

ของการศึกษารุ่นนี้ ต้องการที่จะถ่ายทอดเทคโนโลยีการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน และการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ไปสู่ภาคเอกชนระดับอุตสาหกรรมโคนมขนาดใหญ่ของประเทศที่มีความพร้อม เพื่อที่จะได้มีขีดความสามารถในการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนและการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์โคนมได้และนำค่าที่ได้ไปใช้ในการปรับปรุงพันธุ์โคนมของฟาร์มเอง และข้อมูลของฟาร์มที่มีอยู่จำนวนมากเมื่อนำไปเก็บรวบรวมในระบบ Dairy Herd Improvement, DHI ที่สามารถเชื่อมโยงข้อมูลกับข้อมูลในระบบในการประมวลผล ก็จะเป็นฐานข้อมูลสำคัญที่ใช้ในการวิจัยและพัฒนาการปรับปรุงพันธุ์โคนมของประเทศต่อไป

โปรแกรม MTC สามารถใช้ในการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนในแบบหุ่นจำลองที่สัตว์มีค่าสังเกตซ้ำกันหลายค่า (repeatability model) ขีดความสามารถในการคำนวณจะใช้ความจำของคอมพิวเตอร์ชนิด RAM (random access memory) น้อยกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับโปรแกรม MTDFREML (Boldman et. al., 1995) เป็นขนาดของความจำ = (จำนวนลักษณะที่วิเคราะห์)⁴ Mbytes หรือด้วยความจำขนาด 100 Mbytes โปรแกรมสามารถวิเคราะห์ลักษณะรูปร่าง (type traits) ได้ 14 ลักษณะหรือลักษณะผลผลิต 3 ลักษณะ จำนวนสัตว์ในแฟ้มพันธุ์ประวัติเท่ากับ 50,000 ตัวและบันทึกข้อมูลเท่ากับ 80,000 บันทึกและด้วยคอมพิวเตอร์บุคคลที่มีขนาดความจำ 16 Mbytes โปรแกรมสามารถวิเคราะห์ปัญหาได้ถึง 10,000 ระดับ เนื่องจากโปรแกรมใช้วิธี REML อัลกอริทึมแบบ EM (expectation maximization) พร้อมด้วย canonical transformation และวิธีการพิเศษที่สามารถจัดการเมตริกซ์ที่เกือบจะเป็นซิงกูลาร์ (singular matrix) ได้ ดังนั้นโปรแกรมจึงค่อนข้างจะเสถียรภาพ (stable) สามารถพบคำตอบ (convergence) ในการ iteration จำนวน 20 ถึง 100 รอบเท่านั้น (Misztal, 1994) เช่นเดียวกับโปรแกรม MTJAA38 ที่ใช้ในการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ เป็นโปรแกรมที่อยู่บนระบบปฏิบัติการแบบดอส มีความยืดหยุ่นในการปรับแต่งขนาดของเมตริกซ์ให้เหมาะสมกับขนาดของความจำของเครื่องคอมพิวเตอร์ได้ ทำให้โปรแกรมมีขีดความสามารถในการคำนวณสมการได้จำนวนหลายหมื่นสมการ (Gengler, 1998)

ในการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนหลายลักษณะพร้อมกัน (multitraits) ลักษณะต่างๆเหล่านั้น ได้รับผลจากอิทธิพลของปัจจัยคงที่ต่างๆเหมือนกันและสัตว์ทุกตัวได้รับการวัดลักษณะต่างๆเหล่านั้น ดังนั้นเมตริกซ์ x และ z (design matrix) ที่ใช้เชื่อมโยงข้อมูลในสมการแบบผสมจะเหมือนกันในลักษณะต่างๆ หรือกล่าวอีกนัยหนึ่งได้ว่าลักษณะต่างๆที่ทำการวัดนั้นค่ามีเมตริกซ์เชื่อมโยงเท่ากันและถ้ากำหนดให้มีตัวแปรสุ่มเพียงตัวเดียวคือตัวสัตว์ (animal effect) ลักษณะแต่ละลักษณะที่แยกออกจาก residual effect ภายใต้สถานการณ์แบบนี้การวิเคราะห์แบบ multivariate สามารถแยกออกเป็นการวิเคราะห์ลักษณะเดียว จำนวน n ลักษณะได้ โดยผ่านวิธีการ canonical transformation (Thompson, 1977)

วิธีการของ canonical transformation จะเป็นวิธีการสร้างเมตริกซ์พิเศษขึ้นมาเพื่อใช้แปลงค่าค่าสังเกต (observations) ของหลายๆ ลักษณะที่จะทำการศึกษาและมีความสัมพันธ์กัน

ไปเป็นตัวแปรใหม่ที่ไม่มีความสัมพันธ์กันและใช้ตัวแปรใหม่นี้ดั่งกล่าวในการวิเคราะห์ที่ละลักษณะเดี่ยวและผลลัพธ์ที่ได้ก็จะถูกแปลงค่ากลับสู่ลักษณะของค่าสังเกตเดิม (Mrode, 1996)

การวิเคราะห์คุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะผลผลิตน้ำนมและความยาวระยะรีดนม
ขั้นตอนในการดำเนินการ

การศึกษาในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์ที่จะวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวนของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม ความยาวระยะรีดนม (lactation period) และนำค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนที่วิเคราะห์ได้ นำไปประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์โดยวิธี Best Linear Unbiased Prediction, BLUP ใช้แบบหุนจำลองแบบ Repeatability ใน animal model เป็นการศึกษาลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมของโคนม ความยาวระยะรีดนม ของโคนมแต่ละตัวที่ให้ผลผลิตน้ำนมซ้ำกันหลายระยะการให้น้ำนมและใช้เมตริกซ์ผกผัน (inverse matrix) ของความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์แต่ละตัว (A^{-1}) ในการคำนวณด้วย (Quaas, 1984)

การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ

แบบหุนจำลองแบบผสม (mixed model) ที่ใช้ในการวิเคราะห์ค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนและการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจต่างๆ ในแบบหุนจำลองการวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติจะประกอบด้วยปัจจัยหรืออิทธิพลชนิดคงที่และอิทธิพลชนิดสุ่ม แต่เนื่องจากอายุของแม่โคที่คลอดลูกมีความแตกต่างกันถึงแม้จะอยู่ในลำดับการคลอด (parity) เดียวกันและค่าสังเกตของลักษณะที่ศึกษาเช่นผลผลิตน้ำนม ความยาวระยะรีดนมจะลดลงเมื่อแม่โคมีอายุมากขึ้นหรือผ่านวัยที่ร่างกายเจริญเติบโตเต็มที่แล้ว (mature) ดังนั้นในการวิเคราะห์ข้อมูลชุดนี้จะเพิ่มปัจจัยของอายุเมื่อคลอดลูกของแม่โคแบบ linear และ quadratic เป็นตัวแปรร่วม (covariate variables) ในแบบหุนจำลองการวิเคราะห์ข้อมูล เช่นเดียวกับการวิเคราะห์ลักษณะผลผลิตน้ำนมจะใช้ความยาวระยะรีดนมเป็นตัวแปรร่วมในการวิเคราะห์ข้อมูลโดยมิได้ใช้แฟกเตอร์ที่ประมาณมาจากประชากรอื่นมาทำการปรับข้อมูลก่อนทำการวิเคราะห์

แบบหุนจำลองผสมที่ 1 สำหรับวิเคราะห์ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะผลผลิตน้ำนม

$$y_{ijkm} = s_i + a_j + p_j + h_k + l_m + b_1(x_1 - \bar{x}_1) + b_2(x_1 - \bar{x}_1)^2 + b_3(x_2 - \bar{x}_2) + e_{ijkm}$$

โดยที่ y_{ijkm} = ผลผลิตน้ำนมของโคนมตัวที่ j ที่ได้รับอิทธิพลปี-ฤดูกาลที่ i

ระดับสายเลือดโอสไตน์ที่ k ลำดับการคลอดที่ m
 s_i = อิทธิพลคงที่ของปี-ฤดูกาลที่ i
 a_j = อิทธิพลสุ่มของอำนาจของยีนแบบบวกสะสมของโคนมตัวที่ j
 p_j = อิทธิพลสุ่มของอำนาจยีนแบบไม่บวกสะสมของโคนมตัวที่ j
 h_k = อิทธิพลคงที่ระดับสายเลือดโอสไตน์ฟรีเซียนที่ k
 l_m = อิทธิพลคงที่ของลำดับการคลอดที่ m
 b_1, b_2, b_3 = ค่าสัมประสิทธิ์สมการถดถอย
 (partial regression coefficient)

$(x_1 - \bar{x}_1)$ = ส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของอายุเมื่อคลอดลูก
 $(x_1 - \bar{x}_1)^2$ = ส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของ(อายุเมื่อคลอดลูก)²
 $(x_2 - \bar{x}_2)$ = ส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของความยาวระยะให้นม
 e_{ijkm} = อิทธิพลสุ่มอื่นๆ (error) หรือ residual effect

แบบหุ่นจำลองผสมที่ 2 สำหรับวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะความยาวระยะรีดนม

$$y_{ijkm} = s_i + a_j + p_j + h_k + l_m + b_1(x_1 - \bar{x}_1) + b_2(x_1 - \bar{x}_1)^2 + e_{ijkm}$$

โดยที่ y_{ijkm} = ความยาวระยะรีดนมของโคนมตัวที่ j ที่ได้รับอิทธิพลปี-ฤดูกาลที่ i
 ระดับสายเลือดโอสไตน์ที่ k ลำดับการคลอดที่ m
 s_i = อิทธิพลคงที่ของปี-ฤดูกาลที่ i
 a_j = อิทธิพลสุ่มของอำนาจของยีนแบบบวกสะสมของโคนมตัวที่ j
 p_j = อิทธิพลสุ่มของอำนาจยีนแบบไม่บวกสะสมของโคนมตัวที่ j
 h_k = อิทธิพลคงที่ระดับสายเลือดโอสไตน์ฟรีเซียนที่ k
 l_m = อิทธิพลคงที่ของลำดับการคลอดที่ m
 b_1, b_2 = ค่าสัมประสิทธิ์สมการถดถอย (partial regression coefficient)

$(x_1 - \bar{x}_1)$ = ส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของอายุเมื่อคลอดลูก
 $(x_1 - \bar{x}_1)^2$ = ส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของ(อายุเมื่อคลอดลูก)²
 e_{ijkm} = อิทธิพลสุ่มอื่นๆ (error) หรือ residual effect

โดยที่ a, p และ e ต่างมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0 และความแปรปรวน (variance) ของ a, p และ e มีค่าดังนี้

$$\text{Var}(a) = A h^2 \sigma_e^2$$

ในเมื่อ A เป็นเมทริกซ์ของความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ในฝูง, σ_e^2 เป็นความแปรปรวนของลักษณะที่ศึกษา

$$\text{Var}(p) = I(r-h^2) \sigma_e^2$$

ในเมื่อ r คือค่าของอัตราซ้ำ (repeatability), h^2 คือค่าของอัตราพันธุกรรม (heritability) และ

$$\text{Var}(e) = I(1-r) \sigma_e^2$$

เวกเตอร์ a, p และ e ไม่มีความสัมพันธ์ซึ่งกันและกัน ในโมเดลนี้จะมีสมมุติฐานที่ว่าสาเหตุของความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตของแต่ละบันทึกของสัตว์ที่แตกต่างกันนั้น มีสาเหตุเนื่องมาจากความแปรปรวนของพันธุกรรมอันเนื่องมาจากสาเหตุของอำนาจยีนแบบบวกสะสมเท่านั้น

สมการมิกซ์โมเดลหรือสมการแบบผสม (mixed model equation) ที่ใช้ในการคำนวณเพื่อหาค่า BLUP ของ a, p และค่าประมาณของ β ซึ่งเป็น BLUE (Best Linear Unbiased Estimation) สามารถแสดงในรูปของเมทริกซ์ดังนี้

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'Z \\ Z'X & Z'Z + tA^{-1} & Z'Z \\ Z'X & Z'Z & Z'Z + kI \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \beta \\ a \\ p \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

ในเมื่อ $t = (1-r)/h^2$ หรือเท่ากับ σ_e^2 / σ_a^2 และ $k = (1-r)/(r-h^2)$ หรือเท่ากับ σ_e^2 / σ_p^2

การแก้สมการแบบมิกซ์โมเดล ที่ใช้ในการคำนวณเพื่อหาค่า BLUP ของ a, p และค่าประมาณของ β ดังกล่าวข้างต้น สามารถที่จะกระทำได้หลายวิธี อย่างไรก็ตามการแก้สมการแบบมิกซ์โมเดลของการศึกษาครั้งนี้ มีจำนวนสมการมากถึง 10,0019 สมการและเป็นการยุ่ง

ยากมากที่จะสร้างสมการดังกล่าวขึ้น เพราะเหตุว่ามีการเพิ่ม IA^{-1} และ kl เข้าไปในสมการลีสต์สแควร์ (least square equation) ดังนั้นจึงมีความจำเป็นต้องใช้โปรแกรมสำเร็จรูปที่ไม่มีข้อจำกัดในเรื่องขนาดของเมทริกซ์ ในการประมาณองค์ประกอบของความแปรปรวน

