กิโลกรัม 4.09(0.68), 3.31(0.33), 4.89(0.24), 8.70(0.41) เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ และด้วยบันทึกการให้นมวันทดสอบเท่ากับ 14.93(5.72), 0.61(0.26), 0.50 (0.17), 0.75(0.29), 1.32(0.48), 4.10(0.86), 3.34(0.42), 4.88(0.29), 8.72(0.48) เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

ตารางที่ 4.1 ค่าเฉลี่ย (\bar{x}) และค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (S.D.) ของลักษณะการให้นมในข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2 ด้วยบันทึกการให้นม 305 วัน และด้วยบันทึกการให้นมวันทดสอบ

Trait ^a	ข้อมูลชุดที่ 1						ข้อมูลชุดที่ 2					
	การให้นม 305 วัน			การให้นมวันทดสอบ			การให้นม 305 วัน			การให้นมวันทดสอบ		
	No. ^b	\bar{X}	S.D.	No. ^c	\bar{X}	S.D.	No. ^b	\bar{X}	S.D.	No. ^c	\bar{X}	S.D.
MY	226	3020.42	1145.23	1738	13.60	4.92	857	3194.89	1218.81	6245	14.93	5.72
FY	226	122.11	50.55	1738	0.55	0.22	857	129.85	54.67	6241	0.61	0.26
PY	216	101.49	39.22	1629	0.46	0.14	808	105.71	40.54	5800	0.50	0.17
LY	216	152.30	57.06	1629	0.69	0.25	808	158.62	60.18	5800	0.75	0.29
SNFY	216	269.05	101.33	1629	1.23	0.41	808	280.50	105.92	5800	1.32	0.48
FP	216	4.07	0.70	1738	4.10	0.86	857	4.09	0.68	5241	4.10	0.86
PP	216	3.36	0.31	1629	3.39	0.40	808	3.31	0.33	5800	3.34	0.42
LP	216	4.99	0.21	1629	4.97	0.26	808	4.89	0.24	5800	4.88	0.29
SNFP	216	8.85	0.36	1629	8.86	0.45	808	8.70	0.41	5800	8.72	0.48

^a MY=ปริมาณน้ำนม (ก.ก.) FY=ปริมาณไขมัน(ก.ก.) PY= ปริมาณโปรตีน(ก.ก.) LY= ปริมาณแลคโตส(ก.ก.) SNFY= ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน(ก.ก.) FP= เปอร์เซ็นต์ไขมัน(%) PP= เปอร์เซ็นต์โปรตีน(%) LP= เปอร์เซ็นต์แลคโตส (%) SNFP=เปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน(%)

^b จำนวนข้อมูล (ตัว)

^c จำนวนข้อมูลวันทดสอบ(บันทึก)

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตที่ 305 วัน

จากการวิเคราะห์ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนโดยใช้ STLM, MTLM และ RRTDM ด้วยวิธี EM-REML ประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 และในข้อมูลชุดที่ 2 ได้ดังแสดงในตารางที่ 4.2

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม

อัตราพันธุกรรม และความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน(empirical standard error, อยู่ในเครื่องหมายวงเล็บ) ของลักษณะปริมาณน้ำนม 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 โดย STLM, MTLM และ RRTDM มีค่าเท่ากับ 0.30(0.11), 0.34(0.07) และ 0.43(0.07) ตามลำดับ ในข้อมูลชุดที่ 2 เท่ากับ 0.37(0.08), 0.39(0.06) และ 0.41(0.01) ตามลำดับ (ตารางที่ 4.2) ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมที่

ประมาณได้อยู่ระหว่าง 0.30-0.43 ใกล้เคียงกับการศึกษาของ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Schutz et al. (1990), Chauhan and Hayes (1991), Welper and Freeman (1992), Santus et al. (1993), Campos et al., (1994), Fuerst and Solkner (1994), Suzuki and Van Vleck (1994), Albuquerque et al. (1995), Swalve (1995), Visscher and Goddard (1995), Van Dorp et al. (1998), Veerkamp et al. (2000) และ เกชา และคณะ (2542) แต่ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมที่ประมาณได้จากทั้ง 3 model มีค่าสูงกว่ารายงานการศึกษาของ Schutz et al. (1990), Strabel and Szwaczkowski (1997) และ ประชุม และคณะ, 2539 และ อัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมที่ประมาณได้จากทั้ง 3 model มีค่าต่ำกว่าการศึกษาของ Misztal et al. (1992), เกชา และคณะ (2542) เทียมพบ และคณะ (2542), สายัณห์ และคณะ(2543) และ Koonawootrittriron et al.(2002)

เมื่อพิจารณาเฉพาะอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 และ 2 ที่ได้จาก RRTDM ซึ่งเป็นการใช้บันทึกวันทดสอบคำนวณมีค่าเท่ากับ 0.43 และ 0.41 ตามลำดับ พบว่ามีค่าสูงกว่าการศึกษาของ Reents et al. (1995), Swalve (1995), Strabel and Szwaczkowski (1997), Gengler et al. (1999) Bormann et al., (2002) และ Guo et al. (2002) และใกล้เคียงกับการศึกษาของ Jamrozik et al. (1997) และ Jakobsen et al. (2001)

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมัน

อัตราพันธุกรรม และความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน(empirical standard error, อยู่ในเครื่องหมายลงเล็บ) ของลักษณะปริมาณไขมัน 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 โดย STLM, MTLM และ RRTDM มีค่าเท่ากับ 0.22(0.09), 0.18(0.07) และ 0.58(0.06) ตามลำดับ ในข้อมูลชุดที่ 2 เท่ากับ 0.54(0.09), 0.56(0.07) และ 0.60(0.04)ตามลำดับ (ตารางที่ 4.2) ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมันที่ศึกษาอยู่ระหว่าง 0.18-0.60 โดยพบว่ามีค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมันในข้อมูลชุดที่ 1 ที่ประมาณโดย MTLM มีค่าต่ำสุดคือ 0.18 ใกล้เคียงกับการศึกษาของ Schutz et al. (1990)และ Strabel and Szwaczkowski (1997) ในขณะที่ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมันในข้อมูลชุดที่ 1 ที่ประมาณโดย STLM คือ 0.22 เป็นค่าอัตราพันธุกรรมในระดับกลางสอดคล้องกับการรายงานของ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Schutz et al. (1990), Chauhan and Hayes (1991), Welper and Freeman (1992), Santus et al. (1993), Campos et al. (1994), Suzuki and Van Vleck (1994), Albuquerque et al. (1995), Swalve (1995), Visscher and Goddard (1995), Van Dorp et al. (1998) และ ประชุม และคณะ (2539) และค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมันในข้อมูลชุดที่ 1 ที่ประมาณโดย STLM และในข้อมูลชุดที่ 2 ที่ประมาณจาก

ทั้ง 3 model มีค่าอยู่ระหว่าง 0.54-0.60 ใกล้เคียงกับการศึกษาของ Misztal et al. (1992), Veerkamp et al. (2000), เกษา และคณะ (2542) และ เทียมพบ และคณะ (2542)

เมื่อพิจารณาเฉพาะอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมัน 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2 ที่ได้จาก RRTDM ซึ่งเป็นการใช้บันทึกวันทดสอบคำนวณมีค่าเท่ากับ 0.58 และ 0.60 ตามลำดับ พบว่ามีค่าสูงกว่าการศึกษาของ Swalve (1995), Reents et al. (1995), Strabel and Szwaczkowski (1997), Gengler et al. (1999), Jakobsen et al. (2001) และ Bormann et al. (2002)

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะปริมาณโปรตีน

อัตราพันธุกรรม และความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน(empirical standard error, อยู่ในเครื่องหมายลงเล็บ) ของลักษณะปริมาณโปรตีน 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 โดย STLM, MTLM และ RRTDM มีค่าเท่ากับ 0.35(0.09), 0.28(0.07) และ 0.61(0.07) ตามลำดับ ในข้อมูลชุดที่ 2 เท่ากับ 0.45(0.08), 0.45(0.06) และ 0.40(0.01) ตามลำดับ (ตารางที่ 4.2) อัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้มีค่าอยู่ระหว่าง 0.28-0.61 สูงกว่าการศึกษาของ Schutz et al. (1990) และ Strabel and Szwaczkowski (1997) จากการประมาณค่าโดย STLM และ MTLM ในข้อมูลชุดที่ 1 มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.35 และ 0.28 ตามลำดับซึ่งค่าได้ใกล้เคียงกับการศึกษาของ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Chauhan and Hayes (1991), Misztal et al. (1992), Welper and Freeman (1992), Santus et al. (1993), Campos et al. (1994), Suzuki and Van Vleck (1994), Albuquerque et al. (1995), Swalve (1995), Visscher and Goddard (1995), Van Dorp et al. (1998) และ Veerkamp et al. (2000) และค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมันในข้อมูลชุดที่ 1 ที่ประมาณโดย RRTDM และในข้อมูลชุดที่ 2 ที่ประมาณจากทั้ง 3 model มีค่าอยู่ระหว่าง 0.40-0.61 สอดคล้องกับรายงานของ Campos et al. (1994), เกษา และคณะ (2542) และ เทียมพบ และคณะ (2542)

เมื่อพิจารณาเฉพาะอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณโปรตีน 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2 ที่ได้จาก RRTDM ซึ่งเป็นการใช้บันทึกวันทดสอบคำนวณมีค่าเท่ากับ 0.61 และ 0.40 ตามลำดับ พบว่ามีค่าสูงกว่าการศึกษาของ Swalve (1995), Reents et al. (1995), Strabel and Szwaczkowski (1997), Gengler et al. (1999), Jakobsen et al. (2001) และ Bormann et al. (2002)

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะปริมาณแลคโตส

อัตราพันธุกรรม และความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน(empirical standard error, อยู่ในเครื่องหมายลงเล็บ) ของลักษณะปริมาณแลคโตส 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 โดย STLM, MTLM และ RRTDM มีค่าเท่ากับ 0.16(0.08), 0.28(0.06) และ 0.67(0.05) ตามลำดับ ในข้อมูลชุดที่ 2 เท่ากับ 0.32(0.06), 0.36(0.05) และ 0.64(0.05)ตามลำดับ (ตารางที่ 4.2) อัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้มีค่าอยู่

ระหว่าง 0.16-0.67 จากการประมาณค่าโดย STLM และ MTLM ในข้อมูลชุดที่ 1 มีค่าเท่ากับ 0.16 พบว่าต่ำกว่ารายงานของ Welper and Freeman (1992) และ ประชุม และคณะ (2539) แต่ค่าประมาณโดย MTLM ในข้อมูลชุดที่ 1 และโดย STLM และ MTLM ในข้อมูลชุดที่ 2 มีค่าใกล้เคียงกับรายงานของกลุ่มบุคคลดังกล่าว ในขณะที่ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณแลคโตสโดย RRTDM ในข้อมูลชุดที่ 1 และในข้อมูลชุดที่ 2 มีค่าสูงกว่ารายงานที่เสนอ

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน

อัตราพันธุกรรม และความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (empirical standard error, อยู่ในเครื่องหมายลงเล็บ) ของลักษณะปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 โดย STLM, MTLM และ RRTDM มีค่าเท่ากับ 0.20(0.08), 0.28(0.07) และ 0.41(0.03) ตามลำดับ ในข้อมูลชุดที่ 2 เท่ากับ 0.40(0.07), 0.40(0.06) และ 0.61(0.05) ตามลำดับ (ตารางที่ 4.2) อัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้มีค่าอยู่ระหว่าง 0.20-0.61 ค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้ใกล้เคียงกับการรายงานของรายงานของ Suzuki and Van Vleck (1994) และ ประชุม และคณะ (2539) ยกเว้นค่าอัตราพันธุกรรมที่ศึกษาในข้อมูลชุดที่ 1 ที่ประมาณโดย STLM มีค่าต่ำกว่า และโดย MTLM มีค่าสูงกว่ารายงานดังกล่าว

