

การศึกษาโมเดลรีเกรซชันคู่เพื่อประเมินพันธกรรมลักษณะความคงทน
ของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรก

นายภาคภูมิ เสาวภาคย์

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี
ปีการศึกษา 2552

**STUDIES ON RANDOM REGRESSION MODELS
FOR GENETIC EVALUATION OF LACTATION
PERSISTENCY TRAIT IN PRIMIPAROUS
CROSSBRED HOLSTEIN-FRIESIAN
DAIRY CATTLE**

Phakphume Saowaphak

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

Suranaree University of Technology

Academic Year 2009

การศึกษาโมเดลธุรกิจชั้นสูงเพื่อประเมินพันธกรรมลักษณะความคงทน
ของการให้น้ำมันในคอนมถุกผสมไฮลสไตน์-ฟรีเชียนที่ให้ถูกครั้งแรก

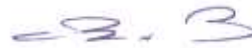
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี อนุมัติให้นับวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษา
ตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์



(ผศ. ดร.ปราโมทย์ แพงคำ)

ประธานกรรมการ



(รศ. ดร.พงษ์ชาญ ณ ลำปาง)

กรรมการ (อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์)



(รศ. ดร.มนต์ชัย ดวงจินดา)

กรรมการ



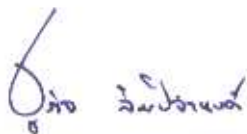
(ผศ. น.สพ. ดร.ภคนิจ กุลพิทยานันท์)

กรรมการ



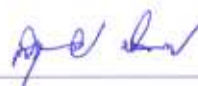
(อ. ดร.อมรรัตน์ โมฬี)

กรรมการ



(ศ. ดร.สุกิจ สิมปิฉานงศ์)

รองอธิการบดีฝ่ายวิชาการ



(ผศ. ดร.สุเวทย์ นิงสานนท์)

คณบดีสำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร

ภาควิชา สัตวศาสตร์ : การศึกษาโมเดลรีเกรสชันสุ่มเพื่อประเมินพันธุกรรม
ลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรก
(STUDIES ON RANDOM REGRESSION MODELS FOR GENETIC
EVALUATION OF LACTATION PERSISTENCY TRAIT IN
PRIMIPAROUS CROSSBRED HOLSTEIN-FRIESIAN DAIRY CATTLE)
อาจารย์ที่ปรึกษา : รองศาสตราจารย์ ดร.พงษ์ชาญ ฌ ถ้ำปาง, 128 หน้า.

ข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบของแม่โคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรกของฟาร์มโชคชัย ตั้งแต่ปี 2537 ถึง 2547 จำนวน 25,845 บันทึก ถูกนำมาวิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรสชันสุ่ม (Random Regression Models; RRM) ที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม (Covariance Function; CF) ของวันให้น้ำนมรูปแบบ modified Wilmink และ modified normalized Legendre polynomial แตกต่างกันทั้งสิ้น 10 โมเดล ได้แก่ RRW(3,3) และ RRLP(k_α, k_γ) เมื่อ k_α เป็นจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม (Covariance Function Coefficient; CFC) ของวันให้น้ำนมที่ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (Additive Genetic Random Effect; AGRE) และ k_γ เป็นจำนวน CFC ที่ซ่อนในส่วนของอิทธิพลสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (Permanent Environmental Random Effect; PERE) เพื่อวัตถุประสงค์ในการศึกษาโมเดลรีเกรสชันสุ่มที่มีรูปแบบเหมาะสม (appropriate model) สำหรับประเมินพันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบและความคงทนของการให้น้ำนม โดยใช้เกณฑ์วัดความเหมาะสมต่าง ๆ (Goodness Of Fits Criteria; GOFC) ได้แก่ ค่าประมาณ $-2\log L$, AIC, BIC, Estimated Residual Variance (ERV) และ Eigenvalues ผลการวิเคราะห์แสดงให้เห็นว่าค่าประมาณ AIC และ BIC จะเลือกโมเดลที่มีรูปแบบกระชับที่สุด (most parsimonious model) ได้แก่ RRLP(3,3) การใช้ค่า eigenvalues เป็นเกณฑ์วัดความเหมาะสมแสดงให้เห็นถึงความเป็นไปได้ในการลดจำนวน CFC ดังนั้นจำเป็นต้องใช้จำนวน CFC 3 สัมประสิทธิ์เท่านั้นจะพอเพียงสำหรับอธิบายความแปรปรวนในส่วนของ AGRE ได้มากกว่า 95 เปอร์เซ็นต์ (96.52 เปอร์เซ็นต์) และจำเป็นต้องใช้ CFC จำนวน 4 สัมประสิทธิ์เท่านั้นจะพอเพียงสำหรับอธิบายความแปรปรวนในส่วนของ PERE ได้มากกว่า 95 เปอร์เซ็นต์ (95.92 เปอร์เซ็นต์) การวิเคราะห์ด้วย eigenvalues และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) ระหว่างวันทดสอบซึ่งแสดงให้เห็นว่าโมเดลรีเกรสชันสุ่มรูปแบบที่มีความเหมาะสม ควรมีจำนวนของสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมถูกใช้ซ่อนอยู่ในส่วนของ PERE มากกว่า AGRE

ดังนั้นการศึกษานี้โมเดลรีเกรสชันสุ่ม RRLP(3,4) จึงเป็นโมเดลที่มีรูปแบบเหมาะสมที่สุดสำหรับการใช้ประเมินพันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ และความคงทนของการให้น้ำนมในประชากรโคนมเป้าหมาย

PHAKPHUME SAOWAPHAK : STUDY ON RANDOM REGRESSION
MODELS FOR GENETIC EVALUATION OF LACTATION
PERSISTENCY TRAIT IN PRIMIPAROUS CROSSBRED
HOLSTEIN-FRIESIAN DAIRY CATTLE. THESIS ADVISOR : ASSOC.
PROF. PONGCHAN NA-LAMPANG, Ph.D., 128 PP.

RANDOM REGRESSION MODEL/COVARIANCE FUNCTION/PERSISTENCY

A total number of 25,845 Test Day Milk Yield Records (TDMYR) of primiparous crossbred Holstein-Friesian cows during 1994 and 2004 from Chokchai farm were analyzed using Random Regression Model (RRM) with 10 different models of modified Wilmink and Modified Normalized Legendre Polynomial (MNLP) Covariance Function (CF) of Days In Milk (DIM), such as RRW(3,3) and RRLP(k_α, k_γ), when k_α is a number of Covariance Function Coefficient (CFC) of DIM that nested within Additive Genetic Random Effect (AGRE) and k_γ is a number of CFC of DIM that nested within Permanent Environmental Random Effect (PERE). The purpose was to study an appropriate RRM for the genetic evaluation of test day milk yield and lactation persistency traits using Goodness Of Fits Criteria (GOFC), namely $-2\log L$, AIC, BIC, Estimated Residual Variance (ERV) and Eigenvalues (EV). The result showed that AIC and BIC preferred to select the most parsimonious model, i.e. RRLP(3,3). Using eigenvalues as a GOFC indicated that it is possible to reduce the number of CFC. Therefore, only 3 numbers of CFC of covariance function of days in milk were necessary to explain more than 95 percents of variation in AGRE (96.52 percents), and only 4 numbers of CFC of CF of DIM were necessary to explain more

than 95 percents of variation in PERE (95.92 percents). The analysis was based on eigenvalues and genetic correlation between test day which showed that the appropriate random regression model should have more numbers of covariance function coefficient nested within PERE than AGRE.

Therefore, Random Regression Model RRLP(3,4) was the most appropriate model for genetic evaluation of test day milk yield and lactation persistency traits of the target population.

Definition and equation for calculating persistency values for this study were P_1 , P_2 , P_3 and P_4 . The results of the study showed that P_3 is the most suitable for genetic evaluation of lactation persistency of that primiparous crossbred Holstein-Friesian of Chokchai farm. Due to the use of all available information of days in milk along lactation, it brought the estimated Spearman's rank correlation equal to 0.04, when compared to the Estimated Breeding Value (EBV). This implies that selecting dairy cattle based on EBV would not depend on the selection of dairy cattle based on persistency value. Additionally, P_3 provided the better selection response than P_2 , P_4 due to P_3 has higher heritability ($h^2 = 0.16$).

School of Animal Production Technology

Academic Year 2009

Student's Signature P.S.M

Advisor's Signature P. N. S. S.

Co-advisor's Signature P. K. S.

Co-advisor's Signature P. Kupthayanant

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงเป็นอย่างดี ข้าพเจ้านายภาคภูมิ เสาวภาคย์ ขอขอบพระคุณบุคคลต่าง ๆ ผู้มีส่วนเกี่ยวข้องข้องระหว่างการจัดทำวิทยานิพนธ์ ดังต่อไปนี้

รองศาสตราจารย์ ดร.พงษ์ชาญ ฌ ลำปาง อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ผู้ให้โอกาสทางการศึกษาอนุญาตให้ทำทุกสิ่งตามความต้องการอย่างมีสติ รองศาสตราจารย์ ดร.มนต์ชัย ดวงจินดา อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม ผู้ประทับระครองให้สามารถบรรลุความต้องการดังกล่าวได้ด้วยกุศโลบายอันแยบคาย จนลุล่วงเป็นที่ประจักษ์บนวิถีแห่งการปฏิบัติจริง ผู้ช่วยศาสตราจารย์ น.สพ. ดร.ภคินิจ คุปพิทยานันท์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม ผู้อบรมสั่งสอนวิชาการทางด้านสรีรวิทยาพื้นฐาน รองศาสตราจารย์ ดร.กนก ผลารักษ์ ครูผู้ย่าเตือนให้ตระหนักถึงสิ่งอันควร หรือมิควรกระทำในการสร้างสรรค์วิทยานิพนธ์เพื่อนำความรู้มาสู่สังคมการผลิตปศุสัตว์

ขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ปราโมทย์ แพงคำ และอาจารย์ ดร.อมรรัตน์ โมฬี ประธาน และกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ สำหรับคำแนะนำเพื่อเติมเต็มความสมบูรณ์ในวิทยานิพนธ์

ขอบพระคุณ ฟาร์ม โชคชัย อำเภอปากช่อง จังหวัดนครราชสีมา ในความเอื้อเอื้อให้ข้อมูลสำหรับวิจัย งานเอกสารจากสาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี และสถานที่ทำการวิจัย ณ ห้องปฏิบัติการพันธุศาสตร์ และเทคโนโลยีชีวภาพทางสัตว์ ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น

ขอบคุณนักศึกษาระดับบัณฑิตศึกษามหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี โดยเฉพาะอย่างยิ่งนางสาววัลภา ลาภภักดิ์ ผู้สร้างแรงขับ ความเชื่อมั่น และสนับสนุนแนวคิดต่าง ๆ ของข้าพเจ้าจนถึงวาระสุดท้ายของชีวิตเธอเอง นางสาวกัญญาดา ภูษินาพันธุ์ นักศึกษาระดับปริญญาเอก สาขาวิชาคณิตศาสตร์ สำนักวิชาวิทยาศาสตร์ ผู้อธิบายการได้มาของฟังก์ชันสำคัญในวิทยานิพนธ์

ขอบคุณ ไม้ตรีจิตแห่งมิตรภาพจากนักศึกษาระดับบัณฑิตศึกษามหาวิทยาลัยขอนแก่น โดยเฉพาะอย่างยิ่งนักศึกษาในครอบครัวการผสมพันธุ์ และพันธุศาสตร์ทางสัตว์ ที่ช่วยทำให้รู้สึกผ่อนคลายยามเมื่อเผชิญกับสิ่งที่มีได้คาดหมายขณะทำวิทยานิพนธ์

เหนืออื่นใดข้าพเจ้าขอโน้มกราบขอบพระคุณ พ่อชุมพล แม่ปิยนาด เสาวภาคย์ ในฐานะที่ยึดหลักธรรมแห่งพรหมวิหาร 4 ในการเลี้ยงบุตรและหลานเสมอมา ขอบคุณกำลังใจจากน้องยศวดี น้องรัชภูมิ เสาวภาคย์ ทำนุบำรุงระลึกถึงแรงบันดาลใจสูงสุดของการเริ่มต้นเอาดีทางด้านการศึกษาจากแก้วตาดวงใจของข้าพเจ้า นางสาวสุพิชชา เสาวภาคย์ ธิดาอันเป็นที่รักยิ่ง

อุดมการณ์ ยั่งยืน สุจริต ผลิตสัตว์ ให้สมดังเป็นคนของพระราชา ข้าฯรับใช้ของแผ่นดิน

ภาคภูมิ เสาวภาคย์

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อ (ภาษาไทย).....	ก
บทคัดย่อ (ภาษาอังกฤษ).....	ค
กิตติกรรมประกาศ.....	จ
สารบัญ.....	ฉ
สารบัญตาราง.....	ฉ
สารบัญภาพ.....	ญ
คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ.....	ฎ

บทที่

1 บทนำ	1
1.1 ความสำคัญและที่มาของปัญหา	1
1.2 วัตถุประสงค์การวิจัย	4
1.3 สมมติฐานการวิจัย.....	4
1.4 ข้อตกลงเบื้องต้น.....	4
1.5 ขอบเขตการวิจัย.....	4
1.6 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ.....	5
2 ปฏิศน์วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	6
2.1 ลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ.....	7
2.2 ลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม.....	9
2.2.1 นิยามและความสำคัญของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม.....	9
2.2.2 ความสำคัญทางเศรษฐกิจของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม.....	11
2.2.3 วิธีการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม.....	12
2.3 โมเดลรีเกรซชันสุ่ม.....	13
2.3.1 ความเป็นมาของโมเดลรีเกรซชันสุ่ม.....	13
2.3.2 การประยุกต์โมเดลรีเกรซชันสุ่มเพื่อประเมินพันธุกรรมปศุสัตว์.....	18
2.3.3 ประโยชน์และข้อจำกัดของการใช้โมเดลรีเกรซชันสุ่ม.....	20

สารบัญ (ต่อ)

หน้า

2.4	ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม.....	21
2.4.1	รูปแบบของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม.....	21
2.5	การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน.....	25
3	วิธีดำเนินการวิจัย.....	26
3.1	ระเบียบวิธีวิจัย.....	26
3.2	ตัวแปรที่ทำการศึกษา.....	26
3.3	ประชากร และกลุ่มตัวอย่าง.....	27
3.4	สถานที่ทำการวิจัย.....	27
3.5	เครื่องมือที่ใช้ในการวิจัย.....	27
3.6	การเก็บรวบรวมข้อมูล.....	28
3.7	การวิเคราะห์ข้อมูล.....	28
3.7.1	การจัดการข้อมูลเบื้องต้น.....	28
3.7.2	การวิเคราะห์ข้อมูลเชิงตรวจสอบเบื้องต้น.....	29
3.7.3	ผลการวิเคราะห์ข้อมูลเชิงตรวจสอบเบื้องต้น.....	31
3.7.4	โมเดลรีเกรชันสุ่มรูปแบบต่าง ๆ ที่ใช้ในการวิจัย.....	31
3.7.5	การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน.....	36
3.7.6	เกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสมของโมเดลรีเกรชันสุ่ม.....	40
3.7.7	การประมาณค่าการผสมพันธุ์ และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม.....	41
3.7.8	สมการคำนวณความคงทนของการให้น้ำนมที่ใช้ในการวิจัย.....	43
4	ผลการวิเคราะห์ข้อมูลและการอภิปรายผล.....	45
4.1	เส้นโค้งการให้น้ำนมของลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ.....	45
4.2	การศึกษาเกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสม.....	46
4.3	ค่าประมาณองค์ประกอบความแปรปรวน.....	50
4.3.1	ค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม.....	50
4.3.2	ค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร.....	53
4.4	ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม และความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน.....	55

สารบัญ (ต่อ)

หน้า

4.5	ค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม.....	59
4.6	ค่าความคงทนของการให้น้ำนม และค่าประมาณอัตราพันธุกรรม.....	63
5	สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ.....	65
5.1	สรุปผลการวิจัย.....	65
5.2	ข้อเสนอแนะ.....	68
	รายการอ้างอิง.....	70
	ภาคผนวก.....	80
	ภาคผนวก ก ตารางรายงานผลการวิเคราะห์ข้อมูล.....	81
	ภาคผนวก ข ภาพประกอบการอธิบายผลการวิเคราะห์ข้อมูล.....	97
	ภาคผนวก ค การทำให้หน่วยของเวลาอยู่ในรูปมาตรฐาน และการคำนวณ eigenvalue.....	102
	ภาคผนวก ง การได้มาของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Modified Normalized Legendre Polynomial (MNLP).....	105
	ภาคผนวก จ ตัวอย่างไฟล์ชุดข้อมูล, คำสั่ง, และผลการวิเคราะห์ข้อมูลด้วยโปรแกรม สำเร็จรูป BLUPF90 DairyPak Version 3.0.2 และ SAS.....	117
	ประวัติผู้เขียน.....	128

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2.1	ลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจ และ โมเดลรีเกรซชันรูปแบบต่าง ๆ 19
2.2	แสดงฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม Legendre polynomial รูปแบบปกติ (Normalized Legendre Polynomial; NLP) 5 ลำดับแรก..... 25
3.1	โครงสร้างข้อมูลปริมาณน้ำฝนวันทดสอบของประชากร โคนม ที่ให้ลูกครั้งแรกของฟาร์ม โชคชัย..... 29
3.2	รายงานสรุปค่าสถิติเบื้องต้นของข้อมูลแบ่งตามเดือนให้น้ำนม..... 30
3.3	ชนิด และจำนวนสัมประสิทธิ์ของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Modified Normalized Legendre Polynomial (MNL)P) ที่ใช้ซ่อนในอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวก สะสม (α) และอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (γ)..... 33
4.1	จำนวนพารามิเตอร์ในเมทริกซ์ความแปรปรวน (ร่วม) ของสัมประสิทธิ์รีเกรซชัน ทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และสิ่งแวดล้อมแบบถาวร กับค่าประมาณของเกณฑ์ชี้วัด ที่คำนวณจากโมเดลรีเกรซชันแต่ละโมเดล..... 46
4.2	Eigenvalue ของ RRLP(3,3) RRLP(4,4) และ RRLP(5,5) และค่าสัดส่วนสัมพัทธ์ (relative proportion) เมื่อคิดเทียบเป็นเปอร์เซ็นต์..... 49
4.3	ค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม เมื่อวิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรซชันที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม รูปแบบ RRLP(k_α, k_γ)..... 50
4.4	ค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร เมื่อวิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรซชันที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม รูปแบบ RRLP(k_α, k_γ)..... 53
4.5	ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรซชันที่มีฟังก์ชัน ความแปรปรวนร่วมรูปแบบ RRLP(k_α, k_γ)..... 55
4.6	ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมและค่าประมาณ สหสัมพันธ์เชิงลำดับของสปีร์แมนระหว่างค่าความคงทนของการให้น้ำนม และค่าประมาณการผสมพันธุ์การให้น้ำนม 305 วัน..... 63

สารบัญภาพ

ภาพที่	หน้า
2.1	เส้นโค้งการให้น้ำนมของแม่โคนม ก และ แม่โคนม ข 9
3.1	เส้นโค้งการให้น้ำนม..... 43
4.1	ค่าเฉลี่ยปริมาณน้ำนมวันทดสอบในแต่ละเดือนให้น้ำนม แบ่งตามระดับสายเลือดโคนมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเซียน 4 กลุ่ม 45
4.2	กราฟค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม ตั้งแต่วันให้น้ำนมที่ 5 ถึง 305 วิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีฟังก์ชัน ความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial..... 51
4.3	กราฟค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร ตั้งแต่วันให้น้ำนมที่ 5 ถึง 305 วิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีฟังก์ชัน ความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial..... 54
4.4	กราฟค่าประมาณอัตราพันธุกรรม ตั้งแต่วันให้น้ำนมที่ 5 ถึง 305 วิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม รูปแบบ modified normalized Legendre polynomial..... 56
4.5	กราฟค่าประมาณอัตราพันธุกรรม และความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน ที่ประมาณค่าจากโมเดลรีเกรซชันสุ่มรูปแบบ RRLP(3,4)..... 58
4.6	กราฟค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อม ที่ประมาณค่าจากโมเดลรีเกรซชันสุ่มรูปแบบ RRLP(3,4)..... 59
4.7	กราฟเส้นโค้งการให้น้ำนมทางพันธุกรรมของพ่อพันธุ์ 5 ลำดับแรก (top five sire) ที่ประมาณค่าจากโมเดลรีเกรซชันสุ่มรูปแบบ RRLP(3,4)..... 60
4.8	กราฟค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมตลอดการให้น้ำนม ที่ประมาณค่าจากโมเดลรีเกรซชันสุ่มรูปแบบ RRLP(5,3)..... 61
4.9	กราฟค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมตลอดการให้น้ำนม ที่ประมาณค่าจากโมเดลรีเกรซชันสุ่มรูปแบบ RRLP(3,4)..... 62

คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ

Σ	=	summation
X	=	incidence matrix related to fixed effects
Z	=	incidence matrix containing covariance function coefficients related to additive genetic random regression coefficient for all animal
W	=	incidence matrix containing covariance function coefficients related to permanent environmental random regression coefficient for cows with records
y	=	vector of test day milk yield records for cows with records
β_{jm}	=	fixed regression coefficients of subclass j order m^{th}
α_{lm}	=	additive genetic random regression coefficients order m^{th} of animal l
γ_{lm}	=	permanent environmental random regression coefficients order m^{th} of cow l
$\hat{\alpha}_{kn}$	=	estimated additive genetic random regression coefficients order m^{th} of animal l
$\hat{\gamma}_{kn}$	=	estimated permanent environmental random regression coefficients order m^{th} of cow l
ε	=	random error (random residual, measurement error)
$\phi_m(t_o)$	=	covariance function order m^{th} of days in milk t_o
α	=	vector of additive genetic random regression coefficients
γ	=	vector of permanent environmental random regression coefficients
ε	=	vector of random error (random residual, measurement error)
k_α	=	number of additive genetic random regression coefficients
k_γ	=	number of permanent environmental random regression coefficients
K_α	=	variance-covariance matrix of additive genetic random regression Coefficients
K_γ	=	variance-covariance matrix of permanent environmental random regression coefficients

คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ (ต่อ)

\mathbf{G}	=	variance-covariance matrix of additive genetic random effects
\mathbf{P}	=	variance-covariance matrix of permanent environmental random effects
$V(\mathbf{y})$	=	variance of \mathbf{y}
\mathbf{R}	=	random residual variance-covariance matrix
\mathbf{A}	=	numerator relationship matrix
$EBV_l(t_o)$	=	estimated breeding value of cow l at days in milk t_o
RRW	=	random regression model with modified Wilmink covariance function nested in additive genetic and permanent environmental random effect
$RRLP(k_\alpha, k_\gamma)$	=	random regression model with number of MNLP covariance function coefficient equal to k_α nested in additive genetic random effect and k_γ nested in permanent environmental random effect
σ_p^2	=	population phenotypic variance
$\hat{\sigma}_p^2$	=	estimated phenotypic variance
σ_a^2	=	population additive genetic random effect variance
$\hat{\sigma}_a^2$	=	estimated additive genetic random effect variance
σ_{pe}^2	=	population permanent environmental random effect variance
$\hat{\sigma}_{pe}^2$	=	estimated permanent environmental random effect variance
σ_ε^2	=	population random error effect
$\hat{\sigma}_\varepsilon^2$	=	estimated random error effect
h^2	=	population heritability
\hat{h}^2	=	estimated heritability
305-DLR	=	305-Days Lactation Record
BLUE	=	Best Linear Unbiased Estimation
BLUP	=	Best Linear Unbiased Prediction
DM	=	Data Manipulation
EBV	=	Estimated Breeding Value
EDA	=	Exploratory Data Analysis
LP	=	Legendre Polynomial

คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ (ต่อ)

NLP	=	Normalized Legendre Polynomial
MNLP	=	Modified Normalized Legendre Polynomial
MME	=	Mixed Model Equation
RRM	=	Random Regression Model
TDM	=	Test Day Model
TDMY	=	Test Day Milk Yield
TDMYR	=	Test Day Milk Yield Record

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความสำคัญและที่มาของปัญหา

ความคงทนของการให้น้ำนม (persistence of lactation) ในแม่โคนมเป็นลักษณะประจำตัวของแม่โคนมแต่ละตัวในประชากรที่บ่งบอกถึงความสามารถในการรักษาระดับปริมาณน้ำนมรายวันภายหลังผ่านวันให้น้ำนมสูงสุดไปแล้ว (Harder, Bennewitz, Hinrichs, and Kalm, 2006) แม่โคนมที่มีอัตราการลดลงของปริมาณน้ำนมรายวันหลังวันให้น้ำนมสูงสุดต่ำกว่าค่าเฉลี่ยประชากรจะถูกพิจารณาว่าเป็นแม่โคนมที่มีความคงทนของการให้น้ำนมมากกว่ากลุ่มแม่โคนมที่มีอัตราการลดลงของปริมาณน้ำนมรายวันภายหลังวันให้น้ำนมสูงสุดสูงกว่าค่าเฉลี่ยประชากร (Grossman, Hartz, and Koops, 1999; Togashi and Lin, 2004) ทั้งนี้ไม่ได้หมายความว่าความรวมถึงแม่โคนมที่มีจำนวนวันให้น้ำนมยาวออกไปเนื่องจากปัญหาการผสมไม่ติดและปัญหาการจัดการไม่เหมาะสม (วารสารกิจพิพิธ, 2545) และพบว่าแม่โคนมที่มีความคงทนของการให้น้ำนมมากกว่าค่าเฉลี่ยของประชากรสามารถสร้างผลกำไรให้กับผู้ผลิตโคนมได้มากกว่า (Dekkers, Ten Hag, and Weersink, 1997) เพราะแม่โคนมดังกล่าวสามารถใช้ประโยชน์จากอาหารที่มีสัดส่วนของอาหารหยาบ (roughage) เพิ่มมากขึ้น (Sölkner and Fuchs, 1987) มีปัญหาความเครียดทางสรีรวิทยา (physiological stress) น้อยกว่า เนื่องจากสามารถปรับสมดุลพลังงานช่วงแรกของการให้น้ำนมหลังคลอด (postpartum) ได้เร็ว ลดความเสี่ยงต่อการเป็นโรค (Capuco et al., 2003) เป็นผลทำให้แม่โคนมที่มีคุณสมบัติต่าง ๆ ข้างต้นเป็นที่ต้องการทั้งด้านสรีรวิทยา และเศรษฐกิจ (Jakobsen, Madsen, Jensen, Pedersen, Christensen, and Sorensen, 2002)

การแสดงออกของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในแม่โคนมแต่ละตัวในประชากรมีความแตกต่างกัน เป็นผลเนื่องมาจากทั้งความแตกต่างด้านความสามารถทางพันธุกรรม และปัจจัยทางสิ่งแวดล้อมที่แม่โคนมแต่ละตัวได้รับ เช่นเดียวกันกับลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative trait) ที่เป็นลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจอื่น ๆ (economic important traits) อาทิเช่น ลักษณะปริมาณน้ำนม (milk yield) และ องค์ประกอบน้ำนมต่าง ๆ (milk components) เป็นต้น จากการศึกษาเอกสารงานวิจัยพบว่าลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมของการให้น้ำนม มีค่าประมาณอัตราพันธุกรรมแตกต่างกัน ขึ้นอยู่กับค่านิยามหรือสมการที่ใช้ในการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม โดยการให้น้ำนมครั้งแรก (first lactation) มีค่าประมาณอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วงระหว่าง 0.1 ถึง 0.24 (Jakobsen et al., 2002; Gengler, Keown, and Van Vleck, 1995; Muir, Fatehi, and Schaeffer, 2004)

จากเหตุผลต่าง ๆ ดังที่ได้กล่าวข้างต้นจึงมีความเป็นไปได้ในการคัดเลือกโคนมที่มีความสามารถทางพันธุกรรมของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมมากกว่าค่าเฉลี่ยประชากรไว้เป็นพ่อแม่พันธุ์ของ โคนมรุ่นถัดไปได้ โดยอาศัยเครื่องมือสำคัญในการคัดเลือกโคนมตามความสามารถทางพันธุกรรม คือ การประเมินพันธุกรรมโคนม (genetic evaluation of dairy cattle) อย่างไรก็ตามการประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมจะมีความถูกต้องสมเหตุสมผลมากน้อยเพียงใดนั้นขึ้นอยู่กับค่านิยาม หรือสมการที่ถูกนำมาใช้ในการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนมของแม่โคนมแต่ละตัวในประชากร (Cole and VanRaden, 2006)

ปัจจุบันประเทศไทยใช้ข้อมูลบันทึกการให้น้ำนม 305 วัน (305-Days Lactation Record; 305-DLR) ในการวิเคราะห์ด้วยโมเดลตัวสัตว์ (animal model) เพื่อประเมินพันธุกรรมลักษณะการให้น้ำนม 305 วัน (genetic evaluation of 305-days lactation) ของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรก (primiparous crossbred Holstein-Friesian dairy cattle) เพื่อหวังผลในการศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมที่ชัดเจน เนื่องจากการแสดงออกของลักษณะการให้น้ำนมของแม่โคนมที่ให้ลูกครั้งแรกยังไม่ถูกระทบจากอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมมากเหมือนกับการให้น้ำนมครั้งถัดไป และอีกเหตุผลสำคัญประการหนึ่งสำหรับการประเมินพันธุกรรมจากบันทึกการให้น้ำนมของโคนมที่ให้ลูกครั้งแรก เพื่อลดช่วงห่างระหว่างรุ่น (generation interval) ซึ่งจะส่งผลให้เกิดความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (genetic progress) มากกว่า เนื่องจากไม่ต้องรอเก็บบันทึกการให้น้ำนมครั้งที่ 2, 3

การจัดทำข้อมูลบันทึกการให้น้ำนม 305 วัน ทำโดยการสุ่มเก็บข้อมูล และบันทึกปริมาณน้ำนมทุกเดือนจากฟาร์มโคนมของเกษตรกร (องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อ.ส.ค.), 2551) เรียกข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมในวันที่เจ้าหน้าที่เข้าเก็บว่า “ข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ (Test Day Milk Yield Record Data; TDMYR)” จากนั้นจึงนำข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบไปคำนวณเป็นข้อมูลการให้น้ำนม 305 วัน ด้วยวิธีการต่าง ๆ ตัวอย่างการคำนวณได้แก่ Test Interval Method (TIM) เสนอโดย Sargent, Lytton, and Wall, (1968) อย่างไรก็ตามด้วยความก้าวหน้าทางด้านสถิติ และคอมพิวเตอร์ได้มีการพัฒนาโมเดลทางสถิติรูปแบบที่เรียกว่า โมเดลรีเกรสชันสุ่ม (Random Regression Model; RRM) สำหรับวิเคราะห์ข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบที่ถูกเก็บอย่างต่อเนื่อง (Longitudinal Data; LD) ในแต่ละวันทดสอบของการให้น้ำนมได้โดยตรง และพบว่าโมเดลรีเกรสชันสุ่มมีประสิทธิภาพในการประเมินพันธุกรรมโคนมมากขึ้น (Schaeffer, 2004) เนื่องจากสามารถปรับหรืออธิบายอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบชั่วคราว (Temporary Environmental Effect; TEE) ที่มีผลกระทบโดยตรงต่อปริมาณน้ำนมในแต่ละวันทดสอบ ช่วยลดความคลาดเคลื่อนของข้อมูลเพราะไม่ต้องปรับขยาย TDMYR เป็น 305DLR ประการสำคัญที่สุดโมเดลรีเกรสชันสุ่มสามารถประมาณค่าการผสมพันธุ์ (Estimated Breeding Value; EBV) ได้ตลอดการให้น้ำนมแต่ละครั้ง จึงสามารถนำ EBV ที่ประมาณค่าได้ในแต่ละวันให้

น้ำหนักของโคนมทุกตัวไปคำนวณเป็นค่าความคงทนของการให้น้ำนมทางพันธุกรรมของโคนมแบบรายตัวในประชากร (Ptak and Schaeffer, 1993; Swalve, 2000)

การใช้โมเดลรีเกรซชันสุ่มให้มีประสิทธิภาพจำเป็นต้องใช้ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม (Covariance Function; CF) หรือฟังก์ชันการให้น้ำนม (Days In Milk Function; DIMF) ที่เหมาะสมเข้าซ้อนอยู่ทั้งในส่วนของอิทธิพลสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (Additive Genetic Random Effect; AGRE) และในส่วนของอิทธิพลสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (Permanent Environmental Random Effect; PERE) (Olori, Hill, McGuirk, and Brotherstone, 1999b) เพื่อให้ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนต่าง ๆ ของลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบที่ประมาณค่าได้มีความถูกต้อง และสมเหตุสมผล ที่ผ่านมามีการศึกษาประชากรโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรกของฟาร์มโคนมโชคชัยในประเทศไทยด้วยโมเดลรีเกรซชันสุ่ม พบว่าฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Modified Normalized Legendre Polynomial (MNL) ที่มีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม (Covariance Function Coefficient; CFC) จำนวน 3 สัมประสิทธิ์ (intercept, linear, และ quadratic) ซ้อนอยู่ทั้งในส่วนของอิทธิพลสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และอิทธิพลสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร ทำให้ผลการประเมินพันธุกรรมน้ำนมวันทดสอบด้วยโมเดลรีเกรซชันสุ่มรูปแบบดังกล่าวมีประสิทธิภาพสูงสุดสำหรับการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนเมื่อเทียบกับโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบของ Wood และ Wilmink (ปิยะนันท์ นวลหนูปล้อง, 2551) ถึงกระนั้นก็ตามสำหรับประเด็นนี้ผู้วิจัยมีสมมติฐานตั้งต้นว่าจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ LP ที่ซ้อนในส่วนของอิทธิพลสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรควรมากกว่า 3 สัมประสิทธิ์ เนื่องจากรูปแบบความแปรปรวนในส่วนของอิทธิพลสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร ตลอดช่วงการให้น้ำนมมีการผันแปรขึ้นลง (oscillation) ซ้ำซ้อนกว่าที่จะใช้สัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมเพียง 3 สัมประสิทธิ์

ดังนั้นการทำวิทยานิพนธ์ครั้งนี้จึงเปรียบเทียบโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีรูปแบบ และจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมแตกต่างกัน ทั้งในส่วนของอิทธิพลสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร ร่วมกับการศึกษาเกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสมต่าง ๆ (Goodness Of Fits Criteria; GOF) ของโมเดลรีเกรซชันสุ่มดังกล่าวสำหรับเลือกรูปแบบ และกำหนดจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่เหมาะสมในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม เพื่อใช้ประเมินพันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ และนำค่าดังกล่าวไปใช้ประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ที่ให้ลูกครั้งแรกด้วยสมการ และคำนิยามที่แตกต่างกันต่อไป

1.2 วัตถุประสงค์การวิจัย

1.2.1 ศึกษารูปแบบ และจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่เหมาะสมประกอบในโมเดลรีเกรซชันสุ่มสำหรับปรับรูปร่างเส้นโค้งการให้น้ำนมทางพันธุกรรมของโคนมลูกผสมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรกของประชากรโคนมฟาร์มโชคชัย

1.2.2 เพื่อประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบของโคนมลูกผสมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรกของประชากรโคนมฟาร์มโชคชัย โดยใช้โมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีความเหมาะสม

1.2.3 เพื่อประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรกของประชากรโคนมฟาร์มโชคชัย โดยใช้โมเดลรีเกรซชันสุ่ม

1.3 สมมติฐานการวิจัย

1.3.1 ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Modified Normalized Legendre Polynomial (MNLP) สามารถลดความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนสุ่มได้มากกว่าฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified exponential (modified Wilmink)

1.3.2 จำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ LP ที่ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรของโมเดลรีเกรซชันสุ่มควรมีจำนวนมากกว่า 3 สัมประสิทธิ์

1.3.3 ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนส่วนต่าง ๆ ของลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบที่ประมาณค่าได้จากโมเดลรีเกรซชันสุ่มมีความแตกต่างกันเมื่อมีการเปลี่ยนรูปแบบ และจำนวนสัมประสิทธิ์ของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมในโมเดลรีเกรซชันสุ่ม

1.3.4 พ่อ และแม่พันธุ์โคนมแต่ละตัวในประชากรโคนมเป้าหมายมีความสามารถทางพันธุกรรมแตกต่างกันในลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม

1.4 ข้อตกลงเบื้องต้น

สมมติให้ความคลาดเคลื่อนสุ่มของโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่ศึกษามีการแจกแจงความน่าจะเป็นแบบปกติ และเป็นอิสระต่อกัน (normal and independent distribution) มีค่าเฉลี่ยเท่ากับศูนย์ และมีความแปรปรวนเท่ากัน (homogeneity of variance)

1.5 ขอบเขตการวิจัย

การศึกษาวิจัยครั้งนี้ทำการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ เพื่อประเมินพันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ และลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมแบบรายตัวจากบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ (TDMYR) ของประชากรโคนมเป้าหมายที่

เป็นโคนมลูกผสมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเซียนหลากหลายระดับสายเลือด ภายใต้การจัดการเลี้ยงดูและสภาพแวดล้อมของฟาร์มโชคชัย ตำบลหนองแดง อำเภอปากช่อง จังหวัดนครราชสีมา โดย บันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ ดังกล่าวข้างต้นเป็นบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบแบบรายตัวของโคนมเพศเมียที่ให้ผลผลิตน้ำนมเป็นครั้งแรก ระหว่างปีพุทธศักราช 2537 ถึง 2547

1.6 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1.6.1 ฟาร์มโชคชัยได้โมเดลรีเกรชันกลุ่มที่มีรูปแบบ และจำนวนสัมประสิทธิ์ของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่เหมาะสมไว้ใช้สำหรับคัดเลือกโคนมตามความสามารถทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ ได้อย่างสมเหตุสมผลตรงตามวัตถุประสงค์ของการผสมพันธุ์ที่ทางฟาร์มกำหนด

1.6.2 ฟาร์มโชคชัยทราบศักยภาพทางพันธุกรรมของประชากรโคนมภายในฟาร์ม ว่าควรคัดเลือกโคนมพ่อแม่พันธุ์จากประชากรโคนมที่มีอยู่ หรือควรนำเข้าพันธุกรรมใหม่จากภายนอก จากค่าประมาณองค์ประกอบความแปรปรวนต่าง ๆ ตลอดจนค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ และสามารถสื่อสารสนเทศต่าง ๆ ดังกล่าวกำหนดแผนการผสมพันธุ์ และปรับปรุงการจัดการเลี้ยงดูโคนมภายในประชากรโคนมได้อย่างเหมาะสมต่อไป

1.6.3 เสนอเกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสมแนวทางใหม่ เพื่อใช้เปรียบเทียบ โมเดลรีเกรชันกลุ่มต่อสังคมวิชาการการปรับปรุงพันธุ์ปศุสัตว์ในประเทศไทย

บทที่ 2

ปริทัศน์วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

การผลิตโคนม (dairy cattle production) ที่ประยุกต์ใช้ประโยชน์จากหลักการผสมพันธุ์สัตว์ (animal breeding method) ได้รับความสนใจกับการปรับปรุงพันธุกรรมลักษณะต่าง ๆ ที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ (economic important traits) ของโคนมในประชากร ตัวอย่างเช่น ลักษณะปริมาณน้ำนม 305 วัน (305-days milk yield trait) ลักษณะองค์ประกอบน้ำนม (milk components trait) ลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ (test day milk yield trait) และลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม (lactation persistency trait) เป็นต้น เนื่องจากเป็นการปรับปรุงอย่างถาวรสามารถถ่ายทอดผลการปรับปรุงสู่ประชากรโคนมรุ่นลูกหลานให้มีความสามารถทางพันธุกรรมไปในทิศทางที่ผู้ผลิตต้องการ โดยหลักการผสมพันธุ์สัตว์ที่บูรณาการความรู้ด้านพันธุศาสตร์เชิงปริมาณ (quantitative genetics) และระเบียบวิธีการทางสถิติ (statistical method) ภายใต้เงื่อนไขของบริบททางการผลิตโคนม (dairy cattle production contexts) ช่วยให้นักผสมพันธุ์สัตว์ (animal breeder) ทราบศักยภาพทางพันธุกรรมของประชากรโคนมได้จากการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมต่าง ๆ (variance components and genetic parameter estimation) อาทิ เช่น ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม (estimated heritability, h^2) ค่าประมาณอัตราซ้ำ (estimated repeatability) เป็นต้น (Falconer, 1996) จากนั้นนักผสมพันธุ์สัตว์ใช้สารสนเทศต่าง ๆ (information) ดังกล่าวเป็นพื้นฐานกำหนดวิธีการผสมพันธุ์ (mating method) ตลอดจนทำการคัดเลือก (selection) โคนมที่มีความสามารถทางพันธุกรรมยอดเยี่ยม (genetically superior dairy cattle) ไว้เป็นพ่อ และแม่พันธุ์ของประชากรโคนมรุ่นถัดไปในอนาคตได้จากค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ (Estimated Breeding Value; EBV) เพื่อทำให้เกิดความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (genetic progress) ตามที่กำหนดไว้ในวัตถุประสงค์ของการผสมพันธุ์ (breeding objective) (Simm, 2000)

อย่างไรก็ตามการดำเนินงานเพื่อให้สัมฤทธิ์ผลตรงตามวัตถุประสงค์ของการผสมพันธุ์ พบว่าขึ้นอยู่กับชนิด หรือรูปแบบของโมเดลทางสถิติ (statistical models) ประกอบกับกลวิธี (algorithm) ที่ใช้สำหรับประมาณค่าพารามิเตอร์ ตลอดจนลักษณะของข้อมูล (data characteristic) และวิธีการเก็บรวบรวมบันทึกข้อมูลการให้ผลผลิตที่มีความสมเหตุสมผล (validity) น่าเชื่อถือ (reliability) ดังนั้นยังคงมีความจำเป็นต้องทำการศึกษาโมเดลทางสถิติ ตลอดจนวิธีการประมาณค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมสำหรับวิเคราะห์ข้อมูลลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจต่าง ๆ ของประชากรโคนมที่ศึกษา

2.1 ลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ

การเลี้ยงโคนม ผู้เลี้ยงจะทำการชั่งน้ำหนัก หรือวัดปริมาณ และทำการจดบันทึกปริมาณน้ำนมที่รีดได้ในแต่ละวัน ตั้งแต่แม่โคนมเริ่มมีการให้น้ำนมภายหลังการคลอดลูกโค (postpartum period) จนถึงวันสุดท้ายของการให้น้ำนม แต่จะมีบางวันหรือบางบันทึกปริมาณน้ำนมเท่านั้น ที่จะถูกชั่งจดบันทึกน้ำหนัก พร้อมกับสุ่มเก็บตัวอย่างน้ำนมไปทดสอบ เพื่อวิเคราะห์หาองค์ประกอบน้ำนมที่สำคัญต่าง ๆ (milk components) ได้แก่ เปอร์เซ็นต์โปรตีน (protein percentage), เปอร์เซ็นต์ไขมันน้ำนม (fat percentage) และอื่น ๆ เป็นต้น เรียกบันทึกปริมาณน้ำนมในวันดังกล่าวว่าเป็นบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ (Test Day Milk Yield Record; TDMYR) หรืออาจเรียกว่า บันทึกวันทดสอบ (Test Day Record; TDR) การดำเนินการจดบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบดังกล่าวข้างต้น อาจกระทำโดยเจ้าของฟาร์ม หรือเจ้าหน้าที่จากหน่วยงานราชการ สำหรับประเทศไทยการจดบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบโดยบางหน่วยงานของรัฐ อาทิเช่น องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อ.ส.ค.) จะส่งเจ้าหน้าที่ออกสุ่มเก็บบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบจากฟาร์มโคนมที่อยู่ในพื้นที่รับผิดชอบ และมีช่วงห่างประมาณเดือนละหนึ่งครั้ง ที่ผ่านมาในอดีตจนถึงปัจจุบันบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบไม่ได้ถูกนำไปวิเคราะห์ทางสถิติ เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม และประเมินพันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนมของโคนมในประชากรโดยตรง แต่จะถูกนำไปคำนวณรวมเป็นบันทึกการให้น้ำนมปรับตามระยะเวลาให้น้ำนมมาตรฐาน 305 วัน หรือที่มักเรียกว่า บันทึกการให้น้ำนมรวม 305 วัน (305-Days Lactation Record; 305-DLR) ตามวิธีการคำนวณของ Sargent, Lytton, and Wall, (1968) เมื่อคำนวณปริมาณน้ำนมรวมปรับที่วันให้น้ำนมมาตรฐาน 305 วัน จากบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ จึงจะทำการจดบันทึกค่าปริมาณน้ำนมรวม 305 วัน ดังกล่าวเป็นบันทึกการให้น้ำนม 305 วัน เพื่อนำไปใช้ในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ตลอดจนทำการประเมินพันธุกรรมลักษณะการให้น้ำนม 305 วัน ด้วยวิธีการทางสถิติที่มีความเหมาะสมต่อไป (องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย, 2551)

อย่างไรก็ตามพบว่าในทางปฏิบัติการเก็บข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ บางครั้งอาจกระทำได้อย่างไม่สมบูรณ์ อันมีสาเหตุได้หลายประการ เช่น แม่โคนมลัมปวย หรือถูกขายไปยังฟาร์มแห่งอื่น ก่อนที่การให้น้ำนมจะครบตามเวลามาตรฐาน 305 วัน (Jamrozik and Schaeffer, 1997b) ทำให้แม่โคนมแต่ละตัวมีบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ แตกต่างกันไประหว่าง 7-10 บันทึก สำหรับการคำนวณบันทึกการให้น้ำนม 305 วัน จนเป็นสาเหตุทำให้เกิดความคลาดเคลื่อนได้เมื่อนำไปประเมินพันธุกรรมโคนมโดยตรง

โดยธรรมชาติความสามารถในการให้น้ำนม 305 วัน หรือปริมาณน้ำนมวันทดสอบของแม่โคนมแต่ละตัวจะมีความแตกต่างกันทั้งภายในประชากร หรือระหว่างประชากร และความแตกต่างในความสามารถของการให้น้ำนมดังกล่าว เป็นผลเนื่องมาจากแม่โคนมแต่ละตัวมีปัจจัยพื้นฐานทาง