ผลการวิจัย

1. การวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์

จากข้อมูลปริมาณผลผลิตน้ำนมจำนวน 17,808 บันทึก ปริมาณผลผลิตน้ำนมเฉลี่ยเท่ากับ $3,644.20 \pm 1,549.18$ กิโลกรัม เป็นปริมาณผลผลิตน้ำนมจริงที่ไม่ได้ใช้แฟคเตอร์ปรับความยาวระยะการรีดนม แต่การวิเคราะห์จะใช้ความยาวระยะรีดนมเป็นตัวแปรร่วม (covariate) ทั้งนี้เนื่องจากระยะรีดนมแตกต่างกันแต่ละค่าสังเกต โดยวิธีการของ REML แบบ canonical transformation, CT สามารถวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนของปริมาณผลผลิตน้ำนมโดย animal model ค่าความแปรปรวนของอำนาจของยีนแบบบวกสะสม (σ_a^2) ค่าความแปรปรวนอำนาจของยีนแบบไม่บวกสะสมและอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (σ_p^2) และค่าความแปรปรวนของอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมแบบชั่วคราว (σ_e^2) ซึ่งมีค่าเท่ากับ 122,754.42 210,513.84 และ 498,257.60 ตามลำดับ ค่าเฉลี่ยความยาวระยะรีดนมเท่ากับ 299.08 ± 106.10 วัน ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนความยาวระยะรีดนม ค่าความแปรปรวนของอำนาจของยีนแบบบวกสะสม (σ_a^2) ค่าความแปรปรวนอำนาจของยีนแบบไม่บวกสะสมและอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (σ_p^2) และค่าความแปรปรวนของอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมแบบชั่วคราว (σ_e^2) ซึ่งมีค่าเท่ากับ 1,824.86 212.63 และ 8,200.17 ตามลำดับ การตรวจการพบคำตอบ (convergence) โดยวิธีการ iteration ตรวจพบความแตกต่างของคำตอบที่ระดับน้อยกว่า 10^{-8}

2. การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม (heritability, h^2)

อัตราพันธุกรรมเป็นสัดส่วนของความแปรปรวนอันเนื่องมาจากพันธุกรรมต่อความแปรปรวนทั้งหมด ค่าอัตราพันธุกรรมที่นิยมใช้ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์จะเป็นค่าอัตราพันธุกรรมอย่างแคบ (heritability in narrow sense) ซึ่งเป็นอัตราส่วนของความแปรปรวนอันเนื่องมาจากอำนาจของยีนแบบบวกสะสมต่อความแปรปรวนทั้งหมด (สมชัย, 2530) การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมและความยาวระยะรีดนม สามารถคำนวณได้โดยสูตรการคำนวณดังนี้ (Falconer และ Mackay, 1996)

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

อัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมและความยาวระยะรีดนมเท่ากับ 0.25 และ 0.02 ตามลำดับ

3. การประมาณค่าอัตราซ้ำ (repeatability, r)

เป็นลักษณะที่แม่โคนมตัวหนึ่งๆสามารถแสดงลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมได้หลายครั้งในชั่วชีวิตหนึ่ง ค่าความคล้ายคลึงกันของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมจากการให้ผลผลิตน้ำนมเป็นจำนวนหลายๆระยะการให้นม สามารถวัดได้ในค่าของอัตราซ้ำ ดังนั้นอัตราซ้ำคืออัตราส่วนของความแปรปรวนที่มีผลมาจากพันธุกรรมรวมและสภาพแวดล้อมแบบถาวรต่อความแปรปรวนในลักษณะปรากฏทั้งหมด การประมาณค่าอัตราซ้ำของปริมาณน้ำนมและความยาวระยะรีดนม สามารถคำนวณได้โดยสูตรการคำนวณดังนี้ (สมชัย, 2530)

$$r = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_p^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2}$$

ค่าอัตราซ้ำของปริมาณน้ำนมและความยาวระยะให้นมเท่ากับ 0.40 และ 0.20 ตามลำดับ

4. การประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์

จากการวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวน ทำให้ทราบค่า t และ k แทนค่า t และ k ลงในสมการแบบผสม ก็สามารถคำนวณหาค่า a , p ซึ่งมีคุณสมบัติเป็น BLUP และเนื่องจากคุณค่าการผสมพันธุ์หรืออำนาจของยีนแบบบวกสะสมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมและความยาวระยะรีดนม ที่สามารถถ่ายทอดจากชั่วหนึ่งไปยังอีกชั่วหนึ่งได้ ก็คือเวคเตอร์ a ที่คำนวณได้นั้นเอง ในส่วนของความสามารถในการให้ผลผลิตที่แท้จริงของแม่โค (real producing ability) สามารถคำนวณได้จาก $a_j + p_j$ และด้วยวิธีการของ BLUP ทำให้คุณค่าการผสมพันธุ์ของแม่โคที่ประเมินได้ สามารถใช้เปรียบเทียบเพื่อการคัดเลือกสัตว์ได้โดยตรง ถึงแม้ว่าจะเป็นสัตว์คนละชั่วอายุ (generation) โดยไม่ต้องห่วงเรื่อง genetic trend แต่ประการใด ทั้งนี้เพราะว่าได้คำนึงถึงความสัมพันธ์ (additive genetic relationship) ระหว่างสัตว์ทุกตัวที่ทำการประเมินในการคำนวณด้วยแล้ว (สุวัฒน์, 2533) และคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจต่างๆที่คำนวณได้นั้นก็สามารถที่จะเปรียบเทียบระหว่างสัตว์ทุกตัวได้ (Jones, 1985)

เนื่องจากอัตราพันธุกรรมของลักษณะความยาวระยะรีดนมที่ประมาณได้มีค่าต่ำมาก (0.02) ดังนั้นการศึกษาครั้งนี้จึงได้ทำการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์เฉพาะลักษณะปริมาณน้ำนมเท่านั้น คุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมของโคพ่อพันธุ์จำนวน 107

ตัว ที่ประมาณได้จาก animal model มีค่าสูงสุดและต่ำสุดเท่ากับ +1,038.1 และ -743.5 ก.ก. คุณค่าการผสมพันธุ์ของโคนมเพศเมียทั้งหมดจำนวน 10,140 ตัว มีค่าสูงสุดและต่ำสุดเท่ากับ +1,510.0 และ -976.2 จากโคเพศเมียจำนวนดังกล่าวมีโคนมที่ไม่ทราบผลผลิตเนื่องจากเป็น ญาติร่วมในพันธุ์ประวัติ โคนมเพศเมียที่ยังไม่ให้ผลผลิต หรือเป็นโคนมที่อยู่ในระยะให้นม โคนม เพศเมียดังกล่าวสามารถประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ได้ โดยอาศัยความสัมพันธ์ระหว่างโคนม ในแฟ้มข้อมูลพันธุ์ประวัติ หรือเมตริกซ์ผกผันของความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์แต่ละตัว (A^{-1}) ในการคำนวณค่าของสมการแบบผสม ค่าประมาณของคุณค่าการผสมพันธุ์ของโคสาวหรือดัดชนี พันธุ์ประวัติ (pedigree index) ที่ประมาณได้ สามารถนำไปใช้เป็นเกณฑ์ในการคัดเลือกโคนมที่ โคทดแทน (replacement) หรือใช้ในการวางแผนการผสมพันธุ์หรือการจับคู่ผสมพันธุ์ เพื่อเป็น การปรับปรุงลักษณะทางพันธุกรรมของปริมาณผลผลิตน้ำนมให้สูงขึ้น คุณค่าการผสมพันธุ์ของ โคพ่อพันธุ์และโคแม่พันธุ์และโคสาวแสดงไว้ในตารางที่ 3-1

ตารางที่3-1 แสดงค่าเฉลี่ย ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานและพิสัยของคุณค่าผสมของโคพ่อพันธุ์ โคแม่ พันธุ์และโคสาว

	n	Mean	S.D.	Max.	Min.
โคพ่อพันธุ์	107	87.2	348.1	1038.1	-743.5
โคแม่พันธุ์	8709	-8.6	275.7	1510.0	-976.2
โคสาว	1431	-2.3	227.6	792.7	-507.6

คุณค่าการผสมพันธุ์ของแม่โครีดนมและโคพ่อพันธุ์ที่เรียงค่าตามอันดับ (ranking) ค่า เฉลี่ยของคุณค่าการผสมพันธุ์ของแม่โคนมที่รีดนม ตั้งแต่ปี 2530 ถึง 2541 และโคพ่อพันธุ์ที่ใช้ ผสมพันธุ์ตั้งแต่ปี 2528 ถึง 2539 แสดงไว้ในตารางที่ 3-2 ถึง 3-6 ตามลำดับ

ตารางที่3-2 คุณค่าการผสมพันธุ์ของแม่โคนมที่เรียงค่าตามอันดับ(แสดงอันดับ 1-15)

อันดับ	หมายเลข	Breeding value	วันเกิด
1	J0355E1	+1,510.0	1/12/93
2	J0223D1	+1,460.7	6/6/93
3	J0351E1	+1,414.5	30/11/93
4	M0029A1	+1,276.5	22/12/95
5	M0320E1	+1,246.1	3/7/95
6	N0161E1	+1,228.6	6/4/96
7	M0567E1	+1,226.3	13/11/95
8	C0020A1	+1,218.3	23/12/87
9	J0307D1	+1,195.2	9/10/93

10	N0052E1	+1,168.2	3/2/96
11	K0008A1	+1,145.5	22/5/94
12	F0097D1	+1,108.8	31/1/90
13	M0393E1	+1,101.4	23/8/95
14	J0336E1	+1,089.5	11/11/93
15	M0598E1	+1,084.5	29/11/95

ตารางที่3-3 คุณค่าการผสมพันธุ์ของโคพ่อพันธุ์ที่เรียงค่าตามอันดับ(แสดงอันดับ 1-15)

อันดับ	ชื่อโคพ่อพันธุ์	Breeding value	Reliability
1	J AQUARIUS	+1,038.1	0.84
2	T.M.STARWALKER	+1,036.4	0.63
3	H.WASHINGTON	+968.7	0.62
4	V.V-R.BRUNO	+955.5	0.78
5	H.D.NICK	+831.4	0.39
6	JETMAN	+763.4	0.80
7	CARL	+668.4	0.61
8	F.P.MANDINGO	+650.2	0.66
8	REMBRANDT	+586.2	0.49
10	O.B.E.GAMBLER	+585.8	0.70
11	W.MARK	+558.8	0.36
12	I.P.TIDY	+537.3	0.78
13	W.R.CAJUN	+520.2	0.48
14	K.W.CHAIMAN	+508.1	0.17
15	A.MONTEGO	+451.8	0.15

ตารางที่3-4 ดัชนีพันธุ์ประวัติของโคสาวเรียงค่าตามอันดับ(แสดงอันดับ1-15)

อันดับ	หมายเลข	พ่อ	แม่	วันเกิด	Breeding value
1	P0200D1	T.M.STARWALKER	A0255B1	30/4/97	+792.7
2	P0444F1	L.W.GENERAL	J0355E1	16/8/97	+775.8
3	P0231E1	T.M.STARWALKER	F0616D1	13/5/97	+772.8
4	P0135E1	L.W.GENERAL	J0223D1	17/3/97	+751.1
5	P0115D1	T.M.STARWALKER	A0803B1	8/3/97	+731.3
6	Q0480F1	C.MARKET	J0351E1	24/9/98	+707.2
7	P0009E1	T.M.STARWALKER	F0595D1	8/1/97	+692.0
8	P0034F1	T.M.STARWALKER	C2405E1	24/1/97	+663.7
9	Q0020F1	L.W.GENERAL	M0320E1	9/1/98	+643.9
10	Q0018A1	C.MARKET	M0029A1	15/8/98	+638.2
11	P0273E1	T.M.STARWALKER	D0535D1	3/6/97	+633.4

12	P0028E1	T.M.STARWALKER	F0211D1	18/1/97	+630.5
13	P0311E1	T.M.STARWALKER	H0111D1	26/6/97	+619.4
14	P0242E1	L.W.GENERAL	J0307D1	19/5/97	+618.4
15	P0176F1	T.M.STARWALKER	F0862E1	23/4/97	+616.5

ตารางที่3-5 ค่าเฉลี่ยของคุณค่าการผสมพันธุ์ของแม่โคนมระหว่างปี2530-2542

ปี	จำนวนแม่โคนม(ตัว)	ค่าเฉลี่ยคุณค่าการผสมพันธุ์ ของลักษณะผลผลิตน้ำนม(ก.ก.)
2530	844	+71.90
2531	744	+85.28
2532	629	+45.04
2533	1,592	+18.40
2534	1,950	+15.97
2535	2,357	+0.43
2536	2,223	-16.23
2537	1,716	+9.73
2538	1,758	+43.31
2539	1,728	+64.93
2540	1,388	+97.88
2541	900	+148.23

ตารางที่3-6 ค่าเฉลี่ยคุณค่าการผสมพันธุ์ของโคพ่อพันธุ์ที่ใช้ผสมพันธุ์ระหว่างปี 2528-2540