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน

อัตราพันธุกรรม และความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (empirical standard error, อยู่ในเครื่องหมายลงเล็บ) ของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 โดย STLM, MTLM และ RRTDM มีค่าเท่ากับ 0.39(0.11), 0.40(0.07) และ 0.36(0.04) ตามลำดับ ในข้อมูลชุดที่ 2 เท่ากับ 0.22(0.04), 0.32(0.04) และ 0.39(0.02) ตามลำดับ (ตารางที่ 4.2) อัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้มีค่าอยู่ระหว่าง 0.22-0.40 ใกล้เคียงกับการศึกษาของ Schutz et al. (1990), Campos et al. (1994), Strabel and Szwaczkowski (1997) และ เทียมพบ และคณะ (2542) ต่ำกว่าการศึกษาของ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Schutz et al. (1990), Chauhan and Hayes (1991), Welper and Freeman (1992), Santus et al. (1993), Campos et al. (1994), Fuerst and Solkner (1994) และ เกษา และคณะ (2542)

เมื่อพิจารณาเฉพาะอัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2 ที่ได้จากรRTDM ซึ่งเป็นการใช้บันทึกวันทดสอบคำนวณมีค่าเท่ากับ 0.36 และ 0.39 ตามลำดับ พบว่ามีค่าสูงกว่าการศึกษาของ Strabel and Szwaczkowski, 1997

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีน

อัตราพันธุกรรม และความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (empirical standard error, อยู่ในเครื่องหมายลงเล็บ) ของลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีน 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 โดย STLM, MTLM และ

RRTDM มีค่าเท่ากับ 0.51(0.11), 0.56(0.08) และ 0.58(0.02) ตามลำดับ ในข้อมูลชุดที่ 2 เท่ากับ 0.44 (0.08), 0.31(0.04) และ 0.41(0.03) ตามลำดับ (ตารางที่ 4.2) อัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้มีค่าอยู่ระหว่าง 0.31-0.58 สูงกว่าการศึกษาของเทียมพบ และคณะ (2542) ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมในข้อมูลชุดที่ 2 โดย MTLM ใกล้เคียงกับการศึกษาของ Santus et al. (1993) พบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะดังกล่าวอยู่ในระดับกลางมีค่าเท่ากับ 0.34 ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้ส่วนใหญ่ใกล้เคียงกับการศึกษาของ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Schutz et al. (1990), Chauhan and Hayes (1991), Welper and Freeman (1992), Campos et al. (1994), Fuerst and Solkner (1994) และ เทียมพบ และคณะ (2542)

เมื่อพิจารณาเฉพาะอัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีน 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2 ที่ได้จาก RRTDM ซึ่งเป็นการใช้บันทึกวันทดสอบคำนวณมีค่าเท่ากับ 0.36 และ 0.39 ตามลำดับ พบว่ามีค่าสูงกว่าการศึกษาของ Strabel and Szwaczkowski (1997) ที่รายงานอัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีน 305 วันโดยการใช้บันทึกวันทดสอบมีค่าเท่ากับ 0.20

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะเปอร์เซ็นต์แลคโตส

อัตราพันธุกรรม และความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน(empirical standard error, อยู่ในเครื่องหมายลงเล็บ) ของลักษณะเปอร์เซ็นต์แลคโตส 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 โดย STLM, MTLM และ RRTDM มีค่าเท่ากับ 0.12(0.06), 0.35(0.06) และ 0.46(0.04) ตามลำดับ ในข้อมูลชุดที่ 2 เท่ากับ 0.27 (0.06), 0.31(0.03) และ 0.30(0.03) ตามลำดับ (ตารางที่ 4.2) อัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้มีค่าอยู่ระหว่าง 0.12-0.46 ค่าที่ได้ส่วนใหญ่ต่ำกว่าการศึกษาของ Welper and Freeman (1992) ซึ่งมีค่าอยู่ระหว่าง 0.48-0.53 ยกเว้นค่าที่ได้จากการประมาณโดย RRTDM ในข้อมูลชุดที่ 1 มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในกลุ่มเดียวกันกับรายงานดังกล่าวโดยอยู่ในกลุ่มค่าอัตราพันธุกรรมระดับสูง

ค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน

อัตราพันธุกรรม และความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน(empirical standard error, อยู่ในเครื่องหมายลงเล็บ) ของลักษณะเปอร์เซ็นต์แลคโตส 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 โดย STLM, MTLM และ RRTDM มีค่าเท่ากับ 0.32(0.08), 0.37(0.04) และ 0.61(0.04) ตามลำดับ ในข้อมูลชุดที่ 2 เท่ากับ 0.36 (0.08), 0.46(0.05) และ 0.68(0.03) ตามลำดับ (ตารางที่ 4.2) อัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้มีค่าอยู่ระหว่าง 0.32-0.68

การเปรียบเทียบค่าอัตราพันธุกรรมและความคลาดเคลื่อนมาตรฐานที่ได้จากการประมาณโดย STLM, MTLM และ RRTDM

ข้อมูลชุดที่ 1

การเปรียบเทียบระหว่างค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนม 305 วันที่ได้จาก model การให้น้ำนม 305 วัน (STLM และ MTLM) กับ model วันทดสอบ (RRTDM) ในข้อมูลชุดที่ 1 (ตารางที่ 4.2) พบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และ เปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันที่ได้จากการประมาณโดย RRTDM มีค่าสูงกว่าการประมาณค่า โดย STLM และ MTLM สอดคล้องกับการศึกษาของ Van Tassell et al. (1992), Strabel and Szwaczkowski (1997) และ Jamrozik and Schaeffer (1997) รายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ ประมาณด้วย model การให้ผลผลิต 305 วันสำหรับลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน และ ปริมาณโปรตีนมีค่าสูงกว่าจาก TDM แต่ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันที่อัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้ จาก RRTDM มีค่าต่ำกว่าการประมาณค่าโดย STLM และ MTLM สอดคล้องกับการศึกษาของ Strabel and Szwaczkowski (1997) ค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณด้วย model การให้ผลผลิต 305 วัน สำหรับลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันที่ประมาณด้วย model การให้ผลผลิต 305 วันมีค่าสูงกว่าจาก TDM

การเปรียบเทียบระหว่างค่าความคลาดเคลื่อนของค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จาก STLM, MTLM และ RRTDM สำหรับลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันที่ 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 พบว่าความคลาดเคลื่อน ของอัตราพันธุกรรมสำหรับลักษณะที่ศึกษาทั้งหมดที่ประมาณโดย RRTDM มีค่าต่ำกว่า STLM และ MTLM และเมื่อทำการเปรียบเทียบความคลาดเคลื่อนของค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้ ระหว่าง STLM กับ MTLM พบว่าความคลาดเคลื่อนของอัตราพันธุกรรมสำหรับลักษณะที่ศึกษาทั้งหมดที่ประมาณโดย MTLM มีค่าต่ำกว่า STLM (ตารางที่ 4.2)

ข้อมูลชุดที่ 2

ในข้อมูลชุดที่ 2 พบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณแลคโตส เปอร์เซ็นต์ไขมัน และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันที่ได้จากการประมาณโดย RRTDM มีค่าสูงกว่าการประมาณค่าโดย STLM และ MTLM สอดคล้องกับการศึกษาของ Van Tassell et al. (1992), Strabel and Szwaczkowski (1997) และ Jamrozik and Schaeffer (1997) รายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณด้วย model การให้ผลผลิต 305 วันสำหรับลักษณะปริมาณ น้ำนม ปริมาณไขมัน มีค่าสูงกว่าจาก TDM แต่อัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณโปรตีน และ

ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมันที่ได้จากการประมาณโดย RRTDM มีค่าต่ำกว่าการประมาณค่าโดย STLM และ MTLM สอดคล้องกับการการศึกษาของ Swalve (1995) และ Gengler et al. (1999) พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณจากผลผลิตวันทดสอบของลักษณะปริมาณโปรตีน 305 วัน มีค่าต่ำกว่าการใช้บันทึกผลผลิต 305 วัน ขณะที่อัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนที่ได้จากการประมาณโดย RRTDM มีค่าต่ำกว่าการประมาณค่าโดย STLM แต่มีค่าสูงกว่าการประมาณค่าโดย MTLM ส่วนอัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์แลคโตสที่ได้จากการประมาณโดย RRTDM มีค่าเท่ากับการประมาณค่าโดย STLM แต่มีค่าต่ำกว่าการประมาณค่าโดย MTLM

การเปรียบเทียบระหว่างค่าความคลาดเคลื่อนของค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จาก STLM, MTLM และ RRTDM สำหรับลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันที่ 305 วันในข้อมูลชุดที่ 2 พบว่าความคลาดเคลื่อนของอัตราพันธุกรรมสำหรับลักษณะที่ศึกษาทั้งหมดที่ประมาณโดย RRTDM มีค่าต่ำกว่า STLM และ MTLM และเมื่อทำการเปรียบเทียบความคลาดเคลื่อนของค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้ระหว่าง STLM กับ MTLM พบว่าความคลาดเคลื่อนของอัตราพันธุกรรมสำหรับลักษณะที่ศึกษาทั้งหมดที่ประมาณโดย MTLM มีค่าต่ำกว่า STLM (ตารางที่ 4.2)

จากการเปรียบเทียบค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันที่ศึกษากับค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการตรวจเอกสารมีความแตกต่างกัน เนื่องจากค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่าง ๆ ในสัตว์มีความผันแปรตามองค์ประกอบทางพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมของสัตว์ที่ทำการศึกษา วิธีการประมาณค่า model ที่ใช้ในการวิเคราะห์ ลักษณะข้อมูลที่บันทึก และจำนวนข้อมูล การที่ประชากรแต่ละกลุ่มมีความแตกต่างกันในด้านองค์ประกอบทางพันธุกรรมของประชากรและด้านสภาพแวดล้อม เช่นสภาพดินฟ้าอากาศ โรงเรือน การเลี้ยงดู และการจัดการด้านอื่น ๆ เป็นต้น ความแตกต่างเหล่านี้เป็นคุณสมบัติเฉพาะสำหรับประชากรนั้น ๆ ความแปรปรวนที่เกิดขึ้นย่อมแตกต่างกัน ดังนั้นเมื่อมีการศึกษาถึงความแปรปรวนของลักษณะที่ต้องการศึกษาในประชากร ค่าอัตราพันธุกรรมซึ่งเป็นดัชนีที่คำนวณมาจากความแปรปรวนที่เกิดจากสภาพแวดล้อมและพันธุกรรม จึงทำให้ค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้ในประชากรแต่ละกลุ่มมีค่าแตกต่างกันไป ความแตกต่างระหว่างค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากข้อมูลโคนมที่ข้อมูลชุดที่ 1 และจากข้อมูลโคนมที่ข้อมูลชุดที่ 2 อาจมีสาเหตุมาจากความแตกต่างในองค์ประกอบทางพันธุกรรม และจำนวนของค่าสังเกตที่ต่างกัน จึงส่งผลให้ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมแตกต่างกัน

เมื่อเปรียบเทียบระหว่างค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนม 305 วันในลักษณะเดียวกันที่ประมาณจาก STLM, MTLM และ RRTDM พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันมีความแตกต่างกัน โดยอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จาก RRTDM มีค่าสูงกว่า STLM และ MTLM เนื่องจาก model ประกอบด้วยอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะแตกต่างกัน และแนวทางในการคำนวณปริมาณน้ำนมที่ 305 วันมีความแตกต่างกัน (Strabel and Szwaczkowski, 1997) อัตราพันธุกรรมที่ประมาณด้วย RRTDM ซึ่งประกอบด้วยอิทธิพลของ ฝูง-วันทดสอบ มีค่าสูงกว่า model การให้นม 305 วัน ที่ประกอบด้วยอิทธิพลของ ฝูง-ปี-ฤดูกาลที่คลอด โดย RRTDM ที่ประกอบด้วยอิทธิพลของ ฝูง-วันทดสอบมีการรวมการเปลี่ยนแปลงของสภาพแวดล้อมที่มีผลกระทบต่อแต่ละวันทดสอบระหว่างการให้นมไว้ใน Model ด้วย ดังนั้นจึงทำให้ความแปรปรวนของส่วนที่เหลือลดลง (Jamrozik and Schaeffer, 1997 ; Swalve 1998 ; Jamrozik et al., 1997)

ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานของค่าประมาณอัตราพันธุกรรมในลักษณะเดียวกันที่ได้จาก model ต่าง ๆ เป็นค่าที่บ่งชี้ถึงความถูกต้องของค่าประมาณที่ได้จาก model นั้น ๆ หาก model ใดมีค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานที่น้อยกว่าแสดงให้เห็นว่าการประมาณค่าจาก model นั้นมีความถูกต้องมากกว่า model อื่น จากผลการเปรียบเทียบระหว่างค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานของค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการประมาณโดย STLM, MTLM และ RRTDM สำหรับลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันที่ 305 วัน ในข้อมูลชุดที่ 1 และในข้อมูลชุดที่ 2 พบว่าความคลาดเคลื่อนของอัตราพันธุกรรมสำหรับลักษณะที่ศึกษาทั้งหมดในลักษณะเดียวกันที่ประมาณโดย RRTDM มีค่าต่ำกว่า STLM และ MTLM ทั้งนี้เนื่องจาก RRTDM เป็น model ที่มีการพิจารณาอิทธิพลสภาพแวดล้อมได้อย่างถูกต้องมากกว่าโดยการรวมอิทธิพลต่าง ๆ ที่มีผลกระทบต่อแต่ละผลผลิตวันทดสอบไว้ใน model ด้วย ดังนั้นค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่ได้จาก RRTDM จึงมีความถูกต้องมากกว่า model การให้ผลผลิต 305 วัน (Swale, 1995 ; Van Tassell et al., 1992 ; Ptak and Schaeffer (1993) และเมื่อทำการเปรียบเทียบความคลาดเคลื่อนของค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้ระหว่าง STLM กับ MTLM พบว่าความคลาดเคลื่อนของอัตราพันธุกรรมสำหรับลักษณะที่ศึกษาทั้งหมดที่ประมาณโดย MTLM มีค่าต่ำกว่า STLM สอดคล้องกับการศึกษาของ (Jamrozik et al., 1997a) การวิเคราะห์หลายลักษณะพร้อมกันดีกว่าการวิเคราะห์ครั้งละลักษณะเพราะจะทำให้ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนน้อยกว่า การวิเคราะห์ครั้งละลักษณะ และช่วยเพิ่มความแม่นยำ การวิเคราะห์หลายลักษณะพร้อมกัน

(multivariate) ความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะถูกใช้ให้เป็นประโยชน์ (Schaeffer, 1984) ดังนั้น RRTDM จึงเป็น model ที่มีความเหมาะสมที่จะใช้ในการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของประชากร ถ้าหน่วยงานนั้นมีการเก็บบันทึกข้อมูลลักษณะการให้ผลผลิตของโคนมที่เป็นแบบผลผลิตวันทดสอบการใช้ เนื่องจากค่าประมาณที่ได้จาก model ดังกล่าวมีความถูกต้องมากกว่าค่าประมาณที่ได้จาก model อื่น ๆ แต่ถ้าหน่วยงานนั้นไม่ได้มีการเก็บบันทึกข้อมูลลักษณะการให้ผลผลิตของโคนมที่เป็นแบบวันทดสอบ MTLM เป็น model ทางเลือกหนึ่งที่ใช้ในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่มีความถูกต้องมากกว่า STLM

เมื่อทำการเปรียบเทียบค่าความคลาดเคลื่อนของค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่ได้จากข้อมูลทั้ง 2 ชุด พบว่าข้อมูลชุดข้อมูลชุดที่ 2 มีค่าความคลาดเคลื่อนต่ำกว่าชุดข้อมูลชุดที่ 1 อาจเนื่องมาจากข้อมูลชุดที่ 2 มีจำนวนข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์มากกว่าจึงส่งผลให้ค่าประมาณความคลาดเคลื่อนต่ำกว่า ดังนั้นจากผลการศึกษานี้แสดงให้เห็นว่าสามารถใช้ข้อมูลของแม่โคทั้งหมดที่ทำการเก็บบันทึกภายในช่วงปีเดียวกันในวิเคราะห์ประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ในกรณีที่จำนวนข้อมูลในระยะการให้นมตั้งแรกมีน้อย

ตารางที่ 4.2 ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม(h^2) และค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน(empirical standard error, S.E.) ของลักษณะการให้นม 305 วันในข้อมูลชุดที่ 1 และในข้อมูลชุดที่ 2 โดย single-trait lactation model (STLM), multiple-trait lactation model (MTLM) และ random regression test day model (RRTDM)

Trait ^a	h^2 (S.E.) ของข้อมูลชุดที่ 1			h^2 (S.E.)ของข้อมูลชุดที่ 2		
	STLM	MTLM	RRTDM	STLM	MTLM	RRTDM
MY	0.30(0.11)	0.34(0.07)	0.43(0.07)	0.37(0.08)	0.39(0.06)	0.41(0.01)
FY	0.22(0.09)	0.18(0.07)	0.58(0.06)	0.54(0.09)	0.56(0.07)	0.60(0.04)
PY	0.35(0.09)	0.28(0.07)	0.61(0.07)	0.45(0.08)	0.45(0.06)	0.40(0.01)
LY	0.16(0.08)	0.28(0.06)	0.67(0.05)	0.32(0.06)	0.36(0.05)	0.64(0.05)
SNFY	0.20(0.08)	0.28(0.07)	0.41(0.03)	0.40(0.07)	0.40(0.06)	0.61(0.05)
FP	0.39(0.11)	0.40(0.07)	0.36(0.04)	0.22(0.04)	0.32(0.04)	0.39(0.03)
PP	0.51(0.11)	0.56(0.08)	0.58(0.02)	0.44(0.08)	0.31(0.04)	0.41(0.03)
LP	0.12(0.06)	0.35(0.06)	0.45(0.04)	0.27(0.06)	0.31(0.03)	0.30(0.03)
SNFP	0.32(0.08)	0.37(0.04)	0.61(0.04)	0.36(0.08)	0.46(0.05)	0.68(0.03)

^a MY=ปริมาณน้ำนม FY=ปริมาณไขมัน PY= ปริมาณโปรตีน LY= ปริมาณแลคโตส SNFY= ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน FP=เปอร์เซ็นต์ไขมัน PP=เปอร์เซ็นต์โปรตีน LP=เปอร์เซ็นต์แลคโตส SNFP=เปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมสำหรับลักษณะการให้นมที่วันให้นมต่าง ๆ ตลอดระยะเวลาการให้นม

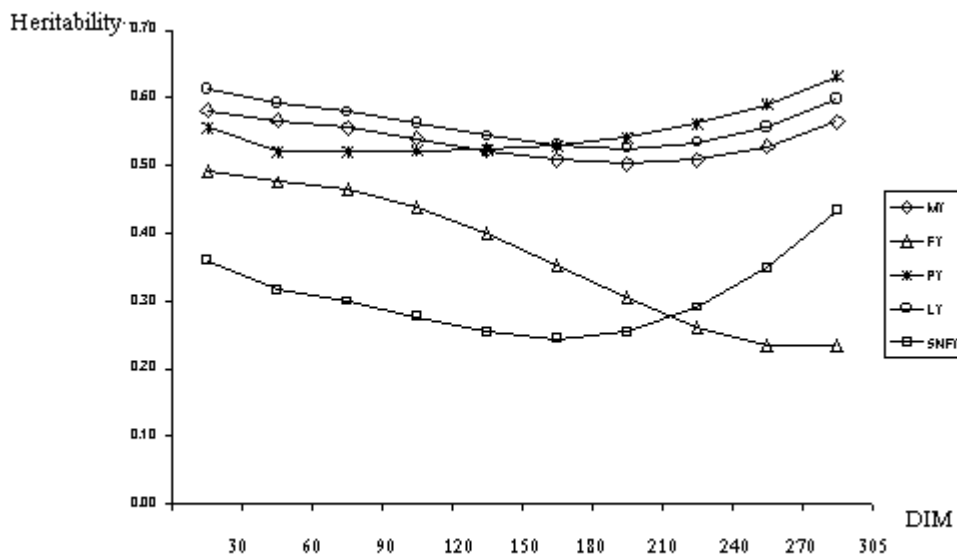
จากการใช้ RRTDM ประมาณค่าอัตราพันธุกรรมลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมทำให้ทราบการเปลี่ยนแปลงของค่าประมาณอัตราพันธุกรรมตลอดระยะเวลาการให้นมสำหรับลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันที่วันให้นมต่าง ๆ ตลอดข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2 ดังแสดงในภาพที่ 4.1-4.4

การเปลี่ยนแปลงของค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันที่วันให้นมต่าง ๆ ตลอดข้อมูลชุดที่ 1 มีค่าอยู่ระหว่าง 0.50-0.58, 0.23-0.49, 0.52-0.63, 0.53-0.61, 0.24-0.43, 0.25-0.41, 0.48-0.62, 0.36-0.41

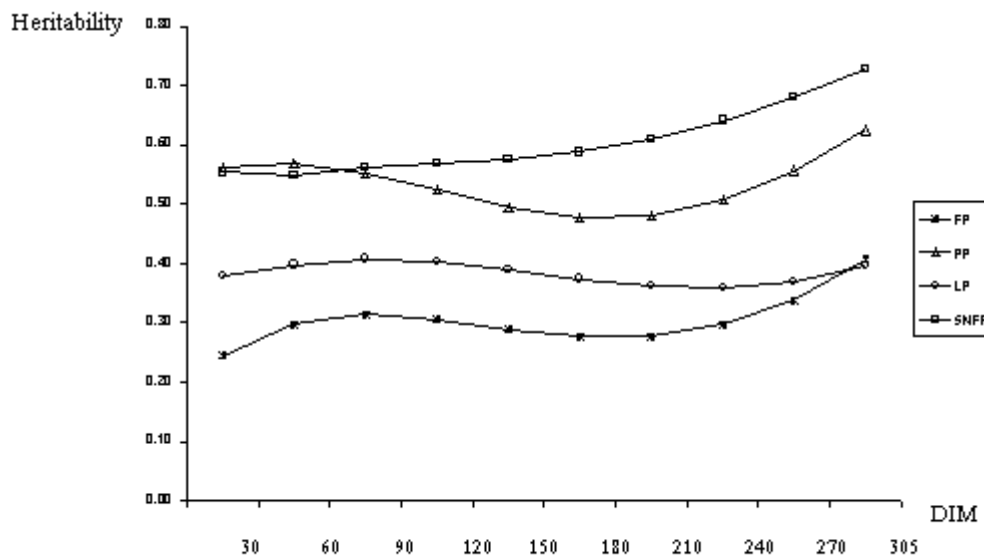
และ 0.55-0.73 ตามลำดับ (ภาพที่ 4.1-4.2) ในข้อมูลชุดที่ 2 มีค่าอยู่ระหว่าง 0.15-0.57, 0.25-0.76, 0.58-0.70, 0.44-0.72, 0.46-0.69, 0.30-0.51, 0.35-0.56, 0.10-0.53 และ 0.50-0.78 ตามลำดับ

จากกราฟอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส และ ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมันที่วันทดสอบตลอดข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2 พบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะดังกล่าวมีค่าสูงสุดอยู่ในช่วงต้นและช่วงปลายของการให้นม และมีค่าต่ำสุดที่ช่วง กลางของการให้นม สอดคล้องกับการศึกษาของ Jamrozik and Schaeffer (1997), Vargas et al. (1998), Van Der Werf et al. (1998), Gengler et al (1999b), สายัณห์ (2534) และ Guo et al. (2002) กราฟอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมันที่วันทดสอบตลอดข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2 พบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมันมีค่าสูงสุดอยู่ในช่วงต้นของการให้นม และค่อยลด ต่ำลงจนถึงช่วงปลายของการให้นมมีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำสุด แตกต่างจากการศึกษาของ Jamrozik and Schaeffer (1997), Jamrozik et al. (1997), Gengler (1999b) และ Jakobsen et al. (2001) รายงาน ว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณไขมันมีค่าสูงสุดอยู่ในช่วงต้นและช่วงปลายของการให้นม และมีค่าต่ำสุดที่ช่วงกลางของการให้นม และกราฟอัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันที่วันทดสอบตลอดข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2 พบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะดังกล่าวมีค่าต่ำสุดอยู่ในช่วงต้นของการให้นม และ ค่อย ๆ เพิ่มสูงขึ้นจนถึงช่วงปลายของการให้นมมีค่าอัตราพันธุกรรมสูงสุด ขณะที่การเปลี่ยนแปลง อัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนพบว่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะดังกล่าวมีค่าสูง ในการให้นมช่วงแรกและความชันค่อย ๆ ลดต่ำลงในช่วงกลางของการให้นมและมีค่าสูงสุดในช่วง ปลายของการให้นม