พันธุกรรม และได้รับการจัดการทางสิ่งแวดล้อมที่แตกต่างกัน การศึกษาทางด้านพันธุศาสตร์เชิงปริมาณ (quantitative genetics) ซึ่งเป็นรากฐานสำคัญของทฤษฎีทางการผสมพันธุ์สัตว์ (theoretical foundations for animal breeding) ให้ความสนใจถึงปัจจัยที่เป็นสาเหตุ (causes) ทำให้สัตว์มีความแตกต่างทางพันธุกรรม ตลอดจนศึกษาถึงความสัมพันธ์ของปัจจัยทางพันธุกรรม และสิ่งแวดล้อม (Falconer, 1996) ที่ส่งผลทำให้เกิดความแตกต่างในการให้ผลผลิตของสัตว์แต่ละตัวในประชากร

โดยปัจจัยทางพันธุกรรมที่มีอิทธิพลต่อความแปรปรวนของลักษณะปริมาณนั้น วันทดสอบจะมีความแตกต่างกันไประหว่างประชากรสู่ประชากร ซึ่งการศึกษาทางพันธุศาสตร์เชิงปริมาณจะแสดง หรือชี้วัดว่าสัดส่วนความแปรปรวนของลักษณะปรากฏของประชากรโคนมใด ๆ เป็นผลอันเนื่องมาจากความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม ด้วยค่าพารามิเตอร์สำคัญ พารามิเตอร์หนึ่ง เรียกว่า “อัตราพันธุกรรมนัยแคบ (narrow sense heritability; h^2)” จากการศึกษาเอกสารงานวิจัยทางการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณนั้น วันทดสอบในโคนมที่ให้ลูกครั้งแรก (genetic parameter estimation of primiparous dairy cattle) โดยใช้โมเดลรีเกรชันกลุ่ม พบว่าค่าประมาณอัตราพันธุกรรม (h^2) มีค่าอยู่ในช่วงตั้งแต่ 0.19 ถึง 0.44 (Bohmanova, Miglior, Jamrozik, Misztal, and Sullivan, 2008; Brotherstone, White, and Meyer, 2000; Mrode, Swanson, and Lindberg, 2002; Mrode, and Coffey, 2008; Muir, , Kistemaker, Jamrozik, and Canavesi, 2007; Ptak, and Schaeffer, 1993; Swalve, 1995; Van der Werf, Goddard, and Meyer, 1998; White, Thompson, and Brotherstone, 1999)

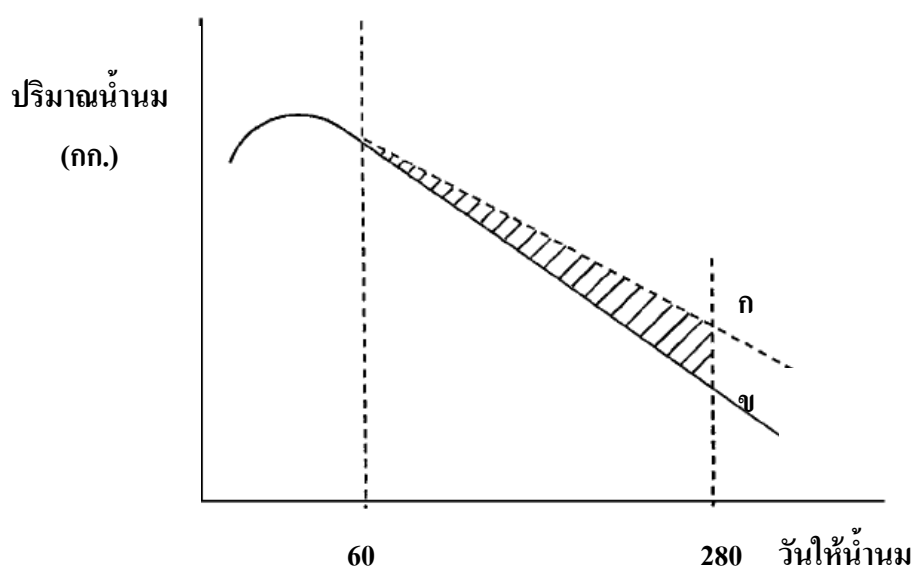
ส่วนปัจจัยทางสิ่งแวดล้อม หรือปัจจัยคงที่ที่มีอิทธิพลต่อลักษณะปริมาณนั้น วันทดสอบ จากการศึกษาเอกสารงานวิจัยข้างต้น พบว่ามีปัจจัยมีอยู่หลายปัจจัยด้วยกัน ขึ้นอยู่กับงานวิจัยของนักวิจัยแต่ละคน ตัวอย่างเช่น Bohmanova et al. (2008) พิจารณาใช้ปัจจัยพื้นที่-อายุ-ฤดูกาล Brotherstone et al. (2000) พิจารณาปัจจัยอายุเมื่อคลอดลูก และระดับสายเลือดโคนมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนสายพันธุ์อเมริกาเหนือ Mrode et al. (2002) และ Mrode and Coffey (2008) พิจารณาใช้ปัจจัยร่วมระหว่างอายุเมื่อคลอดกับฤดูกาลคลอด Muir et al. (2007) พิจารณาใช้ปัจจัยร่วมระหว่างอายุ-ฤดูกาลคลอด Ptak and Schaeffer (1993) พิจารณาใช้ปัจจัยร่วมระหว่างอายุ-ฤดูกาลคลอด Swalve (1995) พิจารณาใช้ปัจจัยอายุเมื่อคลอดลูก White et al. (1999) พิจารณาใช้ปัจจัยอายุ และกลุ่มพันธุ์โคนมโฮลสไตน์-ฟรีเซียน โดยทุกงานวิจัยพิจารณาใช้ปัจจัยดังกล่าวข้างต้นเป็นปัจจัยคงที่ที่ขึ้นอยู่กับเวลา (time-dependent) หรือวันให้น้ำนม ในโมเดล

สังเกตได้ว่าทุกงานวิจัยใช้อิทธิพลของฝูงวันทดสอบ (Herd-TestDate; HTD) เป็นอิทธิพลของกลุ่มการจัดการชั่วคราว (contemporary group) ปรับในโมเดล

2.2 ลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนม

2.2.1 นิยามของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม

ความคงทนของการให้น้ำนมในโคนม หมายถึง ความสามารถของแม่โคนมแต่ละตัว ในการรักษาระดับของการให้ผลผลิตน้ำนมให้คงที่อย่างต่อเนื่องภายหลังจากการให้น้ำนมสูงสุด (peak yield) (Muir, Fatehi, and Schaeffer, 2004) หรือหมายถึง อัตราการลดลงของปริมาณน้ำนม รายวัน (daily milk yield) ภายหลังจากการให้น้ำนมผ่านวันให้น้ำนมมากที่สุดไปแล้วในแต่ละครั้งของการให้น้ำนม (Lin and Togashi, 2005) หรือในมุมมองทางด้านสรีรวิทยา Capuco et al., (2003) อธิบายความคงทนของการให้น้ำนม หมายถึง ความสามารถในการรักษาจำนวนเซลล์และกิจกรรม การทำงานของเซลล์สร้างน้ำนม (milk secreting cells) ให้มีจำนวนและการทำงานคงที่ต่อเนื่องกัน ไปตลอดการให้น้ำนมของโคนม



ภาพที่ 2.1 เส้นโค้งการให้น้ำนมของแม่โคนม ก และแม่โคนม ข

ที่มา : ดัดแปลงมาจาก Jamrozik, Schaeffer, and Dekkers, 1997c

ปริมาณน้ำนมที่แม่โคนมผลิตได้ในแต่ละวัน เป็นตัวกำหนดรูปร่างลักษณะเส้นโค้งการให้น้ำนม (lactation curve) ของแม่โคนมแต่ละตัวภายในประชากร และมีความแตกต่างกันไประหว่างแม่โคนมแต่ละตัว อันมีสาเหตุมาจากแม่โคนมแต่ละตัวได้รับผลกระทบจากปัจจัยทางพันธุกรรม

(genetic factor) และทางสิ่งแวดล้อม (environmental factor) ที่แตกต่างกันไปขณะแม่โคนมให้น้ำนม ตัวอย่างเช่น อายุและฤดูกาลเมื่อคลอดของแม่โคนม (age and season of calving) ระดับการจัดการภายในฟาร์มต่าง ๆ (management levels) หรือ สภาพของภูมิอากาศ (climate condition) เป็นต้น (Togashi and Lin, 2003; Togashi and Lin, 2004) หากพิจารณารูปร่างของเส้นโค้งการให้น้ำนม หลังวันที่แม่โคนมแต่ละตัวให้ผลผลิตน้ำนมสูงสุดในแต่ละครั้งของการให้น้ำนม หรือถึงจุดสูงสุดของการให้น้ำนม พบว่ากลุ่มของแม่โคนมที่ให้ผลผลิตน้ำนมรวม 305 วัน เท่ากันอาจมีความลาดชันของเส้นโค้งการให้น้ำนมภายหลังจากที่ผ่านวันให้น้ำนมสูงสุดไปแล้ว แตกต่างกันได้ (Cole and VanRaden, 2006; Harder et al., 2006) ตัวอย่างเช่น แม่โคนม ก ให้ผลผลิตน้ำนมรวม 305 วัน 3,850 กิโลกรัม เท่ากันกับแม่โคนม ข แต่แม่โคนม ก มีจุดสูงสุดของการให้น้ำนมต่ำกว่าแม่โคนม ข กรณีนี้จะทำให้แม่โคนม ก มีความลาดชันของเส้นโค้งการให้น้ำนมหลังผ่านจุดสูงสุดไปแล้วน้อยกว่า ส่งผลให้เกิดอัตราการลดลงของการให้น้ำนมช้ากว่า เป็นผลทำให้เส้นโค้งการให้น้ำนมของแม่โคนม ก มีความราบเรียบมากกว่า แม่โคนม ข ดังแสดงในภาพที่ 2.1

ดังนั้นมุมมองของนักผสมพันธุ์สัตว์ (animal breeder point of view) จึงมีความสมเหตุสมผลเพียงพอที่จะทำการศึกษาด้านพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมต่าง ๆ อันเป็นสาเหตุทำให้เกิดความแตกต่างของเส้นโค้งการให้น้ำนมของ โคนมแต่ละตัวในประชากร โคนมเป้าหมาย เพื่อปรับปรุงพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม (Togashi and Lin, 2003) โดยพบว่ากุญแจสำคัญของการศึกษาด้านพันธุกรรมของลักษณะดังกล่าวใน โคนม ได้แก่ การประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม (genetic evaluation of lactation persistency trait) เพื่อจัดลำดับ โคนม (rank) ที่มีความเป็นเลิศ (merit) ตามความสามารถทางพันธุกรรม โดยผลการประเมินพันธุกรรมดังกล่าวจะมีความแม่นยำ (accuracy) ที่เที่ยงตรง (precision) มากน้อยเพียงใดนั้น Cole and VanRaden (2006) อธิบายว่าขึ้นอยู่กับ คำนิยาม, คำจำกัดความ (definition) ของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมที่ได้ถูกกำหนดขึ้นไว้ ในแต่ละงานวิจัย (Jakobsen, Madsen, Jensen, Pedersen, Christensen, and Sorensen, 2002; Jamrozik, Schaeffer, and Dekkers, 1997c; Swalve, 2000) และยังไม่ปรากฏหลักฐานที่แน่นอนชัดเจนว่า โมเดลทางคณิตศาสตร์แบบใด (mathematical model) เป็น โมเดลที่เหมาะสมที่สุดสำหรับการประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม ใน โคนม (Grossman, Hartz, and Koops, 1999)

2.2.2 ความสำคัญทางเศรษฐกิจของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม

ลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนม ถูกพิจารณาเป็นลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ (economic important trait) เพราะว่าแม่โคนมที่มีความคงทนของการให้น้ำนมมากกว่าค่าเฉลี่ยของฝูง สามารถสร้างผลกำไร (profitable) ให้กับผู้ผลิตโคนมมากกว่า (Dekkers, Ten Hag, and Weersink, 1998) เนื่องจากแม่โคนมสามารถบริโภคอาหารที่มีสัดส่วนอาหารหยาบ (roughage) เพิ่มมากขึ้น (Solkner and Fuchs, 1987) ตลอดจนสามารถช่วยลดปัญหาความเครียดทางสรีรวิทยา (physiological stress) ของโคนม เพราะว่าแม่โคนมที่ลดระดับของเส้นโค้งการให้น้ำนมอย่างรวดเร็ว หรือ มีความคงทนของการให้น้ำนมต่ำกว่าค่าเฉลี่ยฝูง จะไม่สามารถบริโภคโภชนาต่าง ๆ ได้อย่างพอเพียง ในช่วงสัปดาห์แรกของการให้น้ำนมหลังคลอด (postpartum) เป็นผลทำให้แม่โคนมต้องอยู่ในสภาวะขาดสมดุลทางด้านพลังงาน (negative energy balance) มีความต้านทานความร้อนน้อย และเพิ่มความเสี่ยงของการเป็นโรคต่าง ๆ (Capuco et al., 2003) นอกจากนี้ Jakobsen et al. (2002) อธิบายว่าการทำให้เส้นโค้งการให้น้ำนมของแม่โคนมมีความราบเรียบ โดยไม่ทำให้ผลผลิตน้ำนมโดยรวมลดลง เป็นสิ่งที่ต้องการทั้งด้านเศรษฐกิจ และด้านสรีรวิทยา

ตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบัน ลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนม ได้รับความสนใจจากผู้ผลิตโคนมมาโดยตลอด เนื่องจากลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม มีผลกระทบต่อต้นทุน (cost) ของการเลี้ยงโคนม โดยพบว่าแม่โคนมที่เริ่มต้นการให้ผลผลิตน้ำนมในปริมาณที่สูง แต่มีอัตราการลดลงของปริมาณน้ำนมรายวันหลังผ่านจุดสูงสุดไปแล้วอย่างรวดเร็ว หรือมีความคงทนของการให้น้ำนมต่ำกว่าค่าเฉลี่ยฝูง ต้องการบริโภคอาหารที่มีสัดส่วนของอาหารชั้น (concentrate) มาก เพื่อตอบสนองความต้องการทางด้านพลังงาน ในระยะเริ่มต้นของการให้น้ำนม (early stage of lactation) เป็นผลทำให้ต้องมีภาระต้นทุนค่าอาหารสูงมากขึ้น นอกจากนี้อาจมีผลกระทบอื่น ๆ ทางด้านสุขภาพตามมาได้อีก เนื่องจากในสูตรอาหารที่มีสัดส่วนอาหารชั้นสูง จะเป็นสาเหตุโน้มนำทำให้แม่โคนมเกิดความเสี่ยงต่อการเป็นโรคต่าง ๆ อาทิเช่น acidosis, และ displaced abomasums เป็นต้น (Gengler, Keown, and Van Vleck, 1995) นอกจากนี้การดึงพลังงานสำรองจากไขมันร่างกาย เพื่อรักษาระดับความสมดุลพลังงานของร่างกายแม่โคนม ซึ่งเป็นกรณีที่พบในแม่โคนมที่ให้ผลผลิตน้ำนมสูงในช่วงเริ่มต้นของการให้น้ำนม จะเพิ่มโอกาสของการเป็น acetonemia และก่อให้เกิดความเสียหายต่อระบบสืบพันธุ์ได้ในที่สุด ดังนั้นแม่โคนมที่มีลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมสูงกว่าค่าเฉลี่ยฝูง จะมีประสิทธิภาพในการใช้ประโยชน์จากอาหารที่มีสัดส่วนของอาหารหยาบ (roughage) ในสูตรอาหารสูงกว่า (Solkner and Fuchs, 1987) และลดความเสี่ยงต่อการเกิดเหตุการณ์ไม่พึงประสงค์ต่าง ๆ ดังกล่าวข้างต้นได้ จนสามารถเพิ่มผลกำไรให้กับผู้ประกอบการเลี้ยงโคนม (Dekkers et al., 1998) เป็นสาเหตุให้ลักษณะความคงทนของการให้น้ำ-

นมในโคนมเป็นลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ

2.2.3 วิธีการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม (measurement of lactation persistency) ในโคนม

วิธีการคำนวณความคงทนของการให้น้ำนมในโคนม เพื่อวัดค่าลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม ที่ปรากฏในเอกสารงานวิจัยมีอยู่หลากหลาย (Cole and VanRaden, 2006; Jamrozik, Kistemaker, Dekkers, and Schaeffer, 1997a; Jamrozik et al., 1997c; Lin and Togashi, 2005; Silvertre, Petim-Batista, and Colaco, 2006; Solkner and Fuchs, 1987; Togashi and Lin, 2003; Togashi and Lin 2004) และสามารถจำแนกออกเป็นเกณฑ์วิธีต่าง ๆ 4 วิธี ได้แก่

1. วิธีการคำนวณจากค่าพารามิเตอร์ของเส้นโค้งการให้น้ำนม (criteria derived from the parameter of the lactation curve)
2. วิธีการคำนวณจากอัตราส่วนของปริมาณน้ำนม ในช่วงการให้น้ำนมต่าง ๆ (criteria based on ratios between total, partial, peak and daily yields)
3. วิธีคำนวณจากความผันแปรของปริมาณน้ำนมวันทดสอบ (criteria based on variation of test day yields)
4. วิธีการคำนวณจากการค่าผสมพันธุ์ (EBV) ที่ประเมินได้จากโมเดลรีเกรชันสุ่ม ในแต่ละวันทดสอบ (criteria derived from the random regression model)

อย่างไรก็ตามการวิจัยครั้งนี้ มุ่งเน้นการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนมไปที่ข้อ 4. เนื่องจากเกี่ยวข้องโดยตรงกับวิธีการที่ใช้ในการประเมินพันธุกรรมโคนม สำหรับลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม โดยใช้โมเดลรีเกรชันสุ่มจากการตรวจเอกสารงานวิจัยพบว่าค่าสหสัมพันธ์ (correlation) ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของโคพ่อพันธุ์มีค่าสูง สำหรับความคงทนของทุกลักษณะ ตั้งแต่ 0.85 ถึง 0.98 และค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม ไบมัน และโปรตีน มีความแตกต่างกันไประหว่างการให้น้ำนมครั้งแรก กับครั้งถัดไป โดยค่าประมาณอัตราพันธุกรรมดังกล่าวมีช่วงอยู่ระหว่าง 0.10 ถึง 0.24 สำหรับการให้น้ำนมครั้งแรก (Jakobsen et al., 2002) และมีค่า 0.20 ถึง 0.25, 0.28 ถึง 0.38 สำหรับการให้น้ำนมครั้งที่สองและครั้งที่สามตามลำดับ ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของความคงทนลักษณะต่าง ๆ ดังกล่าวเป็นข้อมูลเชิงประจักษ์ที่สำคัญว่า ลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมของโคนมในประชากรเป้าหมาย เป็นลักษณะที่มีความผันแปรแตกต่างกัน ระหว่างโคนมแต่ละตัวในประชากร ซึ่งเปิดโอกาสให้นักผสมพันธุ์สัตว์ (animal breeder) สามารถทำการคัดเลือกโคนม ที่ความสามารถทางพันธุกรรมของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมดีเด่นไว้เป็นพ่อแม่พันธุ์ของประชากรรุ่นถัดไปได้

2.3 โมเดลรีเกรซชันสุ่ม (Random Regression models; RRM)

2.3.1 ความเป็นมาของโมเดลรีเกรซชันสุ่ม

พัฒนาการของการวิเคราะห์ข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบซึ่งเป็นข้อมูลที่ถูกเก็บอย่างต่อเนื่อง (longitudinal data) ด้วยโมเดลทางสถิติรูปแบบที่เรียกว่า โมเดลวันทดสอบ (Test Day Model; TDM) มีแนวคิดเริ่มต้นจากความต้องการหลีกเลี่ยงการปรับข้อมูลปริมาณน้ำนมวันทดสอบเป็นข้อมูลบันทึกการให้น้ำนม 305 วัน ในแต่ละครั้งของการให้น้ำนมแล้วทำการวิเคราะห์ด้วยโมเดลอัตราซ้ำ (repeatability model) เพื่อให้ประโยชน์จากข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบที่มีลักษณะเป็นข้อมูลต่อเนื่องโดยตรง ประกอบกับวิทยาการด้านสถิติและคอมพิวเตอร์มีความเจริญก้าวหน้ามากยิ่งขึ้น ส่งผลให้นักวิจัยทางการผสมพันธุ์สัตว์สามารถแก้ไขปัญหาที่ยุ่ยากและมีความสลับซับซ้อนในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมต่าง ๆ (estimation of genetic parameters) เมื่อทำการประเมินพันธุกรรมลักษณะต่าง ๆ ในปศุสัตว์ได้เป็นอย่างดี (Misztal, 2008) ปัจจุบันพบว่าโมเดลวันทดสอบถูกใช้เป็นมาตรฐานของการวิเคราะห์ข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบเพื่อประเมินพันธุกรรมโคนมในหลายประเทศ อาทิเช่น แคนาดา, เบลเยียม, โปแลนด์, เยอรมัน, เนเธอร์แลนด์, นิวซีแลนด์, สวิตเซอร์แลนด์ และ อังกฤษ เป็นต้น (Interbull, 2009) ต่อไปเป็นรายละเอียดความเป็นมาของการประยุกต์ใช้โมเดลวันทดสอบเพื่อประเมินพันธุกรรมปศุสัตว์

โมเดลรีเกรซชันคงที่ (Fixed Regression Model, FRM)

โมเดลรีเกรซชันคงที่เป็นโมเดลวันทดสอบชนิดแรกที่ใช้วิเคราะห์ข้อมูลบันทึกวันทดสอบ ถูกเสนอโดย Ptak and Schaeffer (1993) มีรูปแบบโมเดลดังแสดง

$$y_{ijklmn} = HTD_i + \sum_{m=0}^{k_\beta-1} \beta_{jm} \phi_m(t_n) + a_l + pe_l + \varepsilon_{ijklmn} \quad (2-1)$$

ที่มา : ดัดแปลงจาก Ptak and Schaeffer, 1993

เมื่อ y_{ijklmn} คือ บันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ ณ วันให้น้ำนม n ของแม่โคนม l
 HTD_i คือ อิทธิพลคงที่ประเภทไม่ขึ้นอยู่กับเวลา (time-independent fixed effect) หรือวันให้น้ำนมของฝูง-วันทดสอบ (Herd-Test Date; HTD) i
 β_{jm} คือ อิทธิพลคงที่ประเภทขึ้นอยู่กับเวลา (time-dependent fixed effect) หรือสัมประสิทธิ์รีเกรซชันคงที่ (fixed regression coefficient) ของแม่โคนมที่อยู่กลุ่มย่อย j (subclass) เดียวกัน เช่น ระดับสายเลือด อายุให้ลูกครั้งแรก เป็นต้น

- k_β คือ จำนวนสัมประสิทธิ์รีเกรชันคงที่ (fixed regression coefficient number) หรือ จำนวนสัมประสิทธิ์ของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม (covariance function coefficient number) ที่ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลคงที่ประเภทขึ้นอยู่กับเวลา
- $\phi_m(t_n)$ คือ ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม (covariance function) ของวันให้น้ำนม (Day In Milk, DIM) หรือ ฟังก์ชันวันให้น้ำนม (Day In Milk Function; DIMF) หรือ โมเดลย่อย n (submodel) ที่มีรูปแบบเป็น Ali and Schaeffer (1987) ของแม่โคนมที่อยู่กลุ่มย่อยเดียวกัน
- a_l คือ อิทธิพลสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (random additive genetic effect) ของแม่โคนม k
- pe_l คือ อิทธิพลสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (random permanent environmental effect) ของแม่โคนม k
- ε_{ijlmn} คือ อิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน (Random Error Effect) สำหรับบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ n ของแม่โคนม l

โมเดลรีเกรชันคงที่เป็น โมเดลที่พัฒนาต่อจากโมเดลอัตราซ้ำ โดย Ptak and Schaeffer (1993) ได้ทำการศึกษาและเสนอว่าโมเดลย่อย (submodel) ที่เป็นฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมของวันให้น้ำนม จำเป็นต้องถูกซ่อนอยู่ภายในกลุ่มของแม่โคนมที่อยู่กลุ่มย่อยเดียวกัน ซึ่งเป็นผลทำให้รูปร่างของเส้นโค้งการให้น้ำนมของแม่โคนมที่อยู่กลุ่มย่อยเดียวกันเหมือนกันทั้งกลุ่มย่อย เนื่องจากได้ทำการถดถอยค่าปริมาณน้ำนมวันทดสอบของพวกมันทั้งหมดบนวันให้น้ำนมตลอดการให้น้ำนม ทำให้เส้นโค้งการให้น้ำนมของแต่ละกลุ่มย่อยแตกต่างกันไปจากกลุ่มย่อยอื่น ๆ ดังนั้นในทางสถิติ โมเดลรีเกรชันคงที่จึงสามารถเรียกอีกชื่อหนึ่งได้ว่า population-average model และประการสำคัญในโมเดลรีเกรชันคงที่จะมีการสมมติหรือกำหนดข้อตกลงเบื้องต้น (basic assumption) ให้อิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรเป็นค่าคงที่เท่ากันไปตลอดทั้งการให้น้ำนม ซึ่งหมายความว่าค่าสหสัมพันธ์ (correlation) ระหว่างบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบสองบันทึกที่อยู่ติดกันจะมีค่าเท่ากันตลอด โดยไม่สนใจว่าบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบแต่ละบันทึกจะมีจำนวนวันให้น้ำนมอยู่ห่างกันมากน้อยเพียงใด เช่นเดียวกันกับที่พบในข้อตกลงเบื้องต้นของโมเดลอัตราซ้ำที่ใช้ในการประเมินพันธุกรรมลักษณะการให้น้ำนม 305 วัน

โมเดลรีเกรซชันสุ่ม (Random Regression Model, RRM)

โมเดลรีเกรซชันสุ่มที่ประยุกต์ใช้ในการประเมินพันธุกรรมโคนมจากบันทึกปริมาณน้ำนม วันทดสอบในปัจจุบันอาศัยหลักการเบื้องต้นของ Henderson, Jr. (1982) ที่ได้อธิบายไว้ในอดีต และเป็นโมเดลวันทดสอบที่ถูกพัฒนาต่อจากโมเดลรีเกรซชันคงที่ของ Ptak and Schaeffer (1993) เสนอ โดย Schaeffer and Dekkers (1994, quote in Jensen, 2001, pp. 2804) เพื่อทำการประเมินพันธุกรรม โคนมในลักษณะปริมาณน้ำนม และต่อมา Jamrozik et al. (1997a), Jamrozik and Schaeffer (1997b), Jamrozik et al. (1997c) ได้แสดงการประยุกต์ใช้โมเดลรีเกรซชันสุ่มเพื่อประเมิน พันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนมพร้อมกับการประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม โคนมที่ให้ลูกครั้งแรก (primiparous cow) หรือให้น้ำนมเป็นครั้งแรก (first lactation)

โมเดลรีเกรซชันสุ่มมีโครงสร้างพื้นฐาน (basic structure) ที่คล้ายคลึงกันในเอกสารงานวิจัย หลาย ๆ ฉบับ ดังแสดงโมเดลพื้นฐานสำหรับวิเคราะห์ครึ่งละหนึ่งลักษณะ (Schaeffer, 2004)

$$y_{ijlnt} = F_i + f(t)_j + r(\alpha, \phi(t), k_\alpha - 1)_l + r(\gamma, \phi(t), k_\gamma - 1)_l + \varepsilon_{ijlnt} \quad (2-2)$$

ที่มา : ดัดแปลงมาจาก Schaeffer, 2004

$$y_{ijlmn} = HTD_i + \sum_{m=0}^{k_\beta - 1} \beta_{jm} \phi_m(t_n) + \sum_{m=0}^{k_\alpha - 1} \alpha_{lm} \phi_m(t_n) + pe_l + \varepsilon_{ijlmn} \quad (2-3)$$

$$y_{ijlmn} = HTD_i + \sum_{m=0}^{k_\beta - 1} \beta_{jm} \phi_m(t_n) + \sum_{m=0}^{k_\alpha - 1} \alpha_{lm} \phi_m(t_n) + \sum_{m=0}^{k_\gamma - 1} \gamma_{lm} \phi_m(t_n) + \varepsilon_{ijlmn} \quad (2-4)$$

ที่มา : ดัดแปลงมาจาก Jamrozik et al., 1997a

เมื่อ y_{ijlmn} คือ ปริมาณน้ำนมวันทดสอบ ที่ n ของแม่โคนมตัวที่ l
 HTD_i คือ อิทธิพลคงที่ประเภทไม่ขึ้นอยู่กับเวลา (time-independent fixed effect) หรือ วันให้น้ำนม ของฝูง-วันทดสอบ (Herd Test Date; HTD) ที่ i
 β_{jm} คือ อิทธิพลคงที่ประเภทที่ขึ้นอยู่กับเวลา (time-dependent fixed effect) หรือ สัมประสิทธิ์รีเกรซชันคงที่ (fixed regression coefficient) ของแม่โคนมที่อยู่ใน กลุ่มย่อยที่ j (subclass) เดียวกัน เช่น ระดับสายเลือด, อายุเมื่อคลอด, ระยะการให้น้ำนม เป็นต้น

- k_β คือ จำนวนสัมประสิทธิ์รีเกรชันคงที่ (fixed regression coefficient number) ของอิทธิพลคงที่ประเภทขึ้นอยู่กับเวลา หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม (covariance function coefficient number) ที่ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลคงที่ประเภทขึ้นอยู่กับเวลา
- $\phi_m(t_n)$ คือ ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม (covariance function) ของวันให้น้ำนม (Day In Milk, DIM) t_n หรือ ฟังก์ชันวันให้น้ำนม (Day In Milk Function; DIMF) หรือ โมเดลย่อย (submodel)
- α_{lm} คือ สัมประสิทธิ์รีเกรชันสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (additive genetic random regression coefficient) ของแม่โคนม l
- k_α คือ จำนวนสัมประสิทธิ์รีเกรชันสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม
- pe_k คือ อิทธิพลสุ่มเนื่องจากสิ่งแวดล้อมแบบถาวรของแม่โคนมตัวที่ l
- γ_{kn} คือ สัมประสิทธิ์รีเกรชันสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (permanent environmental random regression coefficient) ของแม่โคนม l
- k_γ คือ จำนวนสัมประสิทธิ์รีเกรชันสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร
- ε_{ijlmn} คือ อิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน (Random Error Effect)

สังเกตว่า โมเดลรีเกรชันคงที่และโมเดลรีเกรชันสุ่มจะมีปัจจัยคงที่ ทั้งที่เป็นประเภทขึ้นและไม่ขึ้นอยู่กับวันให้น้ำนม (β_{jm} และ HTD_i) อย่างไรก็ตามในโมเดลรีเกรชันคงที่ปัจจัยสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมและทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรถูกพิจารณาว่าเป็นอิสระจากวันให้น้ำนมซึ่งแตกต่างไปจากที่พบในโมเดลรีเกรชันสุ่มที่กำหนดให้ขึ้นอยู่กับเวลาหรือฟังก์ชันวันให้น้ำนม

โมเดลรีเกรชันสุ่มในสมการ 2-4 สามารถแสดงให้อยู่ในรูปแบบเมทริกซ์ทั่วไป (matrix formulation) ได้ดังแสดงในสมการ 2-5

$$y = X\beta + Z\alpha + W\gamma + \varepsilon \quad (2-5)$$

ค่าคาดคะเนของอิทธิพลต่าง ๆ เป็นดังแสดง

$$E(y) = X\beta, E(\alpha) = \mathbf{0}, E(\gamma) = \mathbf{0}, \text{ และ } E(\varepsilon) = \mathbf{0},$$

จากสมการ 2-5 สามารถเขียนให้อยู่ในรูปของสมการโมเดลผสมเชิงเส้นตรง (Linear Mixed Model Equation; MME) ดังแสดงในสมการ 2-6

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z & X'R^{-1}W \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}X + A^{-1} \otimes K_{\alpha}^{-1} & Z'R^{-1}W \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}Z & W'R^{-1}W + I \otimes K_{\gamma}^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{\alpha} \\ \hat{\gamma} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \\ W'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad (2-6)$$

กำหนดให้ y เป็นเวกเตอร์ของค่าสังเกตที่เป็นบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบทั้งหมด N บันทึกที่วัดค่าได้จากแม่โคนมทั้งหมด N_D ตัว β เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ต่าง ๆ ที่มีผลกระทบต่อปริมาณน้ำนมวันทดสอบในแต่ละวันทดสอบ หรือ เป็นค่าสัมประสิทธิ์รีเกรชันคงที่ α เป็นเวกเตอร์ขนาด $k_{\alpha} \times N_A$ ของสัมประสิทธิ์รีเกรชันกลุ่มของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (เมื่อกำหนด N_A เป็นจำนวนโคนมทั้งหมดที่มีอยู่ในบันทึกพันธุ์ประวัติ (Pedigree) ของโคนมในประชากรที่ศึกษา $N_A \geq N_D$); γ เป็นเวกเตอร์ขนาด $k_{\gamma} \times N_D$ ของสัมประสิทธิ์รีเกรชันกลุ่มของอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (Meyer and Kirkpatrick, 2005) เมื่อ K_{α} เป็นเมทริกซ์ความแปรปรวนร่วมของค่าสัมประสิทธิ์รีเกรชันกลุ่มของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม มีสมาชิก $K_{\alpha_{ml}} = Cov(\alpha_m, \alpha_l)$ และ K_{γ} เป็นเมทริกซ์ความแปรปรวนร่วมของสัมประสิทธิ์รีเกรชันกลุ่มของอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร มีสมาชิก $K_{\gamma_{ml}} = Cov(\gamma_m, \gamma_l)$ และกำหนดให้ α , γ และ ε ไม่มีสหสัมพันธ์ต่อกัน (uncorrelated) เพราะฉะนั้นจะได้ว่า

$$\begin{aligned} V(\alpha) &= A \otimes K_{\alpha}; & V(\gamma) &= I_N \otimes K_{\gamma}; & V(\varepsilon) &= Diag\{\sigma_{\varepsilon}^2\} \\ &= G & &= P & &= R \end{aligned}$$

เมื่อ A เป็นเมทริกซ์แสดงความสัมพันธ์ (numerator relationship matrix) ระหว่างสัตว์ในพันธุ์ประวัติ; I_N เป็นเมทริกซ์เอกลักษณ์ (identity matrix) ขนาด $N \times N$; และ ‘ \otimes ’ เป็นผลคูณโดยตรง (direct Product); สมาชิกในแนวทแยง (diagonal Elements) ของเมทริกซ์ A ทั้งหมดมีค่าเท่ากับ 1 ส่วนสมาชิกนอกแนวทแยงจะมีค่าเท่ากับค่าสัมประสิทธิ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

(genetic relationship coefficient) ของโคนมแต่ละตัวในบันทึกพันธุประวัติ อาทิเช่น โคนมที่มีความสัมพันธ์เป็นพ่อแม่กับลูก (parents and one offspring) จะมีค่าเท่ากับเศษหนึ่งส่วนสอง หรือ โคนมที่เป็นพี่น้องร่วมพ่อหรือแม่ (half sibs) จะมีค่าเท่ากับเศษหนึ่งส่วนสี่ เป็นต้น ทำให้ความแปรปรวนของ y มีค่าเป็นดังแสดง

$$\begin{aligned} V(y) &= Z(A \otimes K_\alpha)Z' + W(I_N \otimes K_\gamma)W' + \text{Diag}\{\sigma_m^2\} \\ &= ZGZ' + WPW' + R \end{aligned} \quad (2-7)$$

โมเดลรีเกรซชันสุ่มข้างต้นจะมีประโยชน์เป็นอย่างมากหากวัตถุประสงค์ของการศึกษาวิจัยต้องการทราบถึงความแตกต่างระหว่างความสามารถทางพันธุกรรมของปศุสัตว์ในระหว่างที่มีการให้ผลผลิตน้ำนมในแต่ละครั้งของประชากร โคนมเป้าหมายแบบเป็นรายตัวมากกว่าที่จะทำการศึกษาถึงความสามารถเฉลี่ยของประชากร จึงเป็นสาเหตุทำให้โมเดลรีเกรซชันสุ่มเป็นที่รู้จักในทางสถิติอีกชื่อหนึ่งว่า subject specific or random coefficient model (Laird and Ware, 1982) จากเหตุผลดังกล่าวทำให้โมเดลรีเกรซชันสุ่มสามารถสร้างเส้นโค้งการให้น้ำนมของแม่โคนมเป็นรายตัวตามความสามารถทางพันธุกรรมแบบบวกลบสะสม หรือค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ เนื่องจากโมเดลรีเกรซชันสุ่มมีคุณสมบัติในการวิเคราะห์ความแปรปรวนทั้งระหว่างตัวสัตว์และภายในสัตว์ตัวเดียวกันเมื่อเวลาแปรเปลี่ยนไป จึงสามารถประมาณค่าการผสมพันธุ์ของแม่โคนมแต่ละตัวในประชากร และสามารถประมาณค่าการผสมพันธุ์ของแม่โคนมแต่ละตัวในแต่ละวันให้น้ำนมของการให้น้ำนมแต่ละครั้ง (Jamrozik and Dekkers, 1997b; Jamrozik et al., 1997c)

2.3.2 การประยุกต์ใช้โมเดลรีเกรซชันสุ่มเพื่อประเมินพันธุกรรมปศุสัตว์

โมเดลรีเกรซชันสุ่มถูกประยุกต์ใช้สำหรับการประเมินพันธุกรรมในปศุสัตว์ต่าง ๆ อย่างแพร่หลายดังแสดงในตารางที่ 2.3.2 เนื่องจากโมเดลรีเกรซชันสุ่มเหมาะสมกับการศึกษาข้อมูลที่มีความต่อเนื่อง หรือ ทำการบันทึกซ้ำหลายครั้ง (repeated records) ติดต่อกันในช่วงระยะเวลาหนึ่ง (Schaeffer, 2004) ซึ่งเป็นกรณีที่พบเช่นเดียวกันตามสภาพความเป็นจริงของการเก็บบันทึกการให้ผลผลิตน้ำนมโคนมของประเทศไทย ที่ทำการบันทึกปริมาณน้ำนมเดือนละครั้ง (monthly) ติดต่อกันตลอดช่วงที่มีการให้น้ำนม โมเดลรีเกรซชันสุ่มสามารถประมาณค่าการผสมพันธุ์ของโคนมในประชากรเป้าหมายได้เป็นรายตัวแล้วยังสามารถประมาณค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละวันให้น้ำนมภายในการให้น้ำนม (within individual) แต่ละครั้งได้ (หรือกล่าวได้ว่าสามารถประมาณค่าการผสมพันธุ์ได้เป็นรายวัน) โดยค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละวันให้น้ำนมไม่ได้ถูกใช้ประโยชน์โดยตรงในการจัดลำดับ (ranking) โคนมแต่ละตัวตามความสามารถทางพันธุกรรม แต่ถูกนำไปประยุกต์ใช้ในการ

ตารางที่ 2.1 ลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจ และ โมเดลรีเกรชันสัมพันธ์รูปแบบต่าง ๆ

Livestock	Trait	Model	Algorithm	Reference	
Dairy cattle	TDMY, P	RRAS, RRW	Gibbs-sampling	Jamrozik et al. (1997a)	
	TDMY	RRAS, RRLP, RRW	EM-REML	López-Romero and Carabaño (2003)	
	P	RRLP	REML	Togashi and Lin (2003)	
	305DL, AFS, CD, CI, NRRC, NRRH, P, PD, TDMY, TDFY, TDPY, SCS	MT-RRW, MTML-RRLP	Gibbs-sampling	Muir et al. (2004) และ Muir et al. (2007)	
	BCS, BHBA, CEEB, EC, NEFA	RRLP	EM-REML	Oikonomou et al. (2008)	
	Beef cattle	G	RRLP	DF-REML, AI-REML	Arango et al. (2004)
		G	RRLP, RRSP	Gibbs-sampling	Bohmanova et al. (2005)
Swine	TSE	RRLP	REML	Oh et al. (2006)	
	BW	RRLP	REML	Köhn et al. (2007)	
Poultry	EP	RRLP	AI-REML	Kranis et al. (2007)	
	CEN	RRLP	Gibbs-sampling	Luo et al. (2007)	

Traits : 305-DL = 305-Day Lactation; AFS = Age at First Insemination; BCS = Body Condition Score; BW = Body Weight; CEN = Cumulative Egg Numbers; CEEB = Cumulative Effective Energy Balance; CI = Calving Interval; DFC = Difficult at First Calving; EC = Energy Content; EP = Egg Production; G = Growth; NRRC = non-return rate at 56 d after first insemination in first lactation; NRRH = non-return rate at 56 d after first insemination as a heifer; P = Persistency; PD = DIM of peak milk yield; TDFY = Test Day Fat Yield; TDPY = Test Day Protein Yield; TDMY = Test Day Milk Yield; TSE = Total Sperm cells Ejaculation; SCS = Somatic Cell Score

Model : MT-RRW = Multiple Trait-RRM with Wilmink function as a CF; MTML-RRLP = Multiple Trait RRM with Legendre Polynomial function as a CF; RRAS = RRM with Ali-Schaeffer function as a CF; RRSP = RRM with Spline function as a CF; RRW = RRM with Wilmink function as a CF

Algorithm REML = Restricted Maximum Likelihood; AI-REML = Average Information-Restricted Maximum Likelihood; DF-REML = Derivative Free-Restricted Maximum Likelihood; EM-REML = Expectation Maximization-Restricted Maximum Likelihood; Gibbs-sampling = Bayesian method using Gibbs-sampling

สร้างเส้นโค้งการให้น้ำนมของโคนมเป็นรายตัว ตลอดจนนำไปทำการประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมของโคนมแต่ละตัวได้ (Jamrozik et al., 1997c) หากประยุกต์ใช้กับฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม หรือฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์ (mathematical function) ที่เหมาะสมสำหรับการวิเคราะห์ อย่างไรก็ตามยังไม่มีข้อมูลเชิงประจักษ์ (evidence) ชัดเจนว่า ฟังก์ชันดังกล่าวควรมีรูปแบบเช่นใดจึงจะเหมาะสมกับประชากรโคนมฟาร์มโชคชัย โดยส่วนใหญ่โมเดลรีเกรซชันสุ่มที่ใช้ในงานวิจัยทั่วไปจะเป็น single trait random regression model ที่ใช้สำหรับการประเมินพันธุกรรมแม่โคนมที่ให้ลูกครั้งแรก (primiparous cow) เนื่องจากมีวัตถุประสงค์เพื่อหลีกเลี่ยงการประมาณค่าพารามิเตอร์จำนวนมาก ดังที่มักจะพบในการวิเคราะห์ข้อมูล TDMYR ภายใต้ multiple trait RRM (Zavadilova et al., 2005)

2.3.3 ประโยชน์และข้อจำกัดของการใช้โมเดลรีเกรซชันสุ่ม

จากการตรวจเอกสารและศึกษาความเป็นมาตลอดจนวิธีการ และแนวทางการใช้โมเดลรีเกรซชันสุ่มสำหรับประเมินพันธุกรรมการให้น้ำนมในโคนม พบว่าโมเดลรีเกรซชันสุ่มมีประโยชน์ หรือข้อได้เปรียบเมื่อใช้วิเคราะห์ข้อมูล TDMYR เนื่องจากเหตุผลต่าง ๆ ดังต่อไปนี้

- โมเดลรีเกรซชันสุ่มสามารถลดอคติในการประเมินพันธุกรรมการให้น้ำนม 305 วัน เนื่องจากไม่จำเป็นต้องปรับขยายบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบของโคนมที่ยังให้ผลผลิตน้ำนมไม่สมบูรณ์ หรือไม่ครบ 305 วัน เป็นบันทึกการให้น้ำนม 305 วัน (Ptak and Schaeffer, 1993) ที่มักพบว่าเมื่อคำนวณค่าการให้น้ำนม 305 วัน จากบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบที่ไม่สมบูรณ์ หรือไม่ครบ 305 วัน จะให้ค่าที่ต่ำ หรือสูงเกินจริงอย่างที่ Jamrozik et al. (1997c) เรียกว่า record-in-progress dip (rip-dip) effect ซึ่งหากนำไปประเมินพันธุกรรมด้วยโมเดลการให้น้ำนม 305 วัน จะทำให้เกิดอคติในการประมาณค่าการผสมพันธุ์ (Mrode, Swanson, and Lindberg, 2002)

- โมเดลรีเกรซชันสุ่มให้ความแม่นยำในการประมาณค่าการผสมพันธุ์มากกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับโมเดลการให้น้ำนม 305 วัน (Pander and Hill, 1993; Swalve, 1995) เนื่องจากโมเดลรีเกรซชันสุ่มสามารถเพิ่มความเที่ยงตรง (precision) และความถูกต้องในการปรับ หรืออธิบายอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบชั่วคราว (temporary environmental effects) ที่มีผลกระทบโดยตรงต่อปริมาณน้ำนมในแต่ละวันให้น้ำนมของแม่โคนม และนับได้ว่าเป็นการใช้ทรัพยากรที่มีอยู่อย่างมีประสิทธิภาพ (Swalve, 2000)

อย่างไรก็ตาม จากการศึกษาเอกสารงานวิจัยเกี่ยวกับการประยุกต์ใช้โมเดลรีเกรซชันสุ่ม เพื่อการประเมินพันธุกรรมปศุสัตว์ พบว่ามีข้อจำกัดของการใช้ในทางปฏิบัติ ดังนี้

- โปรแกรมจัดการฐานข้อมูล และระบบฐานข้อมูลต้องมีขนาดใหญ่เพียงพอสำหรับเก็บและจัดการข้อมูลเบื้องต้น (Ptak and Schaeffer, 1993) จากบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบของ

แม่โครีโคนมเป็นรายตัวในแต่ละการให้น้ำนมในประชากรขนาดใหญ่

- โมเดลรีเกรซชันสุ่มจำเป็นต้องใช้เทคนิคที่มีความซับซ้อน หากนำไปใช้ประเมินพันธุกรรมบุคคลที่มีจำนวนข้อมูล และพารามิเตอร์ที่ต้องทำการประมาณค่าในโมเดลมากขึ้น เป็นผลทำให้ต้องใช้เวลาในการศึกษาวิจัย ตลอดจนถึงใช้เวลาในการคำนวณมากกว่า (Jensen, 2001; Lidauer, Mäntysaari, Strandén, 2003)

- การกำหนดกลุ่มการจัดการชั่วคราวของโมเดลรีเกรซชันสุ่มเป็นปัจจัยฝูง-วันทดสอบ (Herd Test Date; HTD) ที่มีระดับของปัจจัยมากกว่าการกำหนดกลุ่มการจัดการชั่วคราวเป็นปัจจัยฝูง-ปี-ฤดูกาล (Herd Year Season; HYS) ในโมเดลการให้น้ำนม 305 วัน ต้องระมัดระวังเรื่องจำนวนข้อมูลในแต่ละระดับของปัจจัย HTD มีน้อยเกินไปจนทำให้เกิดความคลาดเคลื่อน หรือ อคติ (bias) ในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน (Bebber, Reinsch, Junge, and Kalm, 1997)