ปี	จำนวนโคพ่อพันธุ์ที่ใช้ (ตัว)	ค่าเฉลี่ยคุณค่าการผสมพันธุ์ของ ปริมาณน้ำนม (ก.ก.)
2528	6	+220.09
2529	7	-97.44
2530	22	-178.52
2531	15	-148.94
2532	15	-165.46
2533	9	-371.35
2534	13	-58.58
2535	18	+130.52
2536	17	+89.52
2537	15	+224.58
2538	9	+460.45

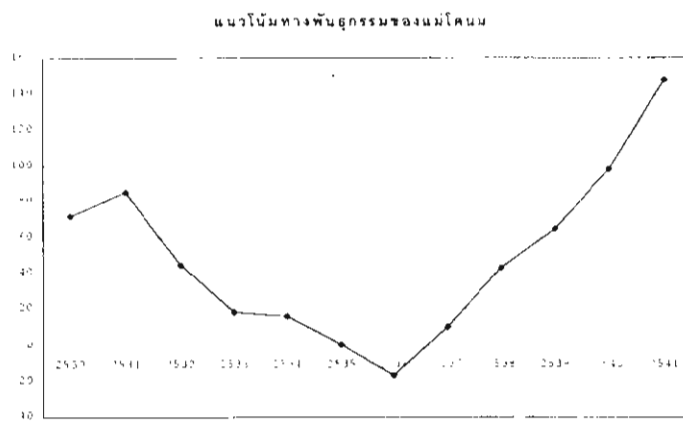
5. การประมาณค่าความเชื่อถือของคุณค่าผสมพันธุ์ (reliability)

ค่าความแม่นยำ (accuracy) ในการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์โดยปกติทั่วไปคือค่าสหสัมพันธ์ (correlation, r) ระหว่างคุณค่าผสมพันธุ์จริง (true breeding values) และค่าประมาณของคุณค่าผสมพันธุ์ (predicted breeding value) ที่คำนวณได้ อย่างไรก็ตามในการประมาณค่าทางพันธุกรรมในโคนม ค่าความแม่นยำจะถูกแสดงในรูปของค่าความเชื่อถือของคุณค่าผสมพันธุ์ ซึ่งเป็นค่ากำลังสอง (square) ของค่าสหสัมพันธ์ระหว่างคุณค่าผสมพันธุ์จริงและค่าประมาณ (r^2) การคำนวณค่า r หรือ r^2 จะได้จากค่า diagonal ของเมตริกซ์ผกผันของสมการแบบหุ่นจำลองผสม (Mrode, 1996)

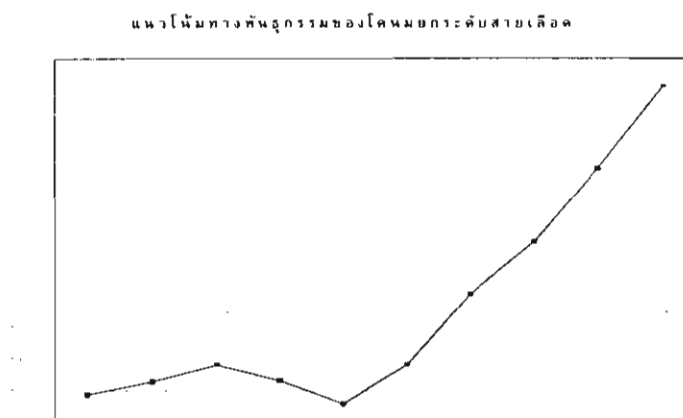
6. การวิเคราะห์ความก้าวหน้าทางพันธุกรรมของปริมาณผลผลิตน้ำนม

แผนการผสมพันธุ์โคนมของฟาร์มโชคชัยในช่วงปี 2530 ถึง 2541 ฝูงโคนมพันธุ์แท้ที่นำเข้าจากต่างประเทศ แผนการผสมพันธุ์จะคงตั้งระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเชียน 100% ไว้และในฝูงโคนมผสมชาฮิวาลฟรีเชียนระดับสายเลือด 50% ที่นำเข้าจากต่างประเทศ แผนการผสมพันธุ์ของโคนมฝูงนี้ จะใช้วิธีการผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเชียนขึ้น เพื่อปรับปรุงพันธุ์ให้โคนมมีความสามารถในการให้ผลผลิตน้ำนมสูงขึ้น ความก้าวหน้าทางพันธุกรรมหรือแนวโน้มทางพันธุกรรมคือการเปลี่ยนแปลงคุณค่าการผสมพันธุ์ต่อหน่วยเวลาที่เปลี่ยนไป หรือการเปลี่ยนแปลงคุณค่าการผสมพันธุ์ต่อปี การคำนวณความก้าวหน้าทางพันธุกรรมทำได้โดยวิเคราะห์รีเกรสชันระหว่างค่าเฉลี่ยคุณค่าการผสมพันธุ์ของแต่ละลักษณะที่ทำการศึกษากับระยะเวลา (Kaplon et al., 1991) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป SAS พบว่าจากช่วงปี 2534 ถึง 2538 ซึ่งเป็นช่วงที่มีการใช้น้ำเชื้อแช่แข็งจากโคพ่อพันธุ์ที่คุณค่าการผสมพันธุ์สูงมาใช้ในการผสมพันธุ์ ทำให้มีความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (ΔG) ของปริมาณผลผลิตน้ำนมในช่วงปี 2536 ถึง 2541 เท่ากับ 31.67 กิโลกรัมต่อปี ($R^2 = 0.98$) และในส่วนของความก้าวหน้าทางพันธุกรรมของโคนมที่ได้รับการผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือด ในเวลาเดียวกันเท่ากับ 40.3 กิโลกรัมต่อปี ($R^2 = 0.99$) ความก้าวหน้าทางพันธุกรรมของโครีดนมทั้งหมด โคนมพันธุ์ผสมที่เกิดจากแผนการผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือดและโคพ่อพันธุ์แสดงไว้ในแผนภาพที่ 1 2 และ 3 ตามลำดับ ประกอบกับในช่วงเวลาดังกล่าว ฟาร์มโชคชัยได้ปรับปรุงการจัดการฟาร์มและด้านพืชอาหารสัตว์ให้มีคุณภาพสูงขึ้น โดยการปลูกข้าวโพดเพื่อตัดสดและทำข้าวโพดหมัก (corn silage) การสำรองหญ้าแห้งคุณภาพสูง เพื่อใช้เลี้ยงโคนม ตั้งแต่ปี 2534 เป็นต้นมา จึงทำให้โคนมที่มีความสามารถทางด้านพันธุกรรมสูง สามารถให้ผลผลิตได้เต็มที่ตามความสามารถทางด้านพันธุกรรม แนวโน้มของสภาพแวดล้อมมีความแปรปรวนไปในแต่ละปี แต่อย่างไรก็ตามแนวโน้มของสภาพแวดล้อมมีแนวโน้มที่ดีขึ้นหรือเอื้ออำนวยต่อการเลี้ยงโคนมตั้งแต่ปี 2534 เป็นต้นมา แนวโน้มของสภาพแวดล้อมในช่วงปี 2532 ถึง 2541 แสดงในแผนภาพที่ 4

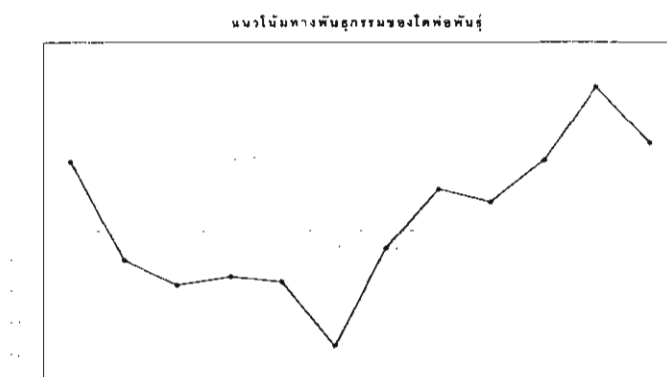
แผนภาพที่ 1 แนวโน้มทางพันธุกรรมของแม่โคนมในช่วงปี 2530 ถึง 2541



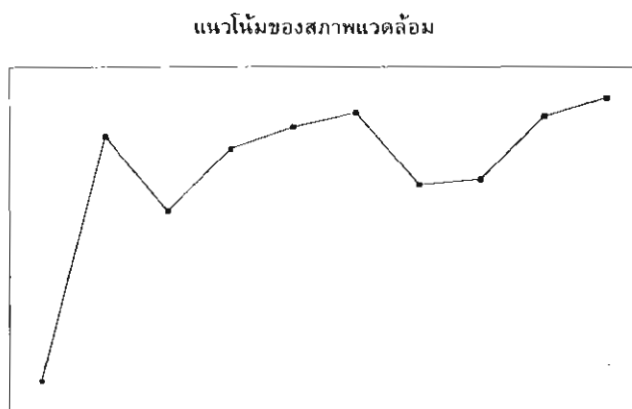
แผนภาพที่ 2 แนวโน้มทางพันธุกรรมของโคกระบะดับสายเลือดในช่วงปี 2536 ถึง 2541



แผนภาพที่ 3 แนวโน้มทางพันธุกรรมของโคฟอพันธุ์ที่ใช้ผสมพันธุ์ระหว่างปี 2528 ถึง 2539



แผนภาพที่ 4 แนวโน้มของสภาพแวดล้อม ในช่วงปี 2532 ถึง 2541



การวิเคราะห์คุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะรูปร่างโคนม ขั้นตอนในการดำเนินการ

ประมาณองค์ประกอบของความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของลักษณะรูปร่างของโคนมแบบเส้นตรง (linear type traits) จำนวน 4 ลักษณะได้แก่ รูปร่างที่เป็นโคนม (Dairy form, DF) ความลึกของร่างกาย (Body depth, BD) ความแข็งแรงของร่างกาย (Strength, SN) และความสูงของร่างกาย (Stature, ST) โดยวิธี multitraits Restricted Maximum Likelihood, multitraits REML โดยใช้ multiple diagonalization และ repeatability model เพื่อนำค่าองค์ประกอบความแปรปรวนไปประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์โดยวิธี BLUP แบบ repeatability ใน animal model การประเมินแม่โค (cow evaluation) กระทำโดยเจ้าหน้าที่ของฟาร์มเป็นการให้คะแนนแบบเส้นตรงโดยจะทำการให้คะแนนหลังแม่โคคลอด 1 เดือน การให้คะแนนแบบเส้นตรงผู้ให้คะแนนจะพิจารณารูปร่างของโคนมลักษณะต่างๆ ในช่วงคะแนน (score) +5 ถึง -5 โดยที่ลักษณะที่ต้องการจะได้คะแนนสูง (+5) ส่วนลักษณะที่เป็นข้อด้อยเป็นลักษณะที่ต้องการปรับปรุงจะได้คะแนนต่ำ (-5) ซึ่งแตกต่างจากระบบการให้คะแนนของสมาคมโฮลสไตน์แห่งสหรัฐอเมริกา (Holstein-Friesian Association of America) ที่ช่วงคะแนนอยู่ระหว่าง +1 ถึง +5 (Holstein Association U.S.A) หรือระบบการให้คะแนนของสมาคมโฮลสไตน์แห่งแคนาดา ที่ช่วงคะแนนอยู่ระหว่าง +1 ถึง +9 (Holstein association of Canada)

อย่างไรก็ตามมีลักษณะรูปร่างโคนมบางลักษณะเช่นมุมของข้อเท้าโค เกณฑ์ที่ต้องการจะอยู่ที่ค่าเฉลี่ย กล่าวคือไม่ตรงเกินไป (too straight) หรือโค้งงอเกินไป (too sickle) รายละเอียดของลักษณะต่างๆ จำนวน 4 ลักษณะของโคนมที่ทำการศึกษาโดยการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนและประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์มีดังนี้

1. Dairy Frame, DF รูปร่างที่เป็นโคนม

เป็นการมองจากด้านหลังของแม่โค โดยดูความกว้างของลำตัวแม่โค โดยมองจากความกว้างของซี่โครงด้านซ้ายและด้านขวา

Open rib คือ ลำตัวของแม่โคมีความกว้างมาก โดยซี่โครงจะเปิดกว้างออกมาทั้ง 2 ข้าง

Tight rib คือลำตัวของแม่โคมีความแคบมากโดยซี่โครงทั้ง 2 ข้างจะปิด

2. Body depth, BD ความลึกของลำตัวแม่โค

เป็นการดูความจุของลำตัวแม่โค โดยดูจากด้านข้างจะมองเห็นเป็นรูปสามเหลี่ยม

Deep หมายถึงแม่โคมีความจุลำตัวลึกมาก มีข้างท้ายของลำตัวหนามาก ทำให้มองเป็นรูปสามเหลี่ยม

Shallow หมายถึงแม่โคมีความจุลำตัวตื้นมากจะมองออกเป็นรูปสี่เหลี่ยมผืนผ้ามากกว่า

3. Strength, SN ความแข็งแรงของรูปร่าง

เป็นการดูความแข็งแรงของแม่โคจากรูปร่างโดยรวมของแม่โค

Strong เป็นการดูโดยรอบตัวของแม่โค เช่น ทำยืนต้องสง่า หลังเป็นแนวตรง มุมองศาของขาต้องตั้ง ขนเรียบเป็นมัน เป็นต้น