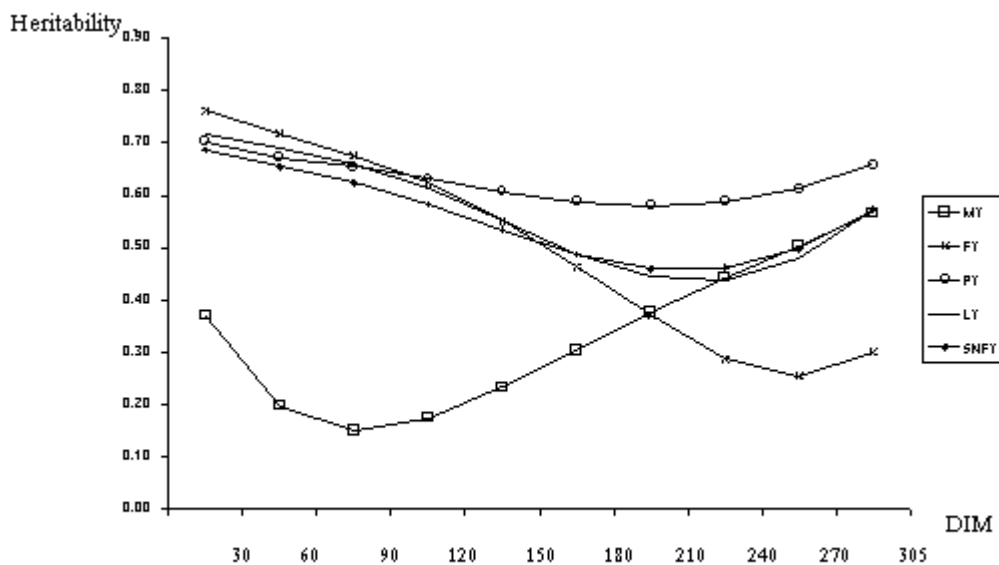
ค่าอัตราพันธุกรรมที่วันให้นมต่าง ๆ ตลอดการระยะการให้นมจากการศึกษามีความแตกต่างจากรายงานอื่น ๆ เนื่องจากชนิดของ model วิธีการวิเคราะห์ จำนวนและกลุ่มของประชากรที่ใช้ ในการศึกษามีความแตกต่างกัน รูปร่างกราฟของค่าอัตราพันธุกรรมที่วันให้นมต่าง ๆ ตลอดการ ระยะการให้นมเป็นลักษณะที่เฉพาะสำหรับประชากรนั้น ๆ การใช้ RRTDM ประมาณค่าอัตราพันธุ กรรมลักษณะการให้นมทำให้ทราบถึงการเปลี่ยนแปลงของค่าอัตราพันธุกรรมตลอดการให้นม ของประชากรสัตว์



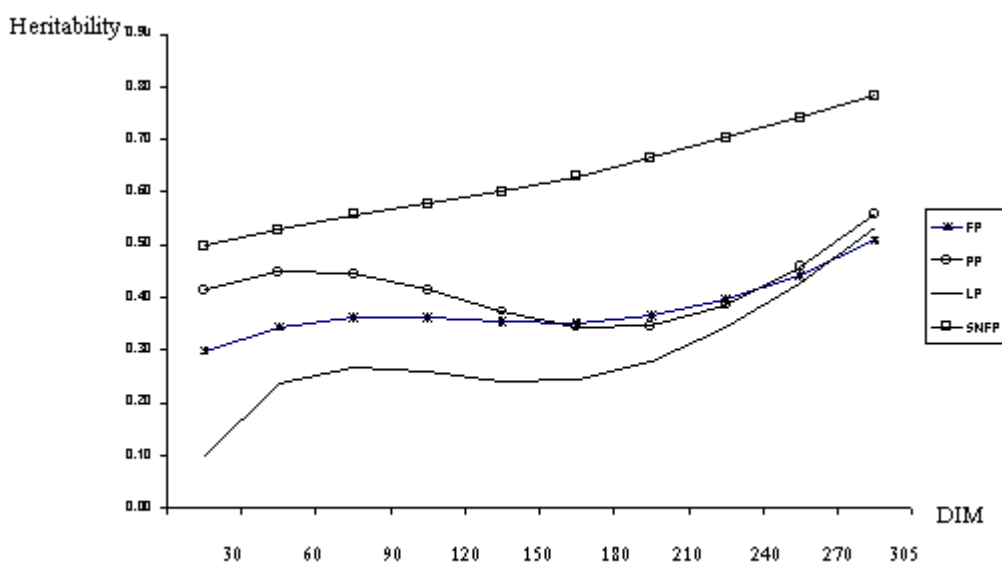
ภาพที่ 4.1 กราฟอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม (MY) ปริมาณไขมัน (FY) ปริมาณโปรตีน (PY) ปริมาณแลคโตส (PL) และปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFY) ในข้อมูลชุดที่ 1 โดย random regression test day model



ภาพที่ 4.2 กราฟอัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP) เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP) เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFP) ในข้อมูลชุดที่ 1 โดย random regression test day model



ภาพที่ 4.3 กราฟอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม (MY) ปริมาณไขมัน (FY) ปริมาณโปรตีน (PY) ปริมาณแลคโตส (PL) และปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFY) ในข้อมูลชุดที่ 2 โดย random regression test day model



ภาพที่ 4.4 กราฟอัตราพันธุกรรมของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP) เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP) เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFP) ในข้อมูลชุดที่ 2 โดย random regression test day model

genetic and phenotypic correlation

ค่า genetic and phenotypic correlation ประมาณจากบันทึกการให้นม 305 วันโดยใช้การวิเคราะห์ครั้งละ 5 ลักษณะพร้อมกันโดย MTLM (1.MTLM สำหรับลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส และปริมาณของแข็งไร้ไขมัน และ 2. MTLM สำหรับลักษณะปริมาณน้ำนมเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไร้ไขมัน) ในข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2 แสดงในตารางที่ 4.3 และ 4.4

genetic correlation ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส และปริมาณของแข็งไร้ไขมันในข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2 มีค่าอยู่ระหว่าง 0.57-0.98 และ 0.89-0.98 ตามลำดับ โดยที่ phenotypic correlation ระหว่างลักษณะดังกล่าวมีค่าอยู่ระหว่าง 0.77-0.97 และ 0.85-0.98 ตามลำดับ (แสดงในตารางที่ 4.3) สอดคล้องกับการศึกษาของ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Schutz et al. (1990), Chauhan and Hayes (1991), Misztal et al. (1992), Welper and Freeman (1992), Santus et al. (1993), Campos et al. (1994), Albuquerque et al. (1995), Visscher and Goddard (1995), Van Dorp et al. (1998), Roman and Wilcox (2000) และ Veerkamp et al. (2000) รายงานค่าสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะดังกล่าวเป็นบวกมีค่าอยู่ระหว่าง 0.12-0.99

genetic correlation ของลักษณะปริมาณน้ำนมกับลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไร้ไขมันในข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2 มีค่าอยู่ระหว่าง -0.48 ถึง -0.04 และ -0.45 ถึง -0.007 ตามลำดับ และ phenotypic correlation ของลักษณะปริมาณน้ำนมกับลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไร้ไขมันในข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2 มีค่าอยู่ระหว่าง -0.28 ถึง -0.07 และ -0.31 ถึง -0.002 ตามลำดับ (ตารางที่ 4.4) สอดคล้องกับการศึกษาของ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Schutz et al. (1990), Chauhan and Hayes (1991), Welper and Freeman (1992), Santus et al. (1993), Campos et al. (1994), Roman and Wilcox (2000) และ เทียมพบ และคณะ (2542) ซึ่งรายงาน genetic correlation และลักษณะปรากฏของลักษณะดังกล่าวว่ามีค่าเป็นลบมีค่าอยู่ระหว่าง -0.68 ถึง -0.01 ขัดแย้งกับการศึกษาของ Roman and Wilcox (2000) ที่พบว่าค่า genetic correlation ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนมและเปอร์เซ็นต์แลคโตสมีค่าเป็นบวกเท่ากับ 0.68

genetic correlation ระหว่างลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไร้ไขมันมีค่าอยู่ระหว่าง 0.23-0.75 และ 0.33-0.84 ตามลำดับ และ phenotypic correlation ระหว่างลักษณะดังกล่าวมีค่าอยู่ระหว่าง 0.01-0.40 และ 0.08-0.44 ตาม

ลำดับ (ตารางที่ 4.4) สอดคล้องกับการศึกษาของ Hargrove et al. (1981), Jager and Kennedy (1987), Meinert et al. (1989), Schutz et al. (1990), Chauhan and Hayes (1991), Welper and Freeman (1992), Santus et al. (1993), Campos et al. (1994), Roman and Wilcox (2000) และ เทียมพบ และคณะ (2542) รายงานสหสัมพันธ์ระหว่างลักษณะดังกล่าวมีค่าเป็นบวกมีค่าอยู่ระหว่าง 0.02-0.80 แต่แตกต่างจากรายงานการศึกษาของ Roman and Wilcox (2000) ที่พบว่าค่า genetic correlation ระหว่างลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันกับเปอร์เซ็นต์แลคโตส เปอร์เซ็นต์โปรตีนกับเปอร์เซ็นต์แลคโตส เปอร์เซ็นต์แลคโตส กับเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันมีค่าเป็นลบเท่ากับ -0.20 , -0.74 และ -0.16 ตามลำดับ และค่า phenotypic correlation ระหว่างเปอร์เซ็นต์โปรตีนกับเปอร์เซ็นต์แลคโตสมีค่าเป็นลบเท่ากับ -0.70

เมื่อพิจารณาช่วงของค่า phenotypic correlation ของลักษณะจากการศึกษาครั้งนี้ระหว่างลักษณะปริมาณการให้น้ำนมคือปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส และปริมาณของแข็งไร้ไขมันพบว่ามีค่าสูงและเป็นบวก ส่วน phenotypic correlation ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนมกับลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไร้ไขมันมีค่าเป็นลบมี phenotypic correlation ต่ำอยู่ในช่วง -0.31 ถึง -0.002 ทำให้ทราบว่าหากทำการปรับปรุงทางพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมเพื่อให้ปริมาณน้ำนมของโคฝูงนี้เพิ่มขึ้นจะทำให้ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส และปริมาณของแข็งไม่รวมไขมันเพิ่มขึ้นด้วย แต่ในทางกลับกันจะมีผลทำให้เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไร้ไขมันลดลงเล็กน้อย

genetic correlation ระหว่างลักษณะต่าง ๆ ในสัตว์อาจมีสาเหตุมาจากกลุ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะเหล่านั้นอยู่บนโครโมโซมเดียวกัน ดังนั้นการปรับปรุงลักษณะหนึ่งย่อมมีผลต่อการเปลี่ยนแปลงของอีกลักษณะ ซึ่งขึ้นอยู่กับทิศทางและขนาดความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะนั้น ๆ จากผลการศึกษา genetic correlation ครั้งนี้จะเห็นได้ว่า genetic correlation ระหว่างลักษณะปริมาณการให้น้ำนมคือปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส และปริมาณของแข็งไร้ไขมันมีค่าสูงและเป็นบวก ถ้าทำการคัดเลือกปรับปรุงปริมาณน้ำนมต่อระยะการให้นมของสัตว์ฝูงนี้ให้เพิ่มสูงขึ้นจะส่งผลให้ลักษณะปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส และปริมาณของแข็งไร้ไขมันเพิ่มขึ้นตามไปด้วยเช่นกัน แต่ genetic correlation ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนมกับลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไร้ไขมันมีค่าเป็นลบ หมายความว่าถ้าทำการคัดเลือกลักษณะเพื่อปรับปรุงปริมาณน้ำนมต่อระยะการให้นมของสัตว์ฝูงนี้ให้เพิ่มสูงขึ้นจะทำให้ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไร้ไขมันลดลง ดังนั้นในการคัดเลือกพันธุ์ถ้าหากคัดเลือกครั้งละลักษณะ