จากเหตุผลของข้อจำกัดต่าง ๆ ข้างต้น Schaeffer, Jamrozik, Kistemaker, and Van Doormaal, (2000) อธิบายว่า มีความจำเป็นต้องชี้แจงให้วงการอุตสาหกรรมเลี้ยงโคนมเข้าใจถึงข้อได้เปรียบและข้อจำกัด หากต้องเปลี่ยนโมเดลสำหรับการประเมินพันธุกรรมลักษณะการให้น้ำนม 305 วัน เป็นโมเดลรีเกรซชันสุ่ม

2.4 ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม

2.4.1 รูปแบบของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม

ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมของวันให้น้ำนมที่ใช้ซ้อน หรือประกอบเป็นโมเดลย่อยอยู่ในโมเดลรีเกรซชันสุ่ม จากการตรวจสอบว่ามีอยู่หลากหลายรูปแบบที่ถูกนำมาประยุกต์ใช้สำหรับสร้างเส้นโค้งการให้น้ำนมของแม่โคนมที่อยู่ในกลุ่มย่อย (subclass) เดียวกัน หรือใช้ในการสร้างเส้นโค้งการให้น้ำนมของแม่โคนมทุกตัว (individual) ในกลุ่มย่อยใด ๆ ดังแสดงต่อไปนี้

2.4.1.1 Incomplete Gamma Function (IGF) เสนอโดย Wood (1967, อ้างถึงใน วารสารคณา กิจพิพิธ, 2545, หน้า 7; ปิยะนันท์ นवलหนูปล้อง, 2551, หน้า 22) นับว่าเป็นฟังก์ชันที่นิยมใช้ในการอธิบายปัจจัยคงที่ซึ่งมีอิทธิพลต่อการเปลี่ยนแปลงของรูปร่างเส้นโค้งการให้น้ำนมต่าง ๆ อาทิเช่น อิทธิพลของฝูง, หรือ ฤดูกาลคลอด เป็นต้น

$$y_t = a^b e^{-ct} \quad (2-8)$$

ที่มา : Silvertre et al., 2006

ฟังก์ชันในสมการ 2-8 อยู่ในรูปแบบไม่ใช่เส้นตรง (non-linear form) แต่อย่างไรก็ตามเรา

สามารถทำให้สมการ 2-8 อยู่ในรูปแบบเส้นตรง (linear Form) โดยการแปลงเป็นค่า log ดังแสดง

$$y_t = \log a + b \log t - ct \quad (2-9)$$

ในทุกฟังก์ชันกำหนดให้ y_t เป็นปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ t ; พารามิเตอร์ a เป็นปริมาณน้ำนมในวันที่เริ่มต้นมีการให้น้ำนม, พารามิเตอร์ b เป็นอัตราการเพิ่มขึ้นของความชันของเส้นโค้งการให้น้ำนมก่อนถึงจุดสูงสุดของการให้น้ำนม และ พารามิเตอร์ c เป็นอัตราการลดลงของความชันของเส้นโค้งการให้น้ำนม ภายหลังจากจุดสูงสุดของการให้น้ำนมไปแล้ว (Silvestre et al., 2006)

2.4.1.2 Inverse Quadratic Polynomial Function (IQPF) ประยุกต์ใช้ในการศึกษาวิจัยของ Yadav (1977, อ้างถึงใน Olori, 1999a, หน้า 56)

$$y_t^{-1} = a + bt^{-1} + ct \quad (2-10)$$

2.4.1.3 Exponential Function (EF) เสนอโดย Wilmink (1987) และถูกนำมาประยุกต์ใช้สำหรับการศึกษาวิทยานิพนธ์ของ วรวงคณา กิจพิพิธ (2545) วุฒิไกร บุญคุ้ม (2546) และปิยะนันท์ นวลหนูปล้อง (2551)

$$y_t = a + be^{-kt} + ct \quad (2-11)$$

เมื่อ a คือ พารามิเตอร์ที่สัมพันธ์กับระดับการให้ผลผลิตน้ำนม b คือ พารามิเตอร์บ่งบอกการเพิ่มระดับของการให้ผลผลิตน้ำนมก่อนถึงจุดสูงสุดของการให้น้ำนม c คือ พารามิเตอร์บ่งบอกการลดระดับของการให้ผลผลิตน้ำนมภายหลังจากจุดสูงสุดของการให้น้ำนม และ k เป็นค่าคงที่ใด ๆ และสัมพันธ์กับเวลาที่การให้น้ำนมถึงจุดสูงสุดที่ทราบค่าแล้วจากการวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้นของการให้ผลผลิตโดยเฉลี่ยของฝูงโคนม ทำให้สมการ 2-8 จึงมีพารามิเตอร์เพียง 3 พารามิเตอร์เท่ากับสมการ 2-6 และ 2-7 ที่ต้องถูกทำการประมาณค่าต่อไป (Olori, 1999a; Schaeffer et al., 2000; Wilmink, 1987)

2.4.1.4 Polynomial Regression Function (PRF) เสนอโดย Ali and Schaeffer (1987, อ้างถึงใน Silvertre et al., 2006, หน้า 1814)

$$y_t = a + b\left(\frac{t}{305}\right) + c\left(\frac{t}{305}\right)^2 + d\left(\ln \frac{305}{t}\right) + e\left(\ln \frac{305}{t}\right)^2 \quad (2-12)$$

เมื่อ t คือ วันให้น้ำนม และพารามิเตอร์ a คือ ปริมาณน้ำนมสูงสุด d , e คือ พารามิเตอร์ที่อธิบายอัตราการลดลงของความชันของเส้นโค้งการให้น้ำนม b , c คือ พารามิเตอร์ที่อธิบายอัตราการเพิ่มขึ้นของความชันของเส้นโค้งการให้น้ำนม ฟังก์ชัน PRF หรือ AS ถูกประยุกต์ใช้ในการศึกษาวิจัยเกี่ยวกับโมเดลวันทดสอบอยู่บ่อยครั้ง อาทิเช่น Jamrozik and Schaeffer (1997b) และ Kettunen, Mantysaari, and Poso (2000) เป็นต้น

2.4.1.5 Legendre Polynomials Function (LPF) เสนอใช้โดย Kirkpatrick, Lofsvold, and Bulmer (1990) และประยุกต์ใช้ในโคนมโดย Kirkpatrick et al. (1994) มีรูปแบบทั่วไปดังนี้

$$P_m(w) = \frac{1}{2^m} \sum_{r=0}^{[M]} \frac{(-1)^r (2m-2r)!}{r!(m-r)!(m-2r)!} \times t^{(m-2r)} \quad (2-13)$$

จากสมการ 2-13 กำหนดให้ตัวแปร w คือ เวลา หรือ วันให้น้ำนมที่ถูกทำให้อยู่ในหน่วยมาตรฐาน (standardized unit of time or days in milk) หรือไม่มีหน่วยนั่นเอง มีค่าในช่วง -1 ถึง $+1$ ค่า t คำนวณได้จากสมการ 2-14 ดังแสดง

$$w = -1 + 2 \frac{(t_i - t_{min})}{(t_{max} - t_{min})} \quad (2-14)$$

ที่มา : ดัดแปลงมาจาก Kirkpatrick et al, 1990; Schaeffer, 2004 และรายละเอียดการได้มาของหน่วยมาตรฐานของเวลาแสดงอยู่ในภาคผนวก ก

เมื่อ t_i = วันให้น้ำนม ณ วันทดสอบ i
 t_{min} = วันให้น้ำนมแรกสุด (earliest days in milk) กำหนดให้เท่ากับ 5
 t_{max} = วันให้น้ำนมสุดท้าย (latest days in milk) ที่ปรากฏในข้อมูล เท่ากับ 305

นอกจากนี้สมการ 2-13 สามารถแสดงในรูป recurrence relation เมื่อกำหนดให้ลำดับของฟังก์ชันความแปรปรวนรวม m เท่ากับ $n + 1$ (Schaeffer, 2009) เมื่อ $P_0(w) = 1$, และ $P_1(w) = w$

$$P_{n+1}(w) = \frac{1}{n+1} \left[(2n+1)wP_n(w) - nP_{n-1}(w) \right] \quad (2-15)$$

หมายเหตุ การได้มาของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Legendre polynomial แสดงโดยละเอียดในภาคผนวก ง

Kirkpatrick et al. (1990) อธิบายว่าสมการ 2-13 และ 2-15 สามารถทำให้เป็นฟังก์ชัน LP รูปแบบปกติ (Normalized Legendre Polynomial; NLP) เพื่อความสะดวกในการคำนวณ ตลอดจนสามารถลดค่าสหสัมพันธ์ระหว่างค่าประมาณของอิทธิพลสุ่มระหว่างวันให้น้ำนมใด ๆ โดยการคูณด้วยสัมประสิทธิ์ดังแสดงในสมการ 2-16 กำหนดให้ $w = t$

$$\phi_m(t) = \sqrt{\frac{2m+1}{2}} \times P_m(t) \quad (2-16)$$

ฟังก์ชัน NLP ในสมการ 2-16 มีลำดับ (order) ของฟังก์ชันเท่ากับ m และมีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม (covariance function coefficient) เท่ากับ k_β , k_α และ k_γ ดังแสดงในสมการ 2-4 และสามารถประยุกต์ใช้สมการที่ 13 สำหรับการประมาณค่าการผสมพันธุ์ ลักษณะปริมาณน้ำนม ณ วันทดสอบใด ๆ ได้ดังแสดงในสมการ 2-17

$$\begin{aligned} y_t &= EBV(t_n)_i \\ &= \sum_{m=0}^{k_\alpha-1} \hat{\alpha}_m \phi_m(t_n) \end{aligned} \quad (2-17)$$

ที่มา : ดัดแปลงมาจาก Meyer and Kirkpatrick, 2005

จากสมการ 2-16 กำหนด $\phi_m(t)$ เป็น ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม Legendre polynomial รูปแบบปกติลำดับที่ m เมื่อทำการแก้สมการ 2-16 (แสดงรายละเอียดไว้ในภาคผนวก ง) จะได้ ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Legendre polynomial 5 ฟังก์ชันแรก ในหน่วยมาตรฐานของวันให้น้ำนมเมื่อสมมติให้ w มีค่าเท่ากับ -0.2 ดังแสดงในตารางที่ 2.3

อย่างไรก็ตามสำหรับฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบต่าง ๆ ที่นำมาประยุกต์ใช้กับ โมเดลรีเกรชันกลุ่ม Jakobsen (2002) อธิบายว่าควรที่จะต้องมีความเป็นเส้นตรงในพารามิเตอร์ และควรมีจำนวนพารามิเตอร์น้อยที่สุดเท่าที่จะเป็นไปได้ ในปัจจุบันพบว่าฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ถูกนำมาประยุกต์ใช้กับ โมเดลรีเกรชันกลุ่มในการประเมินพันธุกรรม โคนมส่วนใหญ่ จะเป็น ฟังก์ชันของ Wilmink (1987b) กับ ฟังก์ชัน Legendre polynomial (LP) เนื่องจากฟังก์ชันทั้งสองมีคุณสมบัติความเป็นเส้นตรงในพารามิเตอร์

ตารางที่ 2.2 แสดงฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม Legendre polynomial รูปแบบปกติ (Normalized Legendre Polynomial; NLP) 5 ลำดับแรก

ลำดับ	สัญลักษณ์ ^a	เรียก ^b	สัมประสิทธิ์ ^c
0	L_1	Zero order Legendre polynomial	$0.7071t^0$
1	L_2	First order Legendre polynomial	$1.2247t^1$
2	L_3	Second order Legendre polynomial	$-0.7906t^0 + 2.3717t^2$
3	L_4	Third order Legendre polynomial	$-2.8062t^1 + 4.6771t^3$
4	L_5	Fourth order Legendre polynomial	$0.7955t^0 - 7.9550t^2 + 9.2808t^4$

ที่มา : ^a มนต์ชัย ดวงจินดา, 2548; ^b Pool et al., 2000; ^b Arango et al., 2004; ^c Schaeffer, 2004

2.5 การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และอัตราพันธุกรรม

หลักการ (methodology) สำหรับการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และความแปรปรวนร่วม (variance and covariance component) ของอิทธิพลสุ่มต่าง ๆ ตลอดจนการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมจากสมการโมเดลผสม (Mixed Model Equation; MME) ที่แสดงในสมการ 2-6 จากการตรวจเอกสารงานวิจัยในอดีตที่ผ่านมา (ตาราง 2.1) Misztal, Strabel, Jamrozik, Mäntysaari, and Meuwissen, (2000) อธิบายว่าสามารถแบ่งออกเป็น 3 หลักการ ได้แก่ 1) Restricted Maximum Likelihood (REML) 2) Markov-chain Monte Carlo (MCMC) via Gibbs sampling และ 3) Canonical Transformation-Restricted Maximum Likelihood (CT-REML) อย่างไรก็ตามการศึกษาวិทยานิพนธ์ครั้งนี้จะขออธิบายถึงหลักการ Restricted Maximum Likelihood เท่านั้น เนื่องจากเป็นหลักการที่ประยุกต์ใช้สำหรับการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมจากสมการโมเดลผสมของโมเดลรีเกรชันสุ่มรูปแบบต่าง ๆ ในวิทยานิพนธ์

บทที่ 3

วิธีดำเนินการวิจัย

3.1 ระเบียบวิธีวิจัย

การทำวิทยานิพนธ์ครั้งนี้ใช้เครื่องมือสำคัญตามระเบียบวิธีวิจัยเชิงปริมาณ (quantitative research) ได้แก่ วิธีการทางสถิติต่าง ๆ (Statistical Methods) ประกอบด้วย สถิติเชิงพรรณนา (descriptive statistics) และสถิติเชิงอนุมาน (inferential statistics) โดยในส่วนของสถิติเชิงพรรณนา จะมุ่งบรรยายผลการวิเคราะห์ข้อมูลเชิงตรวจสอบ (exploratory data analysis) และรายงานสรุปโครงสร้างข้อมูลที่ศึกษา ส่วนสถิติเชิงอนุมานจะมุ่งอธิบายความสัมพันธ์ (correlational-oriented) และความเป็นเหตุเป็นผล (causal-oriented) ระหว่างตัวแปรที่ศึกษา (ศิริชัย กาญจนวาสี, ทวีวัฒน์ ปิตยานนท์ และ ดิเรก ศรีสุโข, 2551) โดยทำการประมาณค่าพารามิเตอร์ (parameter estimation) และทำการทดสอบสมมติฐานทางสถิติ (test of statistical hypothesis) เพื่อนำข้อสรุปที่ได้จากการวิเคราะห์ข้อมูลอ้างอิงกลับไปอธิบายลักษณะสำคัญต่าง ๆ ของประชากรที่ศึกษาดังมีรายละเอียดในหัวข้อต่อไป

3.2 ตัวแปรที่ทำการศึกษา

3.2.1 ตัวแปรตาม (dependent variable)

เป็นตัวแปรสุ่มแบบต่อเนื่อง (continuous random variable) ของลักษณะที่ทำการศึกษา ได้แก่ ลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ และลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเชียนที่ให้ลูกครั้งแรก

3.2.2 ตัวแปรอิสระ (independent variable)

เป็นตัวแปรสุ่มทั้งแบบต่อเนื่องและไม่ต่อเนื่อง (discrete random variable) ที่เป็นปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อตัวแปรตาม หรือลักษณะที่ทำการศึกษาประกอบด้วย

3.2.2.1 ปัจจัยคงที่ (fixed factor)

ได้แก่ เดือนทดสอบ, ปีทดสอบ, ระดับสายเลือดโคนมลูกผสมโคนมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเชียน, เดือนให้น้ำนม, อายุเมื่อให้ลูกครั้งแรก, และวันให้น้ำนม เป็นต้น

3.2.2.2 ปัจจัยสุ่ม (random effect)

ได้แก่ ปัจจัยทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม, ปัจจัยทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร และความคลาดเคลื่อน

3.3 ประชากร และกลุ่มตัวอย่าง

3.3.1 ประชากร

สำหรับประชากรโคนมที่ใช้ในการศึกษาวิทยานิพนธ์ครั้งนี้ เป็นประชากรโคนมลูกผสมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ถูกลี้นดูภายใต้สภาพแวดล้อม และการจัดการต่าง ๆ ของฟาร์มโชคชัย ซึ่งตั้งอยู่บนถนนมิตรภาพ-ปากช่อง กิโลเมตรที่ 159-160 มีโครงสร้างของประชากรโคนมที่มีความหลากหลายระดับสายเลือดของโคพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเซียนตั้งแต่ 50 ถึง ประมาณ 100 เปอร์เซนต์ โคนมแต่ละตัวมีพันธุ์ประวัติ, ประวัติการให้ลูก, การให้ผลผลิตน้ำนมตั้งแต่ครั้งแรกจนถึงปลดออก ตั้งแต่ปี พ.ศ.2528 ถึง 2549 ฟาร์มโชคชัยใช้พ่อพันธุ์โคนมจากต่างประเทศเป็นส่วนใหญ่โดยนำเข้ามาในรูปแบบน้ำเชื้อ จากข้อมูลปี 2549 ฟาร์มโชคชัยมีจำนวนโคนมทั้งหมดในฝูงประมาณ 5,000 ตัว แบ่งเป็นแม่โครีโคนมประมาณ 2,000 ตัว อีก 3,000 ตัวเป็นลูกโค และแม่โคสาวทดแทนเพื่อใช้ภายในฟาร์มเอง โคนมบางส่วนจัดจำหน่ายโคให้กับเกษตรกรรายย่อย ฟาร์มโชคชัยสามารถผลิตน้ำนมดิบได้วันละประมาณ 30 ตัน และมีค่าเฉลี่ยปริมาณน้ำนมจากแม่โคนมประมาณวันละ 18 กิโลกรัมต่อตัวต่อวัน (ฟาร์มโชคชัย, 2549) ต่อจากนี้เรียกประชากรโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียน ช้างต้นเป็น “ประชากรโคนมเป้าหมาย”

3.3.2 กลุ่มตัวอย่าง

เป็นโคนมที่เป็นตัวแทนของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนให้ลูกครั้งแรกของประชากรโคนมเป้าหมาย มีความหลากหลายของระดับสายเลือด โคนมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเซียนแตกต่างกันตั้งแต่ 75 ถึง ประมาณ 100 เปอร์เซนต์ มีอายุโดยประมาณ 18 ถึง 48 เดือน มีพันธุ์ประวัติ และข้อมูลการให้ผลผลิตน้ำนมตั้งแต่ปี พ.ศ. 2533 ถึง 2547

3.4 สถานที่ทำการวิจัย

ห้องปฏิบัติการพันธุศาสตร์และเทคโนโลยีชีวภาพทางสัตว์ ภาควิชาสัตวศาสตร์ ตึก 8 ชั้น 4 คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น

3.5 เครื่องมือที่ใช้ในการวิจัย

3.5.1 โปรแกรมสำเร็จรูป Statistical Analysis System (SAS) version 6.12 (SAS, 1996) และเอกสารประกอบการเขียนชุดคำสั่ง (มนต์ชัย ดวงจินดา, 2544)

3.5.2 โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90-DairyPak version 3.0.2 และ คู่มือการใช้โปรแกรม (Duangjinda, 2007)

3.5.3 คอมพิวเตอร์ส่วนบุคคล HP Pavilion Elite m9480d Core 2 Quad Q8200 Y 2.3 GHz

(95W) Memory Installed (RAM) 4 GB

3.6 การเก็บรวบรวมข้อมูล

ข้อมูลสำหรับการศึกษาเป็นข้อมูลทุติยภูมิ (secondary data) ที่ได้รับความอนุเคราะห์จากฟาร์มโชคชัย ตำบลหนองน้ำแดง อำเภอปากช่อง จังหวัดนครราชสีมา โดยทางฟาร์มโชคชัยเก็บรวบรวมข้อมูลปฐมภูมิ (primary data) ของบันทึกปริมาณน้ำนมรายวันของแม่โครีโคนมเป็นรายตัว และเก็บรักษาไว้ในฐานข้อมูลของศูนย์พันธุกรรมโคนม โดยทำการเก็บข้อมูล 3 ครั้งต่อเดือน มีช่วงห่างการเก็บประมาณ 10 วัน (ประมาณวันที่ 10 20 และ 30 ของทุกเดือนตามลำดับ อย่างไรก็ตามในเดือนกุมภาพันธ์จะบันทึกเป็นวันสิ้นเดือน (วันที่ 28 หรือ 29) และแม่โคนมที่ให้ลูกวันที่ 31 ของเดือนที่ลงท้ายด้วย -คม จะนับวันเก็บน้ำนมวันทดสอบครั้งถัดไปเป็นวันทดสอบแรก)

3.7 การวิเคราะห์ข้อมูล

3.7.1 การจัดการข้อมูลเบื้องต้น (Data Manipulation; DM)

การจัดการข้อมูลเบื้องต้น มีวัตถุประสงค์เพื่อจัดการให้ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาวิทยานิพนธ์ครั้งนี้มีความสมเหตุสมผลมากที่สุดสำหรับการนำไปวิเคราะห์ ดังนั้นจึงจัดการให้ข้อมูลมีลักษณะดังนี้คือ ใช้ข้อมูลของแม่โคนมที่ให้ลูกครั้งแรก และใช้ TDMYR ณ วันที่ 30 หรือวันสิ้นเดือนกุมภาพันธ์ ตัดข้อมูลปริมาณน้ำมน้อย หรือเท่ากับ 4 กิโลกรัมออกไป เนื่องจากทางฟาร์มจะทำการแห้งนม (dried-off) เป็นต้น สำหรับโครงสร้างข้อมูลสำหรับการศึกษาก่อนและหลังการจัดการข้อมูล แสดงไว้ในตารางที่ 3.1 จากนั้นจะจัดกลุ่มข้อมูลแบ่งออกเป็น 2 แฟ้ม ดังแสดง

3.7.1.1 แฟ้มข้อมูล (data file)

- 1) หมายเลขประจำตัวโคนม (dairy cattle IDentification number; ID)
- 2) เดือนทดสอบ (Test Month)
- 3) ปีทดสอบ (Test Year; TY)
- 4) กลุ่มระดับสายเลือดโคนมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเซียน (Holstein-Friesian's blood level; BLG) แบ่งออกเป็น 4 กลุ่ม คือ BLG1 = ≥ 75 และ $< 87.5\%$, BLG2 = ≥ 87.5 และ $< 93.75\%$, BLG3 = ≥ 93.75 และ $< 96.875\%$, BLG4 = $\geq 96.875\%$
- 5) เดือนให้น้ำนม (Milk In Month; MIM) ประกอบด้วย 10 ระดับ (1, 2, 3, ..., 10)
- 6) กลุ่มอายุเมื่อให้ลูกครั้งแรก (Age at First Calve; AFC) แบ่งออกเป็น 4 กลุ่ม คือ AFC1 = 18 ถึง 24 เดือน AFC2 = 25 ถึง 29 เดือน AFC3 = 30 ถึง 35 เดือน AFC4 = 36 ถึง 48 เดือน
- 7) วันให้น้ำนม (Day In Milk; DIM) (วันให้น้ำนม ตั้งแต่วันที่ 5 ถึง 305 วัน)

8) ปริมาณน้ำนมวันทดสอบ (Test Day Milk Yield; TDMY)

3.7.1.2 แฟ้มพันธุ์ประวัติ (pedigree file)

- 1) หมายเลขประจำตัวโคนม (dairy cattle IDentification number; ID)
- 2) หมายเลขพ่อพันธุ์ (Sire's ID)
- 3) หมายเลขแม่พันธุ์ (Dam's ID)
- 4) ปีเกิด (Year of Birth; YB)

ตารางที่ 3.1 โครงสร้างข้อมูลปริมาณน้ำนมวันทดสอบของประชากรโคนมที่ให้ลูกครั้งแรกของฟาร์มโชคชัย

ชนิด	ก่อนการจัดการข้อมูลเบื้องต้น	หลังการจัดการข้อมูลเบื้องต้น
แฟ้มข้อมูล		
จำนวนแม่โคมีบันทึก (N_D ; ตัว)	5,556	2,893
จำนวนบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ (N ; บันทึก)	56,757	25,845
ระดับสายเลือดโคนมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเซียน (%)	50-100%	75-100%
อายุเมื่อให้ลูกครั้งแรก (เดือน)	15-86	18-48
วันให้น้ำนม (วัน)	1-916	5-305
แฟ้มพันธุ์ประวัติ		
จำนวนโคนมทั้งหมด (N_A ; ตัว)	14,311	4,898
จำนวนพ่อพันธุ์ (ตัว)	184	63
จำนวนแม่พันธุ์ (ตัว)	6,348	4,835
ปีเกิด	2511-2548	2537-2547

3.7.2 การวิเคราะห์ข้อมูลเชิงตรวจสอบเบื้องต้น

3.7.2.1 การตรวจสอบการแจกแจงของข้อมูล

เหตุผลของการตรวจสอบการแจกแจงของข้อมูล ก่อนทำการวิเคราะห์ข้อมูลนั้น เพื่อตัดข้อมูลสูง ต่ำผิดปกติ (outlier) นอกเขตการกระจายข้อมูล ± 3 ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน และพล็อต quantile-quantile ของค่าความคลาดเคลื่อน ด้วยโปรแกรม SAS (มนต์ชัย ดวงจินดา, 2544; SAS, 1996) เพื่อให้ค่าความคลาดเคลื่อนมีการแจกแจงใกล้เคียงการแจกแจงแบบปกติมากที่สุด ตาม

งานวิจัยของ Hagnestam-Nielsen, Emanuelson, Berglund, and Strandberg, 2009

3.7.2.2 การวิเคราะห์ปัจจัยคงที่มีอิทธิพลต่อปริมาณน้ำนมวันทดสอบ

ทำการวิเคราะห์ เพื่อทดสอบสมมติฐานทางสถิติของปัจจัยคงที่ ที่จะใช้ ประกอบในโมเดลรีเกรชันชั้นสุ่มที่ศึกษา โดยใช้ชุดคำสั่ง PROC MIXED ของโปรแกรมสำเร็จรูป SAS (มนต์ชัย ดวงจินดา, 2544; SAS, 1996)

$$y_{ijkln} = TMTY_i + BLGMIM_j + AFCG_k + a_l + \varepsilon_{ijkln} \quad (3-1)$$

กำหนด y_{ijkln} คือ ปริมาณน้ำนมวันทดสอบ n ของแม่โคนม l

$TMTY_i$ คือ อิทธิพลคงที่ของกลุ่มการจัดการชั่วคราวระหว่าง เดือน-ปีทดสอบ i

$BLGMIM_j$ คือ อิทธิพลคงที่ระหว่างระดับสายเลือดกับเดือนให้น้ำนม j *

$AFCG_k$ คือ อิทธิพลคงที่กลุ่มอายุให้ลูกครั้งแรก k

a_l คือ อิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ l

ε_{ijkln} คือ อิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน

ตารางที่ 3.2 รายงานสรุปค่าสถิติเบื้องต้นของข้อมูลแบ่งตามเดือนให้น้ำนม

เดือนให้น้ำนม	จำนวน (บันทึก)	ค่าต่ำสุด (กก.)	ค่าสูงสุด (กก.)	ค่าเฉลี่ย ± ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (กก.)
1	2,927	4.40	39.60	18.20 ± 5.49
2	2,811	4.40	36.00	19.07 ± 5.30
3	2,795	4.40	37.00	17.63 ± 5.34
4	2,767	4.40	35.40	16.03 ± 5.18
5	2,731	4.80	32.00	14.69 ± 5.04
6	2,695	4.20	32.00	13.47 ± 4.82
7	2,649	4.20	28.60	12.61 ± 4.62
8	2,541	4.20	39.40	11.65 ± 4.44
9	2,211	4.20	27.00	10.97 ± 4.23
10	1,718	4.20	28.60	10.35 ± 4.04
ทั้งหมด	25,845	4.20	39.60	14.78 ± 5.73

3.7.3 ผลการวิเคราะห์ข้อมูลเชิงตรวจสอบเบื้องต้น

ผลการวิเคราะห์เพื่อทดสอบสมมติฐานทางสถิติ พบว่าการแจกแจงของข้อมูลปริมาณน้ำนมวันทดสอบมีการแจกแจงของความคลาดเคลื่อนใกล้เคียงกับการแจกแจงแบบปกติ ตามวิธีการของ Hagnestam-Nielsen et al. (2009) และปัจจัยคงที่ กลุ่มการจัดการชั่วคราว ระหว่าง เดือน-ปีทดสอบ ($TMTY_i$) ระดับสายเลือด โคนมๆกับเดือนให้น้ำนม ($BLGMIM_j$) กลุ่มอายุให้ลูกครั้งแรก ($AFCG_k$) ทั้งสามปัจจัยมีอิทธิพลต่อปริมาณน้ำนมวันทดสอบอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($P < 0.01$)

3.7.4 โมเดลรีเกรชันสูตรรูปแบบต่าง ๆ ที่ใช้ในการศึกษา

การศึกษาวិทยานิพนธ์ครั้งนี้ทำการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนตลอดจนประเมินพันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ และลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม โดยใช้โมเดลรีเกรชันสูตรที่มีรูปแบบทั่วไปดังแสดงในสมการ 3-2

$$y_{ijklmn} = TMTY_i + BLGMIM_j + AFCG_k + \sum_{m=0}^{k_\alpha-1} \alpha_{lm} \phi_m^*(t_n) + \sum_{m=0}^{k_\gamma-1} \gamma_{lm} \phi_m^*(t_n) + \varepsilon_{ijklmn} \quad (3-2)$$

กำหนด y_{ijklmn} คือ ปริมาณน้ำนมวันทดสอบ n ณ วันให้น้ำนม t_n ของแม่โคนม l

$TMTY_i$ คือ อิทธิพลคงที่ของกลุ่มการจัดการชั่วคราวระหว่าง เดือน-ปีทดสอบ i ($i = 1, 2, 3, \dots, 129$)

$BLGMIM_j$ คือ อิทธิพลคงที่ระหว่างระดับสายเลือดกับเดือนให้น้ำนม j ($j = 1, 2, 3, \dots, 40$)

$AFCG_k$ คือ อิทธิพลคงที่กลุ่มอายุให้ลูกครั้งแรก k ($k = 1, 2, 3, 4$)

α_{lm} คือ สัมประสิทธิ์รีเกรชันสูตรทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมลำดับ m หรือ $k_\alpha - 1$ ของแม่โคนม l

k_α คือ จำนวนสัมประสิทธิ์รีเกรชันสูตรทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ใช้ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม

γ_{lm} คือ สัมประสิทธิ์รีเกรชันสูตรทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรลำดับ m หรือ $k_\gamma - 1$ ของแม่โคนม l

k_γ คือ จำนวนสัมประสิทธิ์รีเกรชันสูตรทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ใช้ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร

$\phi_m^*(t_n)$ คือ ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมลำดับ m (order of fit)^a ณ วันให้น้ำนม t_n

ε_{ijklmn} คือ ความคลาดเคลื่อนสุ่ม

ที่มา : ^aArango et al., 2004

สมการ 3-2 สามารถแสดงให้อยู่ในรูปแบบเมทริกซ์ทั่วไปดังแสดงในสมการ 3-3

$$y = X\beta + Z\alpha + W\gamma + \varepsilon \quad (3-3)$$

ที่มา : Meyer and Kirkpatrick, 2005

- เมื่อ y คือ เวกเตอร์ของค่าสังเกต (vectors of observation)
- X คือ เมทริกซ์แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับอิทธิพลคงที่
- β คือ เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ (fixed regression coefficient)
- Z คือ เมทริกซ์แสดงความสัมพันธ์ (Incidence Matrix) ระหว่างค่าสังเกต กับอิทธิพลสุ่ม เนื่องจากพันธุกรรมแบบบวกสะสม
- α คือ เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากพันธุกรรมแบบบวกสะสม หรือ สัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่ม (random regression coefficients) ของพันธุกรรมแบบบวกสะสม
- W คือ เมทริกซ์แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับอิทธิพลสุ่มเนื่องจากสิ่งแวดล้อมแบบถาวร
- γ คือ เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากสิ่งแวดล้อมแบบถาวร หรือ สัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มต่างๆ ของสิ่งแวดล้อมแบบถาวร
- ε คือ เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน

สมการโมเดลผสมเชิงเส้นตรง (Linear Mixed Model Equation; MME) ของสมการ 3-1
เป็นดังแสดง

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z & X'R^{-1}W \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}X + A^{-1} \otimes K_{\alpha}^{-1} & Z'R^{-1}W \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}Z & W'R^{-1}W + I \otimes K_{\gamma}^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{\alpha} \\ \hat{\gamma} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \\ W'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad (3-4)$$

ที่มา : Meyer, 2003

ข้อตกลงเบื้องต้นของสมการ (3-4) คือ ความคลาดเคลื่อนสุ่มมีการแจกแจงแบบปกติ มีค่าเฉลี่ยเท่ากับศูนย์ และมีความแปรปรวนเท่ากัน (homogeneity of variance)

$$\begin{bmatrix} \hat{\alpha} \\ \hat{\gamma} \\ \varepsilon \end{bmatrix} \sim NID(0, V) \text{ เมื่อ } V \hat{\gamma} = \begin{bmatrix} A \otimes K_\alpha & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & I \otimes K_\gamma & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & R \end{bmatrix} \quad (3-5)$$

ที่มา : Lidauer, Strandén, Mäntysaari, Pösö, and Kettunen, 1999

ตารางที่ 3.3 ชนิด จำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial ที่ใช้ซ่อนในอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (α) และอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (γ)

Models	effects	L_1	L_2	L_3	L_4	L_5
RRLP(3, 3)	α	✓	✓	✓		
	γ	✓	✓	✓		
RRLP(3, 4)	α	✓	✓	✓		
	γ	✓	✓	✓	✓	
RRLP(3, 5)	α	✓	✓	✓		
	γ	✓	✓	✓	✓	✓
RRLP(4, 3)	α	✓	✓	✓	✓	
	γ	✓	✓	✓		
RRLP(4, 4)	α	✓	✓	✓	✓	
	γ	✓	✓	✓	✓	
RRLP(4, 5)	α	✓	✓	✓	✓	
	γ	✓	✓	✓	✓	✓
RRLP(5, 3)	α	✓	✓	✓	✓	✓
	γ	✓	✓	✓		
RRLP(5, 4)	α	✓	✓	✓	✓	✓
	γ	✓	✓	✓	✓	
RRLP(5, 5)	α	✓	✓	✓	✓	✓
	γ	✓	✓	✓	✓	✓

$$\text{เมื่อ } L_1 = 1, L_2 = \sqrt{3}t, L_3 = \sqrt{\frac{5}{4}}(3t^2 - 1), L_4 = \sqrt{\frac{7}{4}}(5t^3 - 3t), L_5 = \sqrt{\frac{9}{64}}(35t^4 - 30t^2 + 3)$$

ที่มา : มนต์ชัย ดวงจินดา, 2548; Gengler et al., 1999

หมายเหตุ : การได้มาของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial แต่ละเทอมแสดงในภาคผนวก ง

การศึกษาโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีความเหมาะสมสำหรับการประเมินพันธุกรรมในครั้งนี้ จะทำการเปรียบเทียบโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมแตกต่างกัน 2 ชนิด ได้แก่

1) โมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ exponential ของ Wilmink (1987) โดยทำการดัดแปลงฟังก์ชันให้มีรูปแบบฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมดังแสดง

$$\text{Wilmlink function : } f(\text{DIM}) = \alpha_0 + \alpha_1 t^* + \alpha_2 \exp^{-0.05t^*} \quad (3-6)$$

$$\text{เมื่อ } \alpha_0, \alpha_1, \alpha_2 = \text{สัมประสิทธิ์รีเกรซชันสุ่ม}$$

$$t^* = \frac{t}{305}$$

$$t = \text{วันให้น้ำนม (days in milk)}$$

$$\exp = \text{exponential term}$$

ให้สัญลักษณ์โมเดลรีเกรซชันสุ่มลักษณะดังกล่าวข้างต้นเป็น **RRW(3,3)**

2) โมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Modified Normalized Legendre Polynomial (MNLP) (มนต์ชัย ดวงจินดา, 2548; Gengler et al., 1999; Harder, Bennewitz, Hinrichs, and Kalm, 2006)

Modified Normalized Legendre Polynomial

$$: f(\text{DIM}) = \alpha_0 \phi_0^*(t_n) + \alpha_1 \phi_1^*(t_n) + \alpha_2 \phi_2^*(t_n) \quad (3-7)$$

$$\text{หรือ} = \alpha_0 L_1 + \alpha_1 L_2 + \alpha_2 L_3$$

$$\text{เมื่อ } \alpha_0, \alpha_1, \alpha_2 = \text{สัมประสิทธิ์รีเกรซชันสุ่มลำดับ } 0, 1, 2$$

$$\begin{aligned}
\phi_0^*(t_n) \text{ หรือ } L_1 &= \text{สัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ MNLP} \\
&\quad \text{ลำดับ 0} \\
\phi_1^*(t_n) \text{ หรือ } L_2 &= \text{สัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ MNLP} \\
&\quad \text{ลำดับ 1} \\
\phi_2^*(t_n) \text{ หรือ } L_3 &= \text{สัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ MNLP} \\
&\quad \text{ลำดับ 2} \\
t &= -1 + 2 \frac{(DIM_i - DIM_{min})}{(DIM_{max} - DIM_{min})} \quad (3-8)
\end{aligned}$$

กำหนดให้ t เป็นวันให้น้ำนม (days in milk) n ที่ถูกทำให้อยู่ในรูปของหน่วยเวลามาตรฐาน (standardized unit of time t) มีค่าอยู่ในช่วง -1 ถึง 1 เมื่อ DIM_i เป็นวันให้น้ำนม i DIM_{min} เป็นวันให้น้ำนมวันทีน้อยที่สุดที่ปรากฏในข้อมูล คือ 5 และ DIM_{max} เป็นวันให้น้ำนมวันทีมากที่สุดที่ปรากฏในข้อมูล คือ 305

ให้สัญลักษณ์เป็น $RRLP(k_\alpha, k_\gamma)$ เมื่อ k_α เป็นจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ MNLP ที่ใช้ซ่อนในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และ k_γ เป็นจำนวนสัมประสิทธิ์ของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ MNLP ที่ใช้ซ่อนในส่วนของอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร

การศึกษาครั้งนี้นอกจากจะทำการเปรียบเทียบ โมเดลรีเกรชันกลุ่มที่มีรูปแบบของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่แตกกัน 2 รูปแบบ ดังแสดงข้างต้นแล้วนั้น ยังจะทำการศึกษาในกรณีทีโมเดลรีเกรชันกลุ่มมีจำนวนสัมประสิทธิ์ของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ MNLP ที่ใช้ซ่อนในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรแตกต่างกัน ตัวอย่างเช่น

RRLP(3,4) เป็นโมเดลรีเกรชันกลุ่มมีจำนวนสัมประสิทธิ์ของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ MNLP ที่ใช้ซ่อนในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (k_α) และสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (k_γ) จำนวน 3 และ 4 สัมประสิทธิ์ ตามลำดับ

RRLP(5,4) เป็นโมเดลรีเกรชันกลุ่มมีจำนวนสัมประสิทธิ์ของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ MNLP ที่ใช้ซ่อนในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (k_α) และสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (k_γ) จำนวน 5 และ 3 สัมประสิทธิ์ ตามลำดับ

ส่วนรายละเอียดของโมเดลรีเกรชันกลุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบอื่น ๆ อีก 7 โมเดล แสดงรายละเอียดอยู่ในตารางที่ 3.3

3.7.5 การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน ความแปรปรวนร่วม

และอัตราพันธุกรรม

หลักการสำหรับการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และความแปรปรวนร่วม ในการทำวิทยานิพนธ์ครั้งนี้ใช้ Restricted Maximum Likelihood (REML) และประกอบด้วยกลวิธีสำหรับการประมาณค่า คือ 1) Expectation Maximization-Restricted Maximum Likelihood (EM-REML) 2) Average Information-Restricted Maximum Likelihood (AI-REML)

โดยกลวิธี AI-REML ใช้สำหรับประมาณค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error) ของค่าประมาณองค์ประกอบความแปรปรวน ($\hat{\sigma}_{a(i)}^2$ และ $\hat{\sigma}_{pe(i)}^2$) ความแปรปรวนร่วม ($\hat{\sigma}_{a(i,j)}$ และ $\hat{\sigma}_{pe(i,j)}$) และค่าประมาณอัตราพันธุกรรม (Druet, Jaffrézic, Boichard, and Ducrocq, 2003)

เนื่องจากการศึกษาครั้งนี้กระทำกับชุดข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบจำนวนมาก (25,845 บันทึก) ประกอบกับต้องการให้การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนต่าง ๆ มีความถูกต้องสมเหตุสมผล จึงจำเป็นต้องทำการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูปที่มีประสิทธิภาพสูงที่ได้รับการยอมรับอย่างกว้างขวาง และมีความสะดวกต่อการใช้งาน จึงตัดสินใจใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 *DairyPak* version 3.0.2 (Duanjinda, Misztal, and Tsuruta, 2007) ร่วมกับคู่มือการใช้งาน (Duanjinda, Misztal, and Tsuruta, 2007a) สำหรับการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนในครั้งนี้ โดยมีวิธีการคำนวณองค์ประกอบความแปรปรวนดังต่อไปนี้

3.7.5.1 การประมาณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม

การประมาณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมจากข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ ณ วันที่ให้น้ำนม i สามารถคำนวณได้จากสมการดังแสดง

$$\hat{\sigma}_{a(i)}^2 = \boldsymbol{\phi}_m^{*T}(t_i) \mathbf{K}_\alpha \boldsymbol{\phi}_m^*(t_i) \quad (3-9)$$

ที่มา : Lidauer, Strandén, Mäntysaari, Pösö, and Kettunen, 1999

ตัวอย่างการประมาณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมจากข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ ณ วันที่ให้น้ำนม i ด้วยสมการ 3-9 เมื่อประมาณค่าด้วยโมเดลรีเกรชันสุ่มที่มีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมเท่ากับ 3 หรือมีลำดับของฟังก์ชันเท่ากับ 2 (second-order หรือ quadratic function) ซ้อนในอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเป็นดังแสดง

$$\hat{\sigma}_{a(i)}^2 = \boldsymbol{\phi}_m^{*T}(t_i)_{(1 \times 3)} \mathbf{K}_{\alpha(3 \times 3)} \boldsymbol{\phi}_m^*(t_i)_{(3 \times 1)} \quad (3-10)$$

3.7.5.2 การประมาณค่าความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม

การประมาณค่าความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมจากข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมนวันทดสอบ ระหว่างวันให้น้ำนม i กับ j สามารถคำนวณได้ดังแสดง

$$\hat{\sigma}_{a(i,j)} = \boldsymbol{\phi}_m^{*T}(t_i) \mathbf{K}_\alpha \boldsymbol{\phi}_m^*(t_j) \quad (3-11)$$

ตัวอย่างการประมาณค่าความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมจากข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมนวันทดสอบ ระหว่างวันให้น้ำนม i กับ j ด้วยสมการ 3-11 เมื่อทำการประมาณค่าด้วยโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมเท่ากับ 3 หรือมีลำดับของฟังก์ชันเท่ากับ 2 (second-order หรือ quadratic function) ซ่อนในอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเป็นดังแสดง

$$\hat{\sigma}_{a(i,j)} = \boldsymbol{\phi}_m^{*T}(t_i)_{(1 \times 3)} \mathbf{K}_\alpha(3 \times 3) \boldsymbol{\phi}_m^*(t_j)_{(3 \times 1)} \quad (3-12)$$

นอกจากนี้โมเดลรีเกรซชันสุ่ม สามารถคำนวณเมทริกซ์ความแปรปรวน-ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม ที่มีช่วงห่างวันให้น้ำนม 15 วัน (21 ค่า) ดังแสดง

$$\hat{\mathbf{G}}_{(21 \times 21)} = \boldsymbol{\Phi}_\alpha^*(21 \times 3) \mathbf{K}_\alpha(3 \times 3) \boldsymbol{\Phi}_\alpha^{*T}(21 \times 3) \quad (3-13)$$

ที่มา : Kirkpatrick et al., 1990; Fischer, Gilmour, Van der Werf, 2004; Lidauer, Mäntysaari, Strandén, 2003

3.7.5.3 การประมาณค่าความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร

การประมาณค่าความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรจากข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมนวันทดสอบ ณ วันให้น้ำนม i สามารถคำนวณได้จากสมการดังแสดง

$$\hat{\sigma}_{pe(i)}^2 = \boldsymbol{\phi}_m^{*T}(t_i) \mathbf{K}_\gamma \boldsymbol{\phi}_m^*(t_i) \quad (3-14)$$

ตัวอย่างการประมาณค่าความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรจากข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมนวันทดสอบ ณ วันให้น้ำนม i ด้วยสมการ 3-14 เมื่อประมาณค่าด้วยโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมเท่ากับ 4 หรือมีลำดับของฟังก์ชันเท่ากับสาม (third-

order หรือ cubic function) ซ้อนในอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรเป็นดังแสดง

$$\hat{\sigma}_{pe(i)}^2 = \phi_m^{*T}(t_i)_{(1 \times 4)} \mathbf{K}_\gamma \phi_m^*(t_i)_{(4 \times 1)} \quad (3-15)$$

3.7.5.4 การประมาณค่าความแปรปรวนร่วมทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร

การประมาณค่าความแปรปรวนร่วมทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรจากข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำฝนวันทดสอบ ระหว่างวันให้น้ำนม i กับ j สามารถคำนวณได้ดังแสดง

$$\hat{\sigma}_{pe(i,j)} = \phi_m^{*T}(t_i) \mathbf{K}_\gamma \phi_m^*(t_j) \quad (3-16)$$

ตัวอย่างการประมาณค่าความแปรปรวนร่วมทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรจากข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำฝนวันทดสอบ ระหว่างวันให้น้ำนม i กับ j ด้วยสมการ 3-16 เมื่อทำการประมาณค่าด้วยโมเดลรีเกรซชันเส้นตรงที่มีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมเท่ากับ 4 หรือมีลำดับของฟังก์ชันเท่ากับ 3 (third-order หรือ cubic function) ซ้อนในอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมเป็นดังแสดง

$$\hat{\sigma}_{pe(i,j)} = \phi_m^{*T}(t_i)_{(1 \times 4)} \mathbf{K}_\gamma \phi_m^*(t_j)_{(4 \times 1)} \quad (3-17)$$

3.7.5.5 การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมและความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน

การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมจากข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำฝนวันทดสอบ วันให้น้ำนม i สามารถคำนวณได้จากสมการดังแสดง

$$\hat{h}_i^2 = \frac{\phi_m^{*T}(t_i) \mathbf{K}_\alpha \phi_m^*(t_j)}{\phi_m^{*T}(t_i) \mathbf{K}_\alpha \phi_m^*(t_j) + \phi_m^{*T}(t_i) \mathbf{K}_\gamma \phi_m^*(t_i) + \varepsilon} \quad (3-18)$$

ตัวอย่างการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมจากข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำฝนวันทดสอบในโคนมลูกผสมที่ให้ลูกครึ่งของประชากรโคนมเป้าหมาย ณ วันให้น้ำนม i ด้วยสมการประมาณค่าอัตราพันธุกรรม 3-18 เมื่อทำการประมาณค่าด้วยโมเดลรีเกรซชันเส้นตรงแบบที่มีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม modified normalized Legendre polynomial เท่ากับ 5 หรือมีลำดับของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมเท่ากับ 4 (fourth-order หรือ quartic function) และซ้อนในอิทธิพลทาง

ฟังก์ชันแบบบวกสะสมเป็นดังแสดง

$$\hat{h}_i^2 = \frac{\phi_m^{*T}(t_i)_{(1 \times 5)} \mathbf{K}_\alpha(5 \times 5) \phi_m^*(t_i)_{(5 \times 1)}}{\phi_m^{*T}(t_i)_{(1 \times 5)} \mathbf{K}_\alpha(5 \times 5) \phi_m^*(t_i)_{(5 \times 1)} + \phi_m^{*T}(t_i)_{(1 \times 5)} \mathbf{K}_\gamma(5 \times 5) \phi_m^*(t_i)_{(5 \times 1)} + \varepsilon_i} \quad (3-19)$$

การประมาณค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานของค่าประมาณอัตราฟังก์ชัน จะทำการประมาณค่าความคลาดเคลื่อนโดยประมาณ (Approximate Standard Error; ASE) จากสมการที่ใช้ในงานวิจัยของ Fischer, Gilmour, and Van der werf, (2004) มีสมการเป็นดังแสดง

$$\begin{aligned} \text{Var}\left(\frac{g_{t,i}}{p_{t,i}}\right) &= \text{Var}(h_i) \\ &\approx \frac{(p_{t,i} \text{var}(g_{t,i}) + g_{t,i} \text{var}(p_{t,i}) - 2g_{t,i} p_{t,i} \text{cov}(g_{t,i}, p_{t,i}))}{p_{t,i}^2} \end{aligned} \quad (3-20)$$

เมื่อ $p_{t,i}$ = สมาชิกในแนวทแยงของเมทริกซ์ความแปรปรวนทางฟังก์ชัน \hat{G}

$g_{t,i}$ = สมาชิกในแนวทแยงของเมทริกซ์ความแปรปรวนลักษณะปรากฏ \hat{P}

$\text{var}(g_{t,i})$ = ความแปรปรวนของความแปรปรวนทางฟังก์ชันแบบบวกสะสม

$\text{var}(p_{t,i})$ = ความแปรปรวนของความแปรปรวนลักษณะปรากฏ

$\text{cov}(g_{t,i}, p_{t,i})$ = ความแปรปรวนร่วมระหว่างความแปรปรวนทางฟังก์ชัน
กับความแปรปรวนลักษณะปรากฏ

3.7.6 เกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสมของโมเดลรีเกรซชันสุ่ม

เกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสม (Goodness Of Fits Criteria; GOFC) ของโมเดลรีเกรซชันสุ่มทั้ง 10 รูปแบบ แบ่งเป็นสองกลุ่มหลัก คือ

3.7.6.1 Likelihood Base criteria (LBC) ได้แก่

a) Negative 2 log likelihood (-2logL)

การประมาณค่า $-2\log L$ จากโมเดลในสมการ 3-3 จะทำการประมาณค่าด้วยกลวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) (Meyer, 2003) ชนิดที่เรียกว่า Expectation-Maximization Restricted Maximum Likelihood (EM-REML) และเนื่องจากการศึกษาครั้งนี้ทำการกำหนดจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ซ่อนในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมไม่เท่ากัน จึงใช้โปรแกรม REMLF90 (Misztal, 1999) เพื่อความถูกต้อง และความสะดวกในการคำนวณ

การประมาณค่า $-2\log L$ จากโมเดลสมการ 3-3 ใช้สมการดังแสดงในสมการ 3-21

$$-2\log L = \text{const.} + \log |V^{-1}| + \log |X'V^{-1}X| + (y - X\hat{\beta})V^{-1}(y - X\hat{\beta}) \quad (3-21)$$

$$= \text{const.} + N_A \log |K_\alpha| + k_\alpha \log |A| + N \log |K_\gamma| + \log |R| + \log |C| + y'Py \quad (3-22)$$

b) Akaike's Information Criterion (AIC)

เป็นแนวคิดที่จะปรับลดความได้เปรียบ (penaltise) ของโมเดลทางสถิติที่มีจำนวนพารามิเตอร์มากกว่า มีสมการสำหรับการคำนวณดังแสดง

$$\text{AIC} = -2 \log L + 2p \quad (3-23)$$

เมื่อ p = จำนวนพารามิเตอร์อิสระ ในโมเดล RRLP(k_α, k_γ) เมื่อเปรียบเทียบกัน

ที่มา : Liu, Zhang, Schaeffer, Yang, and Zhang, 2006

c) Bayesian Information Criterion (BIC)

เป็นแนวคิดที่พัฒนาต่อจาก AIC ที่นอกจากจะปรับลดความได้เปรียบ (penalty) ของโมเดลทางสถิติที่มีจำนวนพารามิเตอร์มากกว่าแล้ว ยังจะทำการปรับลดความได้เปรียบ

ด้วยการปรับจำนวนข้อมูลบันทึก และ rank ของ incidence matrix ของ อิทธิพลคงที่ ดังแสดง

$$\text{BIC} = -2\log L + p \log(\lambda) \quad (3-24)$$

เมื่อ p = จำนวนพารามิเตอร์อิสระ ในโมเดล RRLP(k_α, k_γ) เมื่อเปรียบเทียบกัน

$$\lambda = n - r(\mathbf{X})$$

n = จำนวนข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ (25,845 บันทึก)

$r(\mathbf{X})$ = rank ของ incidence matrix ของ อิทธิพลคงที่

ที่มา : Liu, Zhang, Schaeffer, Yang, and Zhang, 2006

d) Estimated Residual Variance (RV)

ค่าประมาณความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน คำนวณโดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 *DairyPak* version 3.0.2 (Duanjinda et al., 2007)

3.7.6.2 Eigenvalue (EV)

Eigenvalue เป็นค่าที่บ่งบอกว่าสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมแต่ละลำดับที่ใช้ในโมเดลรีเกรชันสามารถอธิบายความแปรปรวนทางพันธุกรรมโดยรวมได้มากน้อยเพียงไรเมื่อคิดเทียบเป็นสัดส่วน หรือเปอร์เซ็นต์ สำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลครั้งนี้ ทำการคิดค่าผลรวม eigenvalues ของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมแต่ละลำดับในโมเดลรีเกรชันสูงมากกว่า 95 เปอร์เซ็นต์ จึงนับว่าเพียงพอในการอธิบายความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม เมื่อเทียบกับโมเดลรีเกรชันสูงที่มีลำดับของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมสูงสุด (k_α และ k_γ จำนวนเท่ากับ 5) ตามเอกสารงานวิจัยของ Druet, Jaffrézic, and Ducrocq, (2005) และการคำนวณจะใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 *DairyPak* version 3.0.2 (Duanjinda et al., 2007) หรือ โปรแกรมสำเร็จรูป SAS ประกอบกับชุดคำสั่ง PROC IML (Duanjinda, 2007b) ดังแสดงในภาคผนวก ก

3.7.7 การประมาณค่าการผสมพันธุ์ และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

3.7.7.1 ค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์

การประมาณค่าการผสมพันธุ์ของโคนมตัวที่ 1 ณ วันที่ให้น้ำนม t_n เป็นดังแสดงในสมการ 3-25

$$EBV(t_n)_i = \sum_{m=0}^{k_\alpha-1} \hat{\alpha}_{im} \phi_m(t_n) \quad (3-25)$$

ที่มา : Meyer and Kirkpatrick, 2005

3.7.7.2 ค่าประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

ค่าประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างวันให้น้ำนม i กับ j

เป็นดังแสดง

$$\hat{\rho}_{g(i,j)} = \frac{\phi_m^{*T}(t_i) K_\alpha \phi_m^*(t_j)}{\sqrt{\phi_m^{*T}(t_i) K_\alpha \phi_m^*(t_i) \times \phi_m^{*T}(t_j) K_\alpha \phi_m^*(t_j)}} \quad (3-26)$$

ที่มา : Lidauer et al., 2003

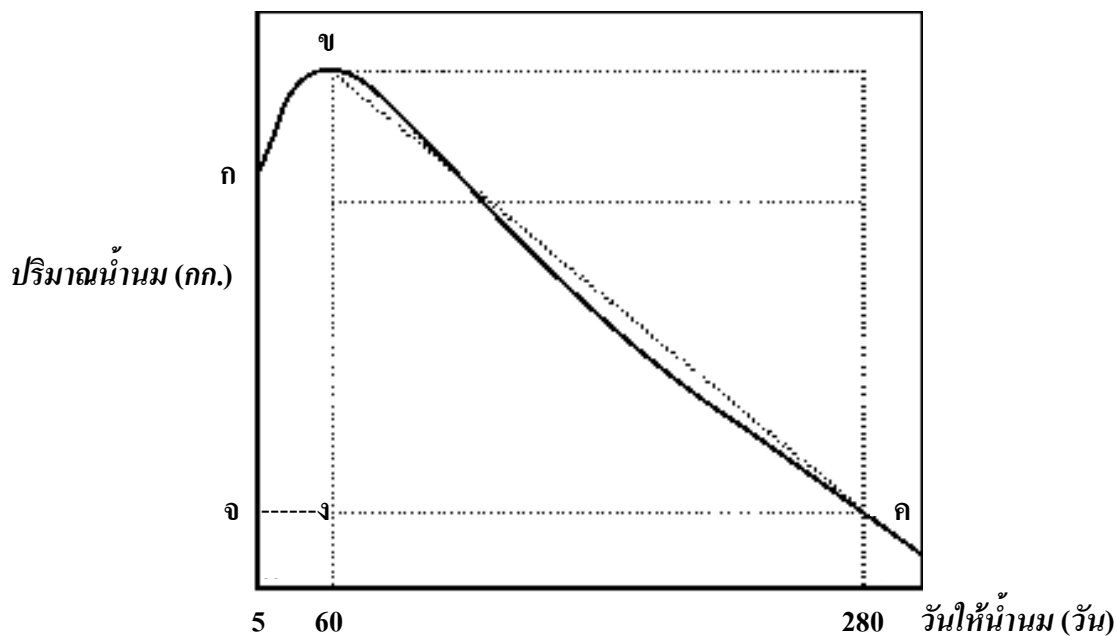
3.7.7.3 ค่าประมาณสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์เชิงลำดับของสเปียร์แมน (Spearman's rank correlation coefficient)

$$\hat{\rho} = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n d_i^2}{n(n^2 - 1)} \quad (3-27)$$

ที่มา : ปิยะนันท์ นวลหนูปล้อง, 2551; วรางคณา กิจพิพิธ, 2545

- เมื่อ $\hat{\rho}$ = ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์เชิงลำดับของสเปียร์แมน มีค่าอยู่ในช่วง -1 ถึง 1
 d = ความแตกต่างระหว่างลำดับของค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ของโมเดลที่ศึกษา
 n = จำนวนค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ของโคนม

3.7.8 สมการคำนวณ และนิยามความคงทนของการให้น้ำนมที่ใช้ในการศึกษา



ภาพที่ 3.1 เส้นโค้งการให้น้ำนม

ที่มา : Togashi and Lin, 2003

นิยาม P_1 หมายถึง ความแตกต่างระหว่างค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ ณ วันให้น้ำนม 280 กับ 60 หรือ ผลต่างในแนวตั้งระหว่างจุด ข กับ ค (เส้นประ ข-ง) หาก P_1 มีค่ามากแสดงว่าโคนมมีความคงทนของการให้น้ำนมสูง ใช้สมการคำนวณดังแสดง

$$P_1 = EBV_{280} - EBV_{60} \quad (3-28)$$

ที่มา : Jakobsen et al., 2002

กำหนดให้ EBV_{60} = ค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ ณ วันให้น้ำนมที่ 60
 EBV_{280} = ค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ ณ วันให้น้ำนมที่ 280

นิยาม P_2 หมายถึง สัดส่วนของค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ ณ วันให้น้ำนม 280 กับ 60

หรือผลหารของจุด ค หารด้วย จุด ข หาก P_2 มีค่ามากแสดงว่าโคนมมีความคงทนของการให้น้ำนมสูง ใช้สมการคำนวณดังแสดงในสมการ 3-28

$$P_2 = \frac{EBV_{280}}{EBV_{60}} \quad (3-28)$$

ที่มา : Togashi and Lin, 2004

นิยาม P_3 หมายถึง สัดส่วนของผลรวมค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ตั้งแต่วันที่ให้น้ำนม 60 ถึง 280 กับ ผลรวมค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ตั้งแต่วันที่ให้น้ำนม 5 ถึง 59 หรือ ผลหารของพื้นที่ใต้กราฟ ข-ค-ง หารด้วยพื้นที่ใต้กราฟ ก-ข-ง-จ หาก P_3 มีค่ามากแสดงว่าโคนมมีความคงทนของการให้น้ำนมสูง ใช้สมการคำนวณดังแสดง

$$P_3 = \frac{\sum_{i=60}^{280} EBV_i}{\sum_{m=5}^{59} EBV_i} \quad (3-30)$$

ที่มา : Lin and Togashi, 2005

นิยาม P_4 หมายถึง ความแตกต่างระหว่างค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ตั้งแต่วันที่ให้น้ำนมที่ 60 ถึง 279 ซึ่งเบี่ยงเบนไปจากค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ ณ วันที่ให้น้ำนม 280 หาก P_4 มีค่ามากแสดงว่าโคนมมีความคงทนของการให้น้ำนมสูง

$$P_4 = 215EBV_{280} - \sum_{i=60}^{279} EBV_i$$

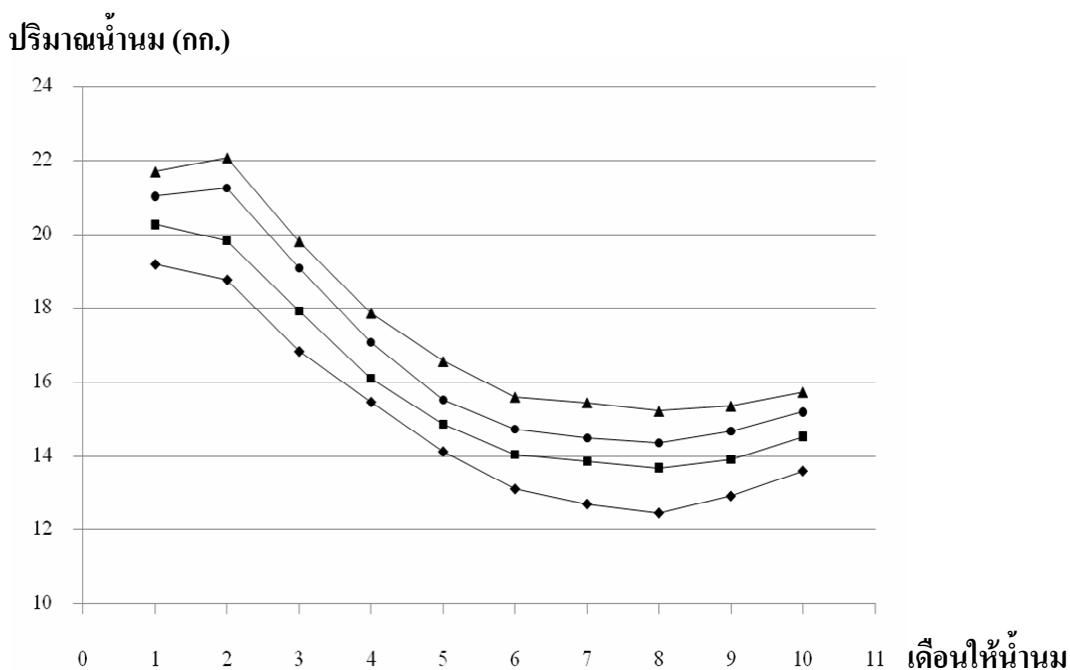
ที่มา : Togashi and Lin, 2004

บทที่ 4

ผลการวิเคราะห์ข้อมูล และการอภิปรายผล

4.1 เส้นโค้งการให้น้ำนมของลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ

จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรชันเส้นรูปแบบ RRLP(3, 4) สามารถสร้างเส้นโค้งการให้น้ำนมของลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบของแม่โคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเชียนที่ให้ลูกครั้งแรกได้ตามกลุ่มระดับสายเลือดโคนมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเชียนแตกต่างกัน 4 กลุ่ม ดังแสดง



ภาพที่ 4.1 ค่าเฉลี่ยปริมาณน้ำนมวันทดสอบในแต่ละเดือนให้น้ำนม แบ่งตามระดับสายเลือดโคนมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเชียน 4 กลุ่ม (BLG1 (◆) คือ ≥ 75 และ $< 87.5\%$, BLG2 (■) คือ ≥ 87.5 และ $< 93.75\%$, BLG3 (▲) คือ ≥ 93.75 และ $< 96.875\%$ และ BLG4 (●) คือ $\geq 96.875\%$)

ภายใต้สภาพแวดล้อม และจัดการเลี้ยงดูของฟาร์ม โชคชัยแม่โคนมลูกผสมฯ กลุ่มที่มีระดับสายเลือด ≥ 93.75 และ $< 96.875\%$ มีค่าเฉลี่ยน้ำนมในทุกเดือนให้น้ำนมสูงสุด และเส้นโค้งการให้น้ำนมที่สร้างขึ้นสามารถใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานสำหรับการเลี้ยงดูโคนม ตัวอย่างเช่นนำไปคำนวณ

ความต้องการ โภชนะของ โคนมเมื่อพิจารณาตามความแตกต่างของระดับสายเลือด โคนมพันธุ์ โฮลสไตน์-ฟรีเซียน เป็นต้น (Lin and Togashi, 2005)

4.2 การศึกษาเกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสม (Goodness Of Fit) ของโมเดลรีเกรชันกลุ่ม

การศึกษาเกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสม มีวัตถุประสงค์เพื่อเลือกโมเดลที่มีรูปแบบเหมาะสมที่สุด (the most appropriate model) สำหรับการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และความแปรปรวนร่วมต่าง ๆ ระหว่างโมเดลรีเกรชันกลุ่มที่มีรูปแบบระดับที่สุด (หมายถึง โมเดลที่สามารถประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และยังคงให้ผลการประมาณค่าที่สมเหตุสมผลด้วยจำนวนพารามิเตอร์ในโมเดลน้อยกว่า (Arango et al., 2004)) เปรียบเทียบกับโมเดลรีเกรชันกลุ่มที่มีจำนวนพารามิเตอร์ในโมเดลมาก หรือมีลำดับของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมลำดับสูงกว่า (higher order covariance functions)

ตารางที่ 4.1 จำนวนพารามิเตอร์ในเมทริกซ์ความแปรปรวน (รวม) ของสัมประสิทธิ์รีเกรชันกลุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และถึงเวดล้อมแบบถาวร กับค่าประมาณของเกณฑ์ชี้วัดที่คำนวณจากโมเดลรีเกรชันกลุ่มแต่ละโมเดล

Model	n	-2logL	AIC	BIC	ERV (kg ²)
RRW(3, 3)	12 (06, 06)	87,717.24	146,843.24	388,073.58	7.19
RRLP(3,3)	12 (06, 06)	86,302.89	145,430.89	386,669.36	6.13
RRLP(3,4)	16 (06, 10)	85,436.86	154,362.86	435,576.55	5.46
RRLP(3,5)	21 (06, 15)	84,943.33	163,667.33	484,856.23	4.99
RRLP(4,3)	16 (10, 06)	85,265.78	154,191.78	435,405.47	5.49
RRLP(4,4)	20 (10, 10)	85,217.12	163,941.12	485,130.02	5.46
RRLP(4,5)	25 (10, 15)	84,746.91	173,268.91	534,433.03	4.98
RRLP(5,3)	21 (15, 06)	84,683.07	163,407.07	484,595.97	5.07
RRLP(5,4)	25 (15, 10)	84,633.04	173,155.04	534,319.16	5.04
RRLP(5,5)	30 (15, 15)	84,594.98	182,914.98	584,054.31	5.00

กำหนดให้ n = จำนวนพารามิเตอร์, -2logL = Negative 2 log Likelihood; AIC = Akaike's Information Criterion, BIC = Bayesian Information Criterion; และ ERV = Estimated Residual Variance;

เมื่อ $n = \left[k_\alpha(k_\alpha + 1)/2, k_\gamma(k_\gamma + 1)/2 \right]$ และ $k_\alpha =$ จำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และ $k_\gamma =$ จำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (Kirkpatrick, et al., 1994)

4.2.1 Likelihood Base Criteria (LBC)

การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนส่วนต่าง ๆ จากโมเดลรีเกรชันสุ่มทั้ง 10 รูปแบบ ผลการวิเคราะห์ได้ค่าของเกณฑ์ชี้วัดกลุ่ม likelihood base criteria เรียงลำดับตามจำนวนพารามิเตอร์ในส่วนอิทธิพลสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (Additive Genetic Random Effect; AGRE) จากน้อยไปหามากเป็นดังแสดงในตารางที่ 4.1

ผลการวิเคราะห์ข้อมูลพบว่าโมเดลรีเกรชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบของ Wilink (RRW(3,3)) มีค่าของเกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสมทั้ง 4 เกณฑ์ มากกว่าโมเดลรีเกรชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Legendre polynomial (RRLP(k_α, k_γ)) ทุกโมเดล แสดงถึงความไม่เหมาะสมของ RRW(3,3) สำหรับใช้เป็นฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมเพื่อประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของโมเดลรีเกรชันสุ่ม ผลดังกล่าวสอดคล้องกับรายงานการวิจัยของ ปิยะนันท์ นวลหนูปล้อง (2551); Brotherstone et al. (2000); Jokobsen et al. (2002)

จากผลการวิเคราะห์หากพิจารณาเปรียบเทียบโมเดลรีเกรชันสุ่มเฉพาะกลุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Legendre polynomial เพื่อศึกษาผลของการปรับจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (k_α) และทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (k_γ) ต่อค่าเกณฑ์ชี้วัดกลุ่ม likelihood base criteria ดังแสดงในตารางที่ 4.1 พบว่าเมื่อ RRLP(k_α, k_γ) มีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมเท่ากันทั้งสองส่วน ($k_\alpha = k_\gamma$) และมีจำนวนมากขึ้น ได้แก่ RRLP(3,3), RRLP(4,4) และ RRLP(5,5) จะทำให้ค่า $-2\log L$ ลดลง 1.29 และ 1.98 เปอร์เซ็นต์ ค่า ERV ลดลง 10.93 และ 18.43 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ ด้วยเหตุผลเนื่องมาจากการที่จำนวนพารามิเตอร์ของโมเดลที่เพิ่มจาก 12 เป็น 25 และ 30 พารามิเตอร์ สามารถแยกค่าองค์ประกอบความแปรปรวนออกจาก ERV ได้มากกว่า แสดงให้เห็นอย่างชัดเจนว่าหากใช้เกณฑ์ชี้วัด $-2\log L$ และ ERV จะบ่งชี้ว่าโมเดลที่จำนวนพารามิเตอร์มากหรือมีรูปแบบซับซ้อนกว่ามีความเหมาะสมสำหรับใช้ประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน

นอกจากนี้หากพิจารณา RRLP(k_α, k_γ) ที่มี k_α คงที่เท่ากัน และกำหนดให้ k_γ เพิ่มขึ้นจากน้อยไปหามาก ตัวอย่างเช่น RRLP(3,3) RRLP(3,4) และ RRLP(3,5) ($n = 12, 16$ และ 21 พารามิเตอร์ ตามลำดับ) พบว่าการเพิ่มจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมในส่วนของอิทธิพลสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรมีประสิทธิภาพช่วยเพิ่มภาวะความน่าจะเป็นของค่าประมาณ

พารามิเตอร์เมื่อใช้โมเดลรีเกรชันรูปแบบ Legendre polynomial เป็นโมเดลสำหรับประมาณค่าพารามิเตอร์ ตลอดจนช่วยลดความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน ผลดังกล่าวสอดคล้องกับรายงานวิจัยของ López-Romero and Carabaño, (2003);

อย่างไรก็ตามประสิทธิภาพของการปรับเพิ่มจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมในส่วนของอิทธิพลสู่ทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรมีข้อจำกัด กล่าวคือ การลดลงของเกณฑ์ชี้วัด $-2\log L$ และ ERV จะลดเป็นสัดส่วนน้อยลงเมื่อเปรียบเทียบเป็นเปอร์เซ็นต์ ($-2\log L$ ลดลง 1.0 และ 0.5 เปอร์เซ็นต์ และ ERV ลดลง 10.93 และ 8.61 ตามลำดับ) โดยผลดังกล่าวเป็นไปได้ในทิศทางเดียวกันกับที่พบใน $RRLP(k_\alpha, k_\gamma)$ เมื่อกำหนด $k_\alpha = 4$ และ 5 สัมประสิทธิ์ ซึ่งผลการวิเคราะห์ข้อมูลครั้งนี้บอกเป็นนัยว่าควรพิจารณาปรับลำดับฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม ($k_\gamma - 1$) หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม (k_γ) ในส่วนของอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรให้มีลำดับที่สูงกว่าลำดับของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และผลการวิเคราะห์ข้อมูลที่ได้สอดคล้องกับรายงานการวิจัยของ Olori, Hill, McGuirk, and Brotherstone, (1999b). ที่ทำการศึกษาในโคนมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรก เช่นเดียวกัน

นอกจากนี้หากพิจารณาเกณฑ์ชี้วัด AIC และ BIC เมื่อกำหนด $RRLP(k_\alpha, k_\gamma)$ มีจำนวนพารามิเตอร์เท่ากันทั้งในอิทธิพลสู่ทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร พบว่าการเพิ่มลำดับของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมทำให้ค่า AIC และ BIC มีค่าเพิ่มมากขึ้นอย่างเห็นได้ชัด นั้นหมายถึง $RRLP(k_\alpha, k_\gamma)$ ที่มีจำนวนพารามิเตอร์มากกว่าจะขาดความเหมาะสมในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน เพราะฉะนั้นหากใช้เกณฑ์ชี้วัด AIC และ BIC จะเลือก $RRLP(3,3)$ หรือโมเดลที่มีความซับซ้อนน้อยที่สุด หรือมีความกระชับ (parsimonious model) มากที่สุด เป็นโมเดลที่มีความเหมาะสมสำหรับการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน

4.2.2 Eigenvalue (EV)

Eigenvalue เป็นค่าที่ใช้เป็นตัวบ่งบอกว่าสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมลำดับใด หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ต้องใช้จำนวนเท่าไรจึงจะเพียงพอสำหรับการอธิบายความแปรปรวนในส่วนของอิทธิพลสู่ใด ๆ โดยคิดเป็นเปอร์เซ็นต์เปรียบเทียบ

การวิเคราะห์ข้อมูลด้วย $RRLP(3,3)$, $RRLP(4,4)$ และ $RRLP(5,5)$ พบว่าค่า eigenvalue อันดับแรก (First Eigenvalue; FEV) สามารถอธิบายความแปรปรวนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม ได้มากที่สุดประมาณ 80 เปอร์เซ็นต์ของโมเดลที่วิเคราะห์ข้างต้น เช่นเดียวกันกับที่ Pool et al. (2000) ได้รายงานไว้ ดังนั้นเพื่อกำหนดความเหมาะสมของเกณฑ์ชี้วัดด้วย eigenvalue สำหรับการศึกษาวินยานิพนธ์ครั้งนี้ กำหนดว่าหากค่า EV ของสัมประสิทธิ์ฟังก์ชัน

ความแปรปรวนร่วมใน $RRLP(k_\alpha, k_\gamma)$ มีค่าสะสมรวมมากกว่า 95 เปอร์เซนต์ (Druet et al., 2005) จะพิจารณาว่าเพียงพอ หรือมีความเหมาะสมสำหรับเลือกใช้เป็นโมเดลประเมินพันธุกรรมลักษณะ ปริมาณน้ำฝนวันทดสอบและความคงทนของการให้น้ำนม ผลการวิเคราะห์ดังแสดงในตารางที่ 4.2 บ่งชี้ว่าโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีความเหมาะสมสำหรับประเมินพันธุกรรมควรมีจำนวนสัมประสิทธิ์ ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม 3 สัมประสิทธิ์ (96.52 เปอร์เซนต์) และอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร 4 สัมประสิทธิ์ (95.92 เปอร์เซนต์)

ตารางที่ 4.2 Eigenvalue ของ RRLP(3,3) RRLP(4,4) และ RRLP(5,5) และค่าสัดส่วนสัมพัทธ์ (relative proportion) เมื่อคิดเทียบเป็นเปอร์เซนต์

Model	First	Second	Third	Fourth	Fifth	Sum ^{1/}
Additive genetic eigenvalues (proportion)						
RRLP(3)	5.97 (86.15%)	0.66 (9.52%)	0.30 (4.33%)	N/A	N/A	6.93 (96.52%)
RRLP(4)	6.14 (85.28%)	0.66 (9.17%)	0.30 (4.17%)	0.10 (1.39%)	N/A	7.20 (100.00%)
RRLP(5)	6.08 (84.68%)	0.63 (8.77%)	0.29 (4.04%)	0.15 (2.09%)	0.03 (0.42%)	7.18 (100.00%)
Permanent environmental eigenvalues (proportion)						
RRLP(3)	6.73 (80.21%)	1.15 (13.71%)	0.51 (6.08%)	N/A	N/A	8.39 (92.60%)
RRLP(4)	6.78 (78.02%)	1.20 (13.81%)	0.58 (6.67%)	0.13 (1.50%)	N/A	8.69 (95.92%)
RRLP(5)	6.87 (75.83%)	1.23 (13.58%)	0.62 (6.84%)	0.31 (3.42%)	0.03 (0.33%)	9.06 (100.00%)

ผลการศึกษาเกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสมของโมเดลรีเกรซชันสุ่มด้วยเกณฑ์ชี้วัดต่าง ๆ ได้แก่ AIC และ BIC ให้ผลการคัดเลือกโมเดลที่มีรูปแบบกระชับที่สุดคือ RRLP(3,3) ส่วนเกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสม $-2\log L$, ERV (likelihood base criteria) และ eigenvalue ให้ผลการคัดเลือกไปในทิศทางเดียวกันทั้งสามเกณฑ์กล่าวคือ การปรับจำนวนพารามิเตอร์ หรือลำดับของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ใช้ซ่อนในส่วนของอิทธิพลสุ่มที่ประกอบในโมเดลรีเกรซชันสุ่มเพื่อให้ได้โมเดลที่มีรูปแบบเหมาะสม จำเป็นต้องกำหนดให้จำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ใช้ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร มีจำนวนมากกว่าในอิทธิพลสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม จึงจะทำให้การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนด้วยโมเดลที่มีความเหมาะสมดังกล่าว มีภาวะความน่าจะเป็นของพารามิเตอร์เพียงพอ และมีความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนไม่สูงเกินไป

4.3 ค่าประมาณองค์ประกอบความแปรปรวน

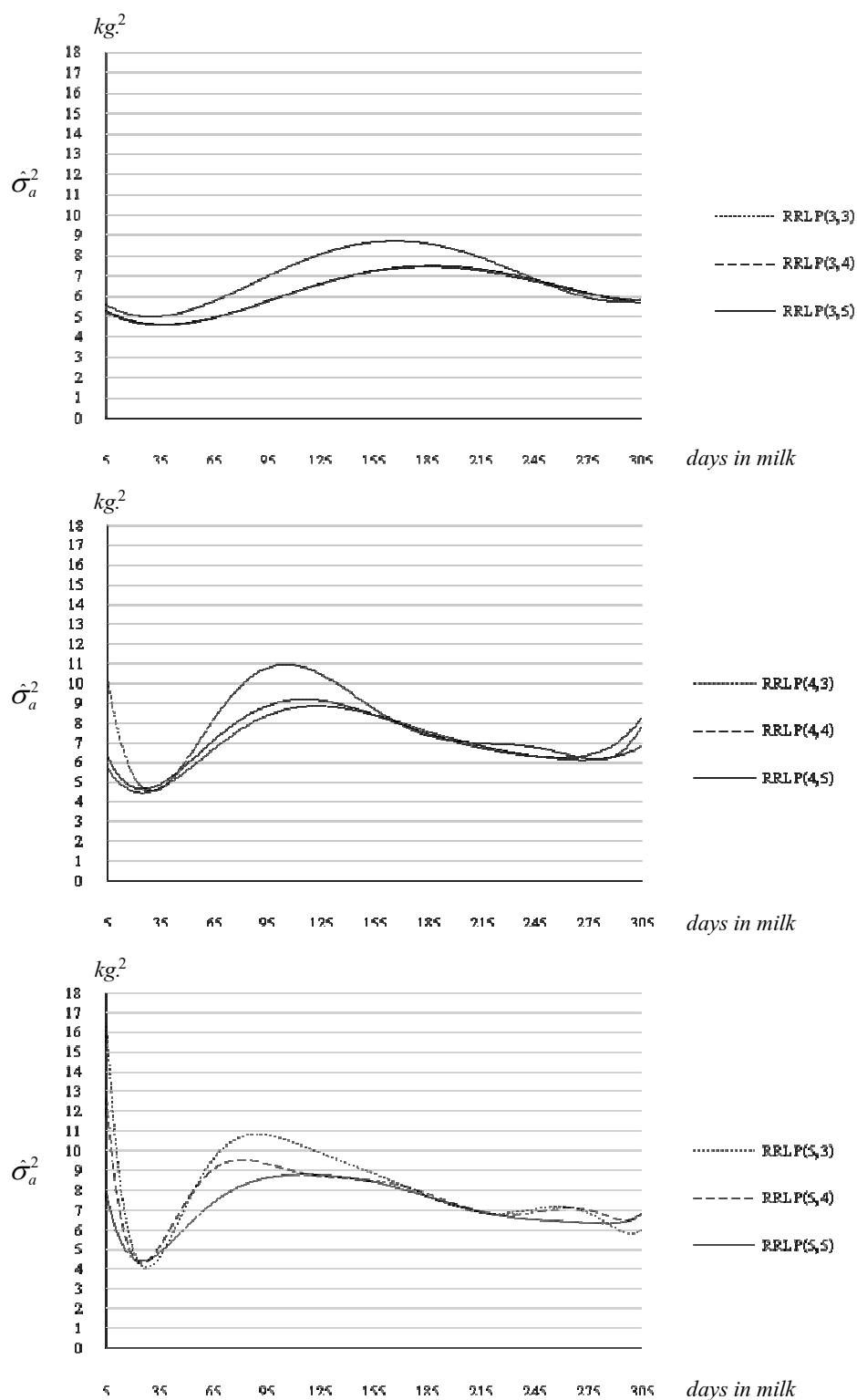
ในการศึกษาครั้งนี้ใช้ประโยชน์จากข้อได้เปรียบของโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่สามารถประมาณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรของลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบได้ตลอดการให้น้ำนม จากข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบของแม่โคนมที่เป็นตัวแทนโคนมในประชากร โคนมเป้าหมาย การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนดังกล่าวข้างต้นใช้โมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Legendre polynomial ด้วยกลวิธี Expectation-Maximization Restricted Maximum Likelihood (EM-REML) ได้ผลการวิเคราะห์ดังต่อไปนี้

4.3.1 ค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (σ_a^2)

ค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (Additive Genetic Variance; AGV) ที่วิเคราะห์ได้จากโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial (RRLP(k_α, k_γ)) ทั้ง 9 รูปแบบ แสดงในตารางที่ 4.3.1

ตารางที่ 4.3 ค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม เมื่อวิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ RRLP(k_α, k_γ)

Model	Estimates of additive genetic variance (σ_a^2 , kg ²)										
	5	35	65	95	125	155	185	215	245	275	305
RRLP(3,3)	5.58	5.02	5.75	6.97	8.07	8.67	8.60	7.91	6.87	5.95	5.85
RRLP(3,4)	5.22	4.58	4.94	5.75	6.61	7.23	7.46	7.26	6.75	6.14	5.81
RRLP(3,5)	5.28	4.61	4.95	5.75	6.61	7.25	7.50	7.34	6.82	6.17	5.68
RRLP(4,3)	10.38	4.70	8.23	10.81	10.47	8.72	7.38	6.99	6.78	6.19	7.91
RRLP(4,4)	6.33	4.93	7.16	8.88	9.14	8.42	7.47	6.74	6.32	6.40	8.31
RRLP(4,5)	5.76	4.73	6.71	8.39	8.88	8.41	7.58	6.84	6.33	6.14	6.85
RRLP(5,3)	16.60	4.68	9.65	10.87	9.94	8.89	7.76	6.94	7.09	6.90	6.09
RRLP(5,4)	12.81	5.22	9.12	9.40	8.77	8.54	7.87	6.97	6.94	7.05	6.90
RRLP(5,5)	7.91	4.89	7.40	8.64	8.79	8.42	7.70	6.94	6.55	6.39	6.89



ภาพที่ 4.2 กราฟค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (σ_a^2) ตั้งแต่วันให้น้ำนมที่ 5 ถึง 305 วิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรชันกลุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Legendre polynomial

ในการศึกษาครั้งนี้ผลการวิเคราะห์ค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวก สะสม พบว่ามีความแตกต่างกันไปขึ้นอยู่กับวันที่ให้น้ำนม และจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ใช้ประกอบเป็น โมเดลย่อยใน โมเดลรีเกรสชันสุ่ม และพบว่าค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมจากทุกโมเดล มีการเปลี่ยนขึ้นลงไปตลอดการให้น้ำนม ดังแสดงในภาพที่ 4.2

แนวโน้มการเปลี่ยนแปลงของค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม ที่พบในการศึกษาครั้งนี้คล้ายคลึงกับรายงานวิจัยของ Olori et al. (1999b) โดยความผันผวนของค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม จะเห็นได้อย่างชัดเจน เมื่อโมเดลรีเกรสชันสุ่มมีลำดับ หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (k_α) สูงกว่า ลำดับ หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (k_γ) และจะยิ่งเพิ่มมากขึ้นถ้าผลต่างระหว่างลำดับของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมดังกล่าว หรือ k_α กับ k_γ มีค่ามากขึ้นดังเช่นที่พบในกรณี RRLP(5,3)

นอกจากนี้หากกำหนดให้ลำดับของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม หรือ k_α ให้มีค่าคงที่ พบว่าเมื่อลำดับของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร หรือ k_γ เพิ่มขึ้นจะส่งผลให้ค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมมีความผันผวนลดลง โดย Meyer (1999) อธิบายสาเหตุความผันผวน (oscillation) ของค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม ดังเช่นที่พบในการประมาณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมในช่วงเริ่มต้น และช่วงสุดท้ายของการให้น้ำนมในการศึกษาครั้งนี้ว่าเป็นผลเนื่องมาจากลำดับของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial ที่ใช้เป็น โมเดลย่อยในส่วนของพันธุกรรมแบบบวกสะสม หากฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมมีลำดับ หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมสูงมากขึ้น จะเป็นผลทำให้กราฟค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมในช่วงเริ่มต้น และสุดท้ายของการให้น้ำนม มีรูปร่างผิดรูปไป (distorted) ดังนั้น Meyer (1999) จึงแนะนำว่าควรหลีกเลี่ยงการใช้ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่มีลำดับสูง ซึ่งจะเป็นผลทำให้กราฟให้น้ำนมทางพันธุกรรมมีรูปร่างสอดคล้องกับงานวิจัยด้านการประเมินพันธุกรรมโดยโมเดลรีเกรสชันสุ่มทั่วไป (López-Romero and Carabaño, 2003)

4.3.2 ค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (σ_{pe}^2)

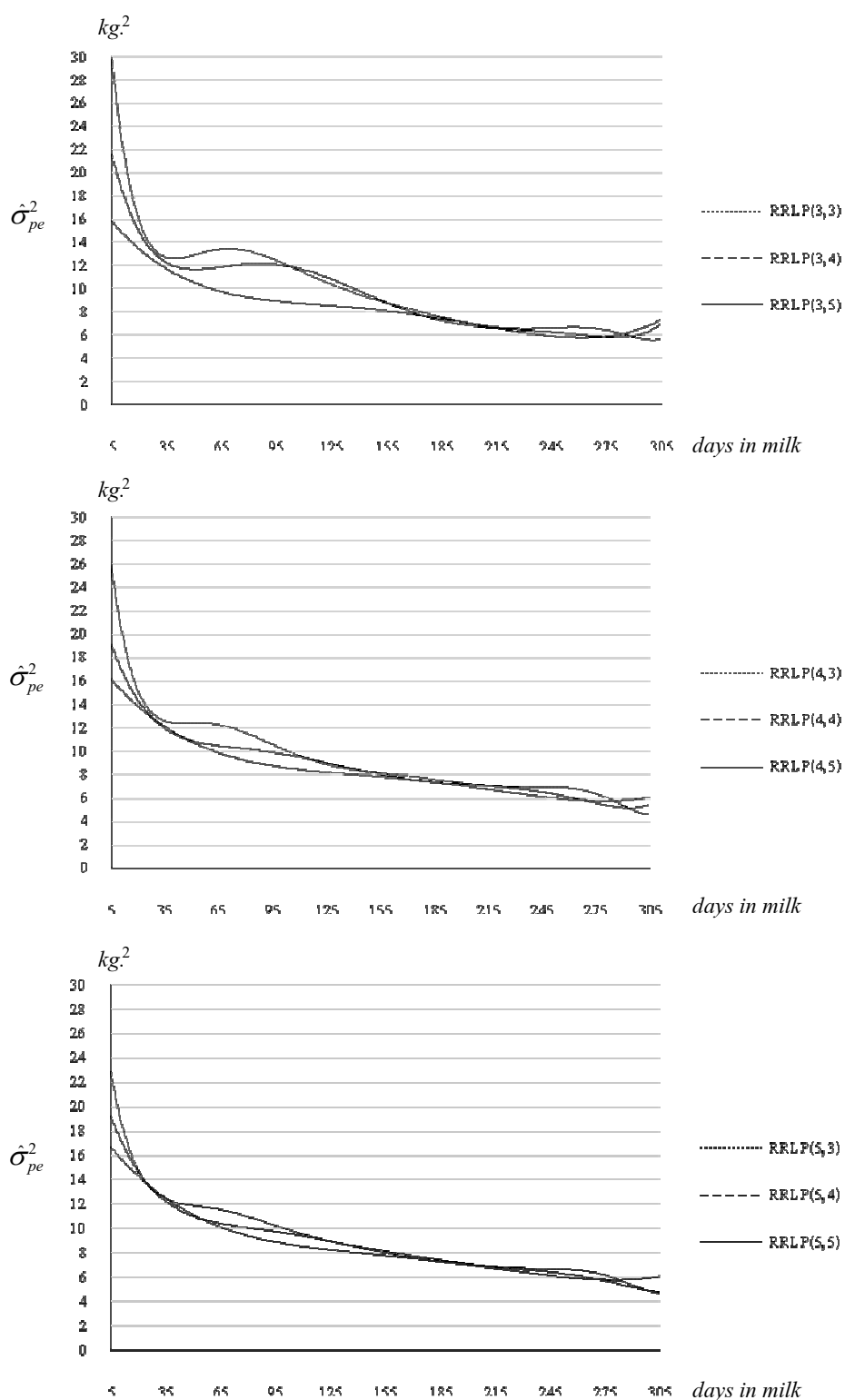
ค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม ที่วิเคราะห์ได้จากโมเดลรีเกรชันกลุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial (RRLP(k_α, k_γ)) ทั้ง 9 รูปแบบ แสดงในตารางที่ 4.4

ตารางที่ 4.4 ค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร เมื่อวิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรชันกลุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ RRLP(k_α, k_γ)

Model	Estimates of permanent environmental variance ($\sigma_{pe}^2, \text{kg}^2$)										
	5	35	65	95	125	155	185	215	245	275	305
RRLP(3,3)	15.84	11.74	9.75	8.92	8.52	8.10	7.44	6.61	5.91	5.89	7.37
RRLP(3,4)	21.53	12.26	11.89	12.10	10.83	8.82	7.28	6.60	6.27	5.84	7.00
RRLP(3,5)	29.65	12.68	13.42	12.45	10.39	8.81	7.57	6.70	6.63	6.44	5.67
RRLP(4,3)	16.14	12.07	9.85	8.75	8.21	7.81	7.35	6.75	6.13	5.76	6.08
RRLP(4,4)	19.16	11.93	10.46	9.91	9.00	8.00	7.35	7.02	6.52	5.57	5.42
RRLP(4,5)	26.15	12.57	12.27	10.57	8.88	8.14	7.60	7.05	6.96	6.38	4.61
RRLP(5,3)	16.68	12.50	10.15	8.92	8.27	7.81	7.33	6.75	6.16	5.80	6.10
RRLP(5,4)	19.22	12.23	10.43	9.78	8.98	8.03	7.28	6.85	6.45	5.72	4.79
RRLP(5,5)	22.88	12.44	11.57	10.27	8.98	8.16	7.45	6.88	6.73	6.20	4.74

แนวโน้มการเปลี่ยนแปลงค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร ตลอดการให้น้ำนมแสดงในภาพที่ 4.3 พบว่ามีความแตกต่างกันไปขึ้นอยู่กับวันให้น้ำนม และจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ใช้ประกอบเป็นโมเดลย่อยในโมเดลรีเกรชันกลุ่ม เช่นเดียวกันกับที่พบในการประมาณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรม โดยรูปแบบการเปลี่ยนแปลงค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรในการศึกษาครั้งนี้ มีรูปแบบคล้ายคลึงกันกับที่พบในงานวิจัยของ Druet, Jaffrézic, Boichard, and Ducrocq, (2003); Kettunen, Mantysaari, and Poso, (2000); López-Romero, and Carabaño (2003); Van der Werf, Goddard, and Meyer (1998)

สำหรับประเด็นของค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรในการศึกษาครั้งนี้ พบว่าเมื่อกำหนดให้ RRLP(k_α, k_γ) มีค่า k_α คงที่ และมีค่า k_γ เพิ่มมากขึ้น ส่งผลให้ค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรจะมีค่าเพิ่มสูงขึ้นอย่างเห็นได้ชัด โดยเฉพาะช่วงที่โคนมให้น้ำนมสูงสุดประมาณวันให้น้ำนมที่ 65 (ดูภาพที่ 4.3 ประกอบ) และการเพิ่มขึ้นของค่าประมาณ