Frail ตรงกันข้ามกับ Strong

4. Stature, ST ความสูงของแม่โค

ความสูงของแม่โค โดยต้องเหมาะสมกับส่วนประกอบของร่างกายอื่นๆ ด้วย เช่น ใบหน้า ช่วงขา ช่วงลำตัว เป็นต้น โดยไม่ได้ระบุเป็นหน่วยวัดออกมาเป็นเซนติเมตร แต่วัดจากความรู้สึกของผู้ให้คะแนน

Tall สูง

Short เตี้ย

การวิเคราะห์ทางสถิติ

แบบหุ่นจำลองผสมที่ 1 สำหรับวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะรูปร่างโคนม
จำนวน 4 ลักษณะ

$$y_{ijkm} = s_i + a_j + p_j + h_k + l_m + b_1(x_1 - \bar{x}_1) + b_2(x_1 - \bar{x}_1)^2 + e_{ijkm}$$

โดยที่ y_{ijkm} = ลักษณะรูปร่างโคนมตัวที่ j ซึ่งได้รับอิทธิพลปี-ฤดูกาลที่ i

ระดับสายเลือดโฮลสไตน์ที่ k ลำดับการคลอดที่ m

s_i = อิทธิพลคงที่ของปี-ฤดูกาลที่ i

a_j = อิทธิพลสุ่มของอำนาจของยีนแบบบวกสะสมของโคนมตัวที่ j

p_j = อิทธิพลสุ่มของอำนาจยืนแบบไม่บวกสะสมของโคนมตัวที่ j

h_k = อิทธิพลคงที่ระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียนที่ k

l_m = อิทธิพลคงที่ของลำดับการคลอดที่ m

b_1, b_2 = ค่าสัมประสิทธิ์สมการถดถอย (partial regression coefficient)

$(x_1 - \bar{x}_1)$ = ส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของอายุเมื่อให้คะแนน (appraisal ages)

$(x_1 - \bar{x}_1)^2$ = ส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของ(อายุเมื่อให้คะแนน)²

e_{ijkm} = อิทธิพลสุ่มอื่นๆ (error) หรือ residual effect

ผลการวิจัย

1. การวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวน ความแปรปรวนร่วมและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์

ข้อมูลรูปร่างลักษณะโคนมของโคนมพันธุ์แท้และโคนมพันธุ์ผสมที่เกิดจากการผสมแบบยกระดับสายเลือด 4 ลักษณะจำนวน 2,242 บันทึกของโคนมจำนวน 1,048 ตัว ตามตารางที่3-7 แสดงโครงสร้างของข้อมูล ค่าเฉลี่ย ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานและพิสัยของชุดข้อมูล

ตารางที่3-7 แสดงจำนวนบันทึกข้อมูล ค่าเฉลี่ย ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานและพิสัยของชุดข้อมูล

Traits	N	Mean	S.D.	Max.	Min.
DF	2242	0.13	0.42	1.50	-2.00
BD	2242	0.23	0.40	1.50	-1.50
SN	2242	-0.06	0.34	1.50	-2.00
ST	2242	-0.02	0.38	1.50	-2.00

วิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมแบบ Multivariate ใน repeatability animal model ได้ค่าความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของอำนาจของยืนแบบบวกสะสม ของลักษณะโคนม 4 ลักษณะตามตารางที่3-8

ตารางที่3-8 ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมเนื่องจากอำนาจของยืนแบบบวกสะสมของลักษณะรูปร่างโคนม

Traits	DF	BD	SN	ST
DF	0.70341	0.54998	0.27890	0.51723
BD	0.54998	0.76817	0.31025	0.66465
SN	0.27890	0.31025	0.51377	0.13769
ST	0.51723	0.66465	0.13769	0.73014

ในส่วนของการแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของอำนาจของยีนแบบไม่บวกสะสมและอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมแบบถาวร แสดงในตารางที่3-9

ตารางที่3-9 ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของอำนาจของยีนแบบไม่บวกสะสมและอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมแบบถาวรของลักษณะรูปร่างโคนม

Traits	DF	BD	SN	ST
DF	4.85201	5.73859	1.04795	2.53144
BD	5.73859	7.56006	0.91624	2.88390
SN	1.04795	0.91624	2.47657	1.76460
ST	2.53144	2.88390	1.76460	6.76600

และค่าความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมแบบชั่วคราว แสดงในตารางที่3-10

ตารางที่3-10 ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมแบบชั่วคราวของลักษณะรูปร่างโคนม

Traits	DF	BD	SN	ST
DF	13.38626	3.59726	1.71433	0.38138
BD	3.59726	10.34968	2.22002	1.22054
SN	1.71433	2.22002	9.19955	1.21606
ST	0.38138	1.22054	1.21606	7.53580

2.การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมและค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและค่าสหสัมพันธ์ปรากฏของลักษณะรูปร่างโคนม

ความสัมพันธ์ร่วมในทางพันธุกรรมระหว่างสองลักษณะหรือสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีสาเหตุจากการที่ยีนตำแหน่งหนึ่งมีผลในการควบคุมลักษณะมากกว่าหนึ่งลักษณะ (pleiotropy) และจากการที่ยีนหรือกลุ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะทั้งสองมีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมตัวเดียวกัน (linkage) จากสาเหตุหลังนี้ยีนจะถ่ายทอดไปด้วยกัน จะแยกจากกันก็ต่อเมื่อเกิดการแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซม(crossing over)เท่านั้น ความสัมพันธ์ร่วมของอิทธิพลจากพันธุกรรมต่อลักษณะทั้งสองอาจเป็นแบบสนับสนุนซึ่งกันและกัน (synergistic effect) คือการคัดเลือกเน้นในลักษณะหนึ่งจะมีผลทำให้อีกลักษณะหนึ่งดีขึ้นด้วยหรืออาจเป็นแบบตรงกันข้าม (antagonistic effect) นั่นคือการคัดเลือกเพื่อปรับปรุงลักษณะหนึ่งจะมีผลทำให้อีกลักษณะหนึ่งเลวลง (สมชัย, 2530) และจากค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนที่คำนวณได้ สามารถ

คำนวณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะที่ทำการศึกษาได้จากสูตรคำนวณดังนี้ (Falconer และ Mackay, 1996).

$$r_{gk} = \frac{COVg_1g_2}{\sqrt{Vg_1Vg_2}}$$

ค่าอัตราพันธุกรรม(ตามเส้นทแยงมุม) ค่าสหสัมพันธ์ปรากฏ (ใต้เส้นทแยงมุม) และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (เหนือเส้นทแยงมุม) สำหรับลักษณะรูปร่างโคนม 4 ลักษณะ แสดงในตารางที่3-11

ตารางที่3-11 อัตราพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ปรากฏและสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะรูปร่างโคนม

Traits	DF	BD	SN	ST
DF	0.256	0.948	0.302	0.442
BD	0.526	0.405	0.212	0.403
SN	0.200	0.228	0.203	0.431
ST	0.203	0.285	0.230	0.450

3.ค่าอัตราซ้ำ อัตราซ้ำของลักษณะรูปร่างโคนมจำนวน 4 ลักษณะ แสดงในตารางที่3-12

ตารางที่3-12 อัตราซ้ำของลักษณะรูปร่างโคนม

Traits	r^2	σ_c^2	σ_a^2	σ_p^2
DF	0.293	13.39	0.7029	4.853
BD	0.446	10.35	0.7678	7.561
SN	0.245	9.200	0.5125	2.478
ST	0.499	7.536	0.7298	6.766

4.การประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์

คุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะรูปร่างโคนมจำนวน 4 ลักษณะของโคฟอพันธุ์จำนวน 57 ตัวและโคนมเพศเมียจำนวน 4,015 ตัวที่ประมาณได้จาก animal model มีค่าเฉลี่ย ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่าต่ำสุดและค่าสูงสุด แสดงในตารางที่3-13 และ3-14 ตามลำดับ

ตารางที่3-13 คุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะรูปร่างโคนมของโคพ็อพันธุ์

Traits	n	Mean	S.D.	Max.	Min.
DF	57	0.11	0.11	0.31	-0.09
BD	57	0.15	0.14	0.41	-0.11
SN	57	-0.02	0.07	0.16	-0.25
ST	57	0.08	0.16	0.49	-0.30

ตารางที่3-14 คุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะรูปร่างโคนมของโคเพศเมีย

Traits	n	Mean	S.D.	Max.	Min.
DF	4015	0.10	0.10	0.58	-0.33
BD	4015	0.16	0.13	0.74	-0.39
SN	4015	-0.04	0.06	0.25	-0.45
ST	4015	-0.03	0.12	0.60	-0.65

บทวิจารณ์

การประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์โคนม

ค่าอัตราพันธุกรรมปริมาณน้ำนมที่วิเคราะห์ได้มีค่าเท่ากับ 0.25 ช่วงของการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนม (สมชัย , 2530) มีค่าเท่ากับ 0.25 – 0.40 ค่าอัตราพันธุกรรมความยาวระยะรีดนมเท่ากับ 0.02 ค่าอัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนมและความยาวระยะรีดนมเท่ากับ 0.40 และ 0.20 ตามลำดับและช่วงของค่าอัตราพันธุกรรม (สมชัย , 2530) มีค่าเท่ากับ 0.40 ถึง 0.60 และ 0.20 ถึง 0.35 สำหรับปริมาณน้ำนมและความยาวระยะรีดนมตามลำดับ

ค่าอัตราพันธุกรรมปริมาณน้ำนมที่ประมาณได้อยู่ในเกณฑ์ค่อนข้างสูงและการให้ผลผลิตน้ำนมเป็นลักษณะที่ค่าอัตราพันธุกรรมสูง เมื่อพิจารณาถึงแนวทางการปรับปรุงพันธุ์ฝูงโคนมของฟาร์มโชคชัยแล้ว ชี้ให้เห็นว่าในฝูงโคนมมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมสูง การคัดเลือกภายในฝูงโคนมจะเป็นวิธีการที่เหมาะสมที่จะใช้เพื่อการปรับปรุงผลผลิตน้ำนมให้สูงขึ้น ส่วนค่าอัตราพันธุกรรมความยาวระยะรีดนม มีรายงานการศึกษาน้อยมาก Sang และคณะ(1986) ศึกษาในโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเชียนที่ประเทศเกาหลี จากจำนวนข้อมูล 1,954 บันทึกประมาณค่าโดยวิธี Paternal half-sibs correlation มีค่าเท่ากับ 0.10 ± 0.04 ซึ่งอยู่ในเกณฑ์ปานกลาง แต่การศึกษาครั้งนี้พบว่าอยู่ในเกณฑ์ต่ำและอัตราซ้ำอยู่ในเกณฑ์ปกติ ค่าสังเกตของลักษณะความยาวระยะรีดนมมีความแปรปรวนสูง สาเหตุเนื่องมาจากการปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมของโคนมพันธุ์ผสมที่มีระดับสายเลือดโฮลสไตน์สูงขึ้น และสุขภาพโคนมที่มีผลทำให้ไม่สามารถรีดนมได้หรือการที่โคนมมีปัญหาของการผสมไม่ติด อย่างไรก็ตามลักษณะที่มีรายงาน

ว่าค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในเกณฑ์ปานกลางหรือต่ำแต่เป็นลักษณะที่ไม่มีอิทธิพลของเฮเทอโรซิส การปรับปรุงพันธุ์ควรจะพิจารณาการใช้ประโยชน์การผสมข้ามแบบใดแบบหนึ่ง ส่วนลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำและไม่มีอิทธิพลของเฮเทอโรซิสและไม่มีรายงานในสัตว์ฝูงอื่นๆว่าเป็นลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูง ควรเน้นการปรับปรุงด้านสภาพแวดล้อมต่างๆ เช่น การให้อาหาร การจัดการ หรือระบบสุขภาพเป็นต้น เนื่องด้วยค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะความยาวระยะรีดนมต่ำ การวิจัยครั้งนี้จึงมิได้ประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ไว้ อย่างไรก็ตาม Reo และ Nagarcenkar (1979) รายงานว่าระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียนที่สูงขึ้นจะมีอิทธิพลต่อความยาวระยะรีดนม ดังนั้นการผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือดด้วยโคพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเซียน เป็นการปรับปรุงพันธุ์ให้โคนมมีความยาวระยะรีดเพิ่มขึ้น ซึ่งเป็นการสอดคล้องกับแผนผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือดของฟาร์ม