โดยเน้นเฉพาะลักษณะปริมาณน้ำนมก็จะมีผลกระทบโดยตรงต่อลักษณะเปอร์เซ็นต์องค์ประกอบน้ำนมมีผลทำให้เปอร์เซ็นต์องค์ประกอบน้ำนมลดลง จากผลการศึกษาแสดงให้เห็นว่าแนวทางการใช้ค่าพันธุกรรมนี้ในโปรแกรมการคัดเลือกเพื่อการปรับปรุงพันธุ์โคนม เมื่อพิจารณาจากระบบการจ่ายเงินค่าตอบแทนผลผลิตน้ำนมในปัจจุบัน ในการคัดเลือกเพื่อปรับปรุงลักษณะปริมาณน้ำนม และลักษณะเปอร์เซ็นต์องค์ประกอบน้ำนมควรมุ่งเน้นการคัดเลือกแบบหลายลักษณะพร้อมกัน โดยการสร้างดัชนีการคัดเลือกที่ให้ความสำคัญต่อลักษณะปริมาณน้ำนมเป็นหลัก เพราะการคัดเลือกลักษณะปริมาณน้ำนมจะเพิ่มรายได้มากกว่า และให้ความสำคัญกับลักษณะองค์ประกอบเพียงเพื่อป้องกันไม่ให้เกิดค่าต่ำกว่ามาตรฐานที่ตลาดต้องการ หากลักษณะเปอร์เซ็นต์องค์ประกอบน้ำนมที่ฟาร์มอยู่ในเกณฑ์มาตรฐานแล้วไม่ควรเน้นที่การคัดเลือกลักษณะเปอร์เซ็นต์องค์ประกอบน้ำนม เพราะการขายน้ำนมที่มีระดับของเปอร์เซ็นต์องค์ประกอบน้ำนมสูงกว่ามาตรฐานตลาดกำหนดมีผลต่อรายรับต่อปริมาณน้ำนมได้ไม่แตกต่างจากการขายน้ำนมที่มีระดับของเปอร์เซ็นต์องค์ประกอบน้ำนมตามมาตรฐานตลาดกำหนด

ตารางที่ 4.3 genetic correlation (ค่าเหนือเส้นทแยงมุม) และ phenotypic correlation (ค่าใต้เส้นทแยงมุม) ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนม (MY) ปริมาณไขมัน (FY) ปริมาณโปรตีน (PY) ปริมาณแลคโตส (LY) และปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน(SNFY) ในข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2

ลักษณะ	ข้อมูลชุดที่ 1				
	MY	FY	PY	LY	SNFY
MY	-	0.82	0.92	0.94	0.98
FY	0.77	-	0.72	0.79	0.57
PY	0.94	0.84	-	0.95	0.97
LY	0.97	0.77	0.94	-	0.95
SNFY	0.95	0.81	0.95	0.92	-
ลักษณะ	ข้อมูลชุดที่ 2				
	MY	FY	PY	LY	SNFY
MY	-	0.93	0.94	0.98	0.89
FY	0.85	-	0.91	0.93	0.93
PY	0.94	0.88	-	0.97	0.98
LY	0.98	0.85	0.94	-	0.97
SNFY	0.95	0.88	0.97	0.92	-

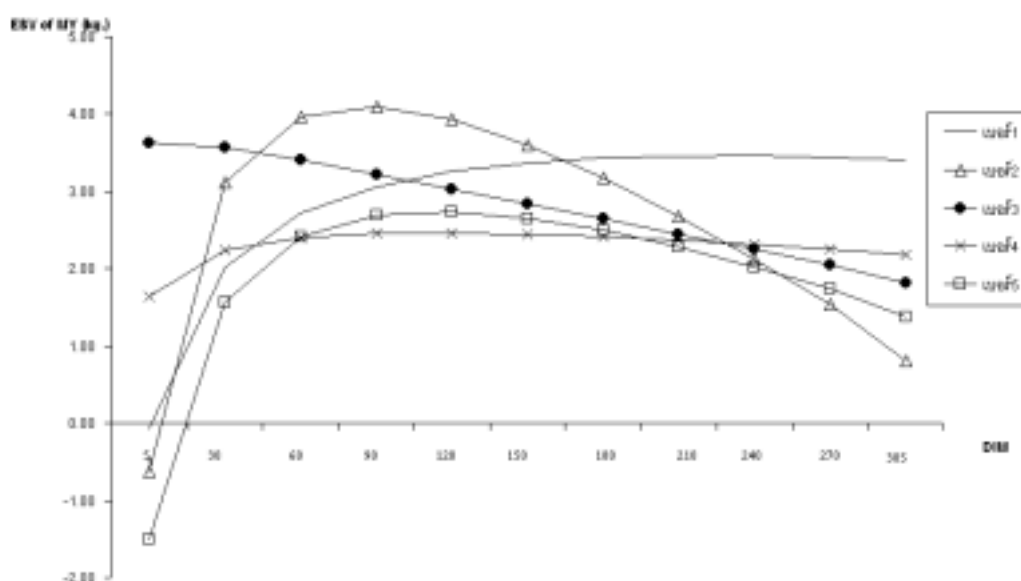
ตารางที่ 4.4 genetic correlation (ค่าเหนือเส้นทแยงมุม) และ phenotypic correlation (ค่าใต้เส้นทแยงมุม) ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนม (MY) เปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP) เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP) เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน (SNFP) ในข้อมูลชุดที่ 1 และข้อมูลชุดที่ 2

ลักษณะ	ข้อมูลชุดที่ 1				
	MY	FP	PP	LP	SNFP
MY	-	-0.28	-0.04	-0.053	-0.48
FP	-0.07	-	0.71	0.57	0.75
PP	-0.20	0.34	-	0.23	0.69
LP	-0.08	0.15	0.01	-	0.67
SNFP	-0.28	0.36	0.40	0.37	-
ลักษณะ	ข้อมูลชุดที่ 2				
	MY	FP	PP	LP	SNFP
MY	-	-0.45	-0.007	-0.26	-0.20
FP	-0.31	-	0.54	0.38	0.33
PP	-0.16	0.30	-	0.69	0.84
LP	-0.02	0.20	0.08	-	0.81
SNFP	-0.18	0.35	0.44	0.38	-

คุณค่าการผสมพันธุ์

การประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์โดย RRTDM จะได้ค่าการผสมพันธุ์ของโครายตัวที่แตกต่างจากการใช้ model การให้ผลผลิต 305 วันคือ model การให้ผลผลิต 305 วันสมมติโคทุกตัวมีกราฟการให้นมเหมือนกัน แต่ในความเป็นจริงโคแต่ละตัวมีกราฟของการให้นมที่มีรูปร่างแตกต่างกัน RRTDM จะให้ค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ที่วันให้นมต่าง ๆ ของสัตว์ตลอดการให้นมโดยโคแต่ละตัวจะมีรูปร่างกราฟคุณค่าการผสมพันธุ์ที่แตกต่างกันออกไป ซึ่งแสดงให้เห็นจากตัวอย่างกราฟคุณค่าการผสมพันธุ์สำหรับลักษณะปริมาณน้ำนมของพ่อพันธุ์ 5 ลำดับแรกซึ่งมีคุณค่าการผสมพันธุ์สูงสุดจากข้อมูลชุดที่ 1 (ภาพที่ 4.5) การประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์โดยวิธี RRTDM จะได้รูปร่างของกราฟคุณค่าการผสมพันธุ์ของโครายตัว ซึ่งสามารถอธิบายความแตกต่างของโคแต่ละตัวจากความสูงของกราฟการให้น้ำนมของโค ตัวอย่างเช่นจากภาพที่ 4.5 หากทำการคัดเลือกพ่อโคที่วันให้นมที่ 30 สามารถทำได้โดยพิจารณาจากการเปรียบเทียบส่วนสูงของกราฟการให้นมของพ่อโคทั้ง 5 จากการศึกษานี้พบว่าพ่อโคเบอร์ 3 มีคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะปริมาณน้ำนมสูงที่สุด รองลง

มาคือพื่อโคเบอร์ 2, 4, 1 และ 5 การใช้ RRTDM เพิ่มข้อมูลในการคัดเลือก จากกราฟคุณค่าผสมพันธุ์ที่ได้สามารถเพิ่มลักษณะในการคัดเลือกคือลักษณะความคงทน (persistency) และลักษณะจุดสูงสุดของการให้ผลผลิต (peak) (Schaeffer and Dekker, 1994) เป็นประโยชน์ในการทำการวินิจฉัยเกี่ยวกับลักษณะของสัตว์รายตัว การใช้ RRTDM ในการประเมินพันธุกรรมสัตว์ทำให้ทราบว่าพื่อโคตัวใดมี EBV สำหรับ peak หรือ ความคงทนของลักษณะการให้นมเป็นเช่นไร ยกตัวอย่างเช่นสามารถทำการคัดเลือกพื่อพันธุ์ตัวใดที่ให้ peak หรือความคงทนสูงเพื่อนำมาใช้ในการผสมพันธุ์กับแม่โคในฟาร์มเพื่อปรับปรุงพันธุ์ให้โคในฟาร์มมี peak หรือความคงทนของลักษณะการให้นมของเพิ่มขึ้น เป็นผลให้ผลผลิตของฟาร์มเพิ่มขึ้นและผลตอบแทนต่อหน่วยการผลิตเพิ่มขึ้นเช่นกัน นอกจากนี้การใช้ RRTDM ทำให้สามารถประเมินพันธุกรรมของสัตว์ได้เร็วขึ้นโดยไม่ต้องเสียเวลารอข้อมูลเหมือนการใช้ model การให้ผลผลิตที่ 305 วัน



ภาพที่ 4.5 กราฟคุณค่าการผสมพันธุ์สำหรับลักษณะปริมาณน้ำนมของโคพื่อพันธุ์ 5 ลำดับแรกที่มีค่าการผสมพันธุ์สูงสุดในข้อมูลชุดที่ 1

สหสัมพันธ์ระหว่างลำดับจากค่าการผสมพันธุ์โดย model ต่าง ๆ

สหสัมพันธ์ระหว่างลำดับจากค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ และแม่พันธุ์ในลักษณะการให้นมทั้ง 9 ลักษณะบนพื้นฐานผลลัพธ์ที่ได้จากการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และการประมาณค่าการผสมพันธุ์โดยใช้โดย STLM, MTLM และ RRTDM และในข้อมูลชุดที่ 1 (ตารางที่ 4.5) และในข้อมูลชุดที่ 2 (ตารางที่ 4.6)

ข้อมูลชุดที่ 1

สหสัมพันธ์ระหว่างลำดับจากค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์

ในข้อมูลชุดที่ 1 สหสัมพันธ์ลำดับจากค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ของลักษณะ ปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน ระหว่าง STLM กับ MTLM เท่ากับ 0.87, 0.56, 0.61, 0.68, 0.64, 0.75, 0.71, 0.67 และ 0.8 ตามลำดับ ระหว่าง STLM กับ RRTDM เท่ากับ 0.79, 0.77, 0.83, 0.79, 0.53, 0.66, 0.52, 0.63 และ 0.67 ตามลำดับ และระหว่าง MTLM กับ RRTDM เท่ากับ 0.67, 0.69, 0.62, 0.55, 0.58, 0.56, 0.53, 0.51 และ 0.68 ตามลำดับ

สหสัมพันธ์ระหว่างลำดับจากค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์

ในข้อมูลชุดที่ 1 สหสัมพันธ์ลำดับจากค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์ของลักษณะ ปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน ระหว่าง STLM กับ MTLM เท่ากับ 0.81, 0.54, 0.61, 0.55, 0.54, 0.76, 0.8, 0.78 และ 0.81 ตามลำดับ ระหว่าง STLM กับ RRTDM เท่ากับ 0.76, 0.74, 0.75, 0.78, 0.58, 0.73, 0.54, 0.79 และ 0.69 ตามลำดับ และระหว่าง MTLM กับ RRTDM เท่ากับ 0.62, 0.62, 0.61, 0.53, 0.51, 0.57, 0.53, 0.65 และ 0.69 ตามลำดับ

ข้อมูลชุดที่ 2

สหสัมพันธ์ระหว่างลำดับจากค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์

ในข้อมูลชุดที่ 2 สหสัมพันธ์ลำดับจากค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ของลักษณะ ปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน ระหว่าง STLM กับ MTLM เท่ากับ 0.83, 0.96, 0.87, 0.81, 0.84, 0.78, 0.74, 0.79 และ 0.85 ตามลำดับระหว่าง STLM กับ RRTDM เท่ากับ 0.91, 0.89, 0.84, 0.85, 0.86, 0.78, 0.77, 0.61 และ 0.80