ภาพที่ 4.3 กราฟค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร ($\hat{\sigma}_{pe}^2$) ตั้งแต่วันให้น้ำนมที่ 5 ถึง 305 วิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรชันคู่ที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Legendre polynomial

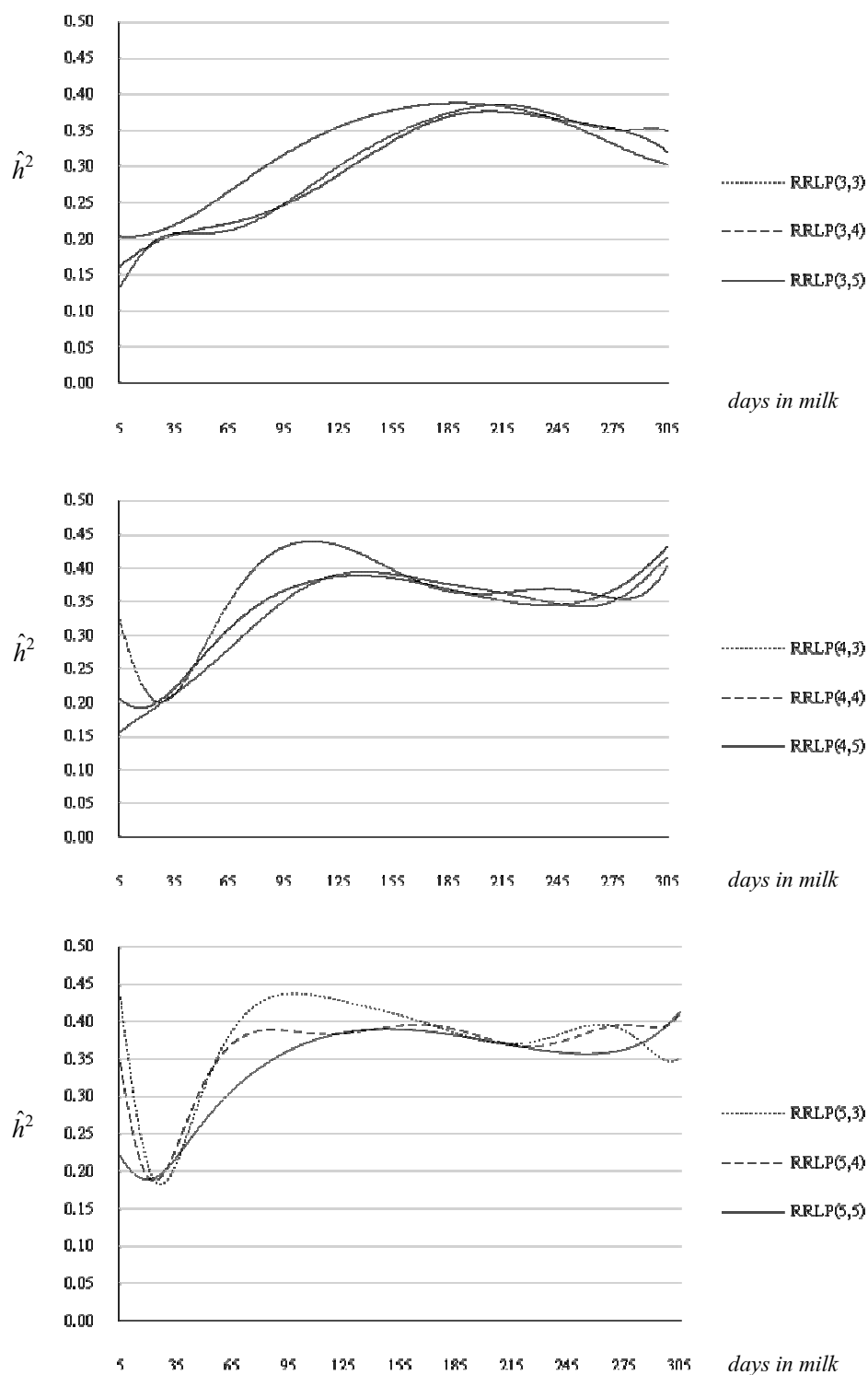
ความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมจะสัมพันธ์กันกับการลดลงของค่าประมาณความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน (ERV) ในแต่ละโมเดล (ตารางที่ 4.1) โดย Ødegard, Jensen, Klemetsdal, Mandsen, and Heringstad, (2003) ให้เหตุผลว่าเป็นผลเนื่องมาจากการที่โมเดล RRLP(k_α, k_γ) ที่มี k_γ มากกว่า สามารถดึง (absorb) องค์ประกอบความแปรปรวนออกมาจากความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนได้มากกว่า และสังเกตได้ว่าการดึงองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนออกมานั้น จะเกิดขึ้นเป็นช่วง ๆ ช่วงแรกตั้งแต่วันให้น้ำนมวันที่ 5 ถึง 35 ช่วงกลางเป็นช่วงของการให้น้ำนมสูงสุดของการให้น้ำนม และช่วงท้ายประมาณวันให้น้ำนมที่ 245 เป็นต้นไป คุณสมบัติดังกล่าวคล้ายคลึงกับเมื่อทำการวิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรชันสุ่มที่มีการกำหนดข้อตกลงเบื้องต้นให้ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนมีค่าไม่เท่ากันตลอดการให้น้ำนม (heterogeneity of variance)

4.4 ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม และความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน

ผลการวิเคราะห์ค่าอัตราพันธุกรรม แสดงในตารางที่ 4.5 และภาพที่ 4.4 ส่วนค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานแสดงอยู่ในตารางที่ ก.1 ภาคผนวก ก

ตารางที่ 4.5 ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ RRLP(k_α, k_γ)

Model	heritability (\hat{h}^2)											
	5	35	65	95	125	155	185	215	245	275	305	Total
RRLP(3,3)	0.20	0.22	0.27	0.32	0.36	0.38	0.39	0.38	0.36	0.33	0.30	0.33
RRLP(3,4)	0.16	0.21	0.22	0.25	0.29	0.34	0.37	0.38	0.37	0.35	0.32	0.30
RRLP(3,5)	0.13	0.21	0.21	0.25	0.30	0.34	0.37	0.39	0.37	0.35	0.35	0.30
RRLP(4,3)	0.32	0.21	0.35	0.43	0.43	0.40	0.36	0.36	0.37	0.35	0.41	0.36
RRLP(4,4)	0.20	0.22	0.31	0.37	0.39	0.38	0.37	0.35	0.35	0.37	0.43	0.34
RRLP(4,5)	0.16	0.21	0.28	0.35	0.39	0.39	0.38	0.36	0.35	0.35	0.42	0.33
RRLP(5,3)	0.43	0.21	0.39	0.44	0.43	0.41	0.39	0.37	0.39	0.39	0.35	0.37
RRLP(5,4)	0.35	0.23	0.37	0.39	0.38	0.40	0.39	0.37	0.38	0.40	0.41	0.36
RRLP(5,5)	0.22	0.22	0.31	0.36	0.39	0.39	0.38	0.37	0.36	0.36	0.41	0.34



ภาพที่ 4.4 กราฟค่าประมาณอัตราพันธุกรรม (\hat{h}^2) ตั้งแต่วันให้น้ำนมที่ 5 ถึง 305
วิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม
รูปแบบ Legendre polynomial

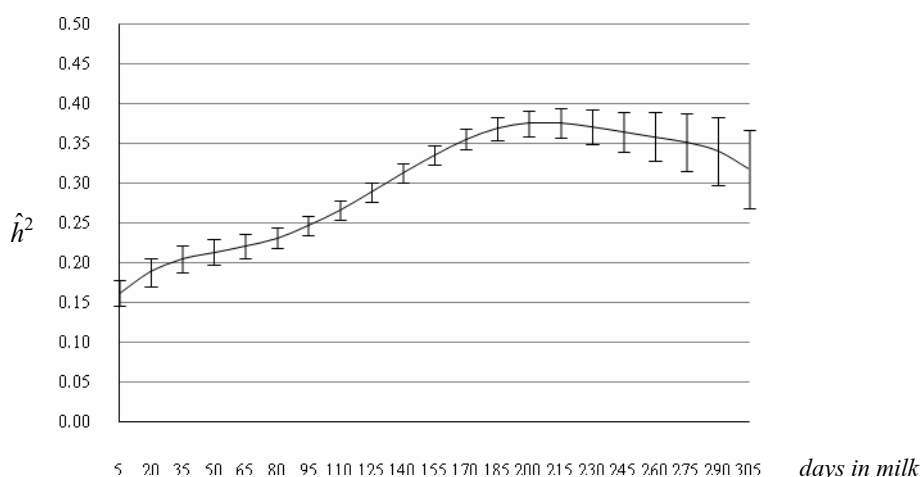
การวิเคราะห์ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมด้วยโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre ทั้ง 9 โมเดล พบว่ามีความผันแปรแตกต่างกัน ขึ้นอยู่กับวันให้น้ำนม และลำดับ หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ใช้ประกอบเป็นโมเดลย่อยในโมเดลรีเกรซชันสุ่ม เช่นเดียวกันกับกรณีของค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร

นอกจากนี้ความแตกต่างค่าประมาณอัตราพันธุกรรมในแต่ละวันให้น้ำนมดังกล่าวข้างต้นยังขึ้นอยู่กับสัดส่วนของค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมต่อค่าประมาณความแปรปรวนลักษณะปรากฏ ซึ่งเป็นผลรวมระหว่างค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม ค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร และค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน ดังเช่นที่พบในกรณีของโมเดลรีเกรซชันสุ่มรูปแบบ RRLP(3,4) ที่มีค่าประมาณอัตราพันธุกรรมสูงสุดเท่ากับ 0.38 ณ วันให้น้ำนม 215 ทั้ง ๆ ที่ค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมในวันให้น้ำดังกล่าวไม่ใช่ค่าสูงสุดของการให้น้ำนม ในประเด็นของการที่ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมมีค่าสูงสุดนั้น เป็นผลเนื่องมาจากวันให้น้ำนมดังกล่าวมีค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรต่ำ (6.60 กก.²) จนเมื่อทำการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมในวันให้น้ำนม 215 ด้วย RRLP(3,4) จึงให้ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมสูงสุด

หากพิจารณาประเด็นการศึกษาโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีความเหมาะสมสำหรับการประมาณค่าอัตราพันธุกรรม Pool, Janss, and Meuwissen (2000) อธิบายว่าสิ่งสำคัญที่จำเป็นต้องพิจารณาได้แก่ โมเดลต้องไม่มีจำนวนพารามิเตอร์มากเกินไป (overparameterization) หรืออาจกล่าวได้ว่าโมเดลที่เหมาะสมต้องมีความซับซ้อนน้อย หรือมีความเรียบง่าย (simple model) เนื่องจากสิ้นเปลืองเวลาและต้นทุนทางการคำนวณต่ำ (low computational cost) ซึ่งผลจากการวิเคราะห์ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมครั้งนี้บ่งชี้ว่าโมเดลรีเกรซชันสุ่มรูปแบบ RRLP(3,4) เหมาะสมสำหรับประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมตลอดจนประเมินพันธุกรรมโคนมในประชากรเป้าหมาย เนื่องจากมีจำนวนพารามิเตอร์ไม่มากเกินไป ($n = 16$) และมีค่า k_γ มากกว่าค่า k_α ส่งผลให้สามารถช่วยลดค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่สูงเกินจริงในช่วงให้น้ำนมสูงสุดได้ (Jamrozik and Schaeffer, 1997b)

ผลการวิเคราะห์ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมในแต่ละวันให้น้ำนมที่ประมาณค่าได้จากโมเดลรีเกรซชันสุ่ม RRLP(k_α, k_γ) ทั้ง 9 รูปแบบ มีค่าตั้งแต่ 0.13 ถึง 0.44 มีความใกล้เคียงกับรายงานวิจัยของ Jakobsen et al., (2002) ที่ทำการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบการให้น้ำนม 305 วัน และความคงทนของการให้น้ำนม และหากพิจารณาแนวโน้มการเปลี่ยนแปลงของค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จาก RRLP(3,3) พบว่ามีรูปแบบการเปลี่ยนแปลงคล้ายคลึงการรายงานวิจัยของ ปิยะนันท์ นวลหนูปล้อง (2551); Druet et al., (2003); Gengler, Tijani, Wiggans, and Philpot, (2001)

ในส่วนของค่าประมาณความคลาดเคลื่อนมาตรฐานจากการศึกษาครั้งนี้ พบว่าค่าประมาณความคลาดเคลื่อนมาตรฐานจะมีค่าประมาณสูงมากที่สุด ณ วันสุดท้ายของการให้น้ำนม (305) ซึ่งเป็นผลเนื่องมาจากปัจจัยสองประการด้วยกัน (Meyer, 1999) คือ ลำดับของฟังก์ชันความแปรปรวน



ภาพที่ 4.5 กราฟค่าประมาณอัตราพันธุกรรม และความคลาดเคลื่อนมาตรฐานที่ประมาณค่าจากโมเดลรีเกรชันสุ่มรูปแบบ RRLP(3,4)

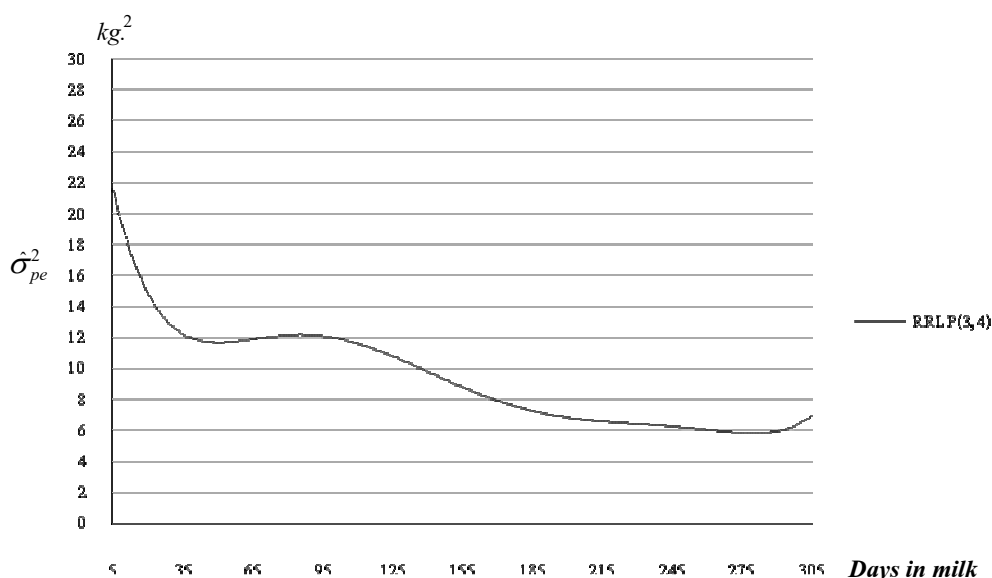
ร่วมที่ใช้ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลสุ่มของโมเดล และจำนวนบันทึกข้อมูลปริมาณน้ำนมวันทดสอบ ณ วันให้น้ำนมสุดท้าย ซึ่งมักพบว่ามีจำนวนน้อย เมื่อทำการการคำนวณค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานจะทำให้ได้ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานที่สูง

จากการศึกษาในเรื่องต่าง ๆ ที่ผ่านทั้งหมดข้างต้น จากการวิเคราะห์ข้อมูลได้สารสนเทศสำคัญหลายอย่าง หากทำการสังเคราะห์สารสนเทศต่าง ๆ เพื่อนำไปประยุกต์ใช้ให้เกิดประโยชน์ต่อการปรับปรุงการจัดการฟาร์มโคนม การศึกษาครั้งนี้สามารถสังเคราะห์สารสนเทศจากภาพที่ 4.5 และภาพที่ 4.6 และภาพที่ 4.7 ได้ดังต่อไปนี้

ด้านการจัดการ เมื่อพิจารณาค่าประมาณอัตราพันธุกรรมในช่วงเริ่มต้นการให้น้ำนม หรือภายหลังการคลอดประมาณ 65 วัน พบว่าสิ่งแวดล้อมมีผลกระทบต่อการให้น้ำนมในประชากรโคนมฟาร์มโคนมชัชวาลมาก จึงจำเป็นต้องปรับปรุงสภาพแวดล้อมให้เหมาะสมต่อการให้น้ำนม ตัวอย่างเช่นต้องปรับปรุงการให้การดูแลสุขภาพให้เพียงพอต่อการฟื้นฟูสมรรถภาพหลังคลอด ซึ่งหากสามารถทำได้ จะส่งผลให้แม่โคนมมีการให้น้ำนมดีไปตลอดการให้น้ำนมในครั้งนั้น ๆ

ด้านการปรับปรุงพันธุกรรม มีความเป็นไปได้ในการปรับปรุงรูปร่างเส้นโค้งการให้น้ำนมทางพันธุกรรมให้ประชากรโคนมฟาร์มโคนมชัชวาลมีความคงทนของการให้น้ำนมดีขึ้น โดยจะใช้พ่อพันธุ์ชื่อ Odyssey เป็นพ่อพันธุ์สำหรับกระจายพันธุกรรมไปในฝูง เนื่องจากพ่อพันธุ์โคนมดังกล่าวมี

ค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ ณ วันให้น้ำนม 280 สูงสุด



ภาพที่ 4.6 กราฟค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมที่ประมาณค่าจากโมเดลรีเกรชันสุ่มรูปแบบ RRLP(3,4)

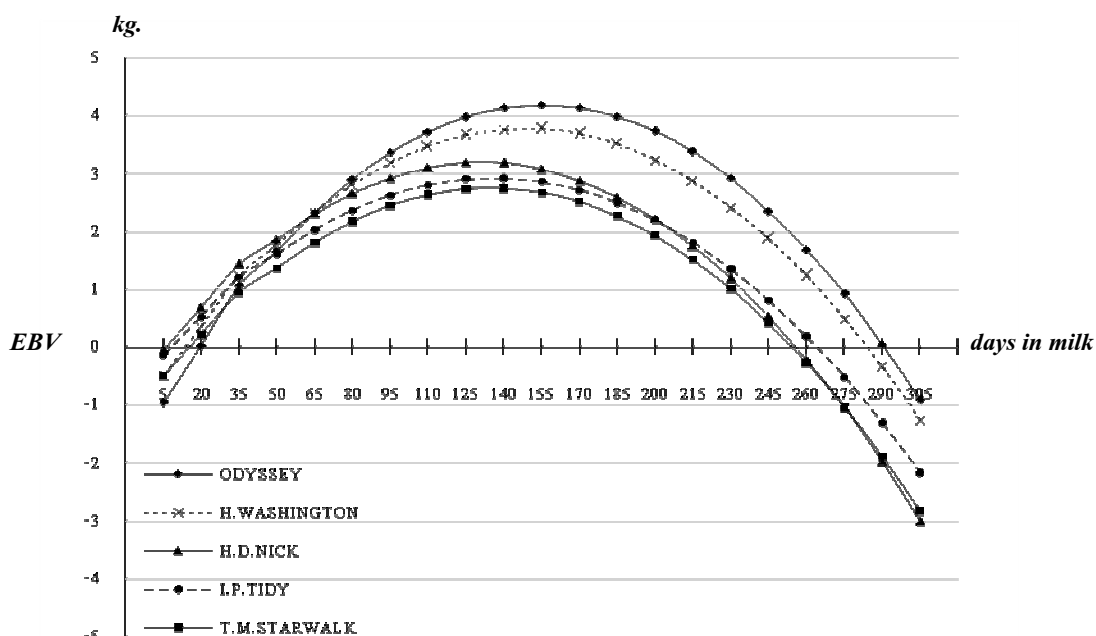
4.5 ค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ (EBV) และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (ρ)

4.5.1 ค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์และสหสัมพันธ์เชิงลำดับของสเปียร์แมน

ค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ตลอดการให้น้ำนม ตั้งแต่วันให้น้ำนมที่ 5 ถึง 305 ของพ่อพันธุ์โคนมที่มีค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์รวมสูงสุด 5 อันดับ แสดงในภาพที่ 4.7 และผลการวิเคราะห์ค่าประมาณสหสัมพันธ์เชิงลำดับของสเปียร์แมนของพ่อพันธุ์โคนม 50 อันดับแรก แสดงอยู่ในตารางที่ ก.12 ภาคผนวก ก โดยค่าประมาณสหสัมพันธ์เชิงลำดับของสเปียร์แมน มีค่ามากกว่า 0.9 ($P < 0.01$) ทุกการเปรียบเทียบ ซึ่งหมายถึงผลการจัดลำดับความสามารถทางพันธุกรรมของพ่อพันธุ์โคนมครั้งนี้ไม่เกี่ยวข้องกับการเปลี่ยนแปลงลำดับ หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมในโมเดลรีเกรชันสุ่มที่ใช้สำหรับวิเคราะห์ หรืออาจกล่าวได้ว่าการวิเคราะห์ข้อมูลครั้งนี้ใช้โมเดลรีเกรชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial ลำดับใดก็ตาม จะมีผลกระทบต่อการจัดลำดับความสามารถทางพันธุกรรมของพ่อพันธุ์โคนมน้อยมาก

นอกจากนี้ วุฒิไกร บุญคุ้ม (2546) อธิบายว่าการเปรียบเทียบค่าประมาณการผสมพันธุ์ ด้วยค่าประมาณสหสัมพันธ์เชิงลำดับของสเปียร์แมน ไม่ได้เป็นเกณฑ์ชี้วัดว่า โมเดลรีเกรชันสุ่มรูปแบบใดจะให้ผลการวิเคราะห์ที่ถูกต้อง และแม่นยำกว่า แต่ต้องพิจารณาจากความแปรปรวน

ของความคลาดเคลื่อนที่ต่ำกว่าเป็นสำคัญ



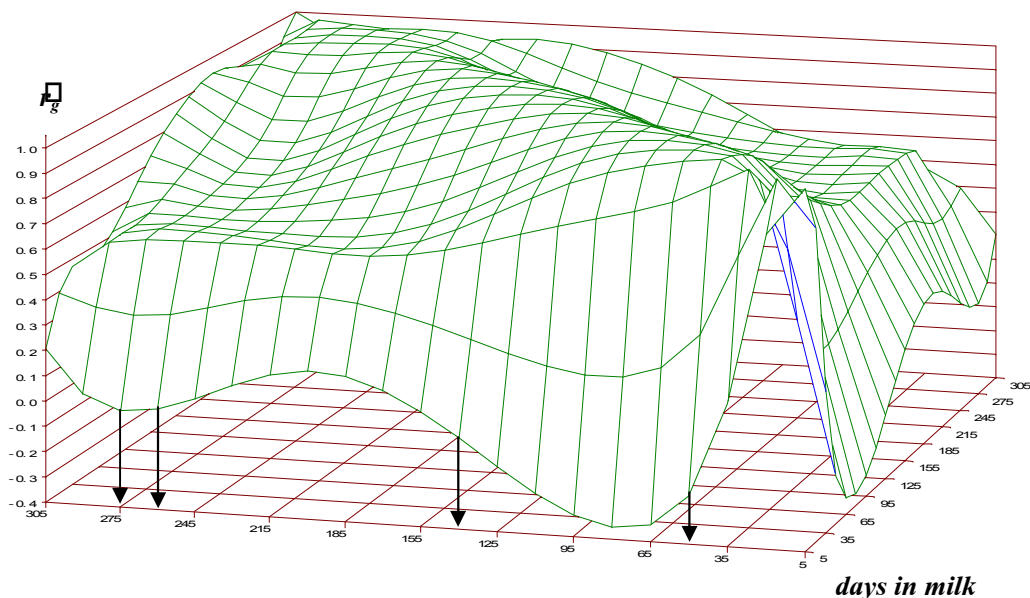
ภาพที่ 4.7 กราฟเส้นโค้งการให้น้ำนมทางพันธุกรรมของพ่อพันธุ์ 5 ลำดับแรก (top five sire) ที่ประมาณค่าจากโมเดลรีเกรชันคู่รูปแบบ RRLP(3,4)

4.5.2 ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (ρ)

ผลการวิเคราะห์ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างวันให้น้ำนมภายใน การให้น้ำนมครั้งแรกของการทำวิทยานิพนธ์ครั้งนี้ให้ผลที่น่าสนใจ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในประเด็น การพิจารณาใช้ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่มีลำดับสูง (higher order) หรือมีจำนวนสัมประสิทธิ์ ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมประกอบเป็นโมเดลย่อย หรือใช้ซ่อนอยู่ในอิทธิพลสุ่มต่าง ๆ ของ โมเดลรีเกรชันสุ่มแตกต่างกัน ($k_\alpha \neq k_\gamma$) จะต้องมีความระมัดระวังเป็นอย่างมาก

เนื่องจากผลการวิเคราะห์ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแสดงให้เห็นว่าการ เพิ่มลำดับ หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial ของโมเดลรีเกรชันสุ่มส่งผลให้ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ระหว่างวันให้น้ำนมที่อยู่ห่างออกไปมีค่าลดต่ำลงอย่างเห็นได้ชัด โดยเฉพาะอย่างยิ่งในกรณีของการ กำหนดลำดับ หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ซ่อนอยู่ในส่วนอิทธิพลทาง พันธุกรรมแบบบวกสะสมมากกว่าที่ใช้ซ่อนในอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร ของโมเดล RRLP(5,3) ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจะเริ่มติดลบ ตั้งแต่วันให้น้ำนม 50 ถึง 140 วัน ดัง

แสดงค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมช่วงห่าง 15 วัน ด้วยกราฟสามมิติ ภาพที่ 4.8



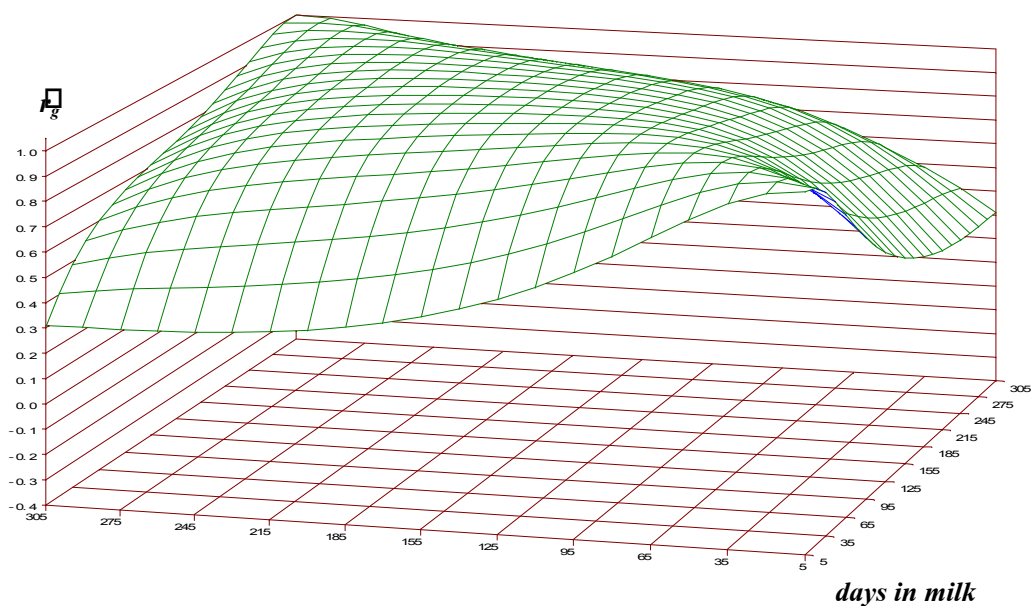
ภาพที่ 4.8 กราฟค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมตลอดการให้น้ำนม
ที่ประมาณค่าจาก โมเดลรีเกรชันกลุ่มรูปแบบ RRLP(5,3)

สำหรับเหตุผลของเหตุการณ์ดังกล่าวข้างต้น เป็นผลเนื่องมาจากค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมวันเริ่มต้นของการให้น้ำนม (ดูภาพที่ 4.4 ประกอบ) มีค่าสูงมาก (infinite) แตกต่างกับค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมของวันที่อยู่ห่างออกไป จนเมื่อคำนวณค่าความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมระหว่างเริ่มต้นให้น้ำนม กับวันให้น้ำนมที่อยู่ห่างกันจะทำให้ค่าประมาณความแปรปรวนร่วมมีค่าเป็นลบ (แสดงในตาราง ก.9 ภาคผนวก ก) ส่งผลให้ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมติดลบเช่นเดียวกัน โดย Ødegard et al., (2003) อธิบายว่าการประเมินพันธุกรรมลักษณะใดลักษณะหนึ่ง อิทธิพลทางพันธุกรรม หรือยีนที่ควบคุมการแสดงออกควรเป็นยีนกลุ่มเดียวกัน เพราะฉะนั้นค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างวันให้น้ำนมของประชากรโคนมที่ได้ไม่ควรมีค่าติดลบ หรือต่ำเกินไป

อย่างไรก็ตามจากผลการวิเคราะห์สังเกตได้ว่าหากทำการเพิ่มค่า k_γ ให้มากกว่า k_α ในโมเดลรีเกรชันกลุ่มค่าสหสัมพันธ์ที่ประมาณค่าได้จะมีค่าสูงขึ้นในทุกโมเดล

เพราะฉะนั้นในประเด็นของค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม บ่งชี้ว่าโมเดลรีเกรชันกลุ่มที่เหมาะสมสำหรับการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน ควรเป็นโมเดลที่มีจำนวน k_γ มากกว่า k_α เนื่องจากเมื่อทำการวิเคราะห์แล้วให้ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

ที่สมเหตุสมผลไม่เกิดการติดลบ ดังที่พบในกรณี RRLP(3,4) แสดงด้วยภาพที่ 4.9



ภาพที่ 4.9 กราฟค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมตลอดการให้น้ำนม
ที่ประมาณค่าจากโมเดลรีเกรชันสุ่มรูปแบบ RRLP(3,4)

ส่วนผลการวิเคราะห์ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม จากโมเดล RRLP(3,3) ซึ่งเป็นโมเดลที่มีการประยุกต์ใช้ในประเทศไทย (แสดงในตาราง ก.3 ภาคผนวก ก) พบว่าค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจะมีค่าลดลงเมื่อวันให้น้ำนมห่างออกไป สอดคล้องกับงานวิทยานิพนธ์ของ วุฒิไกร บุญคุ้ม (2546) ปิยะนันท์ นวลหนูปลั่ง (2551)

4.6 ความคงทนของการให้น้ำนม และค่าประมาณอัตราพันธุกรรม

ผลการวิเคราะห์ค่าความคงทนของการให้น้ำนมด้วยสมการ P_1 , P_2 , P_3 และ P_4 ที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ เมื่อพิจารณาประเด็นของการใช้ประโยชน์จากสารสนเทศ (information) ซึ่งเป็นค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากการวิเคราะห์ข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบของประชากรเป้าหมายด้วยโมเดลรีเกรชันสุ่มรูปแบบ RRLP(3,4) พบว่าสมการที่ใช้ประโยชน์จากสารสนเทศดังกล่าวข้างต้นเรียงลำดับจากมากไปหาน้อย ได้แก่ P_3 ใช้ค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ตั้งแต่วันให้น้ำนมที่ 5 ถึง 280 P_4 ใช้ค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ตั้งแต่วันให้น้ำนมที่ 60 ถึง 280 P_3 และ P_4 ใช้ค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์เท่ากันคือ วันให้น้ำนมที่ 60 ถึง 280 เพียงสองวัน

ผลการวิเคราะห์ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมจากสมการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม P_1 , P_2 , P_3 และ P_4 ทั้งหมดมีค่าประมาณอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วงต่ำ ดังแสดงในตารางที่ 4.6 และเพื่อที่จะให้ประชากรฟาร์มโชคชัย มีการตอบสนองต่อการคัดเลือกตามความสามารถทาง

ตารางที่ 4.6 ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมและค่าประมาณสหสัมพันธ์เชิงลำดับของสปีร์แมนระหว่างค่าความคงทนของการให้น้ำนม และค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์การให้น้ำนม 305 วัน

Model	Equation	\hat{h}^2	$\hat{\rho}_p$, EBV_{305}
RRLP(3, 4)	P_1	0.16	0.35 ($P^* = 0.01$)
	P_2	0.13	-0.46 ($P = 0.0009$)
	P_3	0.16	0.04 ($P = 0.76$)
	P_4	0.14	0.90 ($P = 0.0001$)

* P คือ ค่าความน่าจะเป็นของความคลาดเคลื่อนชนิดที่ I (type I error)

พันธุกรรมของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม พบว่าสมการ P_3 และ P_4 มีความเหมาะสมสำหรับใช้เป็นสมการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนมมากกว่าสมการ P_1 และ P_2

โดยค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้มีค่าใกล้เคียงกับที่ได้เคยมีการรายงานไว้ก่อนหน้านี้ ตัวอย่างเช่น วรางคณา กิจพิพิธ (2545) ประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในประชากรโคนมลูกผสมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรกของฟาร์มเอกชนแห่งหนึ่งในประเทศไทยโดยใช้สมการ P_1 ได้ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.14 เช่นเดียวกับ Jakobsen et al. (2002) ทำการศึกษาในประชากรโคนมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรกได้ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม 0.14 นอกจากนี้ Gengler et al. (1995) ได้รายงานค่าประมาณ

อัตราพันธุกรรมที่ประมาณค่าจากนิยามของสมการ P_3 , P_4 พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง 0.11 ถึง 0.12

สำหรับผลการวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์เชิงลำดับของสเปียร์แมนระหว่างค่าความคงทนของการให้น้ำนม และค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์การให้น้ำนม 305 วัน จากสมการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม P_1 , P_2 , P_3 และ P_4 พบว่ามีความแตกต่างกันดังแสดงในตาราง 4.6 และเนื่องจากการวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์เชิงลำดับของสเปียร์แมนระหว่างค่าความคงทนของการให้น้ำนม และค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์การให้น้ำนม 305 วัน ในครั้งนี้เป็นเพียงการวิเคราะห์หาความสัมพันธ์จากการเปลี่ยนแปลงของลำดับโคนมตามความสามารถทางพันธุกรรมของการให้น้ำนมรวม 305 วัน เมื่อเปลี่ยนสมการที่ใช้คำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนมเท่านั้น มิได้หมายความว่ารวมถึงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะการให้น้ำนม 305 วัน กับลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม

หากต้องทำการเลือกสมการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนมในครั้งนี้อย่างไร เพื่อให้การตอบสนองต่อการคัดเลือกโคนมจากลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในประชากรโคนมฟาร์มโชคชัยมีค่าสูงสุด และใช้ประโยชน์จากสารสนเทศที่วิเคราะห์ได้จากข้อมูลในครั้งนี้จะเลือกสมการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม P_3

บทที่ 5

สรุปผลการวิจัย และข้อเสนอแนะ

5.1 สรุปผลการวิจัย

การศึกษาโมเดลรีเกรซชันสุ่มเพื่อประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเชียนที่ให้ลูกครั้งแรกได้ข้อสรุปจากผลการวิเคราะห์ข้อมูล แบ่งออกตามวัตถุประสงค์ของการทำวิทยานิพนธ์ดังต่อไปนี้

5.1.1 การศึกษารูปแบบ และจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่เหมาะสมประกอบในโมเดลรีเกรซชันสุ่มสำหรับปรับรูปร่างเส้นโค้งการให้น้ำนมทางพันธุกรรมของโคนมลูกผสมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเชียนที่ให้ลูกครั้งแรกของประชากรโคนมฟาร์มโชคชัยได้ข้อสรุปต่าง ๆ ดังต่อไปนี้

5.1.1.1 ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่มีรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial หรือ $RRLP(k_\alpha, k_\gamma)$ เหมาะสมสำหรับประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนต่าง ๆ เพื่อปรับรูปร่างเส้นโค้งการให้น้ำนมทางพันธุกรรมของโคนมลูกผสมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเชียนที่ให้ลูกครั้งแรกในประชากรโคนมฟาร์มโชคชัยมากกว่าฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่มีรูปแบบ exponential ของ Wilimink หรือ $RRW(3,3)$ โดยเหตุผลประกอบการตัดสินใจพิจารณาจากเกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสม ได้แก่ $-2\log L$ และ ERV ซึ่งผลการวิเคราะห์ข้อมูล พบว่าโมเดล $RRLP(k_\alpha, k_\gamma)$ มีค่า $-2\log L$ และ ERV ต่ำกว่า $RRW(3,3)$ ทั้ง 9 โมเดล

5.1.1.2 จำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม ที่มีความเหมาะสมสำหรับประกอบในโมเดลรีเกรซชันสุ่มเพื่อการปรับรูปร่างเส้นโค้งการให้น้ำนมทางพันธุกรรม พบว่าโมเดล $RRLP(3,4)$ มีความเหมาะสมที่สุดสำหรับใช้เป็นโมเดลสำหรับการประเมินพันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ และความคงทนของการให้น้ำนมในประชากรโคนมฟาร์มโชคชัย โดยเหตุผลประกอบการตัดสินใจ พิจารณาจากสารสนเทศ (information) ต่าง ๆ ที่ได้จากการวิเคราะห์ข้อมูลดังต่อไปนี้

จำนวนพารามิเตอร์ (n) โมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial ซ่อนอยู่ในส่วนอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมจำนวน 3 สัมประสิทธิ์ และซ่อนอยู่ในส่วนอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรจำนวน 4 สัมประสิทธิ์ หรือ $RRLP(3,4)$ มีจำนวนพารามิเตอร์ที่ต้องถูกประมาณค่าไม่มากเกินไป (ค่า $n = 16$) ทำให้มีความสิ้นเปลืองเวลา และต้นทุนทางการคำนวณไม่มากเกินไป

Eigenvalues ผลการวิเคราะห์ค่า eigenvalues พบว่า RRLP(3,4) สามารถอธิบายความแปรปรวนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรได้มากกว่า 95 เปอร์เซ็นต์ เมื่อทำการเปรียบเทียบกับ RRLP(5,5) ซึ่งเป็น โมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial ที่มีจำนวนสัมประสิทธิ์หรือลำดับของฟังก์ชันสูงสุด (higher order function)

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม เนื่องจาก RRLP(3,4) มีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนที่ใช้ซ่อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร มากกว่าจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ซ่อนอยู่ในอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม จึงมีความสามารถในการลดความผันผวน (oscillation) ในช่วงเริ่มต้น และบริเวณวันให้น้ำนมสูงสุดได้ เป็นผลให้ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่ประมาณค่าจาก RRLP(3,4) มีความสมเหตุสมผลมากกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับ RRLP(3,3) ซึ่งมีรูปแบบกระชับ (parsimonious model) หรือ RRLP(5,5) ที่มีลำดับสูง ความผันผวนดังกล่าวเป็นปัญหาสำคัญที่มักพบเมื่อมีการใช้ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมลำดับสูง หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ของฟังก์ชันมาก ประกอบอยู่ใน โมเดลรีเกรซชันสุ่ม

ค่าประมาณสหสัมพันธ์เชิงลำดับของสเปียร์แมน การศึกษาวิทยานิพนธ์ครั้งนี้ พบว่า โมเดล RRLP(3,4) ให้ผลการจัดลำดับความสามารถทางพันธุกรรมของพ่อพันธุ์โคนมคล้ายคลึงกับที่พบในการวิเคราะห์ด้วย โมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีรูปแบบกระชับ หรือมีลำดับของฟังก์ชันมากกว่า

ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ผลการวิเคราะห์ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมในครั้งนี้ บ่งชี้ว่าการกำหนดลำดับ หรือจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ใช้ซ่อนอยู่ในอิทธิพลสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร ไม่ควรกำหนดให้ k_y มีค่าน้อยกว่า k_x เนื่องจากจะส่งผลให้ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ประมาณค่าได้ขาดความสมเหตุสมผล (เป็นลบ) ซึ่งเห็นได้ว่า RRLP(3,4) มีคุณสมบัติดังที่ได้กล่าวมาแล้วข้างต้น

จากผลการวิเคราะห์ตลอดจนเหตุผลต่าง ๆ ที่ได้กล่าวไปแล้วข้างต้นจากการศึกษาวิทยานิพนธ์ครั้งนี้ จึงสรุปว่า โมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial RRLP(3,4) เป็น โมเดลเหมาะสมสำหรับการประเมินพันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ และความคงทนของให้น้ำนมในโคนมฯของฟาร์มโชคชัย

5.1.2 การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบของโคนมลูกผสมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเชียนที่ให้ลูกครั้งแรกของ ประชากรโคนมฟาร์มโชคชัย โดยใช้โมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีความเหมาะสม ได้แก่ RRLP(3,4) มี รายละเอียดต่าง ๆ ที่ได้จากการวิเคราะห์ดังแสดง

ค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (σ_a^2)

ค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม ที่ประมาณค่าได้ใน ภายในวันให้น้ำนมที่ 5 ถึง 305 วัน มีค่าตั้งแต่ 4.58 ถึง 6.75 กก.² และมีค่า σ_a^2 รวม 305 วัน เท่ากับ 5.81 กก.²

ค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (σ_{pe}^2)

ค่าประมาณความแปรปรวนทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร ที่ประมาณค่าได้ในวัน ให้น้ำนมที่ 5 ถึง 305 วัน มีค่าตั้งแต่ 5.84 ถึง 21.53 กก.² และมีค่า σ_{pe}^2 รวม 305 วัน เท่ากับ 7.00 กก.²

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม (h^2)

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม ที่ประมาณค่าได้ในวันให้น้ำนมที่ 5 ถึง 305 วัน มีค่า ตั้งแต่ 0.16 ถึง 0.37 และมีค่า h^2 รวม 305 วัน เท่ากับ 0.30

ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (r_g)

ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ที่ประมาณค่าได้ระหว่างวันให้น้ำนมที่ 5 ถึง 305 เท่ากับ 0.31 0.99

5.1.3 การประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมพันธุ์ โฮลสไตน์-ฟรีเชียนที่ให้ลูกครั้งแรกของประชากรโคนมฟาร์มโชคชัย โดยใช้ RRLP(3,4) เพื่อ การศึกษานิยาม สมการคำนวณความคงทนของการให้น้ำนม และค่าประมาณอัตราพันธุกรรม พบว่า สมการที่มีความเหมาะสมสำหรับใช้คำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม และค่าประมาณอัตรา พันธุกรรม คือ สมการ P_3 เนื่องจากจะให้ค่าผลการตอบสนองต่อการคัดเลือกโคนมจากลักษณะ ความคงทนของการให้น้ำนมมีค่าสูงสุด (ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.16) และเป็นนิยามที่ ใช้ประโยชน์จากสารสนเทศที่วิเคราะห์ได้จากข้อมูลได้ตลอดการให้น้ำนม (EBV ตั้งแต่วันที่ 5 ถึง 305)

5.2 ข้อเสนอแนะ

จากการศึกษาวิทยานิพนธ์ในครั้งนี้ หากทำการสังเคราะห์สารสนเทศต่าง ๆ ที่ได้จากผลการวิเคราะห์ข้อมูล พบว่ามีสารสนเทศสำคัญที่สามารถนำไปประยุกต์ใช้ให้เกิดประโยชน์ต่อการปรับปรุงการจัดการฟาร์มโชคชัย และสังคมวิชาการทางด้านการปรับปรุงพันธุกรรมโคนมดังต่อไปนี้

ฟาร์มโชคชัย

ด้านการจัดการ เมื่อพิจารณาค่าประมาณอัตราพันธุกรรมในช่วงเริ่มต้นการให้น้ำนม หรือ ภายหลังจากคลอดประมาณ 65 วัน พบว่าสิ่งแวดล้อมมีผลกระทบต่อการให้น้ำนมในประชากรโคนมที่ให้อุณหภูมิของฟาร์มโชคชัยมาก จึงจำเป็นต้องปรับปรุงสภาพแวดล้อมให้เหมาะสมต่อการให้น้ำนม ตัวอย่างเช่นต้องปรับปรุงการให้การด้านโภชนาให้เพียงพอต่อการฟื้นฟูสมรรถภาพร่างกายหลังคลอด ซึ่งหากสามารถทำได้ จะส่งผลให้แม่โคนมที่ให้อุณหภูมิแรกมีการให้น้ำนมดีไปตลอดการให้น้ำนม

ด้านการปรับปรุงพันธุกรรม มีความเป็นไปได้ในการปรับปรุงรูปร่างเส้นโค้งการให้น้ำนมทางพันธุกรรมให้ประชากรโคนมฟาร์มโชคชัยมีความคงทนของการให้น้ำนมดีขึ้น โดยจะใช้พ่อพันธุ์ชื่อ Odyssey เป็นพ่อพันธุ์สำหรับกระจายพันธุกรรมไปในฝูง เนื่องจากพ่อพันธุ์ตัวดังกล่าวมีค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ ณ วันให้น้ำนม 280 สูงสุด และทางฟาร์มโชคชัยควรพัฒนาสร้างพ่อพันธุ์โคนมที่มีระดับสายเลือด โคนมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเซียนไม่เกิน 96.87 เปอร์เซ็นต์ ไว้ใช้เองภายในฟาร์ม

สังคมวิชาการทางด้านการประเมินพันธุกรรมโคนมด้วยโมเดลรีเกรซชันสุ่ม

รูปแบบ และจำนวนสัมประสิทธิ์ของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม

- ในอนาคตหากสถานการณ์ในการประเมินพันธุกรรมโคนมเปลี่ยนไป ตัวอย่างเช่น โครงสร้างข้อมูลที่น่ามาวิเคราะห์แตกต่างไปจากเดิม หรือมีการเพิ่มโคนมจากฟาร์มอื่น ๆ ร่วมในการวิเคราะห์ มีความเป็นไปได้ว่าโมเดลรีเกรซชันสุ่มรูปแบบ RRLP(3,4) อาจไม่ใช่โมเดลที่มีความเหมาะสมสำหรับการประเมินพันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ และความคงทนของการให้น้ำนมอีกต่อไป จึงจำเป็นต้องเตรียมความพร้อมด้วยการศึกษาฟังก์ชันความแปรปรวนรูปแบบใหม่ ได้แก่ ฟังก์ชัน Spline ร่วมการศึกษาเกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสมรูปแบบที่นอกเหนือไปจากการทำวิทยานิพนธ์ในครั้งนี้ ตัวอย่างเช่น predictive ability หรือ cross validation ซึ่งเป็นเกณฑ์ชี้วัดที่บ่งบอกความสามารถในการ

ทำนายค่าอิทธิพลสุ่มของ โมเดลรีเกรซชันสุ่มได้โดยตรง

- ผลที่ได้จากการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน ตลอดจนค่าความแปรปรวนของสัมประสิทธิ์รีเกรซชันสุ่ม ของลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบของฟาร์ม โชคชัยที่ประมาณค่าได้ในครั้งนี้สามารถใช้เป็นค่าเริ่มต้นสำหรับการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนในการศึกษาครั้งต่อไปได้

รูปแบบของโมเดลรีเกรซชันสุ่ม

- ควรศึกษาโมเดลรีเกรซชันสุ่มชนิดที่สามารถวิเคราะห์ลักษณะได้หลายลักษณะ และหลายครั้งของการให้น้ำนม (multiple trait-multiple lactation random regression model) เนื่องจากจะทำให้ทราบความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรม ส่งผลให้ค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์มีความถูกต้องสมเหตุสมผลมากขึ้นกว่าการวิเคราะห์ด้วย single trait random regression model

- นอกจากนี้ควรทำการศึกษาความแม่นยำ (accuracy) ของค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์เมื่อวิเคราะห์ข้อมูลด้วย โมเดลรีเกรซชันสุ่ม เนื่องจากสามารถทำให้ทราบความน่าเชื่อถือของค่าการผสมพันธุ์ที่ประมาณค่าได้ และในปัจจุบันยังไม่เคยมีการรายงานมาก่อนในประเทศไทย

ความคงทนของการให้น้ำนม

- ควรศึกษาดัชนีการคัดเลือกที่มีการพิจารณาถึงลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม ประกอบอยู่ในดัชนีการคัดเลือกพร้อมกับลักษณะทางการสืบพันธุ์ หรือการให้ผลผลิตน้ำนม

- ควรศึกษาดัชนีการคัดเลือกจากค่า eigenvalue ที่ประมาณค่าได้จาก โมเดลรีเกรซชันสุ่ม

รายการอ้างอิง

- ปิยะนันท์ นวลหนูปล้อง. (2551). การประมาณกราฟพันธุกรรมการให้น้ำนม โดยโมเดลวันทดสอบรีเกรซชันสุ่มที่มีการปรับอิทธิพลของ heterogeneous variance ในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต สาขาวิชาสัตวศาสตร์ บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยขอนแก่น.
- ฟาร์มโชคชัย. (2549). การบริหาร [ออนไลน์]. ได้จาก http://www.farmchokchai.com/agri_bis/farm_livestock.asp
- มนต์ชัย ดวงจินดา. (2544). การใช้โปรแกรม SAS เพื่อวิเคราะห์งานวิจัยทางสัตว์ (ฉบับปรับปรุงครั้งที่ 2). ขอนแก่น. คลังนานาวิทยา.
- มนต์ชัย ดวงจินดา. (2548). การประเมินพันธุกรรมสัตว์. ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น. ม.ป.ท.
- วรางคณา กิจพิพิธ. (2545). การประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะความคงทนในการให้น้ำนมในโคนมลูกผสม โดยใช้โมเดลถดถอยเชิงสุ่ม. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต สาขาวิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.
- วริษา สันทวีวรกุล. (2545). การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนมของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียน โดยใช้ Multiple-Trait และ Random Regression Test Day Model ด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML). วิทยานิพนธ์ปริญญาตรีบัณฑิต สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี.
- วุฒิไกร บุญคุ้ม. (2546). การประมาณกราฟการให้น้ำนม เนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียน โดยใช้ตัวแบบวันทดสอบรีเกรซชันสุ่มและพหุตัวแปร. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต สาขาวิชาสัตวศาสตร์ บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยขอนแก่น.
- ศิริชัย กาญจนวาสิ, ทวีวัฒน์ ปิตยานนท์ และ ดิเรก ศรีสุโข. (2551). การเลือกใช้สถิติที่เหมาะสมสำหรับการวิจัย. พิมพ์ครั้งที่ 5. กรุงเทพมหานคร. โรงพิมพ์จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.
- ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีแห่งชาติ (ไบโอเทค). (2550). เทคโนโลยีชีวภาพกับโคนมไทย. พิมพ์ครั้งที่ 1. กรุงเทพมหานคร. สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ.
- สายัณห์ บัวบาน. (2543). การประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในโคนมลูกผสม

โดยใช้บันทึกผลผลิตในวันทดสอบ. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท สาขาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.

องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อ.ส.ค.). (2551). ค่าการผสมพันธุ์โคนม 2551 [ออนไลน์]. ได้จาก: <http://www.dpogenetics.com/sire2551.pdf>

Aker, R. M. (2002). **Lactation and the mammary gland**. USA: Blackwell Publishing Company.

Arango, J. A., Cundiff, L. V., and Van Vleck, L. D. (2004). Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**. 82: 54-67.

Bebber, J. V., Reinsch, N., Junge, W., and Kalm, E. (1997). Accounting for herd, year and season effects in genetic evaluation of dairy cattle: A review. **Livestock Production Science**. 51: 191-203.

Berry, D. P., Horan, B., Donovan, M. O., Buckley, F., Kennedy, E., McEvoy, M., and Dillon, P. (2007). Genetic of grass dry matter intake, energy balance, and digestibility in grazing Irish dairy cows. **Journal of Dairy Science**. 90: 4835-4845.

Bohmanova, J., Misztal, I., and Bertrand, J. K. (2005). Studies on multiple trait and random regression models for genetic evaluation of beef cattle for growth. **Journal of Animal Science**. 83: 62-67.

Bohmanova, J., Miglior, F., Jamrozik, J., Misztal, I., and Sullivan, P. G. (2008). Comparison of random regression models with Legendre polynomials and linear splines for production traits and somatic cell score of Canadian Holstein cows. **Journal of Dairy Science**. 91: 3627-3638.

Brotherstone, S., White, I. M. S., and Meyer, K. (2000). Genetic modelling of daily milk yield using orthogonal polynomials and parametric curves. **Animal Science**. 70: 407-415.

Bytyqi, H., Ødegard, J., Mehmeti, H., Vegara, M., and Klemetsdal, G. Environmental sensitivity of milk production in extensive environments: A comparison of Simmental, Brown Swiss, and Tyrol Grey using random regression models. **Journal of Dairy Science**. 90: 3883-3888.

Capuco, A. V., Ellis, S. E., Hale, S. A., Long, E., Erdman, R. A., Zhao, X., and Paape, M. J. (2003). Lactation persistency: Insights from mammary cell proliferation studies. **Journal of Animal Science**. 81 (Suppl, 3): 18-31.

Cole, J. B., and VanRaden, P. M. (2006). Genetic evaluation and best prediction of lactation

- persistence. **Journal of Dairy Science**. 89: 2722-2728.
- Cole, J. B. and Null, D. J. (2009). Genetic evaluation of lactation persistency for five breeds of dairy cattle. **Journal of Dairy Science**. 92: 2248-2258.
- Dekkers, J. C. M., Ten Hag, J. H., and Weersink, A. (1998). Economic aspects of persistency of lactation in dairy cattle. **Livestock Production Science**. 53: 237-252.
- Druet, T., Jaffrézic, F., Boichard, D., and Ducrocq, V. (2003). Modeling lactation curves and estimation of genetic parameters for first lactation test-day records of French Holstein cows. **Journal of Dairy Science**. 86: 2480-2490.
- Druet, T., Jaffrézic, F., and Ducrocq, V. (2005). Estimation of genetic parameters for test day records of dairy traits in the first three lactations. **Genetics Selection Evolution**. 37: 257-271.
- Duangjinda, M., Misztal, I., and Tsuruta, S. (2007). *BLUPF90-DairyPak* (version 3.0) [Computer program]. Khon Kaen, the Thailand: Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University
- Duangjinda, M., Misztal, I., and Tsuruta, S. (2007a). **BLUPF90-DairyPak user's guide for version 3.0** [On-line]. Available: <http://agserver.kku.ac.th/monchai/eng/blup.htm>
- Duangjinda, M. (2007b). **SAS/IML for Best Linear Unbiased Prediction**. Khon Kaen, the Thailand: Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University
- Falconer, D. S., and Mackay, T. F. C. (1996). **Introduction to quantitative genetics** (4th ed.). UK: Longman.
- Fischer, T. M., Gilmour, A. R., and Van der werf, J. H. J. (2004). Computing approximate standard errors for genetic parameters derived from random regression models fitted by average information REML. **Genetics Selection Evolution**. 36: 363-369.
- Gengler, N., Keown, J. F., and Van Vleck, L. D. (1995). Various persistency measures and relationships with total, partial and peak milk yields [On-line]. Available: <http://web2.sbg.org.br/gmb/edicoesanteriores/v18n2/pdf/a13v18n2.pdf>
- Gengler, N., Tijani, A., Wiggans, G. R., and Misztal, I. (1999). Estimation of (co)variance function coefficients for test day yields with a Expectation-Maximization restricted maximum likelihood algorithm. **Journal of Dairy Science** [On-line serial] Available: <http://jds.fass.org/cgi/data/82/8/1849/DC1/1>

- Gengler, N., Tijani, A., Wiggans, G. R., and Philpot, J. C. (2001). Indirect estimation of (co)variance function for test-day yields first and second lactations in the United States. **Journal of Dairy Science** [On-line serial].
Available: <http://jds.fass.org/cgi/data/84/2/542/DC1/1>
- Gengler, N., Abras, S., Verkenne, C., Vanderick, S., Szydlowski, M., and Renaville, R. (2008). Accuracy of prediction of gene content in large animal populations and its use for candidate gene detection and genetic evaluation. **Journal of Dairy Science**. 91: 1652-1659.
- Gilmour, A. R., Thompson, R., and Cullis, B. R. (1995). Average information REML: an efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed models. **Biometrics**. 51: 1440-1450.
- Grossman, M., Hartz, S. M., and Koops, W. J. (1999). Persistency of lactation yield: A novel approach. **Journal of Dairy Science**. 82: 2192-2197.
- Hagnestam-Nielsen, C., Emanuelson, U., Berglund, B., and Strandberg, E. (2009). Relationship between somatic cell count and milk yield in different stages of lactation. **Journal of Dairy Science**. 92: 3124-3133
- Haile-Mariam, M., Bowman, P. J., and Goddard, M. E. (2003). Genetic and environmental relationship among calving interval, survival, persistency of milk yield and somatic cell count in dairy cattle. **Livestock Production Science**. 80: 189-200.
- Harder, B., Bennewitz, J., Hinrichs, D. and Kalm, E. (2006). Genetic parameters for health traits and their relationship to different persistency traits in German Holstein dairy cattle. **Journal of Dairy Science**. 89:3202–3212
- Henderson Jr., C. R. (1982). Analysis of covariance in the mixed model: higher level, non-homogeneous, and random regression. **Biometrics**. 38: 623-640.
- Interbull. (2009). Interbull genetic evaluation data and method of analysis [On-line].
Available: <http://www-interbull.slu.se/eval/framesida-prod.htm>
- Jakobsen, J. H., Madsen, P., Jensen, J., Pedersen, J., Christensen, L. G., and Sorensen, D. A. (2002). Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimated in random regression models using REML. **Journal of Dairy Science**. 85: 1607-1616.
- Jamrozik, J., Kistemaker, G. J., Dekkers, J. C. M., and Schaeffer, L. R. (1997a). Comparison of

- possible covariates for use in random regression model for analyses of test day yields. **Journal of Dairy Science**. 80: 2550-2556.
- Jamrozik, J., and Schaeffer, L. R. (1997b). Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**. 80: 762-770.
- Jamrozik, J., Schaeffer, L. R., and Dekkers, J. C. M. (1997c). Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**. 80: 1217-1226.
- Jensen, J. (2001). Genetic evaluation of dairy cattle using test-day models. **Journal of Dairy Science**. 84: 2803-2812.
- Kettunen, A., Mantysaari, E. A., and Poso, J. (2000). Estimation of genetic parameters for daily milk yield of primiparous Ayrshire cows by random regression test day models. **Livestock Production Science**. 66: 251-261.
- Kirkpatrick, M., Lofsvold, D., and Bulmer, M. (1990). Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**. 124: 979-993.
- Kirkpatrick, M., Hill G. W., and Thompson R. (1994). Estimating the covariance structure of traits during growth and ageing, illustrated with lactation in dairy cattle. **Genetical Research**. 64 (1): 57-69.
- Köhn, F., Sharifi, A. R., Malovrh S., and Simianer, H. (2007). Estimation of genetic parameters for body weight of the Goettingen minipig with random regression models. **Journal of Animal Science**. 85:2423-2428.
- Kranis, A., Su, G., Sorensen, D., and Woolliams, J. A. (2007). The application of random regression models in the genetic analysis of monthly egg production in turkeys and a comparison with alternative longitudinal models. **Poultry Science**. 86: 470–475.
- Kuha, Kecha. (2004). **Across country sire genetic evaluation for birth and weaning weight of Shorthorn beef cattle between Australia and the United States**. Ph.D. Dissertation, Kasetsart University, Thailand
- Laird, M. L., and Ware, J. H. (1982). Random-effects models for longitudinal data. **Biometrics**. 38: 963-974.
- Lidauer, M., Strandén, I., Mäntysaari, E.A., Pösö, J. and Kettunen, A. (1999). Solving large test-day models by iteration on data and preconditioned conjugate gradient. **Journal of**

Dairy Science. 82: 2788-2796

- Lidauer, M., Mäntysaari, E.A., Strandén, I. (2003). Comparison of test-day models for genetic evaluation of production traits in dairy cattle. **Livestock Production Science.**79: 73-86
- Luo, P. T., Yang, R. Q. and Yang, N. (2007). Estimation of genetic parameters for cumulative egg numbers in a broiler dam line by using a random regression model. **Poultry Science.** 86: 30-36.
- Lin, C. Y., and Togashi, K. (2005). Maximization of lactation milk production without decreasing persistency. **Journal of Dairy Science.** 88: 2975-2980.
- Liu, Y. X., Zhang, J., Schaeffer, L. R., Yang, R. Q., and Zhang, W. L. (2006). Short communication: Optimal random regression models for milk production in dairy cattle. **Journal of Dairy Science.** 89: 2233-2235.
- López-Romero, P., and Carabaño, M. J. (2003). Comparing alternative random regression models to analyses first lactation daily milk yield data in Holstein Friesian cattle. **Livestock Production Science.** 82: 81-96.
- Macciotta, N. P. P., Vicario, D. and Cappio-Borlino, A. (2005). Detection of different shapes of lactation curve for milk yield in dairy cattle by empirical mathematical models. **Journal of Dairy Science.** 88: 1178-1191.
- Meyer, K. (1985). Maximum likelihood estimation of variance components for a multivariate mixed model with equal design matrices. **Biometrics.** 41: 153-165.
- Meyer, K. (1998). Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics Selection Evolution.** 30: 221-240.
- Meyer, K. (2003). K. Random regression models for analyses of longitudinal data in animal breeding [online]. Available: <http://agbu.une.edu.au/~kmeyer/inlimbo.html>
- Meyer, K., Graser, H. U., and Hammond, K. (1989). Estimates of genetic parameter for first lactation test day production of Australian black and white cows. **Livestock Production Science.** 21: 177-199.
- Meyer, K., and Kirkpatrick, M. (2005). Up hill, down dale: quantitative genetics of curvaceous traits. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biology Science** [On-line serial]. 360: 1443-1455.
Available: <http://rstb.royalsocietypublishing.org/content/360/1459/1443.full.pdf+html>
- Meyer, K., and Hill, W. G. (1997). Estimation of genetic and phenotypic covariance function for

- longitudinal or 'repeated' records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**. 47: 185-200.
- Misztal, I. (1999). REMLF90 Manual [On-line].
Available: <ftp://nce.ads.uga.edu/pub/ignacy/blupf90>
- Misztal, I., Strbel, T., Jamrozik, J., Mäntysaari, E. A., and Meuwissen, T. H. E. (2000). Strategies for estimating the parameters needed for different test-day models. **Journal of Dairy Science**. 83: 1125-1134.
- Misztal, I. (2006). Properties of random regression models using linear splines. **Journal of Animal Breeding and Genetics**. 123: 74-80.
- Misztal, I. (2008). Reliable computing in estimation of variance components. **Journal of Animal Breeding and Genetics**. 125: 363-370.
- Mrode, R. A., Swanson, G. J. T. and Lindberg, C. M. (2002). Efficiency of part lactation test day records for genetic evaluations using fixed and random regression models. **Animal Science**. 74: 189-197
- Mrode, R. A. (2005). **Linear models for the prediction of animal breeding values**. (2nd ed.). UK. CABI International.
- Mrode, R. A., and Coffey, M. (2008). Understanding cow evaluation in univariate and multivariate animal and random regression models. **Journal of Dairy Science**. 91: 794-801.
- Muir, B. L., Fatehi, J., and Schaeffer, L. R. (2004). Genetic relationships between persistency and reproductive performance in first-lactation Canadian Holsteins. **Journal of Dairy Science**. 87: 3029-3037.
- Muir, B. L., Kistemaker, G., Jamrozik, J., and Canavesi, F. (2007). Genetic parameters for a multiple-trait multiple-lactation random regression test-day model in Italian Holsteins. **Journal of Dairy Science**. 90: 1564–1574.
- Ødegard, J., Jensen, J., Klemetsdal, G., Mandsen, P., and Heringstad, B. (2003). Genetic analysis of somatic cell score in Norwegian cattle using random regression test-day models. **Journal of Dairy Science**. 86: 4103-4114.
- Oh, S. H., See, M. T., Long, T. E., and Galvin, J. M. (2006). Genetic parameters for various random regression models to describe total sperm cells per ejaculate over the reproductive lifetime of boars. **Journal of Animal Science**. 84: 538-545.

- Oikonomou, G., Valergakis, G. E., Arsenos, G., Roubies, N. and Banos, G. (2008). Genetic profile of body energy and blood metabolic traits across lactation in primiparous Holstein cows. **Journal of Dairy Science**. 91: 2814–2822.
- Olori, V. E., Brotherstone, S., Hill, W. G., and McGuirk, B. J. (1999a). Fit of standard models of the lactation curve to weekly records of milk production of cows in a single herd. **Livestock Production Science**. 58: 55-63.
- Olori, V. E., Hill, W. G., McGuirk, B. J., and Brotherstone, S. (1999b). Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. **Livestock Production Science**. 61: 53-63.
- Pander, B. L., and Hill, W. G. (1993). Genetic evaluation of lactation yield from test day records on incomplete lactation. **Livestock Production Science**. 37: 23-36.
- Patterson, H. D., and Thompson, R. (1971). Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**. 58: 545-554.
- Ptak, E., and Schaeffer, L. R. (1993). Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. **Livestock Production Science**. 34: 23-24.
- Pool, M. H., Janss, L.L.G., and Meuwissen, T.H.E. (2000). Genetic parameters of Legendre polynomials for first parity lactation curves. **Journal of Dairy Science**. 83:2640-2649.
- Sargent, F. D., Lytton, V. H. and Wall, O. G., (1968). Test interval method of calculating dairy herd improvement association records. **Journal of Dairy Science** [On-line serial]. 51: 170-179. Available: <http://jds.fass.org/cgi/reprint/51/1/170>
- Schaeffer, L. R. (2004). Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**. 86: 35-45.
- Schaeffer, L. R., and Jamrozik, J. (2008). Random regression models: a longitudinal perspective. **Journal of Animal Breeding and Genetics**. 125: 145-146.
- Schaeffer, L. R. (2009). Random regression models [On-line]. Available: <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ABModels/NOTES/RRM14a.pdf>
- Schaeffer, L. R., Jamrozik, J., Kistemaker, G. J., and Van Doormaal, B. J. (2000). Experience with a Test-Day Model. **Journal of Dairy Science**. 83: 1135-1144.
- Silvertre, A. M., Petim-Batista, F., and Colaco, J. (2006). The accuracy of seven mathematical functions in modeling dairy cattle lactation curves based on test-day records from varying sample schemes. **Journal of Dairy Science**. 89: 1813-1821.

- Simm, G. (2000). **Genetic improvement of cattle and sheep**. UK: Farming Press.
- Sölkner, J., and Fuchs, W. (1987). A comparison of different measures of persistency with special respect to variation of test-day milk yields. **Livestock Production Science**. 16: 305-319.
- Statistical Analysis System (SAS). (1996). **SAS User's Guide: Statistics**. Version 6.12 Edition. SAS Inst., Inc., Cary, NC.
- Swalve, H. H. (1995). The effect of test day models on the estimation of genetic parameters and breeding value for dairy yield traits. **Journal of Dairy Science**. 78: 929-938.
- Swalve, H. H. (2000). Theoretical basis and computational methods for different test day genetic evaluation methods. **Journal of Dairy Science** 83: 1115-1124.
- Thompson, R., Brotherstone, S., and White, I. M. S. (2005). Estimation of quantitative genetic parameters. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biology Science** [On-line serial]. 360: 1469-1477. Available: <http://www.pubmedcentral.nih.gov/picrender.fcgi?artid=1569516&blobtype=pdf>
- Thompson, R. (2008). Estimation of quantitative genetics parameters. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biology Science** [On-line serial]. 275: 679-686. Available: <http://rspb.royalsocietypublishing.org/content/275/1635/679.full.pdf>
- Togashi, K., and Lin, C. Y. (2003). Modifying the lactation curve to improve lactation milk and persistency. **Journal of Dairy Science**. 86: 1487-1493.
- Togashi, K., and Lin, C. Y. (2004). Efficiency of different selection criteria for persistency and lactation milk yield. **Journal of Dairy Science**. 87: 1528-1535.
- Togashi, K., and Lin, C. Y. (2006). Selection for milk production and persistency using eigenvectors of the random regression coefficient matrix. **Journal of Dairy Science**. 89: 4866-4873.
- Togashi, K., and Lin, C. Y. (2007a). Genetic modification of the lactation curve by bending the eigenvectors of the additive genetic random regression coefficient matrix. **Journal of Dairy Science**. 90: 5753-5758.
- Togashi, K., and Lin, C. Y. (2007b). Improvement of lactation milk and persistency using the eigenvectors of the genetic covariance matrix between lactation stages. **Livestock Science**. 110: 64-72.
- Van der Werf, J. H. J. (2001). Random regression in animal breeding course notes [On-line].

Available: <http://www-personal.une.edu.au/~jvanderw/CFcoursenotes.pdf>

- Van der Werf, J. H. J., Goddard, M. E., and Meyer, K. (1998). The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. **Journal of Dairy Science**. 81:3300–3308.
- White, I. M. S., Thompson, R., and Brotherstone, S. (1999). Genetic and environmental smoothing of lactation curves with cubic splines **Journal of Dairy Science**. 82: 632-638.
- Wilmink, J. B. M. (1987a). Adjustment of test-day milk, fat and protein yield for age, season and stage of lactation. **Livestock Production Science**. 16: 335-348.
- Wilmink, J. B. M. (1987b). Comparison of different methods of predicting 305-day milk yield using means calculated from within-herd lactation curves. **Livestock Production Science**. 17: 1-17.
- Zavadilova, L., Jamrozik, J., and Schaeffer, L. R. (2005). Genetic parameter for test-day model with random regression for production traits of Czech Holstein cattle. **Czech Journal of Animal Science**. 4: 142-154.

ภาคผนวก ก

ตารางรายงานผลการวิเคราะห์ข้อมูล

ตารางที่ ก.1 ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานของค่าประมาณอัตราพันธุกรรม จากการวิเคราะห์ด้วย
โมเดลรีเกรชันสูตรรูปแบบต่าง ๆ

Model	Standard error of heritability (kg)											
	5	35	65	95	125	155	185	215	245	275	305	Total
RRLP(3,3)	0.020	0.018	0.014	0.011	0.010	0.010	0.012	0.017	0.026	0.040	0.052	0.020
RRLP(3,4)	0.016	0.018	0.015	0.012	0.012	0.013	0.015	0.019	0.026	0.036	0.049	0.020
RRLP(3,5)	0.014	0.018	0.014	0.013	0.012	0.013	0.014	0.018	0.025	0.036	0.050	0.020
RRLP(4,3)	0.007	0.017	0.012	0.008	0.007	0.010	0.013	0.017	0.023	0.037	0.040	0.017
RRLP(4,4)	0.006	0.013	0.012	0.009	0.008	0.008	0.009	0.012	0.017	0.024	0.024	0.013
RRLP(4,5)	0.006	0.012	0.011	0.009	0.007	0.007	0.009	0.011	0.016	0.024	0.028	0.013
RRLP(5,3)	0.004	0.011	0.006	0.005	0.007	0.008	0.009	0.010	0.012	0.019	0.043	0.012
RRLP(5,4)	0.007	0.011	0.007	0.008	0.009	0.009	0.010	0.011	0.013	0.020	0.037	0.012
RRLP(5,5)	0.009	0.011	0.009	0.008	0.009	0.009	0.009	0.010	0.013	0.022	0.035	0.013

ตารางที่ ก.2 ค่าความแปรปรวน และความแปรปรวนร่วม (\pm ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน)
ของสัมประสิทธิ์รีเกรซชันคู่ทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมที่ประมาณค่า
ได้จาก โมเดลรีเกรซชันคู่รูปแบบ RRLP(3,3), RRLP(4,4), และ RRLP(5,5)

variance and covariance of random regression coefficients in matrix K_γ					
	$\gamma_0 \pm \text{S.D}$	$\gamma_1 \pm \text{S.D}$	$\gamma_2 \pm \text{S.D}$	$\gamma_3 \pm \text{S.D}$	$\gamma_4 \pm \text{S.D}$
RRL(3,3)					
$\gamma_0 \pm \text{S.D}$	6.56 \pm 0.630				
$\gamma_1 \pm \text{S.D}$	-0.91 \pm 0.202	1.230 \pm 0.124			
$\gamma_2 \pm \text{S.D}$	-0.36 \pm 0.171	-0.139 \pm 0.070	0.590 \pm 0.080		
RRL(4,4)					
$\gamma_0 \pm \text{S.D}$	6.610 \pm 0.308				
$\gamma_1 \pm \text{S.D}$	-0.919 \pm 0.094	1.260 \pm 0.057			
$\gamma_2 \pm \text{S.D}$	-0.352 \pm 0.070	-0.198 \pm 0.029	0.483 \pm 0.030		
$\gamma_3 \pm \text{S.D}$	0.029 \pm 0.060	-0.139 \pm 0.025	-0.195 \pm 0.020	0.333 \pm 0.023	
RRL(5,5)					
$\gamma_0 \pm \text{S.D}$	6.680 \pm 0.287				
$\gamma_1 \pm \text{S.D}$	-0.951 \pm 0.091	1.320 \pm 0.056			
$\gamma_2 \pm \text{S.D}$	-0.331 \pm 0.070	-0.168 \pm 0.030	0.531 \pm 0.031		
$\gamma_3 \pm \text{S.D}$	0.060 \pm 0.052	-0.123 \pm 0.023	-0.198 \pm 0.018	0.302 \pm 0.018	
$\gamma_4 \pm \text{S.D}$	-0.107 \pm 0.045	-0.005 \pm 0.019	-0.019 \pm 0.015	-0.150 \pm 0.013	0.212 \pm 0.014

ตารางที่ ก.3 ค่าความแปรปรวน และความแปรปรวนร่วม (\pm ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน)
ของสัมประสิทธิ์รีเกรซชันสัมทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรที่ประมาณค่า
ได้จาก โมเดลรีเกรซชันสัมรูปแบบ RRLP(3,3), RRLP(4,4), และ RRLP(5,5)

variance and covariance of random regression coefficients in matrix K_γ					
	$\gamma_0 \pm \text{S.D}$	$\gamma_1 \pm \text{S.D}$	$\gamma_2 \pm \text{S.D}$	$\gamma_3 \pm \text{S.D}$	$\gamma_4 \pm \text{S.D}$
RRL(3,3)					
$\gamma_0 \pm \text{S.D}$	6.56 \pm 0.630				
$\gamma_1 \pm \text{S.D}$	-0.91 \pm 0.202	1.230 \pm 0.124			
$\gamma_2 \pm \text{S.D}$	-0.36 \pm 0.171	-0.139 \pm 0.070	0.590 \pm 0.080		
RRL(4,4)					
$\gamma_0 \pm \text{S.D}$	6.610 \pm 0.308				
$\gamma_1 \pm \text{S.D}$	-0.919 \pm 0.094	1.260 \pm 0.057			
$\gamma_2 \pm \text{S.D}$	-0.352 \pm 0.070	-0.198 \pm 0.029	0.483 \pm 0.030		
$\gamma_3 \pm \text{S.D}$	0.029 \pm 0.060	-0.139 \pm 0.025	-0.195 \pm 0.020	0.333 \pm 0.023	
RRL(5,5)					
$\gamma_0 \pm \text{S.D}$	6.680 \pm 0.287				
$\gamma_1 \pm \text{S.D}$	-0.951 \pm 0.091	1.320 \pm 0.056			
$\gamma_2 \pm \text{S.D}$	-0.331 \pm 0.070	-0.168 \pm 0.030	0.531 \pm 0.031		
$\gamma_3 \pm \text{S.D}$	0.060 \pm 0.052	-0.123 \pm 0.023	-0.198 \pm 0.018	0.302 \pm 0.018	
$\gamma_4 \pm \text{S.D}$	-0.107 \pm 0.045	-0.005 \pm 0.019	-0.019 \pm 0.015	-0.150 \pm 0.013	0.212 \pm 0.014

ตารางที่ ก.4 รายงานสรุปค่าสถิติเบื้องต้นของปัจจัยคงที่ ระดับสายเลือดโคนมโฮลสไตน์-ฟรีเซียน

			Milk In Month (MIM) kilograms										
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Total
Holstein Friesian's Blood Level	> 75 and < 87.5 %	Mean (\bar{x})	17.00	17.56	16.14	14.98	13.53	12.17	11.01	10.24	9.71	9.39	13.59
		Standard Deviation (<i>S.D.</i>)	4.90	4.68	4.67	4.22	4.29	4.00	3.87	3.53	3.58	3.41	5.09
		Numbers (<i>N</i>)	372	351	355	350	348	343	335	309	243	164	3,170
	≥ 87.5 and < 93.75 %	Mean (\bar{x})	17.89	18.41	17.05	15.42	14.16	12.98	12.21	11.25	10.64	10.11	14.33
		Standard Deviation (<i>S.D.</i>)	5.30	5.18	5.09	4.96	4.89	4.82	4.45	4.27	4.04	4.04	5.56
		Numbers (<i>N</i>)	1,211	1,159	1,147	1,138	1,130	1,108	1,095	1,040	892	680	10,600
	≥ 93.75 and < 96.875 %	Mean (\bar{x})	18.95	20.26	18.68	16.92	15.72	14.52	13.64	12.52	11.72	10.85	15.67
		Standard Deviation (<i>S.D.</i>)	5.77	5.47	5.66	5.45	5.25	5.11	4.82	4.72	4.52	4.19	5.99
		Numbers (<i>N</i>)	818	797	790	789	768	763	749	738	648	516	7,376
	≥ 96.875 %	Mean (\bar{x})	18.60	19.77	18.34	16.74	15.12	13.88	13.06	12.08	11.27	10.52	15.19
		Standard Deviation (<i>S.D.</i>)	5.64	5.20	5.42	5.50	5.20	4.81	4.75	4.55	4.25	3.98	5.87
		Numbers (<i>N</i>)	526	504	503	490	485	481	470	454	428	358	4,699
Total	Mean (\bar{x})	18.20	19.07	17.63	16.03	14.69	13.47	12.61	11.65	10.97	10.35	14.78	
	Standard Deviation (<i>S.D.</i>)	5.49	5.30	5.34	5.18	5.04	4.87	4.62	4.44	4.23	4.04	5.73	
	Numbers (<i>N</i>)	2,927	2,811	2,795	2,767	2,731	2,695	2,649	2,541	2,211	1,718	2,5845	

ตารางที่ ก.5 รายงานสรุปค่าสถิติเบื้องต้นของปัจจัยคงที่ กลุ่มอายุเมื่อให้ลูกครั้งแรก

			Milk In Month (MIM) kilograms										
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Total
Holstein Friesian's Age at First Calving (AFC)	Between 18-24 month	Mean (\bar{x})	17.45	19.59	18.75	16.42	15.23	14.22	13.12	12.52	11.84	11.35	15.31
		Standard Deviation (<i>S.D.</i>)	6.12	5.26	5.27	5.27	5.22	5.18	4.65	4.85	4.42	4.20	5.79
		Numbers (<i>N</i>)	164	151	156	152	148	149	145	145	124	94	1,428
	Between 25-29 month	Mean (\bar{x})	18.33	19.53	18.02	16.71	15.32	14.14	13.28	12.19	11.50	10.78	15.29
		Standard Deviation (<i>S.D.</i>)	5.56	5.29	5.43	5.27	5.18	4.97	4.77	4.56	4.35	4.13	5.77
		Numbers (<i>N</i>)	1,496	1,431	1,420	1,411	1,399	1,377	1,365	1,297	1,126	875	13,197
	Between 30-35 month	Mean (\bar{x})	18.16	18.42	16.96	15.09	13.89	12.59	11.77	10.89	10.33	9.77	14.10
		Standard Deviation (<i>S.D.</i>)	5.05	5.09	5.00	4.71	4.46	4.42	4.22	4.07	3.86	3.78	5.45
		Numbers (<i>N</i>)	893	861	864	855	837	832	812	784	679	532	7,949
	Between 36-48 month	Mean (\bar{x})	18.08	18.63	17.18	15.39	13.83	12.60	11.70	10.86	10.06	9.60	14.15
		Standard Deviation (<i>S.D.</i>)	5.86	5.66	5.62	5.43	5.31	4.95	4.44	4.22	4.13	3.91	5.97
		Numbers (<i>N</i>)	374	368	355	349	347	337	327	315	282	217	3,271
Total	Mean (\bar{x})	18.20	19.07	17.63	16.03	14.69	13.47	12.61	11.65	10.97	10.35	14.78	
	Standard Deviation (<i>S.D.</i>)	5.49	5.30	5.34	5.18	5.04	4.87	4.62	4.44	4.23	4.04	5.73	
	Numbers (<i>N</i>)	2,927	2,811	2,795	2,767	2,731	2,695	2,649	2,541	2,211	1,718	25,845	

ตารางที่ ก.6 ค่าประมาณสหสัมพันธ์ (ใต้แนวทแยงมุม) ความแปรปรวน (แนวทแยงมุม) และความแปรปรวนร่วม (เหนือแนวทแยงมุม) ทางพันธุกรรม
แบบบวกละสมของ RRLP(3,3)

DIM	5	20	35	50	65	80	95	110	125	140	155	170	185	200	215	230	245	260	275	290	305
5	5.580	5.205	4.848	4.511	4.192	3.893	3.613	3.351	3.109	2.885	2.681	2.496	2.329	2.182	2.053	1.944	1.854	1.782	1.730	1.697	1.682
20	0.978	5.076	4.944	4.808	4.669	4.526	4.379	4.229	4.075	3.917	3.756	3.591	3.423	3.251	3.075	2.896	2.714	2.527	2.337	2.144	1.946
35	0.916	0.980	5.016	5.063	5.087	5.086	5.062	5.014	4.942	4.845	4.725	4.581	4.413	4.221	4.005	3.765	3.501	3.212	2.900	2.564	2.204
50	0.831	0.929	0.984	5.276	5.447	5.576	5.663	5.707	5.710	5.670	5.589	5.465	5.299	5.091	4.841	4.549	4.215	3.838	3.420	2.959	2.457
65	0.740	0.864	0.947	0.989	5.749	5.994	6.180	6.308	6.379	6.391	6.346	6.242	6.081	5.862	5.584	5.249	4.856	4.405	3.895	3.328	2.703
80	0.655	0.798	0.902	0.964	0.993	6.340	6.615	6.818	6.949	7.009	6.997	6.914	6.759	6.533	6.235	5.865	5.424	4.911	4.327	3.671	2.944
95	0.579	0.736	0.856	0.934	0.977	0.995	6.966	7.235	7.420	7.523	7.543	7.480	7.334	7.104	6.792	6.397	5.920	5.359	4.715	3.988	3.178
110	0.516	0.683	0.814	0.904	0.957	0.985	0.997	7.560	7.793	7.934	7.983	7.939	7.804	7.577	7.257	6.846	6.342	5.746	5.059	4.279	3.407
125	0.463	0.637	0.777	0.875	0.937	0.972	0.990	0.998	8.066	8.241	8.316	8.293	8.170	7.949	7.629	7.210	6.692	6.075	5.359	4.544	3.630
140	0.420	0.598	0.745	0.850	0.917	0.958	0.981	0.993	0.999	8.444	8.544	8.540	8.433	8.222	7.908	7.490	6.968	6.343	5.615	4.783	3.847
155	0.386	0.566	0.717	0.826	0.899	0.944	0.971	0.986	0.995	0.999	8.666	8.682	8.592	8.396	8.094	7.686	7.172	6.553	5.827	4.996	4.058
170	0.358	0.540	0.693	0.806	0.882	0.930	0.960	0.978	0.989	0.995	0.999	8.717	8.646	8.470	8.187	7.798	7.303	6.703	5.996	5.183	4.264
185	0.336	0.518	0.672	0.787	0.865	0.916	0.948	0.968	0.981	0.990	0.995	0.999	8.597	8.444	8.187	7.826	7.362	6.793	6.120	5.344	4.463
200	0.320	0.500	0.653	0.768	0.848	0.900	0.933	0.955	0.970	0.981	0.989	0.995	0.998	8.319	8.095	7.770	7.347	6.824	6.201	5.479	4.657
215	0.309	0.485	0.636	0.749	0.828	0.880	0.915	0.939	0.955	0.968	0.978	0.986	0.993	0.998	7.909	7.631	7.259	6.795	6.238	5.588	4.845
230	0.302	0.472	0.618	0.728	0.804	0.856	0.891	0.915	0.933	0.947	0.959	0.971	0.981	0.990	0.997	7.407	7.099	6.707	6.231	5.671	5.027
245	0.299	0.460	0.597	0.700	0.773	0.822	0.856	0.880	0.899	0.915	0.930	0.944	0.958	0.972	0.985	0.995	6.865	6.559	6.180	5.728	5.203
260	0.299	0.445	0.569	0.663	0.729	0.774	0.806	0.829	0.849	0.866	0.883	0.901	0.919	0.939	0.959	0.978	0.993	6.352	6.085	5.759	5.373
275	0.300	0.425	0.531	0.611	0.666	0.705	0.733	0.754	0.774	0.792	0.812	0.833	0.856	0.882	0.910	0.939	0.967	0.990	5.946	5.764	5.537
290	0.300	0.397	0.478	0.538	0.579	0.608	0.631	0.649	0.668	0.687	0.708	0.732	0.760	0.793	0.829	0.869	0.912	0.953	0.986	5.743	5.696
305	0.294	0.357	0.407	0.442	0.466	0.483	0.498	0.512	0.528	0.547	0.570	0.597	0.629	0.668	0.712	0.764	0.821	0.882	0.939	0.983	5.849

ตารางที่ ก.7 ค่าประมาณสหสัมพันธ์ (ใต้แนวทแยงมุม) ความแปรปรวน (แนวทแยงมุม) และความแปรปรวนร่วม (เหนือแนวทแยงมุม) ทางพันธุกรรม
แบบบวกละสมของ RRLP(3,4)

DIM	5	20	35	50	65	80	95	110	125	140	155	170	185	200	215	230	245	260	275	290	305
5	5.222	4.891	4.576	4.278	3.996	3.730	3.481	3.248	3.031	2.831	2.647	2.479	2.328	2.194	2.075	1.973	1.887	1.818	1.765	1.728	1.708
20	0.983	4.736	4.583	4.432	4.282	4.134	3.988	3.844	3.701	3.560	3.420	3.282	3.146	3.012	2.879	2.748	2.619	2.491	2.365	2.241	2.118
35	0.936	0.984	4.579	4.563	4.535	4.495	4.444	4.381	4.307	4.221	4.123	4.014	3.893	3.760	3.616	3.460	3.293	3.114	2.923	2.720	2.506
50	0.866	0.942	0.987	4.669	4.753	4.813	4.849	4.861	4.850	4.815	4.757	4.675	4.569	4.440	4.287	4.110	3.910	3.686	3.439	3.168	2.873
65	0.787	0.886	0.954	0.990	4.937	5.086	5.202	5.283	5.329	5.342	5.320	5.264	5.174	5.049	4.891	4.697	4.470	4.208	3.913	3.582	3.218
80	0.708	0.824	0.911	0.966	0.993	5.316	5.503	5.646	5.746	5.802	5.814	5.783	5.708	5.590	5.428	5.222	4.973	4.681	4.345	3.965	3.542
95	0.635	0.764	0.866	0.935	0.976	0.995	5.753	5.952	6.098	6.194	6.238	6.230	6.171	6.060	5.898	5.685	5.420	5.103	4.735	4.315	3.844
110	0.571	0.709	0.822	0.904	0.955	0.984	0.997	6.199	6.388	6.519	6.592	6.607	6.563	6.462	6.302	6.085	5.809	5.475	5.083	4.633	4.124
125	0.516	0.661	0.783	0.873	0.933	0.969	0.989	0.998	6.614	6.777	6.876	6.912	6.884	6.794	6.639	6.422	6.141	5.797	5.389	4.918	4.383
140	0.469	0.620	0.747	0.844	0.911	0.953	0.978	0.992	0.998	6.967	7.090	7.146	7.135	7.056	6.910	6.697	6.416	6.068	5.653	5.171	4.621
155	0.431	0.584	0.716	0.818	0.890	0.937	0.967	0.984	0.994	0.999	7.235	7.309	7.314	7.249	7.114	6.909	6.634	6.290	5.875	5.391	4.837
170	0.399	0.554	0.690	0.795	0.871	0.922	0.955	0.975	0.988	0.995	0.999	7.401	7.422	7.372	7.251	7.059	6.796	6.461	6.056	5.579	5.032
185	0.373	0.529	0.666	0.774	0.853	0.906	0.942	0.965	0.980	0.990	0.996	0.999	7.460	7.426	7.322	7.146	6.900	6.582	6.194	5.735	5.205
200	0.353	0.508	0.646	0.755	0.835	0.891	0.928	0.953	0.970	0.982	0.990	0.995	0.999	7.411	7.326	7.171	6.947	6.654	6.291	5.858	5.356
215	0.337	0.491	0.627	0.736	0.817	0.873	0.912	0.939	0.958	0.971	0.981	0.989	0.995	0.999	7.263	7.133	6.937	6.674	6.345	5.949	5.486
230	0.326	0.476	0.610	0.717	0.797	0.854	0.894	0.922	0.942	0.957	0.969	0.978	0.987	0.993	0.998	7.033	6.870	6.645	6.358	6.007	5.595
245	0.318	0.463	0.592	0.697	0.775	0.830	0.870	0.898	0.919	0.936	0.950	0.962	0.973	0.982	0.991	0.997	6.747	6.566	6.328	6.033	5.682
260	0.314	0.451	0.574	0.672	0.747	0.800	0.839	0.867	0.888	0.906	0.922	0.936	0.950	0.963	0.976	0.988	0.996	6.436	6.257	6.027	5.747
275	0.312	0.438	0.551	0.642	0.710	0.760	0.796	0.824	0.845	0.864	0.881	0.898	0.915	0.932	0.950	0.967	0.983	0.995	6.144	5.988	5.791
290	0.311	0.423	0.523	0.603	0.663	0.707	0.740	0.765	0.786	0.805	0.824	0.843	0.863	0.885	0.907	0.931	0.955	0.977	0.993	5.917	5.814
305	0.310	0.404	0.486	0.551	0.601	0.637	0.665	0.687	0.707	0.726	0.746	0.767	0.790	0.816	0.844	0.875	0.907	0.939	0.969	0.991	5.814

ตารางที่ ก.8 ค่าประมาณสหสัมพันธ์ (ใต้แนวทแยงมุม) ความแปรปรวน (แนวทแยงมุม) และความแปรปรวนร่วม (เหนือแนวทแยงมุม) ทางพันธุกรรม แบบบวกสะสมของ RRLP(3,5)

DIM	5	20	35	50	65	80	95	110	125	140	155	170	185	200	215	230	245	260	275	290	305
5	5.275	4.943	4.627	4.327	4.043	3.775	3.524	3.289	3.070	2.868	2.681	2.511	2.357	2.220	2.098	1.993	1.904	1.832	1.775	1.735	1.711
20	0.984	4.783	4.626	4.471	4.318	4.167	4.018	3.871	3.727	3.584	3.444	3.306	3.170	3.036	2.904	2.775	2.648	2.522	2.399	2.278	2.159
35	0.938	0.985	4.615	4.593	4.560	4.516	4.462	4.397	4.322	4.236	4.139	4.031	3.913	3.784	3.644	3.494	3.333	3.161	2.978	2.785	2.581
50	0.870	0.944	0.987	4.692	4.769	4.824	4.857	4.868	4.856	4.822	4.765	4.687	4.586	4.463	4.317	4.150	3.960	3.747	3.513	3.256	2.977
65	0.791	0.888	0.954	0.990	4.946	5.091	5.203	5.282	5.329	5.343	5.324	5.273	5.189	5.073	4.924	4.743	4.529	4.282	4.003	3.691	3.347
80	0.713	0.826	0.912	0.966	0.993	5.316	5.499	5.640	5.740	5.798	5.815	5.790	5.723	5.614	5.464	5.273	5.039	4.764	4.448	4.090	3.690
95	0.640	0.766	0.867	0.935	0.976	0.995	5.745	5.942	6.090	6.188	6.237	6.237	6.187	6.087	5.938	5.740	5.492	5.195	4.848	4.452	4.007
110	0.576	0.712	0.823	0.903	0.955	0.983	0.997	6.189	6.379	6.513	6.592	6.614	6.581	6.491	6.346	6.144	5.887	5.573	5.204	4.779	4.297
125	0.520	0.663	0.783	0.872	0.932	0.969	0.989	0.998	6.607	6.773	6.878	6.922	6.905	6.827	6.687	6.486	6.223	5.900	5.515	5.069	4.561
140	0.473	0.621	0.747	0.843	0.910	0.953	0.978	0.992	0.998	6.968	7.097	7.161	7.160	7.093	6.961	6.764	6.502	6.174	5.781	5.323	4.800
155	0.434	0.585	0.716	0.817	0.889	0.937	0.967	0.984	0.994	0.999	7.247	7.330	7.344	7.291	7.169	6.980	6.722	6.396	6.003	5.541	5.011
170	0.401	0.555	0.688	0.794	0.870	0.921	0.955	0.975	0.988	0.995	0.999	7.429	7.459	7.420	7.311	7.132	6.884	6.567	6.180	5.723	5.197
185	0.375	0.529	0.665	0.773	0.852	0.906	0.942	0.966	0.981	0.990	0.996	0.999	7.505	7.480	7.386	7.222	6.988	6.685	6.312	5.869	5.356
200	0.354	0.508	0.644	0.754	0.834	0.891	0.929	0.955	0.972	0.983	0.991	0.996	0.999	7.472	7.395	7.249	7.034	6.751	6.399	5.978	5.489
215	0.337	0.490	0.626	0.736	0.817	0.875	0.915	0.942	0.960	0.974	0.983	0.990	0.995	0.999	7.337	7.213	7.022	6.765	6.442	6.052	5.595
230	0.325	0.476	0.610	0.718	0.800	0.857	0.898	0.926	0.946	0.961	0.972	0.981	0.988	0.994	0.998	7.114	6.952	6.727	6.440	6.089	5.676
245	0.317	0.463	0.594	0.700	0.779	0.837	0.877	0.906	0.927	0.943	0.956	0.967	0.977	0.985	0.992	0.998	6.824	6.637	6.393	6.090	5.730
260	0.313	0.453	0.577	0.679	0.755	0.811	0.850	0.879	0.901	0.918	0.932	0.945	0.957	0.969	0.980	0.990	0.997	6.495	6.301	6.055	5.757
275	0.311	0.442	0.558	0.653	0.725	0.777	0.815	0.842	0.864	0.882	0.898	0.913	0.928	0.943	0.958	0.972	0.986	0.996	6.165	5.984	5.759
290	0.312	0.430	0.535	0.620	0.685	0.732	0.766	0.792	0.813	0.832	0.849	0.866	0.884	0.902	0.922	0.942	0.962	0.980	0.994	5.877	5.734
305	0.313	0.414	0.504	0.577	0.631	0.671	0.701	0.725	0.744	0.763	0.781	0.800	0.820	0.842	0.867	0.893	0.920	0.948	0.973	0.992	5.683