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะรูปร่างโคนมจำนวน 4 ลักษณะซึ่งได้แก่ รูปร่างที่เป็นโคนม ความลึกของร่างกาย ความแข็งแรงและความสูงมีค่าเท่ากับ 0.26 0.41 0.20 และ 0.45 ตามลำดับ ซึ่งอยู่ในเกณฑ์สูงสำหรับลักษณะรูปร่างโคนมบางลักษณะเช่น ความลึกของร่างกายและความสูงของร่างกาย ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะรูปร่างโคนมที่วิเคราะห์ได้ของฟาร์มโชคชัยมีค่าใกล้เคียงกับค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะเดียวกันที่วิเคราะห์โดยสมาคมโฮลสไตน์สหรัฐอเมริกาที่แสดงในตารางที่3-15 อย่างไรก็ตามเมื่อพิจารณาถึงช่วงคะแนนของลักษณะรูปร่างโคนมที่ใช้กันอยู่นั้นจะแตกต่างกันทั้งนี้ ขึ้นอยู่กับสมาคมผู้บำรุงพันธุ์โคต่างๆ หรือประเทศต่างๆ ที่ได้กำหนดขึ้น แต่หากพิจารณาถึงค่าอัตราพันธุกรรม จะสามารถเปรียบเทียบกันได้ เนื่องจากค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้เป็นสัดส่วนของความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมต่อความแปรปรวนทั้งหมด โดยมีได้ขึ้นอยู่กับหน่วยหรือคะแนนที่ใช้ในการวัด

ตารางที่3-15 ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะรูปร่างโคนมบางลักษณะ

ลักษณะรูปร่าง	อัตราพันธุกรรม ¹	อัตราพันธุกรรม ²
DF	0.29	0.26
BD	0.37	0.41
SN	0.31	0.20
ST	0.42	0.45

หมายเหตุ

- 1 = ค่าอัตราพันธุกรรมของสมาคมโฮลสไตน์สหรัฐอเมริกา
- 2 = ค่าอัตราพันธุกรรมของฟาร์มโชคชัย

คุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะรูปร่างโคนมที่ประมาณได้มีค่าต่ำ ทั้งอาจเนื่องมาจากแผนการผสมพันธุ์และการคัดเลือกของฟาร์มที่ผ่านมาไม่ได้เน้นในด้านลักษณะรูปร่างมากนัก เมื่อเปรียบเทียบกับคัดเลือกทางด้านปริมาณผลผลิตน้ำนม สาเหตุอีกประการหนึ่งอาจเนื่อง

มาจาก แผนผสมพันธุ์ของฟาร์มจะเป็นการผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือดโคนมพันธุ์ผสมสายเลือดโคอินเดีย(ชาฮิวาล)ให้มีระดับสายเลือดโฮลสไตน์สูงขึ้น ดังนั้นจะเน้นรูปร่างของโคยกระดับสายเลือด จะไม่สูงหรืออยู่ในเกณฑ์ที่ต้องการมากนัก เมื่อเปรียบเทียบกับโคนมโฮลสไตน์พันธุ์แท้ในต่างประเทศที่วางแผนผสมพันธุ์และคัดเลือกลักษณะรูปร่าง ต่อเนื่องเป็นระยะยาวนาน อย่างไรก็ตามเมื่อพิจารณาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่างๆ ที่มีค่าสูงนั้น แล้วจะเห็นได้ว่า สามารถวางแผนผสมพันธุ์และคัดเลือกลักษณะเพื่อปรับปรุงให้ลักษณะนั้นดีขึ้นได้ Norman และคณะ(1988) ได้รายงานว่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างปริมาณผลผลิตน้ำนมกับลักษณะรูปร่างโคนมมีค่าในช่วงต่ำถึงปานกลาง ยกเว้นลักษณะความจุของร่างกายจะอยู่ในเกณฑ์สูง (0.53 ถึง 0.77) ในการวิจัยครั้งนี้ไม่ได้ศึกษาค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะผลผลิตน้ำนมกับลักษณะรูปร่างโคนม แต่พบว่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของลักษณะรูปร่างที่เป็นโคนม (DF) และลักษณะความจุของร่างกาย (BD) มีค่าสูงถึง 95% ดังนั้นการคัดเลือกลักษณะรูปร่างโคนมลักษณะใดลักษณะหนึ่งจะส่งผลให้อีกลักษณะหนึ่งดีขึ้นด้วย

อย่างไรก็ตามยังไม่มีทฤษฎีที่สามารถอธิบายการตอบสนองต่อการคัดเลือกด้วยวิธีการใช้คุณค่าการผสมพันธุ์ที่ประมาณโดย Animal model ที่ใช้ข้อมูลของความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ทั้งหมดและการคัดเลือกที่กระทำซ้ำๆกันในฝูงสัตว์ที่อยู่ในเอนเนอเรนที่เหลื่อมกัน ถึงแม้ว่าข้อสมมุติฐานของความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ถูกกำหนดขึ้นจากการถ่ายทอดลักษณะต่างๆ Belonsky และ Kennedy (1988) อ้างอิงใน Kennedy (1989) ได้ใช้วิธีซิมูเลชัน (simulation) ทำการเปรียบเทียบผลตอบสนองที่คาดว่าจะได้รับการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จาก animal model กับการคัดเลือกแบบปกติที่คัดเลือกจากลักษณะปรากฏ โดยกำหนดฝูงปรับปรุงพันธุ์สุกรที่มีแม่พันธุ์จำนวน 100 ตัวและพ่อพันธุ์จำนวน 4 ตัว โดยทำการคัดเลือกลักษณะเดียวลักษณะหนึ่งที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่างๆกันที่ 0.10 0.30 หรือ 0.60 เป็นระยะเวลา 10 ปี วิธีการคัดเลือกแบ่งออกเป็นสองวิธีคือ

- 1.สัตว์ที่คัดออกจากฝูงปรับปรุงพันธุ์จะถูกพิจารณาจากอายุและความสมบูรณ์ของระบบสืบพันธุ์ โดยมีได้คัดเลือกจากพันธุกรรมของลักษณะที่คัดเลือกนั้น การประเมินจะคิดจากลักษณะปรากฏที่แปรปรวนไปจากค่าเฉลี่ยของเพื่อนร่วมฝูง (Contemporary)

- 2.การคัดสัตว์ออกจากฝูงปรับปรุงพันธุ์ จะกระทำได้ตลอดเวลาหากมีสัตว์ทดแทนที่คุณค่าการผสมพันธุ์ที่สูงกว่าอยู่ในฝูง การประเมินจะใช้วิธี BLUP ภายใต้ Animal model

เมื่อพิจารณาถึงความแตกต่างของผลตอบสนองที่คาดว่าจะได้รับ จะเห็นได้ว่าที่ค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ ($h^2=0.10$) จะเห็นได้ว่าการคัดเลือกโดยวิธี BLUP จะให้ผลตอบสนองต่อการคัดเลือกได้สูงกว่าการคัดเลือกโดยใช้ลักษณะปรากฏภายใต้การคัดเลือกโดยใช้คุณค่าการผสมพันธุ์และไม่ใช้เท่ากับ 80% และ 50% ตามลำดับ ซึ่งแสดงไว้ในตารางที่3-16 และในวิธีการซิมูเลชันเดียวกันนี้ลักษณะที่สามารถวัดได้เฉพาะในเพศเมียเช่นจำนวนลูกต่อครอก ผลตอบสนองที่คาดว่าจะได้รับยังมีความแตกต่างมากขึ้นจากการคัดเลือกทั้งสองแบบ

ตารางที่ 3-16. ค่าเฉลี่ยของคุณค่าการผสมพันธุ์ของรุ่นลูกที่เกิดจากวิธีการคัดเลือกที่แตกต่างกัน

Heritability	Selection method			
	No genetic culling		Genetic culling	
	Phenotypic	BLUP	Phenotypic	BLUP
0.10	0.58 ± 0.03	0.90 ± 0.03	0.78 ± 0.03	1.41 ± 0.05
0.30	1.78 ± 0.05	2.22 ± 0.06	2.40 ± 0.06	3.14 ± 0.07
0.60	3.59 ± 0.09	3.95 ± 0.10	5.10 ± 0.08	5.31 ± 0.07

แหล่งที่มา : Kennedy (1989)

ผลกระทบอีกอย่างหนึ่งของการคัดเลือกสัตว์โดยใช้คุณค่าการผสมพันธุ์และกระทำได้อย่างต่อเนื่องหากมีสัตว์ทดแทนในฝูง จะส่งผลทำให้ระยะห่างระหว่างเบนเนอร์ชันลดลง และผลการตอบสนองที่ได้รับจะเพิ่มขึ้น 34 ถึง 57% ขึ้นอยู่กับค่าอัตราพันธุกรรมและวิธีการคัดเลือก ดังนั้นจึงสามารถสรุปได้ว่าการคัดเลือกโคนมไว้ทำพันธุ์ต่อไปในฝูงโคนมของฟาร์ม สามารถกระทำได้โดยวิธีการใช้คุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะที่ต้องการจะปรับปรุงเป็นเครื่องช่วยในการคัดเลือกและการจับคู่ผสมพันธุ์ จะเป็นวิธีที่สามารถปรับปรุงให้โคนมในฟาร์มมีผลผลิตสูงขึ้น และสามารถนำไปสู่การสร้างโคนมไทยฟรีเซียนในที่สุด

ความเป็นมาและความสำคัญของการวิจัย

แนวการปรับปรุงพันธุ์โคนมของประเทศได้กำหนดให้โคนมพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเซียนเป็นโคนมพันธุ์หลักที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ และเนื่องจากสภาพการเลี้ยงดูและการจัดการฟาร์มโคนมของเกษตรกรมีความแตกต่างกัน ดังนั้นแผนการผสมพันธุ์โคนมสำหรับเกษตรกรรายใหม่หรือผู้ที่เริ่มต้นเลี้ยงโคนม ภาครัฐจะแนะนำให้เลี้ยงโคนมที่มีระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียนไม่เกิน 75% หรือโคนมสายพันธุ์ไทยมิลค์กิงซีบู (Thai Milking Zebu, TMZ) ในส่วนของเกษตรกรที่มีความรู้ความชำนาญในการเลี้ยงโคนมสูง มีความต้องการที่จะเลี้ยงดูโคนมที่มีระดับสายเลือดโฮลสไตน์สูงกว่า 75% หรือโคนมที่มีระดับสายเลือดใกล้เคียงพันธุ์แท้ แผนการผสมพันธุ์จะใช้โคนมสายพันธุ์ไทยฟรีเซียน (Thai Friesian, TF) ซึ่งเกิดจากการแผนการผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือด ด้วยโคพ่อพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเซียน โคนมสายพันธุ์ TF มีกระจายทั่วไปทั่วประเทศ โดยเฉพาะในเขตที่มีการพัฒนาโคนมมานานแล้ว เกษตรกรดังกล่าวจะประสบการณในการเลี้ยงโคนมสูงเช่น ในเขตส่งเสริมการเลี้ยงโคนมขององค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อ.ส.ค.) ที่มวกเหล็ก สหกรณ์โคนมหนองโพและเชียงใหม่เป็นต้น โคนมสายพันธุ์นี้สามารถให้ผลผลิตน้ำนมได้สูงกว่าพันธุ์ TMZ และ Australian Friesian Sahiwal, AFS ดังนั้นการวิเคราะห์ระดับสายเลือดโฮลสไตน์ที่เหมาะสมสำหรับปริมาณผลผลิตน้ำนม สำหรับฟาร์มโคนมที่มีการจัดการฟาร์มดี สามารถนำผลที่ได้จากการวิเคราะห์ดังกล่าว ไปใช้เป็นแนวทางสำหรับแผนการผสมพันธุ์โคนมของฟาร์มโชคชัยเองและแผนการผสมพันธุ์โคนมสายพันธุ์ TF ของประเทศต่อไป

ขั้นตอนในการดำเนินการ

การศึกษาในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์ที่จะวิเคราะห์หาระดับสายเลือดโฮลสไตน์ที่เหมาะสมในการให้ผลผลิตน้ำนมในฟาร์มโคนมที่มีระดับการจัดการสูงและปริมาณผลผลิตน้ำนมในฝูงโคนมพันธุ์แท้และโคนมพันธุ์ผสมระดับสายเลือดโฮลสไตน์ต่างๆกันของฟาร์มโชคชัย การวิเคราะห์ใช้ข้อมูลของฟาร์มที่จัดบันทึกปริมาณน้ำนมของโคนมระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียนต่างๆซึ่งเป็นข้อมูลชุดเดียวกับการวิเคราะห์คุณค่าการผสมพันธุ์ในบทที่ 3 เพื่อวิเคราะห์หาอิทธิพลของปัจจัยต่างๆที่มีผลต่อปริมาณน้ำนมได้แก่ ระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียน ปีและฤดูกาลคลอด ลำดับของการคลอด อายุเมื่อคลอดลูกและความยาวระยะให้นม และเนื่องจำนวนข้อมูลในชั้นย่อย (sub class) มีจำนวนไม่เท่ากันจึงทำการวิเคราะห์แบบ Least Squares Analysis ของ Harvey (1975) โดยกำหนดให้อายุเมื่อคลอดลูกเป็นตัวแปรร่วม (covariate) ในสมการอันดับที่

สองหรือสมการควอดราติกเรกเรชัน (quadratic regression) เพื่อหาค่าและเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยลีสต์สแควร์ (least square mean) ของปริมาณผลผลิตน้ำนม ความยาวระยะให้นม อายุเมื่อให้ลูกตัวแรกโดยโปรแกรมสำเร็จรูป SAS (Statistical analysis system) ด้วย PROC GLM

การวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ

แบบหุนจำลองที่ใช้ในการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลีสต์สแควร์ของลักษณะที่มีสำคัญทางเศรษฐกิจต่างๆ ของโคนม ในแบบหุนจำลองการวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติจะประกอบด้วยปัจจัยชนิดคงที่มีอิทธิพลต่อลักษณะที่ทำการศึกษ และเนื่องจากอายุของแม่โคที่คลอดลูกมีความแตกต่างกันถึงแม้จะอยู่ในลำดับการคลอด (parity) เดียวกันและค่าสังเกตของลักษณะที่ศึกษาเช่นผลผลิตน้ำนม ความยาวระยะรีดนมจะลดลงเมื่อแม่โคมีอายุมากขึ้นหรือผ่านวัยที่ร่างกายเจริญเติบโตเต็มที่แล้ว (mature) ดังนั้นในการวิเคราะห์ข้อมูลชุดนี้จะเพิ่มปัจจัยของอายุเมื่อคลอดลูกของแม่โคแบบ linear และ quadratic เป็นตัวแปรร่วม (covariate variables) ในแบบหุนจำลองการวิเคราะห์ข้อมูล (Suzuki และ Van Vleck, 1994) เช่นเดียวกับการวิเคราะห์ลักษณะผลผลิตน้ำนมจะใช้ความยาวระยะรีดนมเป็นตัวแปรร่วมในการวิเคราะห์ข้อมูลโดยมิได้ใช้แฟกเตอร์ที่ประมาณมาจากประชากรอื่นมาทำการปรับข้อมูลก่อนทำการวิเคราะห์ ซึ่งมีแบบหุนจำลองทางสถิติเพื่อวิเคราะห์ลักษณะต่างๆ ดังนี้

แบบหุนจำลองที่ 1 สำหรับการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยลีสต์สแควร์ของลักษณะผลผลิตน้ำนมในแต่ละปี
ค่าเฉลี่ยผลผลิตน้ำนมในแต่ละระดับสายเลือด

$$y_{ijklm} = \mu + y_i + s_j + p_k + h_l + b_1(x_1 - \bar{x}_1) + b_2(x_1 - \bar{x}_1)^2 + b_3(x_2 - \bar{x}_2) + e_{ijklm}$$

เมื่อ y_{ijklm} = ค่าสังเกตของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมของแม่โคนมตัวที่ m ระดับสายเลือด

โฮลสไนด์ฟรีเขียนที่ l ลำดับการคลอดที่ k และปีที่ i และฤดูกาลคลอดที่ j

μ = ค่าเฉลี่ยของลักษณะเป็นอิทธิพลร่วมที่ค่าสังเกตทุกค่าได้รับ (overall mean)

y_i = อิทธิพลคงที่ของ ปีที่ i

S_j = อิทธิพลคงที่ของฤดูกาลคลอดที่ j

p_k = อิทธิพลคงที่ของลำดับการคลอดที่ k

h_l = อิทธิพลคงที่ของระดับสายเลือดโฮลสไนด์ฟรีเขียนที่ l

b_1, b_2, b_3 = ค่าสัมประสิทธิ์สมการถดถอย (partial regression coefficient)

$(x_1 - \bar{x}_1)$ = ส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของอายุเมื่อคลอดลูก

$(x_1 - \bar{x}_1)^2$ = ส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของ (อายุเมื่อคลอดลูก)²

$(x_2 - \bar{x}_2) =$ ส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของความยาวระยะให้นม

$e_{ijklm} =$ อิทธิพลสุ่มอื่นๆ (error) หรือ residual effect

แบบหุ่นจำลองที่ 2 สำหรับการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยสี่สัปดาห์ของความยาวระยะรีดนมในแต่ละระดับสายเลือด

$$y_{ijklm} = \mu + y_i + s_j + p_k + h_l + b_1(x_1 - \bar{x}_1) + b_2(x_2 - \bar{x}_2)^2 + e_{ijklm}$$

เมื่อ $y_{ijklm} =$ ค่าสังเกตของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมของแม่โคนมตัวที่ n ระดับสายเลือด

โฮลสไตน์ฟรีเชียนที่ i ลำดับการคลอดที่ k และปีที่ j และฤดูกาลคลอดที่ j

$\mu =$ ค่าเฉลี่ยของลักษณะเป็นอิทธิพลรวมที่ค่าสังเกตทุกค่าได้รับ (overall mean)

$y_i =$ อิทธิพลคงที่ของ ปีที่ i

$s_j =$ อิทธิพลคงที่ของฤดูกาลคลอดที่ j

$p_k =$ อิทธิพลคงที่ของลำดับการคลอดที่ k

$h_l =$ อิทธิพลคงที่ของระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเชียนที่ l

$b_1, b_2 =$ ค่าสัมประสิทธิ์สมการถดถอย (partial regression coefficient)

$(x_1 - \bar{x}_1) =$ ส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของอายุเมื่อคลอดลูก

$(x_1 - \bar{x}_1)^2 =$ ส่วนเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของ (อายุเมื่อคลอดลูก)²

$e_{ijklm} =$ อิทธิพลสุ่มอื่นๆ (error) หรือ residual effect

แบบหุ่นจำลองที่ 3 สำหรับการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยสี่สัปดาห์ของอายุเมื่อให้ลูกตัวแรก

$$y_{ijkn} = \mu + y_i + s_j + h_k + e_{ijkn}$$

เมื่อ $y_{ijkn} =$ ค่าสังเกตของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมของแม่โคนมตัวที่ n ระดับสายเลือด

โฮลสไตน์ฟรีเชียนที่ k และปีที่ i และฤดูกาลคลอดที่ j

$\mu =$ ค่าเฉลี่ยของลักษณะเป็นอิทธิพลรวมที่ค่าสังเกตทุกค่าได้รับ (overall mean)

$y_i =$ อิทธิพลคงที่ของ ปีที่ i

$s_j =$ อิทธิพลคงที่ของฤดูกาลคลอดที่ j

$h_k =$ อิทธิพลคงที่ของระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเชียนที่ k

$e_{ijkn} =$ อิทธิพลสุ่มอื่นๆ (error) หรือ residual effect

ผลการวิจัย

1. ค่าเฉลี่ยสี่สแควร์ (least square mean) ของลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจต่างๆ

การวิเคราะห์ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะที่ศึกษาแสดงไว้ในภาคผนวกตารางที่ 6-1 ถึง 6-3 ค่าเฉลี่ยของลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจได้แก่ปริมาณผลผลิตน้ำนม/ตัว/ระยะการรีดนมในช่วงปี 2530 ถึง 2541 ปริมาณผลผลิตน้ำนม/ตัว/ระยะการให้นม ในแต่ละระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเชียน ความยาวระยะรีดนมในแต่ละระดับสายเลือดและอายุเมื่อคลอดลูกตัวแรก (ages at first calving) ค่าเฉลี่ยต่างๆดังกล่าว ได้รับการปรับค่าเนื่องจากอิทธิพลต่างๆ ตามแบบหุ่นจำลองที่กล่าวมาแล้วข้างต้น แสดงไว้ในตารางที่ 4-1 ถึง 4-4 ตามลำดับ

ตารางที่ 4-1 ค่าเฉลี่ยของลักษณะผลผลิตน้ำนมในช่วงปี 2530-2541

ปี	ค่าเฉลี่ยปริมาณน้ำนม	S.E.
2530	3,053.42 ^a	74.03
2531	3,207.17 ^a	72.10
2532	3,294.14 ^a	71.15
2533	3,983.95 ^c	62.91
2534	3,781.08 ^b	60.57
2535	3,953.51 ^c	58.73
2536	4,001.21 ^c	58.21
2537	4,069.86 ^b	58.72
2538	3,829.63 ^d	58.94
2539	3,887.10 ^d	59.07
2540	4,083.01 ^b	60.27
2541	4,219.91 ^a	61.75

หมายเหตุ ตัวอักษรต่างกันแสดงความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P < 0.05$)

ตารางที่ 4-2 ค่าเฉลี่ยของปริมาณผลผลิตน้ำนมในแต่ละระดับสายเลือดโฮลสไตน์

ระดับสายเลือด	แหล่งกำเนิด	ค่าเฉลี่ยผลผลิตน้ำนม	S.E.
100%	ต่างประเทศ	4,451.19 ^a	77.54
50%	ต่างประเทศ	3,413.47 ^d	51.00
50%	ฟาร์ม	3,492.21 ^{cd}	70.00
62.5%	ฟาร์ม	4,464.12 ^a	167.71
75.0%	ฟาร์ม	3,729.49 ^b	51.96
87.5%	ฟาร์ม	3,654.96 ^c	56.33
93.75%	ฟาร์ม	3,521.10 ^{cd}	72.08
100%	ฟาร์ม	3,543.95 ^c	77.88

หมายเหตุ ตัวอักษรต่างกันแสดงความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P < 0.05$)

ตารางที่ 4-3 ค่าเฉลี่ยของความยาวระยะให้นมในแต่ละระดับสายเลือดโฮลสไตน์

ระดับสายเลือด	แหล่งกำเนิด	ค่าเฉลี่ยระยะการรีดนม	S.E.
100%	ต่างประเทศ	324.21 ^a	8.79
50%	ต่างประเทศ	218.63 ^a	5.74
50%	ฟาร์ม	239.53 ^b	8.60
62.5%	ฟาร์ม	287.22 ^{bcd}	19.01
75.0%	ฟาร์ม	273.57 ^d	5.88
87.5%	ฟาร์ม	288.69 ^c	6.39
93.75%	ฟาร์ม	301.61 ^b	8.16
100%	ฟาร์ม	303.38 ^b	8.25

หมายเหตุ ตัวอักษรต่างกันแสดงความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P < 0.05$)

ตารางที่ 4-4 ค่าเฉลี่ยของอายุเมื่อให้ลูกตัวแรกในแต่ละระดับสายเลือดโฮลสไตน์

ระดับสายเลือด	แหล่งกำเนิด	ค่าเฉลี่ยอายุเมื่อให้ลูกตัวแรก	S.E.
100%	ต่างประเทศ	48.77 ^b	0.80
50%	ต่างประเทศ	50.11 ^a	0.48
50%	ฟาร์ม	31.12 ^c	0.57
62.5%	ฟาร์ม	24.03 ^{de}	2.15
75.0%	ฟาร์ม	26.73 ^d	0.20
87.5%	ฟาร์ม	26.00 ^e	0.21
93.75%	ฟาร์ม	26.90 ^d	0.36
100%	ฟาร์ม	30.25 ^c	0.39

หมายเหตุ ตัวอักษรต่างกันแสดงความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P < 0.05$)

2. การวิเคราะห์ความก้าวหน้าของลักษณะปรากฏการให้ผลผลิตน้ำนม

การคำนวณความก้าวหน้าของลักษณะปรากฏการให้ผลผลิตน้ำนมทำได้โดยวิเคราะห์รีเกรชันระหว่างค่าเฉลี่ยลีสต์แอสควร์ของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมกับระยะเวลาด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป SAS พบว่าจากช่วงปี 2530 ถึง 2541 ความก้าวหน้าของลักษณะปรากฏ (ΔP) ของโคนมทั้งหมดเท่ากับ 87.44 กิโลกรัมต่อปี ($R^2 = 0.68$)

บทวิจารณ์

การวิเคราะห์ระดับเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียนที่เหมาะสม

การวางแผนการผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือดแม่โคพื้นฐานโคนมพันธุ์ผสมชาฮิวาลฟรีเซียนนั้น จากผลการวิเคราะห์ที่แสดงค่าเฉลี่ยลีสต์แอสควร์ของปริมาณผลผลิตน้ำนมในแต่ละระดับสายเลือดของโฮลสไตน์จาก 50% ถึง 93.75% ในตารางที่ 4-2 เท่ากับ 3,492.21 4,464.12 3,729.49 3521.10 และ 3,654.96 ตามลำดับนั้น จะเห็นได้ว่าค่าเฉลี่ยของน้ำนมจะเพิ่มสูงสุดที่