ตามลำดับ และระหว่าง MTLM กับ RRTDM เท่ากับ 0.74, 0.87, 0.76, 0.74, 0.76, 0.66, 0.70, 0.64 และ 0.79 ตามลำดับ

สหสัมพันธ์ระหว่างลำดับจากค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์

ในข้อมูลชุดที่ 2 สหสัมพันธ์ลำดับจากค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์ของลักษณะ ปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน ระหว่าง STLM กับ MTLM เท่ากับ 0.78, 0.93, 0.82, 0.73, 0.77, 0.76, 0.67, 0.76, 0.84 ตามลำดับ ระหว่าง STLM กับ RRTDM เท่ากับ 0.88, 0.88, 0.84, 0.84, 0.75, 0.79, 0.68, 0.62, 0.74 ตามลำดับ และระหว่าง MTLM กับ RRTDM เท่ากับ 0.73, 0.82, 0.69, 0.61, 0.62, 0.62, 0.61, 0.63, 0.72 ตามลำดับ

จากผลของความสัมพันธ์ระหว่างลำดับจากค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ และแม่พันธุ์ทั้งหมดที่ประเมินจาก STLM, MTLM และ RRTDM มีค่าค่อนข้างสูง แสดงให้เห็นว่าการใช้ RRTDM ในการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์สัตว์ให้ผลของการจัดลำดับสัตว์คล้ายคลึงกับการใช้ 305-day lactation model (305DLM) และ model ต่าง ๆ ที่ใช้ในการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์สัตว์ให้ลำดับของสัตว์คล้ายคลึงกัน

ตารางที่ 4.5 Spearman correlation ระหว่างลำดับของคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในข้อมูลชุดที่ 1 โดย single-trait lactation model (STLM), multiple-trait lactation model (MTLM) และ random regression test day model (RRTDM)

Sire	ลักษณะ ^a								
	MY	FY	PY	LY	SY	FP	PP	LP	SP
STLM-MTLM	0.87	0.56	0.61	0.68	0.64	0.75	0.71	0.67	0.80
STLM-RRTDM	0.79	0.77	0.83	0.79	0.53	0.66	0.52	0.63	0.67
MTLM-RRDM	0.67	0.69	0.62	0.55	0.58	0.56	0.53	0.51	0.68
Dam									
STLM-MTLM	0.81	0.54	0.61	0.55	0.54	0.76	0.8	0.78	0.81
STLM-RRTDM	0.76	0.74	0.75	0.78	0.58	0.73	0.54	0.79	0.69
MTLM-RRDM	0.62	0.62	0.61	0.53	0.51	0.57	0.53	0.65	0.69

^a MY=ปริมาณน้ำนม FY=ปริมาณไขมัน PY=ปริมาณโปรตีน LY=ปริมาณแลคโตส SNFY=ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน FP=เปอร์เซ็นต์ไขมัน PP=เปอร์เซ็นต์โปรตีน LP=เปอร์เซ็นต์แลคโตส SNFP=เปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน

ตารางที่ 4.6 Spearman correlation ระหว่างลำดับของคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในข้อมูลชุดที่ 2 โดย single-trait lactation model (STLM), multiple-trait lactation model (MTLM) และ random regression test day model (RRTDM)

Sire	ลักษณะ ^a								
	MY	FY	PY	LY	SY	FP	PP	LP	SP
STLM-MTLM	0.83	0.96	0.87	0.81	0.84	0.78	0.74	0.79	0.85
STLM-RRTDM	0.91	0.89	0.84	0.85	0.86	0.78	0.77	0.61	0.80
MTLM-RRDM	0.74	0.87	0.76	0.74	0.76	0.66	0.70	0.64	0.79
Dam									
STLM-MTLM	0.78	0.93	0.82	0.73	0.77	0.76	0.67	0.76	0.84
STLM-RRTDM	0.88	0.88	0.84	0.84	0.75	0.79	0.68	0.62	0.74
MTLM-RRDM	0.73	0.82	0.69	0.61	0.62	0.62	0.61	0.63	0.72

^a MY=ปริมาณน้ำนม FY=ปริมาณไขมัน PY=ปริมาณโปรตีน LY=ปริมาณแลคโตส SNFY=ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน FP=เปอร์เซ็นต์ไขมัน PP=เปอร์เซ็นต์โปรตีน LP=เปอร์เซ็นต์แลคโตส SNFP=เปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน

บทที่ 5

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

สรุปผลการวิจัย

จากการศึกษาการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้นมในฝูงโคนมลูกผสมโฮลสไตน์เฟรียชจากฟาร์มเกษตรกรที่อยู่ภายใต้การดูแลของสหกรณ์โคนมมวกเหล็กจำนวน 40 ฟาร์มและฟาร์มขององค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทยจากข้อมูลปี พ.ศ.2543-2544 เป็นระยะเวลา 1 ปี โดยจัดข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์ตามระยะการให้น้ำนมออกเป็น 2 ชุดคือข้อมูลชุดที่ 1 มีเฉพาะข้อมูลการให้นมครั้งแรกเท่านั้น และข้อมูลชุดที่ 2 มีข้อมูลของแม่โคที่ทำการเก็บบันทึกทั้งหมด โดยเป็นข้อมูลการให้นมของแม่โคแต่ละตัวในระยะการให้นมระยะใดระยะหนึ่งเพียงระยะเดียวเท่านั้น ผลการศึกษาสามารถสรุปได้ดังนี้

1. การใช้ STLM, MTLM และ RRTDM ในการประมาณอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันในข้อมูลทั้ง 2 ชุดให้ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของลักษณะเดียวกันมีความแตกต่างกันโดยพบว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จาก RRTDM มีค่าสูงกว่าที่ประมาณได้จาก STLM และ MTLM โดยความคลาดเคลื่อนมาตรฐานของค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของ RRTDM มีค่าต่ำกว่า STLM และ MTLM ทำให้ทราบว่า RRTDM เป็น model ที่เหมาะสมต่อการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมมากกว่า Model การให้ผลผลิต 305 วัน ในขณะที่เดียวกันค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานของอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จาก MTLM มีค่าต่ำกว่า STLM แสดงให้เห็นว่าในกรณีที่มีข้อมูลเป็นแบบผลผลิต 305 วัน การใช้ MTLM เป็น model ที่มีความเหมาะสมในการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมมากกว่าการใช้ STLM ค่าอัตราพันธุกรรมที่ค่อนข้างสูงของลักษณะผลผลิตวันทดสอบแสดงว่ามีความเป็นไปได้ในการคัดเลือกลักษณะต่าง ๆ เหล่านี้

2. ค่า genetic and phenotypic correlation ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนม กับลักษณะปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส และปริมาณของแข็งไม่รวมไขมันของข้อมูลทั้ง 2 ชุดมีค่าอยู่ในช่วง 0.57-0.98 และ 0.77-0.98 ตามลำดับ ค่า genetic and phenotypic correlation ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนม กับลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส

และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันของข้อมูลทั้ง 2 ชุดมีค่าอยู่ในช่วง -0.53 ถึง -0.007 และ -0.31 ถึง -0.002 ตามลำดับ ค่า genetic and phenotypic correlation ระหว่างลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันของข้อมูลทั้ง 2 ชุดมีค่าอยู่ในช่วง 0.23-0.84 และ 0.01-0.44 ตามลำดับ แสดงว่าหากทำการปรับปรุงพันธุกรรมให้ปริมาณน้ำนมเพิ่มขึ้นจะส่งผลให้ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส และปริมาณของแข็งไม่รวมไขมันเพิ่มขึ้นตามไปด้วย แต่จะส่งผลให้เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันลดลง

3. การประเมินพันธุกรรมของสัตว์โดยใช้ RRTDM มีความแตกต่างจากการใช้ STLM และ MTLM โดย RRTDM จะให้ค่าคุณค่าการผสมพันธุ์แต่ละวันให้นมตลอดระยะเวลาให้นมของโคแต่ละตัวแตกต่างกัน และทำให้ทราบจุดสูงสุดของการให้นม และความคงทนของการให้นมแต่ละลักษณะที่ศึกษาของโคแต่ละตัวแตกต่างกัน ซึ่งเป็นประโยชน์ต่อการคัดเลือกสัตว์โดยสามารถพิจารณาลักษณะอื่นเพิ่มเติมเช่นลักษณะจุดสูงสุดของการให้นม หรือความคงทนของการให้นมของแต่ละลักษณะที่ศึกษา

4. ความสัมพันธ์ของลำดับสัตว์ที่ได้จากการประมาณค่าคุณค่าการผสมพันธุ์ระหว่างการใช้ STLM, MTLM และ RRTDM ในข้อมูลทั้ง 2 ชุดและทั้งของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์มีค่าอยู่ในช่วง 0.51-0.91 แสดงให้เห็นว่าการใช้ RRTDM ในการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์สัตว์ให้ผลของการจัดลำดับสัตว์คล้ายคลึงกับการใช้ 305-day lactation model (305DLM) และ model ต่าง ๆ ที่ใช้ในการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์สัตว์ให้ลำดับของสัตว์คล้ายคลึงกัน

ดังนั้นจึงสรุปได้ว่า RRTDM สามารถใช้แทนที่ 305DLM ในการผลิตโคนมของประเทศไทย เนื่องจากค่าประมาณที่ได้จาก RRTDM มีความถูกต้องมากกว่าเพราะมีการพิจารณาอิทธิพลสภาพแวดล้อมที่ดีกว่า นอกจากนี้ RRTDM ช่วยเพิ่มข้อมูลของลักษณะที่ช่วยในการคัดเลือกมากกว่าโดยจากรูปร่างของกราฟการให้นมทำให้ทราบความแตกต่างทางพันธุกรรมในความคงทน และจุดสูงสุดของการให้นมประกอบการพิจารณาด้วย และ RRTDM ยังให้ข้อมูลที่ช่วยในการตัดสินใจการวางแผนปรับปรุงพันธุ์และการจัดการตลอดระยะเวลาให้นม แต่การใช้ RRTDM มีข้อจำกัดคือข้อมูลที่ใช้จะต้องเป็นข้อมูลลักษณะวันทดสอบเท่านั้น

ข้อเสนอแนะ

1. เนื่องจากข้อมูลลักษณะการให้น้ำนมที่ใช้ในการศึกษาลำหรับฟาร์มของเกษตรกรมีการเก็บบันทึกเพียงปีเดียว เพื่อก่อให้เกิดความถูกต้องแม่นยำของการประเมินพันธุกรรม โคนมของประเทศไทยต่อไปในอนาคต จึงควรให้ผู้ที่เกี่ยวข้องเห็นความสำคัญของการเก็บบันทึกข้อมูลลักษณะต่าง ๆ ที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจต่าง ๆ ในโคนมให้ถูกต้องเหมาะสม ต่อเนื่อง และเป็นมาตรฐานเดียวกันทั้งประเทศ ซึ่งจะเป็ประโยชน์ต่อการพัฒนาโคนมของประเทศไทยในอนาคต

2. ในการใช้ RRTDM ประเมินพันธุกรรมโคนมของประเทศไทย ควรทำการศึกษาสมการที่ใช้อธิบายกราฟการให้น้ำนมที่เหมาะสมกับลักษณะการให้นมของโคนมในประเทศไทย