ตารางที่ ก.9 ค่าประมาณสหสัมพันธ์ (ใต้แนวทแยงมุม) ความแปรปรวน (แนวทแยงมุม) และความแปรปรวนร่วม (เหนือแนวทแยงมุม) ทางพันธุกรรม แบบบวกสะสมของ RRLP(4,3)

DIM	5	20	35	50	65	80	95	110	125	140	155	170	185	200	215	230	245	260	275	290	305
5	10.38	6.58	3.601	1.349	-0.25	-1.27	-1.806	-1.921	-1.701	-1.225	-0.57	0.179	0.948	1.655	2.222	2.568	2.616	2.284	1.494	0.167	-1.778
20	0.890	5.27	4.230	3.423	2.829	2.420	2.173	2.059	2.054	2.131	2.264	2.427	2.594	2.738	2.835	2.857	2.779	2.574	2.217	1.682	0.941
35	0.516	0.84	4.700	5.026	5.224	5.307	5.292	5.193	5.025	4.804	4.543	4.259	3.967	3.681	3.416	3.188	3.011	2.900	2.872	2.939	3.118
50	0.168	0.59	0.931	6.204	7.001	7.462	7.633	7.559	7.285	6.855	6.316	5.712	5.089	4.490	3.963	3.551	3.299	3.254	3.460	3.962	4.805
65	-0.027	0.42	0.840	0.980	8.225	8.963	9.278	9.238	8.906	8.349	7.632	6.821	5.980	5.175	4.472	3.936	3.633	3.627	3.985	4.771	6.052
80	-0.126	0.33	0.779	0.953	0.994	9.886	10.30	10.30	9.963	9.348	8.541	7.620	6.662	5.744	4.942	4.335	3.999	4.011	4.449	5.389	6.910
95	-0.170	0.28	0.743	0.932	0.984	0.997	10.80	10.85	10.52	9.913	9.093	8.147	7.157	6.204	5.370	4.737	4.386	4.398	4.855	5.839	7.431
110	-0.180	0.27	0.724	0.917	0.974	0.991	0.998	10.94	10.67	10.10	9.337	8.436	7.485	6.565	5.754	5.133	4.781	4.779	5.206	6.141	7.665
125	-0.163	0.27	0.716	0.904	0.960	0.979	0.990	0.997	10.47	9.997	9.323	8.523	7.669	6.833	6.091	5.513	5.174	5.147	5.504	6.319	7.664
140	-0.122	0.29	0.714	0.886	0.938	0.958	0.971	0.984	0.995	9.641	9.102	8.443	7.728	7.019	6.378	5.868	5.553	5.493	5.752	6.394	7.479
155	-0.060	0.33	0.710	0.859	0.901	0.920	0.937	0.956	0.976	0.993	8.722	8.233	7.686	7.130	6.614	6.189	5.904	5.809	5.954	6.388	7.161
170	0.020	0.37	0.698	0.815	0.845	0.861	0.880	0.906	0.935	0.966	0.990	7.928	7.563	7.173	6.795	6.465	6.216	6.086	6.110	6.323	6.761
185	0.108	0.41	0.674	0.752	0.768	0.780	0.801	0.833	0.872	0.916	0.958	0.989	7.380	7.158	6.920	6.686	6.478	6.317	6.225	6.222	6.331
200	0.193	0.44	0.637	0.677	0.678	0.686	0.709	0.745	0.793	0.849	0.906	0.957	0.989	7.093	6.986	6.845	6.678	6.494	6.301	6.107	5.920
215	0.261	0.46	0.596	0.602	0.590	0.595	0.618	0.658	0.712	0.777	0.847	0.913	0.964	0.992	6.990	6.929	6.803	6.607	6.340	5.999	5.581
230	0.303	0.47	0.558	0.541	0.521	0.524	0.547	0.589	0.647	0.718	0.796	0.872	0.935	0.976	0.996	6.932	6.841	6.649	6.345	5.921	5.365
245	0.312	0.46	0.533	0.509	0.486	0.488	0.512	0.555	0.614	0.687	0.768	0.848	0.916	0.963	0.988	0.998	6.782	6.612	6.320	5.894	5.322
260	0.278	0.44	0.525	0.513	0.497	0.501	0.525	0.567	0.625	0.695	0.772	0.849	0.913	0.957	0.981	0.992	0.997	6.487	6.266	5.941	5.504
275	0.186	0.38	0.533	0.558	0.559	0.569	0.594	0.633	0.684	0.745	0.810	0.872	0.921	0.951	0.964	0.969	0.976	0.989	6.187	6.084	5.962
290	0.021	0.29	0.538	0.631	0.660	0.680	0.705	0.737	0.775	0.817	0.859	0.892	0.909	0.910	0.901	0.893	0.898	0.926	0.971	6.345	6.746
305	-0.196	0.14	0.511	0.340	0.750	0.781	0.804	0.824	0.842	0.857	0.862	0.854	0.829	0.790	0.751	0.725	0.727	0.768	0.852	0.952	7.909

ตารางที่ ก.10 ค่าประมาณสหสัมพันธ์ (ใต้แนวทแยงมุม) ความแปรปรวน (แนวทแยงมุม) และความแปรปรวนร่วม (นอกแนวทแยงมุม) ทางพันธุกรรม แบบบวกสะสมของ RRLP(4,4)

DIM	5	20	35	50	65	80	95	110	125	140	155	170	185	200	215	230	245	260	275	290	305
5	6.335	5.006	3.906	3.015	2.313	1.778	1.390	1.128	0.973	0.903	0.898	0.937	1.000	1.066	1.115	1.126	1.078	0.951	0.725	0.379	-0.108
20	0.913	4.744	4.497	4.265	4.046	3.840	3.647	3.465	3.293	3.132	2.981	2.838	2.703	2.576	2.455	2.340	2.231	2.126	2.025	1.928	1.833
35	0.699	0.929	4.935	5.234	5.408	5.474	5.445	5.336	5.163	4.939	4.681	4.401	4.117	3.841	3.589	3.376	3.217	3.126	3.118	3.208	3.411
50	0.491	0.803	0.966	5.948	6.434	6.718	6.826	6.785	6.621	6.361	6.030	5.656	5.264	4.881	4.533	4.247	4.048	3.964	4.020	4.243	4.659
65	0.344	0.694	0.910	0.986	7.156	7.611	7.831	7.852	7.709	7.434	7.063	6.630	6.169	5.715	5.302	4.964	4.737	4.653	4.748	5.056	5.611
80	0.247	0.616	0.861	0.962	0.994	8.193	8.503	8.580	8.464	8.195	7.810	7.350	6.854	6.361	5.911	5.543	5.295	5.208	5.321	5.672	6.302
95	0.185	0.562	0.822	0.939	0.982	0.997	8.882	9.010	8.929	8.680	8.305	7.846	7.343	6.840	6.376	5.994	5.735	5.642	5.754	6.115	6.765
110	0.148	0.525	0.793	0.918	0.969	0.989	0.998	9.183	9.142	8.927	8.581	8.145	7.660	7.168	6.712	6.332	6.070	5.967	6.066	6.408	7.035
125	0.128	0.500	0.769	0.898	0.953	0.978	0.991	0.998	9.143	8.972	8.669	8.274	7.827	7.367	6.934	6.569	6.310	6.199	6.274	6.576	7.144
140	0.121	0.483	0.747	0.877	0.934	0.962	0.979	0.990	0.997	8.852	8.603	8.263	7.868	7.454	7.058	6.718	6.469	6.349	6.394	6.641	7.127
155	0.123	0.472	0.726	0.852	0.910	0.941	0.961	0.976	0.988	0.997	8.416	8.139	7.805	7.448	7.100	6.792	6.559	6.432	6.445	6.629	7.018
170	0.132	0.463	0.704	0.824	0.880	0.912	0.935	0.954	0.972	0.986	0.996	7.930	7.664	7.369	7.073	6.805	6.591	6.461	6.442	6.563	6.850
185	0.145	0.454	0.678	0.790	0.844	0.876	0.902	0.925	0.947	0.968	0.985	0.996	7.466	7.235	6.995	6.768	6.579	6.450	6.404	6.466	6.658
200	0.159	0.445	0.650	0.753	0.804	0.836	0.863	0.890	0.917	0.942	0.966	0.984	0.996	7.066	6.880	6.696	6.534	6.411	6.348	6.363	6.475
215	0.171	0.434	0.622	0.716	0.763	0.795	0.824	0.853	0.883	0.914	0.942	0.967	0.986	0.997	6.743	6.601	6.468	6.359	6.291	6.278	6.336
230	0.175	0.422	0.596	0.683	0.728	0.760	0.789	0.820	0.852	0.886	0.919	0.948	0.972	0.988	0.997	6.496	6.393	6.307	6.250	6.234	6.274
245	0.170	0.407	0.576	0.660	0.704	0.736	0.765	0.797	0.830	0.865	0.899	0.931	0.958	0.977	0.990	0.998	6.323	6.268	6.242	6.256	6.323
260	0.151	0.390	0.563	0.650	0.695	0.727	0.757	0.787	0.820	0.853	0.886	0.917	0.944	0.964	0.979	0.989	0.997	6.256	6.285	6.367	6.516
275	0.114	0.368	0.555	0.652	0.702	0.735	0.764	0.792	0.820	0.850	0.878	0.905	0.927	0.944	0.958	0.970	0.982	0.994	6.395	6.591	6.889
290	0.057	0.336	0.548	0.660	0.717	0.752	0.778	0.802	0.825	0.847	0.867	0.884	0.898	0.908	0.917	0.928	0.944	0.965	0.988	6.952	7.474
305	-0.015	0.292	0.533	0.398	0.728	0.764	0.788	0.805	0.820	0.831	0.839	0.844	0.845	0.845	0.847	0.854	0.872	0.904	0.945	0.984	8.306

ตารางที่ ก.11 ค่าประมาณสหสัมพันธ์ (ใต้แนวทแยงมุม) ความแปรปรวน (แนวทแยงมุม) และความแปรปรวนร่วม (นอกแนวทแยงมุม) ทางพันธุกรรม แบบบวกสะสมของ RRLP(4,5)

DIM	5	20	35	50	65	80	95	110	125	140	155	170	185	200	215	230	245	260	275	290	305
5	5.762	4.720	3.839	3.106	2.508	2.031	1.663	1.390	1.199	1.077	1.010	0.984	0.988	1.007	1.029	1.040	1.027	0.976	0.874	0.709	0.467
20	0.923	4.536	4.351	4.167	3.984	3.803	3.625	3.450	3.280	3.116	2.957	2.806	2.662	2.527	2.402	2.288	2.184	2.093	2.015	1.951	1.901
35	0.735	0.939	4.734	4.999	5.158	5.224	5.207	5.121	4.976	4.786	4.562	4.316	4.061	3.807	3.567	3.354	3.179	3.054	2.991	3.002	3.099
50	0.546	0.825	0.969	5.622	6.057	6.324	6.443	6.435	6.320	6.119	5.853	5.541	5.205	4.864	4.540	4.252	4.021	3.868	3.813	3.877	4.079
65	0.403	0.722	0.915	0.986	6.706	7.133	7.364	7.425	7.343	7.145	6.857	6.505	6.116	5.717	5.335	4.994	4.723	4.548	4.495	4.591	4.862
80	0.305	0.644	0.866	0.962	0.994	7.683	8.004	8.125	8.078	7.894	7.602	7.232	6.816	6.384	5.967	5.594	5.296	5.104	5.049	5.160	5.468
95	0.239	0.587	0.826	0.938	0.981	0.997	8.394	8.568	8.558	8.396	8.115	7.748	7.326	6.883	6.452	6.064	5.752	5.548	5.486	5.598	5.916
110	0.195	0.547	0.794	0.916	0.967	0.989	0.998	8.786	8.813	8.681	8.425	8.075	7.667	7.232	6.804	6.416	6.100	5.891	5.820	5.921	6.226
125	0.168	0.517	0.768	0.895	0.952	0.978	0.991	0.998	8.877	8.781	8.558	8.241	7.860	7.449	7.040	6.664	6.354	6.143	6.062	6.143	6.420
140	0.152	0.495	0.745	0.874	0.934	0.964	0.981	0.992	0.998	8.725	8.544	8.268	7.927	7.552	7.173	6.820	6.524	6.316	6.224	6.281	6.515
155	0.145	0.479	0.723	0.851	0.913	0.946	0.966	0.980	0.991	0.997	8.409	8.182	7.889	7.559	7.219	6.898	6.623	6.421	6.320	6.349	6.534
170	0.145	0.466	0.701	0.826	0.888	0.922	0.945	0.963	0.978	0.989	0.997	8.006	7.767	7.488	7.194	6.910	6.660	6.469	6.361	6.361	6.495
185	0.149	0.454	0.678	0.797	0.858	0.893	0.918	0.939	0.958	0.975	0.988	0.997	7.583	7.357	7.112	6.868	6.648	6.471	6.359	6.335	6.418
200	0.157	0.443	0.653	0.765	0.824	0.859	0.886	0.910	0.933	0.954	0.972	0.987	0.997	7.185	6.989	6.787	6.597	6.438	6.328	6.283	6.324
215	0.164	0.431	0.627	0.732	0.788	0.823	0.852	0.878	0.904	0.929	0.952	0.972	0.988	0.997	6.839	6.678	6.520	6.382	6.278	6.223	6.232
230	0.169	0.420	0.602	0.700	0.753	0.788	0.818	0.846	0.874	0.902	0.929	0.954	0.974	0.989	0.997	6.554	6.428	6.313	6.222	6.168	6.163
245	0.170	0.408	0.581	0.674	0.725	0.759	0.789	0.818	0.848	0.878	0.908	0.935	0.959	0.978	0.991	0.998	6.332	6.243	6.173	6.134	6.136
260	0.163	0.395	0.564	0.656	0.706	0.741	0.770	0.799	0.829	0.860	0.890	0.919	0.945	0.966	0.981	0.992	0.998	6.183	6.143	6.136	6.171
275	0.147	0.382	0.554	0.649	0.700	0.735	0.764	0.792	0.821	0.850	0.879	0.907	0.932	0.952	0.968	0.981	0.990	0.997	6.145	6.189	6.289
290	0.118	0.365	0.549	0.651	0.706	0.741	0.769	0.795	0.821	0.847	0.872	0.895	0.916	0.933	0.947	0.959	0.971	0.982	0.994	6.309	6.509
305	0.074	0.341	0.544	0.648	0.717	0.754	0.780	0.802	0.823	0.843	0.861	0.877	0.890	0.901	0.910	0.920	0.932	0.948	0.969	0.990	6.852

ตารางที่ ก.12 ค่าประมาณสหสัมพันธ์ (ใต้แนวทแยงมุม) ความแปรปรวน (แนวทแยงมุม) และความแปรปรวนร่วม (นอกแนวทแยงมุม) ทางพันธุกรรม แบบบวกสะสมของ RRLP(5,3)

DIM	5	20	35	50	65	80	95	110	125	140	155	170	185	200	215	230	245	260	275	290	305
5	16.600	7.470	1.347	-2.371	-4.228	-4.711	-4.246	-3.201	-1.888	-0.557	0.600	1.448	1.912	1.975	1.678	1.123	0.468	-0.070	-0.214	0.371	2.078
20	0.816	5.047	3.370	2.294	1.689	1.439	1.440	1.602	1.849	2.118	2.360	2.540	2.635	2.638	2.552	2.397	2.204	2.020	1.903	1.926	2.176
35	0.153	0.693	4.683	5.432	5.745	5.739	5.515	5.159	4.745	4.333	3.965	3.674	3.475	3.371	3.350	3.385	3.436	3.450	3.356	3.073	2.504
50	-0.215	0.377	0.926	7.342	8.292	8.526	8.254	7.663	6.906	6.113	5.382	4.784	4.362	4.128	4.069	4.141	4.274	4.367	4.293	3.894	2.985
65	-0.334	0.242	0.855	0.985	9.650	10.105	9.911	9.290	8.430	7.488	6.586	5.816	5.235	4.868	4.708	4.715	4.815	4.904	4.843	4.461	3.554
80	-0.353	0.195	0.809	0.960	0.992	10.752	10.713	10.204	9.410	8.487	7.559	6.723	6.044	5.556	5.266	5.147	5.145	5.175	5.122	4.839	4.153
95	-0.316	0.194	0.773	0.924	0.968	0.991	10.867	10.554	9.934	9.142	8.292	7.472	6.749	6.166	5.743	5.475	5.337	5.279	5.227	5.085	4.733
110	-0.243	0.220	0.737	0.874	0.924	0.962	0.989	10.474	10.084	9.489	8.782	8.038	7.320	6.676	6.140	5.730	5.453	5.298	5.242	5.246	5.257
125	-0.147	0.261	0.696	0.809	0.861	0.910	0.956	0.988	9.937	9.565	9.035	8.406	7.735	7.070	6.458	5.937	5.541	5.299	5.232	5.360	5.694
140	-0.045	0.307	0.653	0.736	0.786	0.844	0.904	0.956	0.989	9.410	9.064	8.573	7.983	7.342	6.701	6.115	5.639	5.330	5.249	5.458	6.024
155	0.049	0.352	0.614	0.666	0.711	0.773	0.844	0.910	0.961	0.991	8.891	8.545	8.063	7.488	6.873	6.277	5.769	5.424	5.325	5.563	6.236
170	0.123	0.392	0.588	0.611	0.648	0.710	0.785	0.860	0.923	0.968	0.992	8.340	7.983	7.513	6.976	6.431	5.946	5.599	5.480	5.686	6.329
185	0.168	0.421	0.576	0.578	0.605	0.662	0.735	0.812	0.881	0.934	0.971	0.992	7.762	7.427	7.017	6.578	6.169	5.855	5.715	5.834	6.309
200	0.180	0.436	0.579	0.566	0.582	0.629	0.695	0.766	0.833	0.889	0.933	0.966	0.990	7.249	7.002	6.715	6.425	6.176	6.016	6.002	6.195
215	0.156	0.431	0.588	0.570	0.575	0.610	0.661	0.720	0.778	0.829	0.875	0.917	0.956	0.987	6.937	6.831	6.691	6.529	6.354	6.177	6.011
230	0.105	0.406	0.595	0.581	0.577	0.597	0.632	0.674	0.717	0.758	0.801	0.847	0.898	0.949	0.987	6.910	6.931	6.866	6.682	6.339	5.793
245	0.043	0.368	0.596	0.592	0.582	0.589	0.608	0.633	0.660	0.690	0.726	0.773	0.831	0.896	0.954	0.990	7.094	7.120	6.937	6.458	5.587
260	-0.006	0.335	0.594	0.600	0.588	0.588	0.596	0.610	0.626	0.647	0.677	0.722	0.783	0.854	0.923	0.973	0.995	7.212	7.042	6.497	5.445
275	-0.020	0.322	0.590	0.603	0.593	0.594	0.604	0.616	0.632	0.651	0.680	0.722	0.781	0.851	0.918	0.967	0.991	0.998	6.903	6.408	5.431
290	0.037	0.346	0.573	0.580	0.580	0.596	0.623	0.654	0.686	0.718	0.753	0.795	0.845	0.900	0.947	0.974	0.979	0.977	0.985	6.136	5.618
305	0.207	0.393	0.469	0.447	0.464	0.513	0.582	0.658	0.732	0.796	0.848	0.888	0.918	0.933	0.925	0.893	0.850	0.822	0.838	0.919	6.086

ตารางที่ ก.13 ค่าประมาณสหสัมพันธ์ (ใต้แนวทแยงมุม) ความแปรปรวน (แนวทแยงมุม) และความแปรปรวนร่วม (นอกแนวทแยงมุม) ทางพันธุกรรม แบบบวกสะสมของ RRLP(5,4)

DIM	5	20	35	50	65	80	95	110	125	140	155	170	185	200	215	230	245	260	275	290	305
5	12.805	6.022	1.671	-0.780	-1.809	-1.837	-1.229	-0.295	0.710	1.587	2.195	2.445	2.307	1.805	1.018	0.082	-0.812	-1.415	-1.427	-0.487	1.817
20	0.776	4.698	3.831	3.317	3.062	2.985	3.016	3.095	3.175	3.219	3.203	3.112	2.944	2.709	2.426	2.127	1.854	1.663	1.619	1.798	2.288
35	0.204	0.774	5.218	5.989	6.289	6.245	5.968	5.555	5.086	4.626	4.223	3.911	3.706	3.612	3.614	3.682	3.770	3.818	3.750	3.471	2.874
50	-0.079	0.558	0.955	7.531	8.207	8.252	7.873	7.246	6.519	5.809	5.206	4.768	4.526	4.479	4.600	4.829	5.080	5.236	5.149	4.646	3.520
65	-0.167	0.468	0.912	0.990	9.116	9.286	8.951	8.313	7.542	6.773	6.110	5.621	5.343	5.280	5.402	5.645	5.915	6.081	5.983	5.424	4.176
80	-0.166	0.445	0.883	0.971	0.993	9.595	9.400	8.889	8.221	7.525	6.901	6.416	6.110	5.991	6.037	6.198	6.391	6.505	6.397	5.897	4.803
95	-0.112	0.454	0.852	0.936	0.967	0.990	9.396	9.092	8.616	8.075	7.553	7.111	6.786	6.592	6.523	6.547	6.610	6.634	6.521	6.148	5.368
110	-0.027	0.475	0.810	0.879	0.916	0.955	0.987	9.025	8.781	8.434	8.049	7.672	7.340	7.073	6.877	6.746	6.660	6.582	6.465	6.245	5.846
125	0.067	0.495	0.752	0.802	0.844	0.896	0.949	0.987	8.767	8.619	8.378	8.078	7.752	7.423	7.115	6.841	6.614	6.440	6.319	6.249	6.221
140	0.151	0.505	0.689	0.720	0.763	0.826	0.896	0.955	0.990	8.647	8.538	8.317	8.009	7.643	7.252	6.869	6.532	6.281	6.158	6.210	6.483
155	0.210	0.506	0.633	0.649	0.693	0.763	0.843	0.917	0.968	0.994	8.536	8.386	8.109	7.736	7.305	6.861	6.459	6.162	6.037	6.165	6.630
170	0.237	0.499	0.594	0.603	0.646	0.719	0.806	0.887	0.947	0.982	0.997	8.293	8.059	7.710	7.288	6.840	6.427	6.117	5.993	6.143	6.668
185	0.230	0.484	0.578	0.588	0.631	0.703	0.789	0.871	0.933	0.971	0.989	0.997	7.875	7.582	7.216	6.821	6.450	6.167	6.043	6.161	6.611
200	0.186	0.460	0.582	0.601	0.644	0.712	0.792	0.867	0.923	0.957	0.975	0.986	0.995	7.371	7.104	6.812	6.533	6.308	6.188	6.226	6.480
215	0.108	0.424	0.599	0.635	0.678	0.738	0.806	0.867	0.910	0.934	0.947	0.959	0.974	0.991	6.965	6.814	6.662	6.523	6.410	6.333	6.305
230	0.009	0.376	0.617	0.674	0.716	0.766	0.818	0.860	0.885	0.895	0.899	0.910	0.931	0.961	0.989	6.819	6.813	6.773	6.671	6.468	6.121
245	-0.086	0.325	0.626	0.702	0.743	0.783	0.818	0.841	0.848	0.843	0.839	0.847	0.872	0.913	0.958	0.990	6.944	7.002	6.917	6.606	5.973
260	-0.148	0.287	0.626	0.714	0.754	0.786	0.810	0.820	0.814	0.800	0.790	0.795	0.823	0.870	0.925	0.971	0.995	7.133	7.074	6.711	5.914
275	-0.150	0.281	0.618	0.707	0.746	0.778	0.801	0.810	0.804	0.789	0.778	0.784	0.811	0.858	0.915	0.962	0.989	0.997	7.050	6.736	6.003
290	-0.053	0.322	0.590	0.658	0.698	0.740	0.779	0.808	0.820	0.820	0.820	0.829	0.853	0.891	0.932	0.962	0.974	0.976	0.986	6.625	6.308
305	0.193	0.402	0.479	0.488	0.526	0.590	0.666	0.741	0.800	0.839	0.864	0.881	0.897	0.908	0.909	0.892	0.863	0.843	0.860	0.933	6.904

ตารางที่ ก.14 ค่าประมาณสหสัมพันธ์ (ใต้แนวทแยงมุม) ความแปรปรวน (แนวทแยงมุม) และความแปรปรวนร่วม (นอกแนวทแยงมุม) ทางพันธุกรรม แบบบวกสะสมของ RRLP(5,5)

DIM	5	20	35	50	65	80	95	110	125	140	155	170	185	200	215	230	245	260	275	290	305
5	7.912	5.161	3.252	2.015	1.296	0.960	0.887	0.975	1.138	1.310	1.438	1.489	1.445	1.307	1.091	0.831	0.579	0.402	0.386	0.632	1.259
20	0.853	4.622	4.228	3.945	3.744	3.600	3.490	3.397	3.305	3.204	3.088	2.952	2.797	2.627	2.451	2.280	2.130	2.019	1.971	2.013	2.174
35	0.523	0.889	4.893	5.301	5.501	5.537	5.449	5.272	5.038	4.772	4.498	4.234	3.992	3.782	3.608	3.471	3.366	3.285	3.215	3.139	3.034
50	0.288	0.738	0.964	6.184	6.684	6.884	6.858	6.672	6.382	6.037	5.677	5.333	5.026	4.772	4.576	4.433	4.333	4.256	4.171	4.041	3.821
65	0.169	0.640	0.914	0.988	7.399	7.744	7.807	7.664	7.384	7.024	6.633	6.248	5.899	5.603	5.369	5.196	5.074	4.981	4.886	4.750	4.521
80	0.119	0.584	0.873	0.966	0.993	8.213	8.377	8.311	8.085	7.757	7.376	6.983	6.609	6.278	6.002	5.786	5.626	5.506	5.406	5.292	5.123
95	0.107	0.552	0.838	0.938	0.976	0.994	8.643	8.673	8.527	8.261	7.919	7.542	7.163	6.806	6.491	6.229	6.024	5.874	5.769	5.693	5.622
110	0.117	0.533	0.803	0.904	0.950	0.977	0.994	8.802	8.750	8.562	8.278	7.935	7.564	7.195	6.849	6.546	6.300	6.120	6.012	5.978	6.013
125	0.136	0.519	0.768	0.866	0.915	0.951	0.978	0.995	8.791	8.686	8.469	8.171	7.824	7.455	7.092	6.759	6.480	6.276	6.166	6.168	6.298
140	0.158	0.507	0.733	0.825	0.877	0.920	0.955	0.981	0.995	8.660	8.510	8.265	7.951	7.598	7.234	6.887	6.589	6.368	6.256	6.283	6.481
155	0.176	0.495	0.701	0.787	0.840	0.887	0.928	0.961	0.984	0.996	8.424	8.233	7.962	7.637	7.289	6.947	6.646	6.419	6.305	6.341	6.571
170	0.186	0.483	0.673	0.754	0.807	0.856	0.902	0.940	0.969	0.987	0.997	8.095	7.872	7.588	7.273	6.955	6.667	6.446	6.330	6.360	6.579
185	0.185	0.469	0.650	0.728	0.782	0.831	0.878	0.919	0.951	0.974	0.989	0.997	7.699	7.467	7.199	6.922	6.666	6.462	6.345	6.352	6.523
200	0.172	0.453	0.633	0.711	0.763	0.811	0.857	0.898	0.931	0.956	0.974	0.988	0.997	7.292	7.083	6.862	6.650	6.473	6.357	6.330	6.421
215	0.147	0.433	0.619	0.699	0.749	0.795	0.838	0.876	0.908	0.933	0.953	0.970	0.985	0.996	6.939	6.782	6.625	6.484	6.373	6.306	6.297
230	0.114	0.410	0.607	0.689	0.739	0.781	0.819	0.853	0.881	0.905	0.925	0.945	0.965	0.982	0.995	6.690	6.592	6.492	6.390	6.287	6.179
245	0.080	0.387	0.595	0.681	0.729	0.767	0.801	0.830	0.854	0.875	0.895	0.916	0.939	0.962	0.983	0.996	6.549	6.490	6.405	6.280	6.098
260	0.056	0.369	0.584	0.673	0.720	0.756	0.786	0.811	0.832	0.851	0.870	0.891	0.916	0.943	0.968	0.987	0.997	6.467	6.407	6.290	6.088
275	0.054	0.363	0.575	0.664	0.711	0.746	0.777	0.802	0.823	0.841	0.860	0.880	0.905	0.932	0.957	0.978	0.990	0.997	6.385	6.320	6.188
290	0.089	0.371	0.562	0.644	0.692	0.732	0.767	0.798	0.824	0.846	0.866	0.886	0.907	0.929	0.948	0.963	0.972	0.980	0.991	6.370	6.441
305	0.171	0.385	0.522	0.585	0.633	0.681	0.728	0.772	0.809	0.839	0.862	0.881	0.895	0.906	0.911	0.910	0.908	0.912	0.933	0.972	6.893

ตารางที่ ก.15 ค่าประมาณสหสัมพันธ์เชิงลำดับ Spearman's rank correlation coefficients ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ 50 ลำดับแรก (Top 50 sires) ที่ประมาณค่าจาก RRLP รูปแบบต่าง ๆ

โมเดล	RRLP(3,3)	RRM(3, 4)	RRM(3, 5)	RRM(4, 3)	RRM(4, 4)	RRM(4, 5)	RRM(5, 3)	RRM(5, 4)	RRM(5, 5)
RRLP(3, 3)	1.000	0.969	0.984	0.997	0.996	0.996	0.980	0.997	0.985
RRLP(3, 4)	0.969	1.000	0.988	0.959	0.961	0.961	0.943	0.963	0.976
RRLP(3, 5)	0.984	0.988	1.000	0.982	0.982	0.983	0.964	0.983	0.994
RRLP(4, 3)	0.997	0.959	0.982	1.000	0.999	0.998	0.985	0.999	0.987
RRLP(4, 4)	0.996	0.961	0.982	0.999	1.000	0.999	0.982	1.000	0.988
RRLP(4, 5)	0.996	0.961	0.983	0.998	0.999	1.000	0.981	0.999	0.987
RRLP(5, 3)	0.980	0.943	0.964	0.985	0.982	0.981	1.000	0.985	0.970
RRLP(5, 4)	0.997	0.963	0.983	0.999	1.000	0.999	0.985	1.000	0.987
RRLP(5, 5)	0.985	0.976	0.994	0.987	0.988	0.987	0.970	0.987	1.000

ทุกการเปรียบเทียบมีค่า $P < 0.0001$

ตาราง ก.16 ค่าประมาณสหสัมพันธ์เชิงลำดับ Spearman's rank correlation coefficients ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์ 50 ลำดับแรก (Top 50 dams) ที่ประมาณค่าจาก RRLP รูปแบบต่าง ๆ

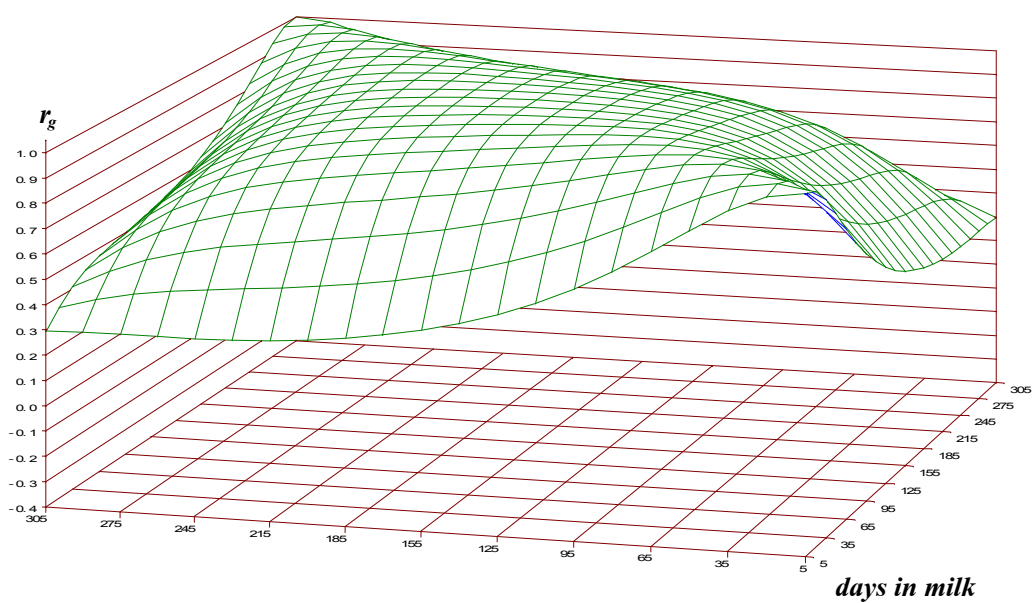
โมเดล	RRLP(3,3)	RRM(3, 4)	RRM(3, 5)	RRM(4, 3)	RRM(4, 4)	RRM(4, 5)	RRM(5, 3)	RRM(5, 4)	RRM(5, 5)
RRLP(3, 3)	1.000	0.839	0.831	0.902	0.935	0.902	0.894	0.908	0.924
RRLP(3, 4)	0.839	1.000	0.993	0.653	0.722	0.779	0.711	0.728	0.780
RRLP(3, 5)	0.831	0.993	1.000	0.653	0.726	0.803	0.714	0.732	0.794
RRLP(4, 3)	0.902	0.653	0.653	1.000	0.974	0.905	0.969	0.966	0.938
RRLP(4, 4)	0.935	0.722	0.726	0.974	1.000	0.915	0.940	0.984	0.955
RRLP(4, 5)	0.902	0.779	0.803	0.905	0.915	1.000	0.920	0.912	0.981
RRLP(5, 3)	0.894	0.711	0.714	0.969	0.940	0.920	1.000	0.964	0.954
RRLP(5, 4)	0.908	0.728	0.732	0.966	0.984	0.912	0.964	1.000	0.962
RRLP(5, 5)	0.924	0.780	0.794	0.938	0.955	0.981	0.954	0.962	1.000

ทุกการเปรียบเทียบมีค่า $P < 0.0001$

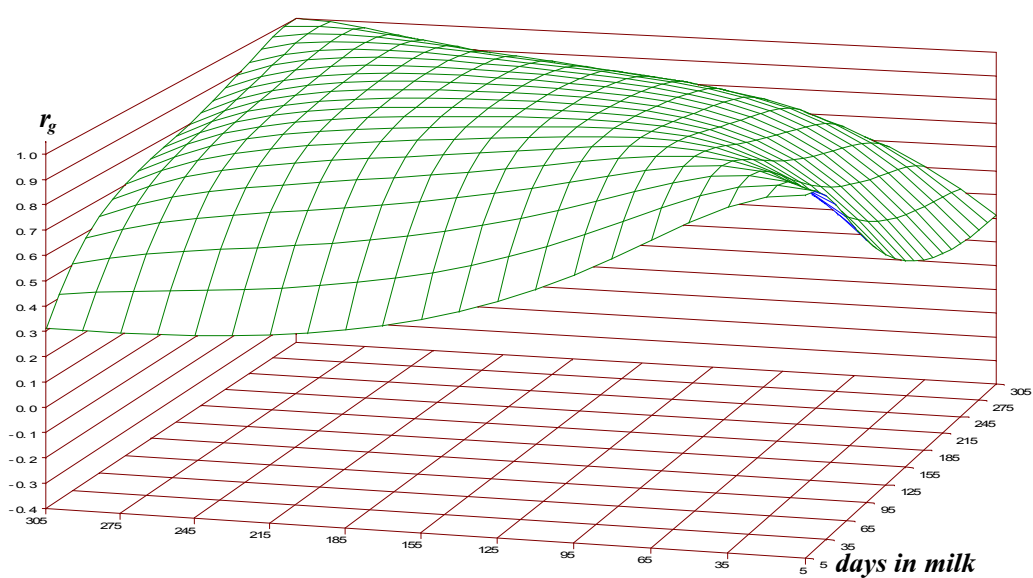
ภาคผนวก ข

ภาพประกอบการอธิบายผลการวิเคราะห์ข้อมูล

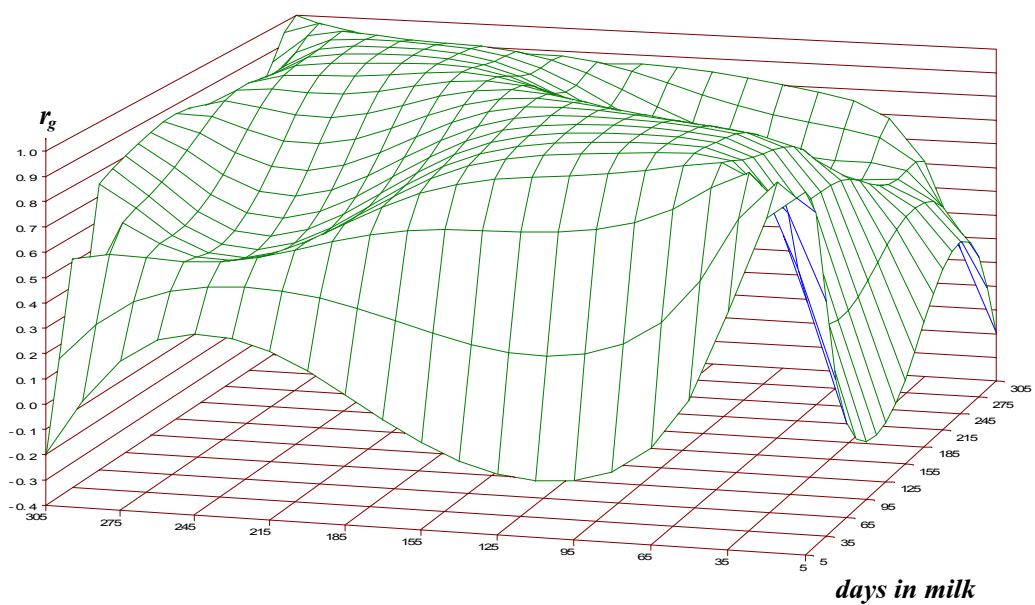
ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (r_g) ระหว่างวันให้น้ำนม (days in milk) ช่วงห่าง 30 วัน ที่ประมาณค่าจากโมเดลรีเกรชันรูปแบบต่าง ๆ



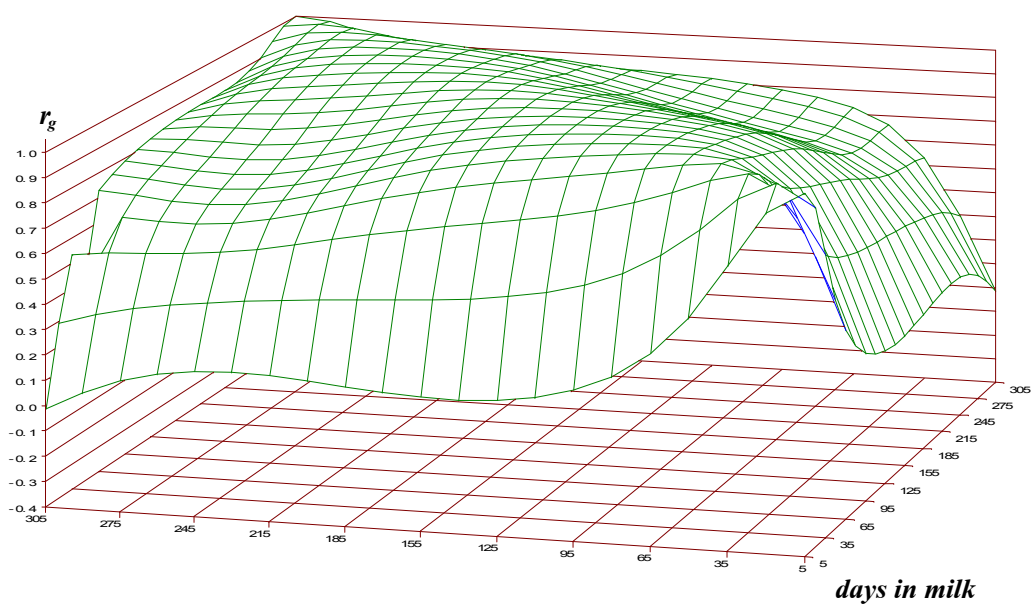
โมเดลรีเกรชันรูปแบบ RRM(3,3)



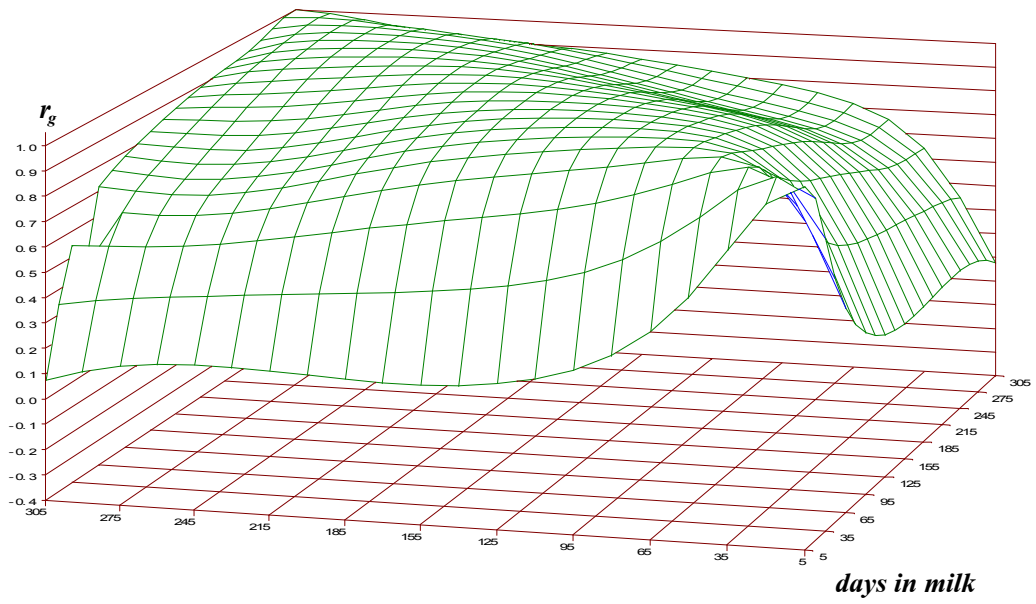
โมเดลรีเกรชันรูปแบบ RRM(3,5)



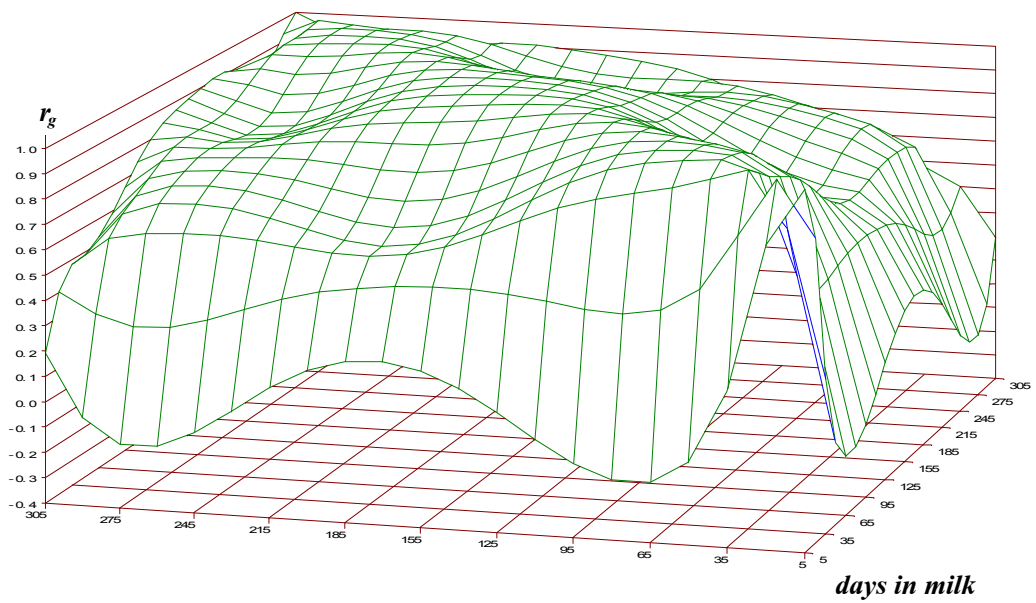
โมเดลรีเกรซชันสุ่มรูปแบบ RRM(4,3)



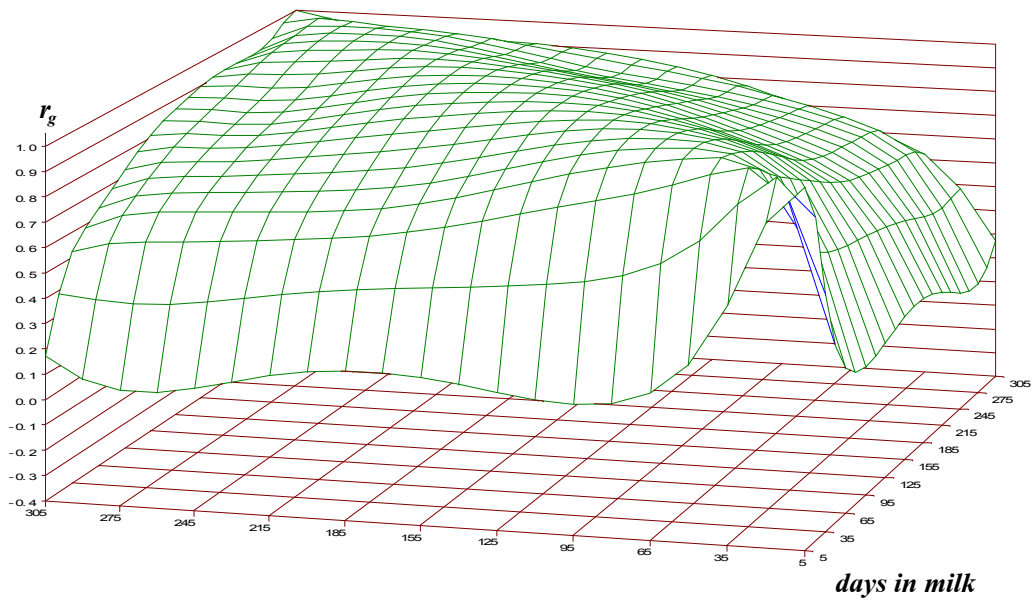
โมเดลรีเกรซชันสุ่มรูปแบบ RRM(4,4)