ระดับสายเลือดโคนมโฮลสไตน์ฟรีเชียน 62.5% และค่อยลดต่ำลงเมื่อระดับสายเลือดเพิ่มมากขึ้น ซึ่งสอดคล้องกันกับรายงานของผู้ที่ทำการศึกษาไว้ก่อนนี้เช่น Amble และ Jain (1966) ที่ทำการศึกษาอายุเมื่อให้ลูกตัวแรก ผลผลิตน้ำนมของระยะการให้น้ำนมครั้งแรก ระยะห่างของการให้ลูก และความคงทน ผลการศึกษาสรุปได้ว่าผลผลิตน้ำนมของโคนมพันธุ์ผสมที่มีระดับสายเลือด 50% และ 62.5% จะให้ผลผลิตสูงกว่าโคนมระดับสายเลือดอื่น Katpatal (1970) ได้ศึกษาผลผลิตน้ำนมของโคนมพันธุ์ผสมระหว่างชาฮิวาลและโฮลสไตน์ฟรีเชียนที่มีระดับสายเลือดของโฮลสไตน์ฟรีเชียนระหว่าง 31.25% ถึง 93.75% พบว่าโคนมพันธุ์ผสมที่มีระดับสายเลือด 50% จะมีการเจริญเติบโตที่ดีกว่าและพบว่าค่าเฉลี่ยลิสต์สแควร์ของผลผลิตน้ำนมที่ระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเชียนที่เหมาะสมคือ 62.5% อย่างไรก็ตามจำนวนโคนมพันธุ์ผสมที่มีระดับสายเลือด 62.5% ที่มีอยู่ในการศึกษาต่างๆ ส่วนมากจะมีจำนวนไม่มากนักทั้งนี้เนื่องจากโคนมระดับสายเลือดนี้เกิดขึ้นจากการผสมพันธุ์ระหว่างโคพ่อพันธุ์ระดับสายเลือด 75% และโคแม่พันธุ์ระดับสายเลือด 50% หรือสลับกันระหว่างระดับสายเลือดโคพ่อพันธุ์และโคแม่พันธุ์ แต่ในสภาพแผนการผสมพันธุ์จริงในฟาร์มโคนมแล้ว จะมีปัญหาในการผลิตโคนมระดับสายเลือด 62.5% อย่างมาก ทั้งนี้เนื่องจากไม่มีโคพ่อพันธุ์ที่มีระดับสายเลือด 75% หรือ 50% ที่ผ่านการทดสอบลูกหลาน (progeny test) หรือมีความสามารถทางพันธุกรรมสูงๆ ได้ เป็นที่น่าสังเกตว่าการวิเคราะห์แบบลิสต์สแควร์เป็นการวิเคราะห์ที่ใช้ในกรณีที่ค่าสังเกตในชั้นย่อยมีจำนวนไม่เท่ากัน และในการศึกษาครั้งนี้จำนวนโคนมระดับสายเลือด 62.5% มีจำนวนน้อยมากเมื่อเปรียบเทียบกับระดับสายเลือดอื่นๆ ค่าเฉลี่ยลิสต์สแควร์ที่คำนวณได้มีค่า standard error สูงกว่าระดับสายเลือดอื่นๆ มาก

การศึกษานี้และการศึกษาต่างๆ ในต่างประเทศดังกล่าว เป็นการนำข้อมูลทั้งหมดของบันทึกผลผลิตน้ำนมของโคนมพันธุ์ผสมระดับสายเลือดต่างๆ ที่มีอยู่ในฟาร์ม นำมาวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของปริมาณผลผลิตน้ำนมที่เพิ่มขึ้นจากช่วงระดับสายเลือด 50% ถึง 62.5% นั้นเนื่องจากผลของอำนาจยีนแบบบวกสะสมที่เพิ่มขึ้นเนื่องจากการผสมกลับด้วยพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเชียนและอิทธิพลของเฮเทอโรซิสที่เกิดขึ้นจากการผสมข้ามพันธุ์ยังคงมีสัดส่วนอยู่ในเกณฑ์สูงไม่ลดลงมากเหมือนกับในโคนมระดับสายเลือด 75 ถึง 93.75% ซึ่งเฮเทอโรซิสหรือความแข็งแรงที่เกิดจากการผสมข้าม มีผลต่อความสามารถในการให้ผลผลิตน้ำนมของโคนมอย่างมาก ค่าเฉลี่ยของผลผลิตน้ำนมลดลงจากช่วงระดับสายเลือดมากกว่า 62.5 ถึง 93.75% แม้ว่าอำนาจยีนแบบบวกสะสมเพิ่มขึ้นทุกช่วงของการผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือด แต่ในทางตรงกันข้ามผลของเฮเทอโรซิส ลดลงอย่างมากในทุกช่วงของการผสมเช่นกัน สัดส่วนของยีนจากโคพันธุ์ยุโรปที่และผลของเฮเทอโรซิสแสดงไว้ในตารางที่ 4-5 ซึ่งแสดงให้เห็นอย่างชัดเจนว่าในขณะที่ระดับเลือดโฮลสไตน์เพิ่มขึ้นจาก 50% เป็น 62.5% เฮเทอโรซิสลดจากระดับที่สูงที่สุด (ที่ระดับสายเลือด 50%) เพียงเล็กน้อย แต่จะลดลงอย่างมากหลังจากระดับสายเลือดโฮลสไตน์สูงเกินกว่า 75% ไปแล้ว

ตารางที่ 4-5 แสดงสัดส่วนของเฮตเทอโรซิสที่คงเหลือในโคนมระดับสายเลือดต่างๆ

สัดส่วนของยีนจาก		สัดส่วน เฮตเทอโรซิส
โคยุโรป	โคอินเดีย	
0.1250	0.8750	0.219
0.2500	0.7500	0.375
0.3750	0.6250	0.469
0.5000	0.5000	0.500
0.6250	0.3750	0.469
0.7500	0.2500	0.375
0.8750	0.1250	0.219
0.9375	0.0625	0.117

แหล่งที่มา : Dickerson (1973)

แต่ในสภาพการดำเนินงานในฟาร์มโคนมนั้น มีการคัดโคนม (culling) ออกจากฝูงเป็นระยะๆ เช่น หลังหย่านม เมื่ออายุ 1 ปี โควสาว โครีดนมระยะการให้นมครั้งที่ 1 หรือ 2 เป็นต้น การคัดเลือกโคที่ให้ผลผลิตต่ำ โคนมที่ไม่สามารถปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมออกจากฝูงและการเลือกใช้โคพ่อพันธุ์ที่คุณค่าการผสมพันธุ์สูงในแผนการผสมพันธุ์ ดังแผนภาพที่ 3 ที่แสดงแนวโน้มทางพันธุกรรมของโคพ่อพันธุ์ที่ใช้ผสมพันธุ์ระหว่างปี 2528 ถึง 2539 ทำให้มีความก้าวหน้าทางพันธุกรรมของปริมาณผลผลิตน้ำนมในช่วงปี 2536 ถึง 2541 ในอัตรา 31.67 กิโลกรัม/ปี ดังแผนภาพที่ 1 ที่แสดงแนวโน้มทางพันธุกรรมของแม่โคนมในช่วงปี 2530 ถึง 2541 อย่างไรก็ตาม โคนมพันธุ์ผสมที่ให้ผลผลิตน้ำนมสูงสุดในฟาร์มเป็นโคนมที่มีระดับสายเลือด 75% และ 87.5% สอดคล้องกับรายงานของ Bhat และคณะ (1978) ที่รายงานว่า โคนมพันธุ์ผสมระหว่างโฮลสไตน์ฟรีเชียนและซาฮิวาลที่เกิดจากโคพ่อพันธุ์แท้ โดยมีระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเชียนระหว่าง 6.25 ถึง 98.44% พบว่าผลผลิตน้ำนมต่อระยะการให้นมและความยาวของระยะให้นมเพิ่มมากขึ้นจนระดับสายเลือด 59.375% อย่างไรก็ตาม อายุเมื่อให้ลูกตัวแรกน้อยที่สุดและผลผลิตน้ำนมสูงที่สุดเป็นโคนมระดับสายเลือด 98.44%

การปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมสามารถแสดงให้เห็นในรูปของผลผลิตน้ำนมของโคนมพันธุ์แท้โฮลสไตน์ฟรีเชียน 2 กลุ่มคือกลุ่มที่นำเข้าจากต่างประเทศและกลุ่มที่เกิดในฟาร์ม พบว่าโคนมพันธุ์แท้ที่นำเข้าจากต่างประเทศ ให้ผลผลิตน้ำนมสูงที่สุดในระยะการให้นมครั้งแรกและลดลงในระยะการให้นมครั้งต่อไป ซึ่งผิดปรกติจากลักษณะการให้นมของโคนมโดยทั่วไปที่น้ำนมจะเพิ่มขึ้นในระยะการให้นมครั้งที่ 2 และสูงสุดเมื่อระยะการให้นมที่ 3 หรือ 4 หรือเมื่ออายุถึงระยะโตเต็มวัย (mature) และหลังจากนั้นก็ลดลง ซึ่งลักษณะดังกล่าวค่อนข้างใกล้เคียงกับโคนมพันธุ์แท้ที่เกิดขึ้นในฟาร์ม ค่าเฉลี่ยผลผลิตน้ำนมต่อระยะการให้นมของโคนมทั้งสองกลุ่มแสดงไว้ในตารางที่ 4-6

ตารางที่ 4-6 ค่าเฉลี่ยลิสต์สแควร์ปริมาณน้ำนมของโคนมพันธุ์แท้โฮลสไตน์ฟรีเชียน

ระยะการให้นม	นำเข้าจากต่างประเทศ	เกิดในฟาร์ม
1	5,469.70	3,999.68
2	4,276.47	4,273.36
3	3,809.24	4,244.65
4	3,567.64	4,608.76
5	3,018.82	4,885.50
6	2,921.01	4,368.29

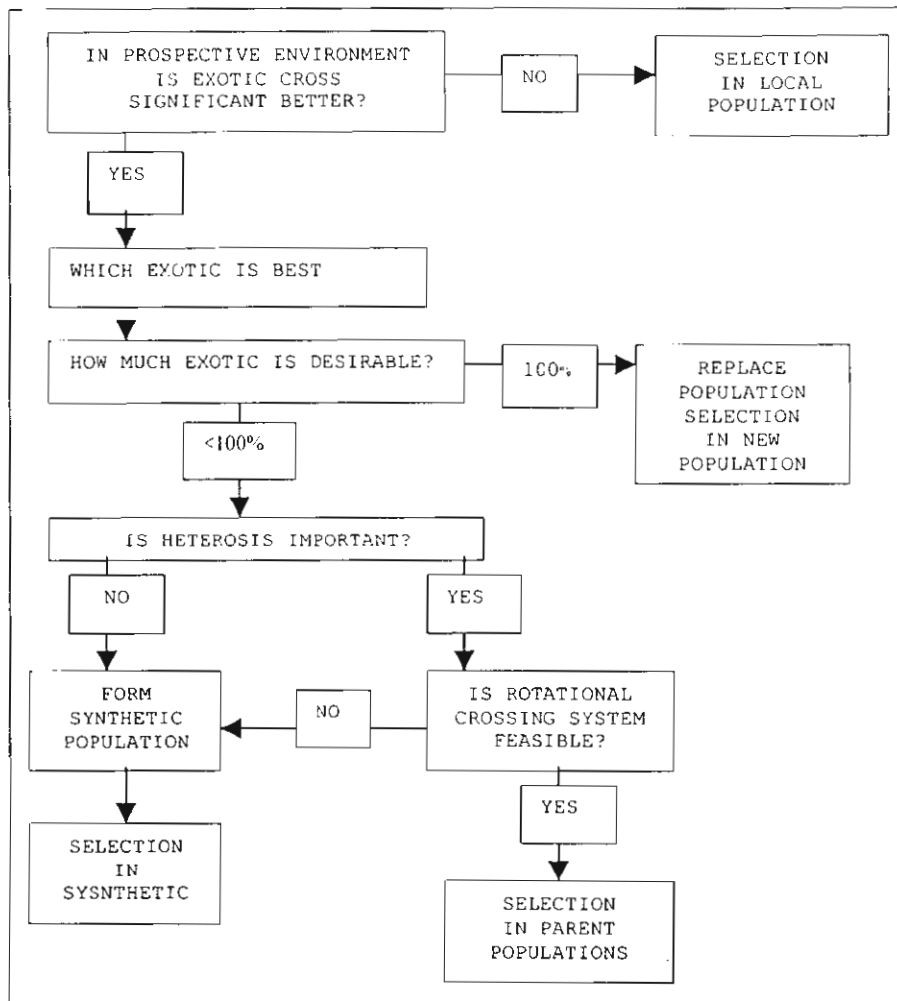
และสอดคล้องกับรายงานของ Madsen และ Vinther (1975) โคนมพันธุ์เรดเดนพันธุ์แท้ที่นำเข้าจากประเทศเดนมาร์กเมื่อเป็นโคสาวและนำมาเลี้ยงดูที่ฟาร์มโคนมไทย-เดนมาร์กที่องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทยที่อำเภอมวกเหล็ก จังหวัดสระบุรี ให้ผลผลิตน้ำนมโดยเฉลี่ยสูงกว่าโคนมพันธุ์เรดเดนพันธุ์แท้ที่เกิดในประเทศถึง 50% แต่จะให้ผลผลิตน้ำมน้อยกว่าในระยะการให้นมครั้งที่ 2 ทั้งนี้โคนมพันธุ์แท้ที่นำเข้าจากต่างประเทศอาจเกิดความเครียดเนื่องจากความร้อนและความเครียดเนื่องจากความร้อนทำให้โคนมมีความต้องการพลังงานสูงขึ้นเพื่อการระบายความร้อนออกจากร่างกาย การลดลงของอัตราการเจริญเติบโต ผลผลิตน้ำนมและสมรรถนะทางด้านการสืบพันธุ์ เนื่องจากปริมาณอาหารที่โคนมกินได้จะลดลงเมื่ออุณหภูมิที่ได้รับใกล้เคียงหรือสูงกว่าระดับความร้อนวิกฤต (critical heat) มีผลกระทบอย่างมากต่อสมรรถนะทางด้านการให้ผลผลิตของโคนมที่กำลังให้น้ำนมหรือโคขุน ปริมาณอาหารในรูปของวัตถุแห้ง (dry matter) ที่โคนมสามารถกินได้จะลดลงเมื่ออุณหภูมิเฉลี่ยของแต่ละวันเท่ากับ 25 ถึง 27 องศาเซลเซียส ที่อุณหภูมินี้ปริมาณอาหารที่โคนมกินได้จะลดลงอย่างมาก อย่างไรก็ตามปัจจัยอื่นๆของสภาพภูมิอากาศ เช่น ความเร็วลม ความชื้น และการแผ่รังสีความร้อนมีผลกระทบโดยตรงต่อโคนมภายใต้สิ่งแวดล้อมตามธรรมชาติและความสัมพันธ์กันระหว่างอุณหภูมิของสิ่งแวดล้อมกับปริมาณอาหารที่กินได้ (Beede et al., 1985) อุณหภูมิของสิ่งแวดล้อมที่สูงขึ้นทำให้โคนมเริ่มกินอาหารลดลงและมีผลกระทบต่อส่วนประกอบของอาหารที่โคนมได้รับ ตัวอย่างเช่นในการจัดการเลี้ยงโคนม อย่างประณีตภายใต้โรงเรือน จะได้รับผลกระทบจากอุณหภูมิที่เพิ่มขึ้นน้อยกว่าโคนมที่ปล่อยออกไปแทะเล็มในแปลงหญ้า ทั้งนี้กิจกรรมการแทะเล็มของโคจะลดลงเนื่องจากโคพยายามที่จะรักษาความสมดุลของความร้อนของร่างกายไว้