3. ควรจะมีการศึกษาการใช้ multiple trait random regression test day model

รายการอ้างอิง

- เกชา กูหา, กฤษ พจนอารีย์, ศรีเทพ รัชมาสาร และ กัญจนะ มากวิจิตร. 2542. การประมาณค่าการผสมพันธุ์ลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจบางลักษณะในโคนม. **การประชุมทางวิชาการโคนมและผลิตภัณฑ์ครั้งที่ 3**. หน้า 5.
- เทียมพบ ก้านเหลือง, จันทร์จรัส เรียวเดชะ, จุรีรัตน์ แสนโกชน์ และปาริฉัตร สุขโต. 2542. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของโคนมภายในสภาพแวดล้อมประเทศไทย. **รายงานการประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ครั้งที่ 37**. หน้า 151-158.
- ประทุม อินทรโชติ, จินตนา วงศ์นากนกร, กัลยา บุญญานุวัตร และเฉลิมพล บุญเจือ. 2539. การให้ผลผลิตน้ำนมและความสมบูรณ์พันธุ์ในโคเอเอฟเอส(แอฟเพนดิกซ์3). **รายงานการประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ครั้งที่ 34**. หน้า 395-399.
- สมภพ สวามิภักดิ์. 2539. มาตรฐานวิธีการตรวจสอบและการประเมินราคาน้ำนมดิบของไตรภาคี. **โคนม 15(4):53-37**.
- สายัณห์ บัวบาน. 2543. การประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในโคนมลูกผสมโดยใช้บันทึกผลผลิตในวันทดสอบ. **วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทย์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย**.
- สุทธิศักดิ์ แก้วแกมจันทร์, ประวีร์ วิชชุลดา, พรศรี ชัยรัตนายุทธ์, วิไล สันติโสภาศรี และ สมถวิลพานิชยิ่ง. 2544. คุณภาพน้ำนมดิบจากศูนย์รวมนมต่าง ๆ ขององค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย เขตภาคกลางปี พ.ศ.2539-2542. **รายงานการประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ครั้งที่ 39**. หน้า 217-223.
- Albuquerque, L.G., G. Dimov, J.F. Keown and L.D. Van Vleck. 1995. Estimation using an animal model of (co)variance for yields of milk, fat, and protein for the first lactation of Holstein cows in California and New York. **J.Dairy Sci.** 78:1591-1596.
- 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
- Bormann J., G.R. Wiggans, T. Drvet and N. Gengler. 2002. Estimating effects of permanent environment, lactation stage, age, and pregnancy on test-day yield. **J.Dairy Sci.** 85(Jan)
- Campos, M.S., C.J. Wilcox, C.M. Becerril, and A.Diz. 1994. Genetic parameters for yield and reproductive traits of Holstein and Jersey cattle in Florida. **J.Dairy Sci.** 77:867-873.
- Chauhan, V.P.S. and J.F. Hayes. 1991. Genetic parameters for first lactation milk production and composition traits for Holsteins using multivariate restricted maximum likelihood. **J.Dairy Sci.** 74:603-610.

- Dempster, A.P., N.M. Laird and D.B. Rubin. 1977. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. **J.R.Stat.Soc.** 39:1.
- Duangjinda, M., I. Misztal and S. Tsuruta. 2001a. BlupF90-PCPAK version1.6. Manual Khon kan University and the University of Gerogia.
- Duangjinda, M., I. Misztal, J.K. Bertrand, and S. Tsuruta. 2001b. The empirical bias of estimates by restricted maximum likelihood, baysian method, and method R under selection for additive, maternal, and dominance models. **J.Anim.Sci.** 79:2991-2996.
- Falconer, D.S. and T.F.C. Mackay. 1996. Introduction to Quantitative Genetics 4th ed. Long man House, Jarlow, Eng. 464 p.
- Everett, R.W., F. Schmidt, and L.H. Wadell. 1994. A test-day model for monitoring management and genetics in dairy cattle. **J.Dairy Sci.** 77(Suppl.1):267.(Abstr)
- Fuerst, C. and J. Solkner. 1994. Additive and nonadditive genetic variances for milk yield, fertility, and lifetime performance traits of dairy cattle. **J.Dairy Sci.** 77:1114-1125.
- Gengler, N., A. Tijani, G.R. Wiggans, and I. Misztal. 1999a. Estimation of (co)variance function coefficients for test day yield with a expectation-maximization restricted maximum likelihood algorithm. **J.Dairy Sci.** 82:1849 (Abstr.)
- Gengler, N., A. Tijani, G.R. Wiggans, C.P. Van Tassell and J.C. Philpot. 1999b. Estimation of (co)variance of test day yields for first lactation Holsteins in the United States **J.Dairy Sci.** 82:(Jan)
- Geman, D.S., and D. Geman. 1984. Stochastic Relaxation, Gibbs Distributions and the Bayesian Restoration of Images. **IEEE Trans.Pattern Anal.Mach.Intell.** 6:721-734.
- Gianola, D., and J.I. Foulley. 1990. Variance estimation from Integrated Likelihoods (VEIL). **Genet.Sel.Evol.** 22:403-418.
- Graser, H.U., S.P. Smith, and B. Tier. 1987. A derivative-free approach for estimating variance components in animal model by restricted maximum likelihood. **J.Anim.Sci.** 64:1362-1370.
- Guo, Z., M.S. Lund, P. Madsen, I. Korsgaard and J. Jensen. 2002. Genetic parameter estimation for milk yield over multiple parities and various lengths of lactation in Danish Jersey by random regression models. **J.Dairy Sci.** 85:1596.1606.

- Hargrove, G.L., D.A. Mbah and J.L. Rosenberger. 1981. Genetic and environmental influences on milk and milk component production. **J.Dairy Sci.** 64:1593-1597.
- Harville, D.A. and T.P. Callanan. 1990. Computational aspects of likelihood based inference for variance components. Pp.136-1713 In D. Gianola and K. Hammonond (eds.). *Advances in Statistical Methods for Genetic Improvement of Livestock*. Springer Verlay. New York.
- Henderson, C.R. 1975. Comparison of alternative sire evaluation methods. **J.Anim.Sci.** 41:760-768.
- Henderson, C.R. 1984. Estimation of variances and covariance under multiple traits models. **J.Dairy Sci.** 37:1581-1589.
- Henderson, C.R. 1975. Use of all relatives in intraherd prediction of breeding values and producing abilities. **J.Dairy Sci.** 58:173.
- Jager, D., and B.W. Kennedy. 1987. Genetic parameters of milk yield and composition and their relationships with alternative breeding goals. **J.Dairy Sci.** 70:1258-1266.
- Jakobsen, J.H., A. Madsen, J. Jensen, J. Pedersen, L.G. Christensen, and D.A. Sorensent. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimated in random regression models using REML. **J.Dairy Sci.** 85:1607-1616.
- Jamrozik, J. and L.R. Schaeffer. 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for production of first lactation Holsteins. **J.Dairy Sci.** 80:762-770.
- Jamrozik, J., D. Gianola and L.R. Schaeffer. 2001. Bayesian estimation of genetic parameters for test day records in dairy cattle using linear hierachical models. **Livest.Pro.Sci.** 71:223-240.
- Jamrozik, J., G.J. Kostemaker, J.C.M. Dekkers , and L.R. Schaeffer. 1997a. Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analyses of test day yields. **J.Dairy Sci.** 80:2550-2556.
- Jamrozik, J., L.R. Schaeffer, and J.C.M. Dekkers. 1997b. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **J.Dairy Sci.** 80:1217-1226.
- Jamrozik, J., L.R. Schaeffer, Z. liu and G. Jansen. 1997c. Multiple traits random regression test day model for production traits. **Interbull Bull.** 16:43-47.

- Joanna, S. and L. Zengting. 1999. Modelling test day data from dairy cattle. **J.Appl.Gent.** 40(2):103-116.
- Kettunen, A., E. Mantysaari and J. Poso. 2000. Estimation of genetic parameters for daily milk yield of primiparous Ayrshire cows by random regression test-day models. **Livest.Prod.Sci.** 66:251-261.
- Lobo, R.N.B., F.E. Madalona and A.R. Vieira. 2000. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. **Anim.Breeding.Abstr.** 68:433-461.
- Liu, M.F., P.J. Boettcher, L.R. Schaeffer, and J.C.M. Dekkerst. 2001. Bayesian inference for categorical traits with an application to variance component estimation. **J.Dairy Sci.** 84:694-704.
- Meinert, T.R., S. Korver and J.A.M. van Arendonk. 1989. Parameter estimation of milk yield and composition for 305 days and peak production. **J.Dairy Sci.** 72:1534-1539
- Meyer, K. 1983. Maximum likelihood procedures for estimating genetic parameters for later lactation of dairy cattle. **J.Dairy Sci.** 66:1988-1997.
- 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., Edinbergh. Scotland** 17:407.
- 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: 1977-1999.
- 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.
- Misztal, I. 1999a. REMLF90 manual [On-line].
Available:<http://nce.ads.uga.edu/pub/ignacy/blupf90>
- Misztal, I. 1999b. Computational Techniques in Animal Breeding. Department of Animal Science, University of Georgia. 173 p.
- Misztal, I., T.J. Lawlor, T.H. Short and P.M. Van Raden. 1992. Multiple-trait estimation of variance components of yield and type traits using an animal model **J.Dairy Sci.** 75:544.551.

- Mohiudin, G. 1993. Estimates of genetic and phenotypic parameters of some performance traits in beef cattle. **Anim.Breeding.Abst.** 61(8):495-525.
- Mrode, R.A. 1996. Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values. CAB international, Wallingford U.K. 187 p.
- 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.
- Patterson, H.D., and R. Thompson. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika** 58:545-554.
- Pool, M.H. and T.H.E. Meuwissen. 1999. Prediction of daily milk yields from a limited number of test days using test day models. **J.Dairy Sci.**82:155-1564.
- Ptak, E., and A. Zarnecki. 1998. Estimation of breeding values of Polish Black and White cattle using test day yields. **Proc. 6th World Congr.Appl.Livest.Prod., Armidale, Australia.**23:335-338.
- Ptak, E., and L.R. Schaeffer. 1993. Use of test day yields for genetic evaluation in dairy sires and cows. **Livest.Prod.Sci.** 34:23-34.
- Reents, R., J.C.M. Dekkers and L.R. Schaeffer. 1995a. Genetic evaluation for somatic cell score with a test day model for multiple lactation. **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 records of somatic cell score. **J.Dairy Sci.**78:2847-2857.
- Reverter, A., B.L. Golden, R.M. Bourdon, and J.S. Brinks. 1994. Method R variance components procedure: application on the simple breeding value model. **J.Anim.Sci.** 72:2247-2253.
- Roman, R.M. and C.J. Wilcox. 2000. Bivariate animal model estimates of genetic, phenotypic, and environmental correlation for production, reproduction, and somatic cells in Jerseys. **J.Dairy Sci.**83:829-835.
- Santus, E.C., R.W. Everett, R.L. Quaas and D.M. Galton. 1993. Genetic parameter of Italian Brown Swiss for levels of herd yield. **J.Dairy Sci.**76:3594-3600.
- SAS.1998. SAS User's Guide. Version 6.12. SAS.Inst.,Cary,NC.
- Searle, S.R. 1971. Linear Models. Wiley, New York. 532 p.
- Schaeffer, L.R. 1984. Sire and cow evaluation under multiple trait models. **J.Dairy Sci.**67:1567.

- Schaeffer, L.R. 1997. Subject : Random Regression [On-line].
Available:<http://chuck.agsci.colostate.edu/wais/logs/agds869258263.html>.
- Schaeffer, L.R. 1999. Multiple trait animal models [On-line]
Available:<http://www.aps.uoguelph.ca/~Irs/Animalz/>
- Schaeffer, L.R. and B.P. Sullivan. 1994. genetic evaluation of dairy goats using test day yields. Proc.5th World Congr.Appl.Livest.Prod.Guelph, On Canada 18:182-185
- Schaeffer, L.R., J. Jamrozik, G. J. Kistemaker, and B.J. Van Doormaal. 2000. Experience with a test-day model. **J.Dairy Sci.**83:1135-1144.
- Schaeffer L.R.and J.C.M. Dekker. 1994. Random regression in animal models for test-day production in dairy cattle. **Proc.5th World Congr.Appl.Livest.Prod., Guelph, Canada** 18:443-446.
- Schutz, M.M., L.B. Hansen, G.R. Stevermagel, and J.K. Reneau. 1990. Genetic parameters for somatic cells, protein and fat in milk of Holsteins. **J.Dairy Sci.**73:494-502.
- Koonawootrittriron, S., M.A.Elzo, S. Tumwasorn and K. Nithichai. 2002. Estimation of covariance components and prediction of additive genetic effects for first lactation 305-d milk and fat yields in a Thai multibreed dairy population. **Thai.Agric.Sci.**35:245-258.
- Strabel, T. and I. Mistal. 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. Szwaczkowski. 1997. Additive genetic and permanent environmental variance components for test day milk traits in Black-White cattle. **Livest. Prod.Sci.** 48:91-98
- Suzuki, M and L.D. Van Vleck 1994. Heritability and repeatability for milk** production traits of Japanese Holsteins from an animal model. **J.Dairy Sci.** 77:583-588.
- 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 for genetic evaluation. **Proc. 6th World Congr.Appl.Livest.Prod., Armidale, Australia.** 23:295-302.
- Szyda, J., and Z. Liu. 1999. Modeling test day data from dairy cattle. **J.Appl.Gent.** 40(2):103-116.