โมเดลรีเกรชันคู่รูปแบบ RRM(4,5)



โมเดลรีเกรชันคู่รูปแบบ RRM(5,4)



โมเดลรีเกรชันคู่รูปแบบ RRM(5,5)

ภาคผนวก ค

การทำให้หน่วยของเวลาอยู่ในรูปมาตรฐาน และการคำนวณค่า Eigen value

การทำให้หน่วยของเวลาอยู่ในรูปมาตรฐาน (standardized unit of time t)

$$a_i^* = u + \frac{v-u}{a_{\max} - a_{\min}} (a_i - a_{\min})$$

ที่มา : Kirkpatrick et al., 1990

เมื่อ a_i^* = เวลาในรูปมาตรฐาน

a_i = เวลา i

a_{\max} = เวลาสูงสุด

a_{\min} = เวลาต่ำสุด

u = -1

v = +1

กำหนด $t = -1 + \frac{2}{(DIM_{\max} - DIM_{\min})} (DIM_i - DIM_{\min})$

การคำนวณค่า Eigenvalues ตามวิธีการของ Duangjinda (2007) หน้า 20 ในหัวข้อเรื่อง
Eigenvalue and G-inverse

SAS code

```
PROC IML;
A = {2 2 6,
     2 3 8,
     6 8 10};
/* Calculate trace */
TR = Trace(A);
/* Calculate eigenvalue and vector */
L = EIGVAL(A);
X = EIGVEC(A);
/* Print */
PRINT tr, L[FORMAT=4.1],X[FORMAT=5.2];
/* Calculate G-inverse */
/* Set last row and col to zero */
G = A;
G[3,] = 0;
G[,3] = 0;
Gi = GINV(G);
/* Print matrix */
PRINT A, G;
QUIT;
```


ภาคผนวก ง

การได้มาของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Legendre Polynomial

การได้มาของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม (Covariance Function; CF) รูปแบบ Modified Normalized Legendre polynomial เรียกว่า MNLP (Gengler, Tijani, Wiggans, and Misztal, 1999; Gengler, 2008)

วิธีการที่ 1 การได้มาของ orthogonal Legendre polynomial

$$\begin{aligned}
 P_m(t) &= \frac{1}{2^m} \sum_{r=0}^{\lfloor M \rfloor} (-1)^r \binom{m}{r} \binom{2m-2r}{m} \times t^{(m-2r)} \\
 &= \frac{1}{2^m} \sum_{r=0}^{\lfloor M \rfloor} (-1)^r \times \frac{m!}{r!(m-r)!} \times \frac{(2m-2r)!}{m!(2m-2r-m)!} \times t^{(m-2r)} \\
 &= \frac{1}{2^m} \sum_{r=0}^{\lfloor M \rfloor} \frac{(-1)^r (2m-2r)!}{r!(m-r)!(m-2r)!} \times t^{(m-2r)} \\
 \therefore P_m(t) &= \frac{1}{2^m} \sum_{r=0}^{\lfloor M \rfloor} \frac{(-1)^r (2m-2r)!}{r!(m-r)!(m-2r)!} \times t^{(m-2r)} \quad (ง)
 \end{aligned}$$

กำหนดให้ m คือ ลำดับ หรือกำลังสูงสุดของสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม (Arango et al., 2004) และ M เท่ากับ $\frac{m}{2}$ เมื่อ m เป็นเลขคู่ และเท่ากับ $\frac{m-1}{2}$ เมื่อ m เป็นเลขคี่ และเรียกสัญลักษณ์ $\lfloor M \rfloor$ ว่าเป็น floor function (Abramowitz and Stegun, 1965)

$$\begin{aligned}
 P_0(t) &= \frac{1}{2^0} \sum_{r=0}^{\lfloor \frac{0}{2} \rfloor} \frac{(-1)^r ((2 \times 0) - 2r)!}{r!(0-r)!(0-2r)!} \times t^{(0-2r)} \\
 &= \frac{1}{2^0} \sum_{r=0}^{\lfloor 0 \rfloor} \frac{(-1)^r (0-2r)!}{r!(0-r)!(0-2r)!} \times t^{(0-2r)} = \frac{1}{1} \left[\frac{(-1)^0 \times 0!}{0! \times 0! \times 0!} \times t^{(0)} \right]; 0! = 1 \\
 \therefore P_0(t) &= 1 \quad (ง-1-1)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 P_1(t) &= \frac{1}{2^1} \sum_{r=0}^{\lfloor \frac{1-1}{2} \rfloor} \frac{(-1)^r ((2 \times 1) - 2r)!}{r!(0-r)!(0-2r)!} \times t^{(1-2r)} \\
 &= \frac{1}{2} \sum_{r=0}^{\lfloor 0 \rfloor} \frac{(-1)^r (2-2r)!}{r!(1-r)!(1-2r)!} \times t^{(1-2r)} = \frac{1}{2} \left[\frac{(-1)^0 \times 2!}{0! \times 1! \times 1!} \times t^{(1-2(0))} \right]
 \end{aligned}$$

$$\therefore P_1(t) = t \quad (\text{3-1-2})$$

$$\begin{aligned} P_2(t) &= \frac{1}{2^2} \sum_{r=0}^{\lfloor \frac{2}{2} \rfloor} \frac{(-1)^r ((2 \times 2) - 2r)!}{r!(2-r)!(2-2r)!} \times t^{(2-2r)} \\ &= \frac{1}{2^2} \sum_{r=0}^{\lfloor 1 \rfloor} \frac{(-1)^r (4-2r)!}{r!(2-r)!(2-2r)!} \times t^{(2-2r)} \\ &= \frac{1}{2^2} \left[\frac{(-1)^0 (4-2(0))!}{0!(2-0)!(2-2(0))!} \times t^{(2-2(0))} + \frac{(-1)^1 (4-2(1))!}{1!(2-1)!(2-2(1))!} \times t^{(2-2(1))} \right] \\ &= \frac{1}{2^2} \left[\frac{4!}{2! \times 2!} \times t^2 - \frac{2!}{1! \times 1! \times 0!} \times t^0 \right] = \frac{1}{2 \times 2} [6t^2 - 2t^0] = \frac{1}{2} [3t^2 - t^0] \\ \therefore P_2(t) &= \frac{1}{2} [3t^2 - 1] \quad (\text{3-1-3}) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} P_3(t) &= \frac{1}{2^3} \sum_{r=0}^{\lfloor \frac{3-1}{2} \rfloor} \frac{(-1)^r ((2 \times 3) - 2r)!}{r!(3-r)!(3-2r)!} \times t^{(3-2r)} \\ &= \frac{1}{2^3} \sum_{r=0}^{\lfloor 1 \rfloor} \frac{(-1)^r (6-2r)!}{r!(3-r)!(3-2r)!} \times t^{(3-2r)} \\ &= \frac{1}{2^3} \left[\frac{(-1)^0 (6-2(0))!}{0!(3-0)!(3-2(0))!} \times t^{(3-2(0))} + \frac{(-1)^1 (6-2(1))!}{1!(3-1)!(3-2(1))!} \times t^{(3-2(1))} \right] \\ &= \frac{1}{2^3} \left[\frac{6!}{0! \times 3! \times 3!} \times t^3 - \frac{4!}{1! \times 2! \times 1!} \times t^1 \right] \\ &= \frac{1}{2^3} \left[\frac{(6 \times 5 \times 4)}{(3 \times 2 \times 1)} \times t^3 - (4 \times 3) \times t^1 \right] = \frac{1}{2^3} [20t^3 - 12t] \\ \therefore P_3(t) &= \frac{1}{2} [5t^3 - 3t] \quad (\text{3-1-4}) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} P_4(t) &= \frac{1}{2^4} \sum_{r=0}^{\lfloor \frac{4}{2} \rfloor} \frac{(-1)^r ((2 \times 4) - 2r)!}{r!(4-r)!(4-2r)!} \times t^{(4-2r)} \\ &= \frac{1}{2^4} \sum_{r=0}^{\lfloor 2 \rfloor} \frac{(-1)^r (8-2r)!}{r!(4-r)!(4-2r)!} \times t^{(4-2r)} \\ &= \frac{1}{2^4} \left[\frac{(-1)^0 (8-2(0))!}{0!(4-0)!(4-2(0))!} \times t^{(4-2(0))} + \frac{(-1)^1 (8-2(1))!}{1!(4-1)!(4-2(1))!} \times t^{(4-2(1))} \right. \\ &\quad \left. + \frac{(-1)^2 (8-2(2))!}{2!(4-2)!(4-2(2))!} \times t^{(4-2(2))} \right] \\ &= \frac{1}{2^4} \left[\frac{8!}{0! \times 4! \times 4!} \times t^4 - \frac{6!}{1! \times 3! \times 2!} \times t^2 + \frac{4!}{2! \times 2! \times 0!} \times t^0 \right] \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
&= \frac{1}{2^4} \left[\frac{(8 \times 7 \times 6 \times 5)}{(4 \times 3 \times 2)} \times t^4 - \frac{(6 \times 5 \times 4)}{2} \times t^2 + \frac{(4 \times 3 \times 2 \times 1)}{4} \times t^0 \right] \\
&= \frac{1}{2^4} [(2 \times 7 \times 5)t^4 - 60t^2 + 6t^0] \\
\therefore P_4(t) &= \frac{1}{8} [35t^4 - 30t^2 + 3] \tag{จ-1-5}
\end{aligned}$$

วิธีการ 2 Generating function สำหรับ orthogonal Legendre polynomials

$$g(x, t) = \frac{1}{\sqrt{1-2tx+x^2}} = \sum_{n=0}^{\infty} P_n(t)x^n ; \text{ และ } x \neq 1 \tag{จ-2-1}$$

แก้สมการเชิงอนุพันธ์ (จ-2-1) เทียบตามตัวแปร x ทั้งสองข้าง

$$\begin{aligned}
\frac{\partial g}{\partial x} &= \frac{2(x-t)}{-2(1-2tx+x^2)^{3/2}} = \sum_{n=0}^{\infty} nP_n(t)x^{n-1} \\
\frac{t-x}{(1-2tx+x^2)^{3/2}} &= \sum_{n=0}^{\infty} nP_n(t)x^{n-1} \tag{จ-2-2}
\end{aligned}$$

คูณด้วย $1-2tx+x^2$ ทั้งสองข้าง

$$\frac{t-x}{\sqrt{1-2tx+x^2}} = (1-2tx+x^2) \sum_{n=0}^{\infty} nP_n(t)x^{n-1} \tag{จ-2-3}$$

แทนค่า (จ-2-1) ในด้านซ้ายสมการ (จ-2-3)

$$\begin{aligned}
(t-x) \sum_{n=0}^{\infty} P_n(t)x^n &= (1-2tx+x^2) \sum_{n=0}^{\infty} nP_n(t)x^{n-1} \\
t \sum_{n=0}^{\infty} P_n(t)x^n - \sum_{n=0}^{\infty} P_{n-1}(t)x^n &= \sum_{n=0}^{\infty} (n+1)P_{n+1}(t)x^n - 2t \sum_{n=0}^{\infty} nP_n(t)x^n \\
&\quad + \sum_{n=0}^{\infty} (n-1)P_{n-1}(t)x^n \tag{จ-2-4}
\end{aligned}$$

เทียบสัมประสิทธิ์แต่ละเทอมของ x^n ในสมการ (จ-2-4)

เมื่อ $n = 0$ จะได้

$$\begin{aligned} tP_0(t) &= P_1(t) \\ \therefore P_0(t) &= 1 \\ \text{และ} \quad P_1(t) &= t \end{aligned} \tag{จ-2-5}$$

เมื่อ $n = 1$ จะได้

$$\begin{aligned} tP_1(t) - P_0(t) &= 2P_2(t) - 2tP_1(t) \\ t^2 - 1 &= 2P_2(t) - 2t^2 \\ \therefore P_2(t) &= \frac{1}{2}(3t^2 - 1) \end{aligned}$$

เมื่อ $n \geq 2$ จะได้

$$\begin{aligned} tP_n(t) - P_{n-1}(t) &= (n+1)P_{n+1}(t) - 2ntP_n(t) + (n-1)P_{n-1}(t) \\ tP_n(t) &= (n+1)P_{n+1}(t) - 2ntP_n(t) + [(n-1)P_{n-1}(t) + P_{n-1}(t)] \\ tP_n(t) &= (n+1)P_{n+1}(t) - 2ntP_n(t) + nP_{n-1}(t) \\ 0 &= (n+1)P_{n+1}(t) - 2ntP_n(t) + nP_{n-1}(t) - tP_n(t) \\ 0 &= (n+1)P_{n+1}(t) - 2ntP_n(t) - tP_n(t) + nP_{n-1}(t) \\ 0 &= (n+1)P_{n+1}(t) - [2ntP_n(t) + tP_n(t)] + nP_{n-1}(t) \\ 0 &= (n+1)P_{n+1}(t) - (2n+1)tP_n(t) + nP_{n-1}(t) \\ -(n+1)P_{n+1}(t) &= -(2n+1)tP_n(t) + nP_{n-1}(t) \end{aligned} \tag{จ-2-6}$$

คูณสมการ (จ-2-6) ด้วย -1 ทั้งสองข้าง

$$(n+1)P_{n+1}(t) = (2n+1)tP_n(t) - nP_{n-1}(t)$$

เพราะฉะนั้น

$$P_{n+1}(t) = \frac{1}{n+1} [(2n+1)tP_n(t) - nP_{n-1}(t)] \tag{จ-2-7}$$

กำหนดให้ m ลำดับของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมมีค่าเท่ากับ $n + 1$ (Schaeffer, 2007) เพื่ออธิบาย recurrence relation จาก (จ-2-7)

$$P_m(t) = \frac{1}{n+1} [(2n+1)tP_n(t) - nP_{n-1}(t)] \quad (\text{จ-2-8})$$

เมื่อ $n = 0$ และ $m = 0 + 1 = 1$, ดังนั้น

$$\begin{aligned} P_1(t) &= P_{0+1}(t) = \frac{1}{0+1} [\overbrace{(2(0)+1)}^1 t \overbrace{P_0(t)}^t - \overbrace{(0)P_0(t)}^0] \\ \therefore P_1(t) &= t \end{aligned} \quad (\text{จ-2-9})$$

เมื่อ $n = 1$ และ $m = 1 + 1 = 2$, ดังนั้น

$$\begin{aligned} P_2(t) &= P_{1+1}(t) = \frac{1}{\underbrace{1+1}_2} [\overbrace{(2(1)+1)}^3 t \overbrace{P_1(t)}^t - \overbrace{(1)P_{1-1}(t)}^1] \\ \therefore P_2(t) &= \frac{1}{2} (3t^2 - 1) \end{aligned} \quad (\text{จ-2-10})$$

เมื่อ $n = 2$ และ $m = 2 + 1 = 3$, ดังนั้น

$$\begin{aligned} P_3(t) &= P_{2+1}(t) = \frac{1}{\underbrace{2+1}_3} [\overbrace{(2(2)+1)}^5 t \underbrace{P_2(t)}_{\frac{1}{2}(3t^2-1)} - \overbrace{(2)P_{2-1}(t)}^{2t}] \\ &= \frac{1}{3} \left[5t \left(\frac{1}{2}(3t^2 - 1) \right) - 2t \right] = \frac{1}{3} \left[\left(\frac{1}{2}(15t^3 - 5t) \right) - 2t \right] \\ &= \frac{1}{3} \left[\frac{15}{2}t^3 - \frac{5}{2}t - 2t \right] = \frac{1}{3} \left[\frac{15}{2}t^3 - \frac{5}{2}t - \frac{4}{2}t \right] \\ &= \frac{1}{\cancel{3}^1} \left[\frac{\cancel{15}^5}{2}t^3 - \frac{\cancel{9}^3}{2}t \right] = \left[\frac{5}{2}t^3 - \frac{3}{2}t \right] \\ \therefore P_3(t) &= \frac{1}{2} (5t^3 - 3t) \end{aligned} \quad (\text{จ-2-11})$$

เมื่อ $n = 3$ และ $m = 3 + 1 = 4$, ดังนั้น

$$\begin{aligned}
 P_4(t) &= P_{3+1}(t) = \frac{1}{\underbrace{3+1}_4} \left[\overbrace{(2(3)+1)t}^7 \underbrace{P_3(t)}_{\frac{1}{2}(5t^3-3t)} - \underbrace{(3)}_{\frac{1}{2}(3t^2-1)} \underbrace{P_{3-1}(t)}_{\frac{1}{2}(3t^2-1)} \right] \\
 &= \frac{1}{4} \left[7t \left(\frac{1}{2}(5t^3-3t) \right) - \left(\frac{1}{2}(9t^2-3) \right) \right] \\
 &= \frac{1}{4} \left[\left(\frac{1}{2}(35t^4-21t^2) \right) - \left(\frac{1}{2}(9t^2-3) \right) \right] \\
 &= \frac{1}{8} \left[35t^4 - \overbrace{21t^2}^{30t^2} - 9t^2 + 3 \right]
 \end{aligned}$$

$$\therefore P_4(t) = \frac{1}{8}(35t^4 - 30t^2 + 3) \quad (\text{ง-2-12})$$

โดยสรุปฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Legendre polynomials 5 ลำดับ หรือสัมประสิทธิ์แรก (first five order LP coefficient) เป็นดังแสดง (Silvestre et al., 2006)

เมื่อ m ลำดับ หรือกำลังสูงสุดของฟังก์ชันมีค่าเป็นศูนย์ (Intercept term) $P_0(t) = 1$

เมื่อ m ลำดับ หรือกำลังสูงสุดของฟังก์ชันมีค่าเป็นหนึ่ง (Linear term) $P_1(t) = t$

เมื่อ m ลำดับ หรือกำลังสูงสุดของฟังก์ชันมีค่าเป็นสอง (Quadratic term) $P_2(t) = \frac{1}{2}(3t^2 - 1)$

เมื่อ m ลำดับ หรือกำลังสูงสุดของฟังก์ชันมีค่าเป็นสาม (Cubic term) $P_3(t) = \frac{1}{2}(5t^3 - 3t)$

เมื่อ m ลำดับ หรือกำลังสูงสุดของฟังก์ชันมีค่าเป็นสี่ (Quartic term) $P_4(t) = \frac{1}{8}(35t^4 - 30t^2 - 3)$

วิธีการทำให้ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Legendre polynomial $P_m(t)$ ให้อยู่ในรูปแบบปกติ $\phi_m(t)$ (Normalized Legendre Polynomial; NLP) ตามวิธีของ Kirkpatrick et al. (1990) สามารถทำได้โดยคูณแต่ละสัมประสิทธิ์ชั้นของฟังก์ชัน NLP ด้วยสัมประสิทธิ์ดังแสดง

$$\phi_m(t) = \sqrt{\frac{2m+1}{2}} \times P_m(t) \quad (\text{จ-2-13})$$

กำหนด m เป็นลำดับกำลังสูงสุดของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ LP $P_m(t)$

เมื่อ m มีค่าเท่ากับ 0 จะได้ว่า $P_0(t) = 1$ จากสมการ(จ-2-5)

$$\begin{aligned} \phi_0(t) &= \sqrt{\frac{2(0)+1}{2}} \times P_0(t) \\ &= \sqrt{\frac{1}{2}} \times 1 \\ &= \sqrt{\frac{1}{2}} \end{aligned} \quad (\text{จ-2-14})$$

เมื่อ m มีค่าเท่ากับ 1 จะได้ว่า $P_1(t) = t$ จากสมการ (จ-2-9)

$$\begin{aligned} \phi_1(t) &= \sqrt{\frac{2(1)+1}{2}} \times P_1(t) \\ &= \sqrt{\frac{3}{2}} \times t \\ &= \sqrt{\frac{3}{2}}(t) \end{aligned} \quad (\text{จ-2-15})$$

เมื่อ m มีค่าเท่ากับ 2 จะได้ว่า $P_2(t) = \frac{1}{2}(3t^2 - 1)$ จากสมการ (จ-2-10)

$$\begin{aligned} \phi_2(t) &= \sqrt{\frac{2(2)+1}{2}} \times P_2(t) \\ &= \sqrt{\frac{5}{2}} \times \frac{1}{2}(3t^2 - 1) \\ &= \sqrt{\frac{5}{8}}(3t^2 - 1) \end{aligned} \quad (\text{จ-2-16})$$

เมื่อ m มีค่าเท่ากับ 3 จะได้ว่า $P_3(t) = \frac{1}{2}(5t^3 - 3t)$ จากสมการ (จ-2-11)

$$\begin{aligned}
\phi_3(t) &= \sqrt{\frac{2(3)+1}{2}} \times P_3(t) \\
&= \sqrt{\frac{7}{2}} \times \frac{1}{2}(5t^3 - 3t) \\
&= \sqrt{\frac{7}{8}}(5t^3 - 3t)
\end{aligned} \tag{จ-2-17}$$

เมื่อ m มีค่าเท่ากับ 4 จะได้ว่า $P_4(t) = \frac{1}{8}(35t^4 - 30t^2 + 3)$ จากสมการ (จ-2-12)

$$\begin{aligned}
\phi_4(t) &= \sqrt{\frac{2(4)+1}{2}} \times P_4(t) \\
&= \sqrt{\frac{9}{2}} \times \frac{1}{8}(35t^4 - 30t^2 + 3) \\
&= \sqrt{\frac{9}{128}}(35t^4 - 30t^2 + 3)
\end{aligned} \tag{จ-2-18}$$

การดัดแปลงฟังก์ชัน (จ-2-14) ถึง (จ-2-18) ให้มีรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial ตามงานวิจัยของ Gengler et al. (1999) ซึ่งเป็นสมการรูปแบบที่ใช้ในการศึกษาวิทยานิพนธ์ครั้งนี้ ดัดแปลงโดยทำการคูณด้วยฟังก์ชันข้างต้นด้วย $\sqrt{2}$ เพื่อลดสหสัมพันธ์ระหว่างค่าสัมประสิทธิ์รีเกรซชันคู่ (Gengler, 2008) ดังนี้

$$\begin{aligned}
L_m &= \phi_m^*(t) \\
&= \sqrt{2} \times \phi_m(t)
\end{aligned} \tag{จ-2-19}$$

กำหนดใช้สัญลักษณ์แทนลำดับของฟังก์ชันด้วยตัวอักษร L_l และให้ $l = m + 1$ เมื่อ m เป็นลำดับ หรือกำลังสูงสุดของแต่ละเทอม

เมื่อ m เท่ากับศูนย์ ฟังก์ชันรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial ลำดับที่ 0 (zero order หรือ intercept term) มีค่าเท่ากับ

$$\begin{aligned}
L_1 &= \phi_0^*(t) = \sqrt{2} \times \phi_0(t) = \sqrt{2} \times \sqrt{\frac{1}{2}} \\
\therefore L_1 &= 1
\end{aligned} \tag{จ-2-20}$$

เมื่อ m เท่ากับหนึ่ง ฟังก์ชันรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial ลำดับที่ 1 (first order หรือ linear term) มีค่าเท่ากับ

$$\begin{aligned} L_2 &= \phi_1^*(t) = \sqrt{2} \times \phi_1(t) = \sqrt{2} \times \sqrt{\frac{3}{2}}t \\ \therefore L_2 &= \sqrt{3}t \end{aligned} \quad (\text{จ-2-21})$$

เมื่อ m เท่ากับสอง ฟังก์ชันรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial ลำดับที่ 2 (second order หรือ quadratic term) มีค่าเท่ากับ

$$\begin{aligned} L_3 &= \phi_2^*(t) = \sqrt{2} \times \phi_2(t) = \sqrt{2} \times \sqrt{\frac{5}{8}}(3t^2 - 1) \\ \therefore L_3 &= \sqrt{\frac{5}{4}}(3t^2 - 1) \end{aligned} \quad (\text{จ-2-22})$$

เมื่อ m เท่ากับสาม ฟังก์ชันรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial ลำดับที่ 3 (third order หรือ cubic term) มีค่าเท่ากับ

$$\begin{aligned} L_4 &= \phi_3^*(t) = \sqrt{2} \times \phi_3(t) = \sqrt{2} \times \sqrt{\frac{7}{8}}(5t^3 - 3t) \\ \therefore L_4 &= \sqrt{\frac{7}{4}}(5t^3 - 3t) \end{aligned} \quad (\text{จ-2-23})$$

เมื่อ m เท่ากับสี่ ฟังก์ชันรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial ลำดับที่ 4 (fourth order หรือ quartic term) มีค่าเท่ากับ

$$\begin{aligned} L_5 &= \phi_4^*(t) = \sqrt{2} \times \phi_4(t) = \sqrt{2} \times \sqrt{\frac{9}{128}}(35t^4 - 30t^2 + 3) \\ \therefore L_5 &= \sqrt{\frac{9}{64}}(35t^4 - 30t^2 + 3) \end{aligned} \quad (\text{จ-2-24})$$

สัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม หรือ วนให้น้ำนมรูปแบบ (covariance or day in milk function coefficient) ของ modified normalized Legendre polynomial 2 ตัวแรก (intercept และ linear term หรือ first-order) แสดงในรูปของเวกเตอร์

$$\begin{bmatrix} L_1 & L_2 \end{bmatrix} \quad \text{หรือ} \quad \begin{bmatrix} \phi_0^*(t) & \phi_1^*(t) \end{bmatrix}$$

สัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม หรือ วนให้น้ำนมรูปแบบ (covariance or day in milk function coefficient) ของ modified normalized Legendre polynomial 3 ตัวแรก (intercept, linear, และ quadratic term หรือ second-order) แสดงในรูปของเวกเตอร์

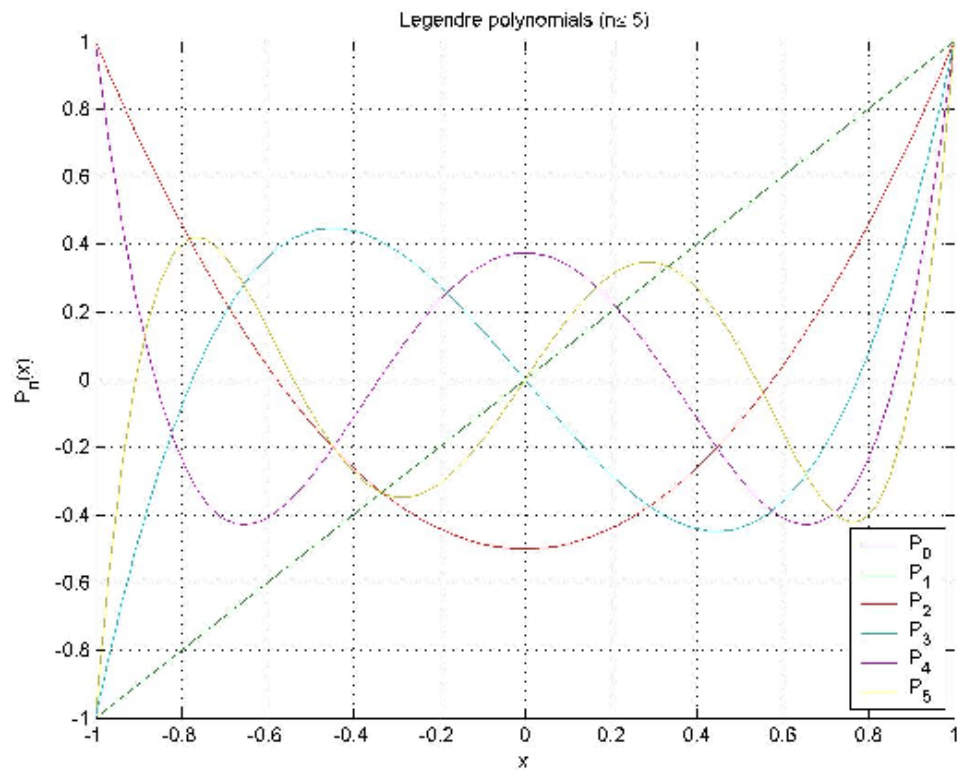
$$\begin{bmatrix} L_1 & L_2 & L_3 \end{bmatrix} \quad \text{หรือ} \quad \begin{bmatrix} \phi_0^*(t) & \phi_1^*(t) & \phi_2^*(t) \end{bmatrix}$$

สัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม หรือ วนให้น้ำนมรูปแบบ (covariance or day in milk function coefficient) ของ modified normalized Legendre polynomial 4 ตัวแรก (intercept, linear, quadratic, และ cubic term หรือ third-order) แสดงในรูปของเวกเตอร์

$$\begin{bmatrix} L_1 & L_2 & L_3 & L_4 \end{bmatrix} \quad \text{หรือ} \quad \begin{bmatrix} \phi_0^*(t) & \phi_1^*(t) & \phi_2^*(t) & \phi_3^*(t) \end{bmatrix}$$

สัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม หรือ วนให้น้ำนมรูปแบบ (covariance or day in milk function coefficient) ของ modified normalized Legendre polynomial 5 ตัวแรก (intercept, linear, quadratic, cubic, และ quartic term หรือ fourth-order) แสดงในรูปของเวกเตอร์

$$\begin{bmatrix} L_1 & L_2 & L_3 & L_4 & L_5 \end{bmatrix} \quad \text{หรือ} \quad \begin{bmatrix} \phi_0^*(t) & \phi_1^*(t) & \phi_2^*(t) & \phi_3^*(t) & \phi_4^*(t) \end{bmatrix}$$



ภาคผนวก จ

ตัวอย่างไฟล์ชุดข้อมูล, พันธุ์ประวัติ, คำสั่งและผลการวิเคราะห์ข้อมูลด้วย
โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 DairyPak version 3.0.2 และ SAS

ตัวอย่างไฟล์ข้อมูล การคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม และค่าประมาณอัตราพันธุกรรม
ของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม

```

*-----*
| CALCULATION OF GENETIC PERSISTENCY |
| Written by Monchai Daungjinda Ph.D. |
| February 2009 |
*-----*;

%LET Solfile = 'D:\Users\Phakphume\Persistency\Solutions';
%LET Pedfile = 'D:\Users\Phakphume\Persistency\Reped.prn';
%LET Outfile = 'D:\Users\Phakphume\Persistency\EBVPersist.prn';

DATA soln;
  INFILE &Solfile EXPANDTABS FIRSTOBS=3;
  INPUT tr eff an sol;
PROC SORT DATA=soln; BY an;

DATA ped;
  LENGTH id$ 20;
  INFILE &Pedfile EXPANDTABS;
  INPUT an sire dam code yob x1 x2 x3 id$;
PROC SORT DATA = ped; BY an;

DATA solped;
  MERGE ped soln;
  BY an;

/* Additive effects are located on effect 4, 5, 6 */
DATA add1;
  SET solped;
  KEEP an id sol yob;
  IF eff=4;
  RENAME sol=a1;
DATA add2;
  SET solped;
  KEEP an id sol;
  RENAME sol=a2;

```

```
DATA add3;
  SET solped;
  KEEP an id sol;
  IF eff=6;
  RENAME sol=a3;
PROC SORT DATA = add1;BY an;
PROC SORT DATA = add2;BY an;
PROC SORT DATA = add3;BY an;
DATA sol;
  MERGE add1 add2 add3;

/* PE effects are located on effect 7, 8, 9, 10 */
DATA pe1;
  SET solped;
  KEEP an id sol yob;
  IF eff=7;
  RENAME sol=pe1;
DATA pe2;
  SET solped;
  KEEP an id sol;
  IF eff=8;
  RENAME sol=pe2;
DATA pe3;
  SET solped;
  KEEP an id sol;
  IF eff=9;
  RENAME sol=pe3;
DATA pe4;
  SET solped;
  KEEP an id sol;
  IF eff=10;
  RENAME sol=pe4;

PROC SORT DATA = pe1;BY an;
PROC SORT DATA = pe2;BY an;
PROC SORT DATA = pe3;BY an;
PROC SORT DATA = pe4;BY an;
DATA solpe;
  MERGE pe1 pe2 pe3 pe4;

/* Calculate summation of L */
```

```

DATA LSUML;
/* Lsum for P1 and P2 */
DO t1 = 5 TO 60;
  L  = 2*(t1-5)/(305-5)-1;
  L1 = 1;
  L2 = SQRT(3)*L;
  L3 = SQRT(5/4)*(3*L*L-1);
  L4 = SQRT(7/4)*(5*L*L*L-3*L);
  L1L+L1;
  L2L+L2;
  L3L+L3;
  L4L+L4;
END;
DATA LSUMU;
DO t2 = 61 TO 280;
  L  = 2*(t2-5)/(305-5)-1;
  L1 = 1;
  L2 = SQRT(3)*L;
  L3 = SQRT(5/4)*(3*L*L-1);
  L4 = SQRT(7/4)*(5*L*L*L-3*L);
  L1U+L1;
  L2U+L2;
  L3U+L3;
  L4U+L4;
END;

DATA LSUMM;
/* Lsum for P4 */
DO t3 = 60 TO 279;
  L  = 2*(t3-5)/(305-5)-1;
  L1 = 1;
  L2 = SQRT(3)*L;
  L3 = SQRT(5/4)*(3*L*L-1);
  L1M+L1;
  L2M+L2;
  L3M+L3;
  OUTPUT;
END;

/* Calculate EBV for P1 P2 P4 */
DATA P124;

```



```

SET sol;
IF _N_ = 1 THEN SET LSUMM;
t60 = 60;
L = 2*(t60-5)/(305-5)-1;
L1 = 1;
L2 = SQRT(3)*L;
L3 = SQRT(5/4)*(3*L*L-1);
EBV60 = a1*L1+a2*L2+a3*L3;

t280 = 280;
L = 2*(t280-5)/(305-5)-1;
L1 = 1;
L2 = SQRT(3)*L;
L3 = SQRT(5/4)*(3*L*L-1);
EBV280 = a1*L1+a2*L2+a3*L3;

P1 = EBV280-EBV60;
P2 = EBV280/EBV60;

EBVM = a1*L1M+a2*L2M+a3*L3M;
P4 = 215*EBV280-EBVM;

/* Calculate EBV for P3 */
DATA P3;
SET sol;
IF _N_ = 1 THEN SET LSUMU;
IF _N_ = 1 THEN SET LSUML;
EBVU = a1*L1U+a2*L2U+a3*L3U;
EBVL = a1*L1L+a2*L2L+a3*L3L;
P3 = EBVU/EBVL;

PROC SORT DATA = P124; BY ID;
PROC SORT DATA = P3; BY ID;
DATA ALLP;
MERGE P124 P3;
BY ID;
FILE &Outfile;
PUT ID yob P1 P2 P3 P4;

*PROC PRINT;
* VAR ID yob P1 P2 P3 P4 EBV60 EBV280 EBVU EBVL EBVM;

```

```

*RUN;

DATA PE124;
  SET solPE;
  t60 = 60;
  L = 2*(t60-5)/(305-5)-1;
  L1 = 1;
  L2 = SQRT(3)*L;
  L3 = SQRT(5/4)*(3*L*L-1);
  L4 = SQRT(7/4)*(5*L*L*L-3*L);
  PE60 = pe1*L1+pe2*L2+pe3*L3+pe4*L4;

  t280 = 280;
  L = 2*(t280-5)/(305-5)-1;
  L1 = 1;
  L2 = SQRT(3)*L;
  L3 = SQRT(5/4)*(3*L*L-1);
  PE280 = pe1*L1+pe2*L2+pe3*L3+pe4*L4;

DATA PE3;
  SET solPE;
  IF _N_ = 1 THEN SET LSUMU;
  IF _N_ = 1 THEN SET LSUML;
  PEU = pe1*L1U+pe2*L2U+pe3*L3U+pe4*L4U;
  PEL = pe1*L1L+pe2*L2L+pe3*L3L+pe4*L4L;

*-----*
| ESTIMATION OF HERITABILITY |
| FOR PERSISTENCY          |
*-----*;

PROC IML;
  KA = { 5.280  0.450  -0.707,
        0.450  0.635  -0.163,
        -0.707 -0.163  0.299};

  KP = { 6.990  -0.978  -0.477  0.426,
        -0.978  1.28   -0.176  -0.147,
        -0.477  -0.176  0.611  -0.403,
        0.426  -0.147  -0.403  0.551};

  Ve = 5.46;

```

COVA = J(305,305,0);

COVP = J(305,305,0);

USE P124;

READ ALL VAR{EBV60} INTO EBV60;

READ ALL VAR{EBV280} INTO EBV280;

E60 = SUM(EBV60)/NROW(EBV60);

E280 = SUM(EBV280)/NROW(EBV280);

USE P3;

READ ALL VAR{EBVU} INTO EBVU;

READ ALL VAR{EBVL} INTO EBVL;

EU = SUM(EBVU/56)/NROW(EBVU);

EL = SUM(EBVL/220)/NROW(EBVL);

USE PE124;

READ ALL VAR{PE60} INTO PE60;

READ ALL VAR{PE280} INTO PE280;

P60 = SUM(PE60)/NROW(PE60);

P280 = SUM(PE280)/NROW(PE280);

USE PE3;

READ ALL VAR{PEU} INTO PEU;

READ ALL VAR{PEL} INTO PEL;

PU = SUM(PEU/56)/NROW(PEU);

PL = SUM(PEL/220)/NROW(PEL);

M60 = SUM(EBV60+PE60)/NROW(PE60);

M280 = SUM(EBV280+PE280)/NROW(PE280);

MU = EU+PU;

ML = EL+PL;

DO i = 5 TO 305;

L = 2*(i-5)/(305-5)-1;

L1 = 1;

L2 = SQRT(3)*L;

L3 = SQRT(5/4)*(3*L*L-1);

L4 = SQRT(7/4)*(5*L*L*L-3*L);

CAI = J(3,1,0);

CAI[1] = L1;

```

CAI[2] = L2;
CAI[3] = L3;
CPI = J(4,1,0);
CPI[1] = L1;
CPI[2] = L2;
CPI[3] = L3;
CPI[4] = L4;

DO j = i TO 305;
  L = 2*(J-5)/(305-5)-1;
  L1 = 1;
  L2 = SQRT(3)*L;
  L3 = SQRT(5/4)*(3*L*L-1);
  L4 = SQRT(7/4)*(5*L*L*L-3*L);

  CAJ = J(3,1,0);
  CAJ[1] = L1;
  CAJ[2] = L2;
  CAJ[3] = L3;
  CPJ = J(4,1,0);
  CPJ[1] = L1;
  CPJ[2] = L2;
  CPJ[3] = L3;
  CPJ[4] = L4;

  VA = T(CAI)*KA*CAJ;
  COVA[i,j] = Va;
  VP = T(CPI)*KP*CPJ;
  COVP[i,j] = Vp;
END;
END;

%LET f = [FORMAT=10.4];
/* CALCULATING H2 FOR PERSISTENCY */
*-- P1 --*;
P1Va = COVA[280,280]+COVA[60,60]-2*COVA[60,280];
P1Vp = COVP[280,280]+COVP[60,60]-2*COVP[60,280];
P1Ve = Ve*2;
P1Vt = P1Va+P1Vp+P1Ve;
P1H2 = P1Va/(P1Va+P1Vp+P1Ve);
PRINT 'P1 Heritability', P1Va&f P1Vt&f P1H2&f;

```

```

*-- P2 --*;
P2Va = (E60*E60*COVA[280,280]+E280*E280*COVA[60,60]
        -2*E60*E280*(COVA[60,280]))/(E60*E60*E60*E60);
P2Vp = (P60*P60*COVP[280,280]+P280*P280*COVP[60,60]
        -2*P60*P280*(COVP[60,280]))/(P60*P60*P60*P60);
P2Vt = (M60*M60*(COVA[280,280]+COVP[280,280]+Ve)
        +M280*M280*(COVA[60,60]+COVP[60,60]+Ve)
        -2*M60*M280*(COVA[60,280]+COVP[60,280]+Ve))/(M60*M60*M60*M60);
P2Ve = P2Vt-P2Va-P2Vp;
P2H2 = P2Va/(P2Va+P2Vp+P2Ve);
PRINT 'P2 Heritability', P2Va&f P2Vt&f P2H2&f;

```

```

*-- P3 --*;
P3aU=0;P3pU=0;
DO u = 61 TO 280;
  DO v = u TO 280;
    IF u = v THEN DO;
      P3aU = P3aU+COVA[u,v];
      P3pU = P3pU+COVP[u,v];
    END;
    IF u <> v THEN DO;
      P3aU = P3aU+2*COVA[u,v];
      P3pU = P3pU+2*COVP[u,v];
    END;
  END;
END;

```

```

P3aL=0;P3pL=0;
DO u = 5 TO 60;
  DO v = u TO 60;
    IF u = v THEN DO;
      P3aL = P3aL+COVA[u,v];
      P3pL = P3pL+COVP[u,v];
    END;
    IF u <> v THEN DO;
      P3aL = P3aL+2*COVA[u,v];
      P3pL = P3pL+2*COVP[u,v];
    END;
  END;
END;

```

```

P3aUL=0;P3pUL=0;
DO u = 5 TO 60;
  DO v = 61 TO 280;
    P3aUL = P3aUL+2*COVA[u,v];
    P3pUL = P3pUL+2*COVP[u,v];
  END;
END;

P3Va = (EL*EL*P3aU+EU*EU*P3aL-2*EU*EL*P3aUL)/(EL*EL*EL*EL);
P3Vp = (PL*PL*P3pU+PU*PU*P3pL-2*PU*PL*P3pUL)/(PL*PL*PL*PL);
P3Vt = (ML*ML*(P3aU+P3pU+Ve)+MU*MU*(P3aL+P3pL+Ve)
  -2*ML*MU*(P3aUL+P3pUL+Ve))/(ML*ML*ML*ML);
P3Ve = P3Vt-P3Va-P3Vp;
P3H2 = P3Va/(P3Va+P3Vp+P3Ve);
PRINT 'P3 Heritability', P3Va&f P3Vt&f P3H2&f;

*-- P4 --*;
P4a=0;P4p=0;
DO u = 60 TO 279;
  DO v = u TO 279;
    IF u = v THEN DO;
      P4a = P4a+COVA[u,v];
      P4p = P4p+COVP[u,v];
    END;
    IF u <> v THEN DO;
      P4a = P4a+2*COVA[u,v];
      P4p = P4p+2*COVP[u,v];
    END;
  END;
END;
END;
P4acov=0;P4pcov=0;
DO u = 60 TO 279;
  P4acov = P4acov+COVA[u,280];
  P4pcov = P4pcov+COVP[u,280];
END;

P4Va = 220*220*COVA[280,280]+P4a-2*220*P4acov;
P4Vp = 220*220*COVP[280,280]+P4p-2*220*P4pcov;
P4Ve = 48620*Ve;
P4Vt = P4Va+P4Vp+P4Ve;

```

```
P4H2 = P4Va/(P4Va+P4Vp+P4Ve);  
PRINT 'P4 Heritability', P4Va&f P4Vt&f P4H2&f;
```

```
RUN;
```

ประวัติผู้เขียน

ครอบครัว

นายภาคภูมิ เสาวภาคย์ เกิดเมื่อวันที่ 12 พฤศจิกายน ปีพุทธศักราช 2514 ณ โรงพยาบาลกลางประจำจังหวัดนครราชสีมา บิดาชื่อ นายชุมพล เสาวภาคย์ เกิดเมื่อวันที่ 5 ธันวาคม พ.ศ. 2484 มารดาชื่อ นางปิยนารถ เสาวภาคย์ เกิดเมื่อวันที่ 21 มกราคม พ.ศ. 2492 มีน้อง 2 คน เป็นหญิงหนึ่งคน ชื่อ นางสาวสวดี เสาวภาคย์ เกิดเมื่อวันที่ 9 มกราคม พ.ศ. 2516 เป็นชายหนึ่งคน ชื่อ นายรัชภูมิ เสาวภาคย์ เกิดเมื่อวันที่ 6 มกราคม พ.ศ. 2520 และมีธิดาหนึ่งคน ชื่อ นางสาวสุพิชชา เสาวภาคย์ เกิดเมื่อวันที่ 25 มีนาคม พ.ศ. 2537

การศึกษา

นายภาคภูมิ เสาวภาคย์ จบการศึกษาระดับมัธยมศึกษาชั้นปีที่ 6 ปีการศึกษา 2532 จากโรงเรียนเบญจมราชูทิศ จังหวัดราชบุรี เข้ารับการศึกษาต่อระดับอนุปริญญา โปรแกรมวิชาเทคโนโลยีการเกษตร คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี สถาบันราชภัฏนครปฐม เมื่อปีการศึกษา 2543 จบ เมื่อปีการศึกษา 2545 หลังจากนั้นศึกษาต่อระดับปริญญาตรีต่อยอด 2 ปี ในโปรแกรมวิชาเทคโนโลยีการเกษตร คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี และสถานศึกษาเดิม (แต่สถานศึกษาเปลี่ยนชื่อเป็น มหาวิทยาลัยราชภัฏนครปฐม) จนจบการศึกษาระดับปริญญาตรี เมื่อปีการศึกษา 2547 ได้รับวุฒิการศึกษา วิทยาศาสตร์บัณฑิต (เทคโนโลยีการเกษตร) เกียรตินิยมอันดับ 1 (4.00)

ศึกษาต่อระดับปริญญาโทหลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีการผลิตสัตว์) สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี เมื่อปีการศึกษา 2547

ผลงานวิจัย

นำเสนอบทความภาคบรรยายที่เป็นส่วนหนึ่งของวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ในการประชุมวิชาการ “งานเกษตรแห่งชาติครั้งที่ 6” ประจำปี พ.ศ.2551 วันที่ 10 กันยายน พ.ศ.2551 หัวข้อเรื่อง “การกำหนดจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันการให้น้ำนมใน โมเดลรีเกรซชันสุ่มเพื่อประเมินพันธุกรรม ปริมาณน้ำนมวันทดสอบในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ที่ให้ลูกครั้งแรก”

โดยการนำเสนอผลงานวิชาการข้างต้นต่อมาผ่านการพิจารณาโดยผู้ทรงคุณวุฒิให้ลงตีพิมพ์ในวารสารเกษตรนเรศวร ปีที่ 11 ฉบับพิเศษ กันยายน-ธันวาคม พ.ศ.2551