- Van Der Werf, J.H.J., M.E. Goddard, and K. Meyer. 1998. The use of co variance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. **J.Dairy Sci.** 81:3300-3308.
- Van Dorp, T.E., J.C.M. Dekkers, S.W. Martin and J.P.T.M. Noordhuizen. 1998. Genetic parameters of health disorders, and relationship with 305-day milk yield and conformation traits of registered Holstein cow. **J.Dairy Sci.** 81:2264-2270.
- Van Tassell, C.P., G. Casella and E.J. Pollak. 1995. Effects of selection on estimates of variance components using Gibbs sampling and restricted maximum likelihood. **J.Dairy Sci.** 78:678-692.
- Van Tassell, C.P., R.L. Quaas, and R.W. Everett. 1992. Parameter estimates for 305-day ME records and 305-day 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.
- Veerkamp, R.F. and M.E. Goddard. 1998. (Co) variance functions across herd production levels for test day records on milk, fat and protein yield. **J.Dairy Sci.** 81:1690-1701.
- Veerkamp, R.F., J.K. Oldenbroek, H.J. Van Der Gaast, and J.H.J. Van Deer Werft. 2000. Genetic correlation between days until start of luetal activity and milk yield, energy balance, and live weights. **J.Dairy Sci.** 83:577-583.
- Visscher, P.M. and M.E. Gooddard. 1995. Genetic parameters for milk yield, survival, workability and type traits for Australian dairy cattle. **J.Dairy Sci.** 78:205-220.
- Welper, R.D. and A.E. Freeman. 1992. Genetic parameters for yield traits of Holsteins, including lactose and somatic cell score. **J.Dairy Sci.** 75:1342-1348.
- Wiggans, G., and M. E. Goddard. 1997. A computationally feasible test day model for genetic evaluation of yield traits in The United States. **J.Dairy Sci.** 80:1795-1800.
- Wilmink, J.B.M. 1987. Efficiency of selection for different cumulative milk, fat and protein yields in first lactation. **Livest.Prod.Sci.** 17:211-217.

ภาคผนวก

ตารางผนวกที่ 1 ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของสัมประสิทธิ์การ
ถดถอยสู่ทางพันธุกรรม^{1/} (σ_a^2) ความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวร (σ_p^2)
และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนของลักษณะ (σ_e^2) ในข้อมูลชุดที่ 1^{2/}

Parameter	$Z_0 Z_0$	$Z_0 Z_1$	$Z_0 Z_2$	$Z_1 Z_1$	$Z_1 Z_2$	$Z_2 Z_2$	σ_p^2	σ_e^2
MY	88.215	-0.27642	-24.168	0.001094	0.082963	9.4456	14.12	2.3286
FY	15.705	-0.048026	-4.8591	0.000155	0.014131	1.9086	1.79	0.90644
FP	2.7009	-0.0093019	-0.85788	.00003644	0.002737	0.30116	0.31	0.29742
PY	5.5284	-0.016838	-1.8524	.000068036	0.005783	0.81205	0.66	0.26793
PP	0.7022	-0.0025235	-0.17355	.000010878	0.000621	.054442	0.01	0.09455
LY	25.921	-0.083408	-7.3445	0.0003344	0.025563	2.9438	2.50	1.62787
LP	.68197	-0.0020243	-0.20859	7.0915E-06	0.000596	.077717	0.05	0.11506
SNFY	44.306	-0.15728	-14.756	0.00063505	0.046323	5.9505	7.84	1.8986
SNFP	1.0296	-0.0036469	-0.35494	.000016478	0.001389	0.14591	0.02	0.10387

^{1/} สัมประสิทธิ์การถดถอยสู่ทางพันธุกรรมมี 3 ตัวแปรพร้อมคือ $Z_0=1$, $Z_1=$ DIM และ

$Z_2=\ln(305/DIM)$ เมื่อ DIM คือวันให้นม (Day in milk) ตามสมการของ Schaeffer and Dekker (1994)

^{2/} MY=ปริมาณน้ำนม FY=ปริมาณไขมัน PY= ปริมาณโปรตีน LY= ปริมาณแลคโตส SNFY= ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน FP=เปอร์เซ็นต์ไขมัน PP=เปอร์เซ็นต์โปรตีน LP=เปอร์เซ็นต์แลคโตส SNFP=เปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน

ตารางผนวกที่ 2 ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของสัมประสิทธิ์การ
ถดถอยสู่ทางพันธุกรรม^{1/} (σ_a^2) ความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวร (σ_p^2)
และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนของลักษณะ (σ_e^2) ในข้อมูลชุดที่ 2^{2/}

Parameter	Z_0	Z_0	Z_0	Z_1	Z_0	Z_2	Z_1	Z_1	Z_1	Z_2	Z_2	Z_2	σ_p^2	σ_e^2
MY	2.218		-0.00216		-3.0771		0.00026354		0.0029565		4.2707		16.06	3.4094
FY	22.462		-0.073972		-6.0486		0.00025265		0.017686		2.5324		0.77609	1.1818
FP	2.6531		-0.0090181		-0.822		.000036839		0.0025917		0.28739		0.2348	0.32498
PY	9.409		-0.030533		-2.7376		0.00011855		0.0087286		1.1199		.60311	0.33527
PP	1.1709		-0.0044319		-0.36217		.000018433		0.0013181		0.12583		.048678	.095412
LY	36.169		-0.12957		-10.149		0.00050116		0.034674		3.8327		2.0154	0.81649
LP	.97833		-0.0039473		-0.3105		.000017656		0.0012154		.099414		.074201	0.11229
SNFY	83.573		-0.29116		-23.521		0.0011281		0.077651		9.1115		5.8514	2.305
SNFP	0.8311		-0.0028918		-0.25688		.000015191		.00098809		.095673		.032181	0.10037

^{1/} สัมประสิทธิ์การถดถอยสู่ทางพันธุกรรมมี 3 ตัวแปรพร้อมคือ $Z_0=1$, $Z_1=$ DIM และ

$Z_2=\ln(305/DIM)$ เมื่อ DIM คือวันให้นม (Day in milk) ตามสมการของ Schaeffer and Dekker (1994)

^{2/} MY=ปริมาณน้ำนม FY=ปริมาณไขมัน PY= ปริมาณโปรตีน LY= ปริมาณแลคโตส SNFY= ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน FP=เปอร์เซ็นต์ไขมัน PP=เปอร์เซ็นต์โปรตีน LP=เปอร์เซ็นต์แลคโตส SNFP=เปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน

ตารางผนวกที่ 3 ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม (h^2) ของลักษณะการให้มันวันทดสอบในข้อมูลชุดที่ 1 โดย random regression test day model (RRTDM)

วันให้มัน	MY	FY	PY	LY	SNFY	FP	PP	LP	SNFP
30	0.58	0.49	0.56	0.61	0.36	0.25	0.56	0.38	0.55
60	0.57	0.48	0.52	0.59	0.32	0.30	0.57	0.40	0.55
90	0.56	0.46	0.52	0.58	0.30	0.31	0.55	0.41	0.56
120	0.54	0.44	0.52	0.56	0.28	0.31	0.52	0.40	0.57
150	0.52	0.40	0.52	0.54	0.25	0.29	0.50	0.39	0.58
180	0.51	0.35	0.53	0.53	0.24	0.28	0.48	0.37	0.59
210	0.50	0.30	0.54	0.53	0.25	0.28	0.48	0.36	0.61
240	0.51	0.26	0.56	0.53	0.29	0.30	0.51	0.36	0.64
270	0.53	0.23	0.59	0.56	0.35	0.34	0.56	0.37	0.68
305	0.56	0.23	0.63	0.60	0.43	0.41	0.62	0.40	0.73

หมายเหตุ MY=ปริมาณน้ำนม FY=ปริมาณไขมัน PY= ปริมาณโปรตีน LY= ปริมาณแลคโตส SNFY= ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน FP=เปอร์เซ็นต์ไขมัน PP=เปอร์เซ็นต์โปรตีน LP=เปอร์เซ็นต์แลคโตส SNFP=เปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน

ตารางผนวกที่ 4 ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม(h^2) ของลักษณะการให้มันวันทดสอบในข้อมูลชุดที่ 2 โดย random regression test day model (RRTDM)

วันให้มัน	MY	FY	PY	LY	SNFY	FP	PP	LP	SNFP
30	0.37	0.76	0.70	0.72	0.69	0.30	0.41	0.10	0.50
60	0.20	0.72	0.67	0.69	0.65	0.34	0.45	0.24	0.53
90	0.15	0.68	0.65	0.66	0.62	0.36	0.44	0.27	0.56
120	0.17	0.62	0.63	0.61	0.58	0.36	0.41	0.26	0.58
150	0.23	0.55	0.61	0.55	0.53	0.35	0.37	0.24	0.60
180	0.30	0.46	0.59	0.49	0.49	0.35	0.34	0.24	0.63
210	0.38	0.37	0.58	0.44	0.46	0.37	0.35	0.28	0.66
240	0.44	0.29	0.59	0.44	0.46	0.40	0.39	0.34	0.70
270	0.50	0.25	0.61	0.48	0.50	0.44	0.46	0.43	0.74
305	0.57	0.30	0.66	0.57	0.57	0.51	0.56	0.53	0.78

หมายเหตุ MY=ปริมาณน้ำนม FY=ปริมาณไขมัน PY= ปริมาณโปรตีน LY= ปริมาณแลคโตส SNFY= ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน FP=เปอร์เซ็นต์ไขมัน PP=เปอร์เซ็นต์โปรตีน LP=เปอร์เซ็นต์แลคโตส SNFP=เปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน

ตารางผนวกที่ 5 สหสัมพันธ์สภาพแวดล้อมของข้อมูลชุดที่ 1 (ค่าเหนือเส้นทแยงมุม) และข้อมูลชุดที่ 2 (ค่าใต้เส้นทแยงมุม) ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนม (MY) ปริมาณไขมัน (FY) ปริมาณโปรตีน (PY) ปริมาณแลคโตส (LY) และปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน(SNFY)

ลักษณะ	ข้อมูลชุดที่ 1				
	MY	FY	PY	LY	SNFY
MY	-	0.86	0.96	0.98	0.99
FY	0.76	-	0.84	0.84	0.86
PY	0.93	0.83	-	0.94	0.97
LY	0.98	0.78	0.32	-	0.99
SNFY	0.98	0.81	0.97	0.98	-

ตารางผนวกที่ 6 สหสัมพันธ์สภาพแวดล้อมของข้อมูลชุดที่ 1 (ค่าเหนือเส้นทแยงมุม) และข้อมูลชุดที่ 2 (ค่าใต้เส้นทแยงมุม) ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนม (MY) เปอร์เซ็นต์ไขมัน (FP) เปอร์เซ็นต์โปรตีน (PP) เปอร์เซ็นต์แลคโตส (LP) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมัน(SNFP)

ลักษณะ	ข้อมูลชุดที่ 1				
	MY	FP	PP	LP	SNFP
MY	-	0.06	-0.35	0.16	-0.15
FP	-0.24	-	0.01	-0.08	0.11
PP	-0.27	0.20	-	-0.18	0.12
LP	0.21	0.12	-0.18	-	0.19
SNFP	-0.17	0.37	0.22	0.14	-

ประวัติผู้เขียน

ชื่อนางวริษา สันทวีวรกุล

Mrs. Warisa Sintaweewarakul

ดำรงตำแหน่งอาจารย์ระดับ 5

ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี

ประวัติการศึกษา

ปีที่จบการศึกษา	ระดับปริญญา	อักษรย่อปริญญาและชื่อเต็ม	สาขาวิชา	วิชาเอก	ชื่อสถาบัน
2534	ปริญญาตรี	วท.บ.(เกษตรศาสตร์) วิทยาศาสตรบัณฑิต (เกษตรศาสตร์)	เกษตรศาสตร์	สัตวศาสตร์	ม.สงขลานครินทร์ วิทยา เขตหาดใหญ่
2539	ปริญญาโท	วท.ม.(เกษตรศาสตร์) วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เกษตรศาสตร์)	เกษตรศาสตร์	สัตวศาสตร์	ม.เกษตรศาสตร์