ค่าเฉลี่ยลิสต์สแควร์ของความยาวระยะรีดนมมีแนวโน้มให้เห็นอย่างชัดเจนว่าเมื่อระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเชียนเพิ่มมากขึ้นโคนมจะมีความสามารถในการให้น้ำนมยาวนานขึ้นเช่นเดียวกับอายุเมื่อให้ลูกตัวแรกมีแนวโน้มลดลงในโคนมที่มีระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเชียนสูงขึ้น สอดคล้องกับรายงาน Taneja และ Bhat (1978) ที่รายงานว่าพันธุ์ของโคพ่อพันธุ์มีนัยสำคัญต่ออายุเมื่อให้ลูกตัวแรก ความยาวของระยะให้นมครั้งแรก Reo และ Nagarcenkar (1979) รายงานว่าระดับสายเลือดโฮลสไตน์ที่สูงขึ้นจะมีอิทธิพลต่อความยาวระยะให้นมของโคนม

จากผลการวิเคราะห์ระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียนที่เหมาะสมของฟาร์มโชคชัยเมื่อนำไปพิจารณาร่วมกับแผนการปรับปรุงพันธุ์โคนมพันธุ์ผสมและการคัดเลือกโคนมในเขตร้อนชื้น (strategic options involving crossbreeding and selection) ที่เสนอโดย Cunningham (1987) แสดงไว้ในแผนภาพที่ 4 พบว่าในสภาพโดยทั่วไปของฟาร์มโชคชัยและฟาร์มโคนมเกษตรกรรายย่อยอื่นๆ การผสมข้ามระหว่างโคนมพันธุ์พื้นเมืองหรือโคนมพันธุ์ผสมโคสายเลือดอินเดียและโคนมสายพันธุ์ต่างประเทศโดยเฉพาะโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเซียนหรือโคนมพันธุ์ขาว-ดำแล้ว ทำให้ปริมาณผลผลิตน้ำนมของโคนมพันธุ์ผสมสูงขึ้น การนำเข้าโคนมพันธุ์แท้โฮลสไตน์ฟรีเซียนจากต่างประเทศมาเลี้ยงในสภาพร้อนชื้นของประเทศไทย โคนมพันธุ์แท้ดังกล่าวไม่สามารถให้ปริมาณผลผลิตน้ำนมสูงที่สุด ดังนั้นแผนการผสมพันธุ์และปรับปรุงพันธุ์โคนมควรเป็นระดับสายเลือดที่น้อยกว่า 100% หรือโคนมพันธุ์ผสมที่มีระดับสายเลือดสูงจนใกล้พันธุ์แท้ โดยการยกระดับสายเลือด โดยหวังความดีเด่นในเรื่องการทนทานต่อความร้อน (heat tolerance) การทนโรคและแมลงในเขตร้อนชื้นที่โคนมที่เกิดจากการผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือดเหล่านั้นได้รับการถ่ายทอดจากโคพันธุ์พื้นเมืองหรือโคอินเดีย การผสมแบบยกระดับสายเลือดทำให้ระดับของเฮตเทอโรซีลลดลง

แผนการผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือดโดยการคัดเลือกโคที่ให้ผลผลิตสูงไว้ทำพันธุ์และการคัดโคนมที่ให้ผลผลิตต่ำเนื่องจากพันธุกรรมหรือไม่ทนทานต่อสภาพแวดล้อมออกจากฝูง พร้อมกับการปรับปรุงด้านการจัดการ โดยเฉพาะการใช้พืชอาหารสัตว์คุณภาพสูงเลี้ยงโคนม ทำให้มีความก้าวหน้าของลักษณะปรากฏและลักษณะทางพันธุกรรมของผลผลิตน้ำนมของโคนมที่เกิดจากการผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือด ซึ่งแสดงให้เห็นอย่างชัดเจนว่ามีอิทธิพลของเฮตเทอโรซีลอยู่ไม่มาก หากแต่เป็นผลของอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมของลักษณะผลผลิตน้ำนม ที่เพิ่มขึ้นเนื่องมาจากการผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือดโดยการผสมด้วยโคพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเซียนแท้ และเป็นการสอดคล้องกับรายงานของ Cunningham (1981) ว่าผลของเฮตเทอโรซีลในฟาร์มที่มีระดับการจัดการ ดีมีผลต่อปริมาณน้ำมน้อยกว่าผลของเฮตเทอโรซีลที่เกิดขึ้นในฟาร์มที่การจัดการไม่ดี

แผนภาพที่ 4 แผนการปรับปรุงพันธุ์โคนมพันธุ์ผสมและการคัดเลือก



แหล่งที่มา: Cunningham (1981)

ข้อเสนอแนะ

1. เมื่อพิจารณาถึงสภาพความพร้อมของการดำเนินงานในฟาร์มและการถ่ายทอดเทคโนโลยีในการวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุกรรมโคนม ที่โครงการวิจัยระบบการผลิตและการประเมินคุณค่าทางพันธุกรรมของโคนมไทยภายใต้การผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือดได้ถ่ายทอดให้ฟาร์มโซคชัยมีความสามารถในการวิเคราะห์ข้อมูลของฟาร์มเองและสามารถดำเนินการเองได้ในแต่ละปี ทำให้สามารถใช้ข้อมูลคุณค่าการผสมพันธุ์ของโคนมแต่ละตัวเป็นดัชนีในการคัดเลือกโคนมไว้ขยายพันธุ์ของฟาร์มได้ต่อไป

2. ในการวิเคราะห์ข้อมูลของฟาร์มในการวิจัยครั้งนี้ มิได้รวมลูกโคเพศผู้ที่ทางฟาร์มคัดเลือกไว้เพื่อใช้เป็นโคพ่อพันธุ์ของฟาร์มทั้งการผสมพันธุ์แบบธรรมชาติและการรีดน้ำเชื้อเพื่อใช้ในการผสมเทียมภายในฟาร์มเอง ในการวิเคราะห์ข้อมูลที่จะดำเนินการของฟาร์มเอง ควรจะได้

พิจารณานาลูกโคเพศผู้ที่เกิดจากพ่อแม่ที่มีคุณค่าการผสมพันธุ์สูง เข้าไว้ในไฟล์พันธุ์ประวัติเพื่อ
การประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ใช้ข้อมูลจากความสัมพันธ์ทางเครือญาติ คุณค่าการผสม
พันธุ์ที่ได้จะเป็นดัชนีพันธุ์ประวัติที่สามารถใช้เป็นเกณฑ์ในการคัดเลือกลูกโคเพศผู้ของฟาร์มเอง
ไว้เป็นพ่อพันธุ์ต่อไป ทำให้ประหยัดค่าเลี้ยงดูโคเพศผู้ที่จะต้องเก็บไว้จำนวนมากๆ ได้และความ
แม่นยำในการคัดเลือกจะสูงกว่า

3. ฟาร์มโคนมโซคชัยได้จำหน่ายโคสาวให้แก่ฟาร์มโคนมเกษตรรายย่อยต่างๆ เป็น
จำนวนมากทั่วประเทศ รวมทั้งการจำหน่ายโคสาวไปยังประเทศเพื่อนบ้านในภูมิภาคนี้ด้วย
ฟาร์มควรที่จะพิจารณาถึงการจับข้อมูลของโคเหล่านั้นด้วยเพื่อการวิเคราะห์ค่าพารามิเตอร์
ทางพันธุศาสตร์ที่สำคัญต่างๆ ในลักษณะ cross-herd genetic evaluation ซึ่งจะให้ผลแม่นยำ
ยิ่งขึ้นและสามารถใช้เป็นตัวแทนของประชากรโคนมระดับประเทศได้

4. เมื่อพิจารณาถึงการพัฒนากระบวนการจัดเก็บข้อมูลเพื่อปรับปรุงฝูงโคนม (Dairy Herd
Improvement, DHI) ในภาคเอกชน นอกเหนือจากโครงการ DHI ที่ดำเนินการโดยกรมปศุสัตว์
ภาครัฐแล้ว จะเห็นว่าบริษัทโซคชัยแดรี่ฟาร์ม มีศักยภาพที่จะสามารถเริ่มดำเนินการในเชิงธุรกิจ
ได้ในฟาร์มรายย่อยต่างๆ ที่ได้กล่าวไปแล้วในข้อ 3 เช่นเดียวกันกับที่ดำเนินการในต่างประเทศ
โดยมีโปรแกรมการบริการข้อมูลด้านการจัดการฟาร์มต่างๆ เช่นรายงานการกลับสัด กำหนด
คลอดของโค กำหนดวันแท้งนมเป็นต้น ซึ่งจะเป็นการช่วยการพัฒนาโคนมของประเทศให้บรรลุ
ตามเป้าหมายที่ได้กำหนดไว้ได้รวดเร็วขึ้น

Glossary

อัตราพันธุกรรม (Heritability, h^2) คือสัดส่วนของความแปรปรวนในลักษณะใดลักษณะหนึ่งซึ่งเกิดจากจากพันธุกรรมต่อค่าของความแปรปรวนทั้งหมด ค่าอัตราพันธุกรรมจะมีค่าได้ตั้งแต่ 0.0 ถึง 1.0 ลักษณะใดถูกควบคุมด้วยพันธุกรรมมากขึ้นเท่าไร ก็ยิ่งจะเป็นตัวชี้ให้เห็นเด่นชัดว่าลักษณะนั้นที่สัตว์สามารถแสดงออกได้ (phenotype) เป็นลักษณะที่สร้างขึ้นโดยพันธุกรรมของสัตว์ตัวนั้น ความหมายในอีกนัยหนึ่งของค่าอัตราพันธุกรรมก็คือสัดส่วนของค่าเฉลี่ยของความเหนือกว่าหรือความด้อยกว่าของพ่อแม่ซึ่งในสภาพความเป็นจริงแล้วสามารถเป็นได้ทั้งสองทางที่สามารถถ่ายทอดไปยังรุ่นลูกได้ ส่วนค่าของ 1- ค่าอัตราพันธุกรรม ก็เป็นค่าอีกค่าหนึ่งที่เป็นประโยชน์ ซึ่งค่านี้สามารถใช้เป็นตัวชี้ให้เห็นว่า ลักษณะนั้นถูกควบคุมด้วยปัจจัยอื่นๆที่ไม่ใช่พันธุกรรม ปัจจัยอื่นๆดังกล่าวที่สามารถพบได้เสมอคือ สภาพของสิ่งแวดล้อมต่างๆ ที่เกิดจากอิทธิพลของการจัดการ

อัตราซ้ำ (Repeatability, r) คือสัดส่วนของความแปรปรวนที่มีผลมาจากพันธุกรรมรวมและจากสภาพแวดล้อมถาวร ต่อค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏทั้งหมด เป็นลักษณะที่สัตว์ตัวหนึ่งสามารถจะแสดงลักษณะปรากฏได้หลายครั้งและค่าความคล้ายคลึงกันของลักษณะปรากฏจากการแสดงออกหลายๆครั้งสามารถวัดได้ในค่าของอัตราซ้ำ เช่นลักษณะการให้น้ำนมของแม่โคนมจำนวนหลายแลคเตชัน

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (Genetic correlation, r_G) คือการที่ยีนตำแหน่งหนึ่งมีผลในการควบคุมลักษณะมากกว่าหนึ่งลักษณะ (pleiotropy) และจากการที่ยีนหรือกลุ่มของยีนที่ควบคุมลักษณะทั้งสองมีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมเดียวกัน (linkage) และสามารถถ่ายทอดไปด้วยกันจะแยกออกจากกันก็ต่อเมื่อเกิดการแลกเปลี่ยนโครโมโซมเท่านั้น (crossing over) ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสองลักษณะ อาจเป็นแบบสนับสนุนกันเช่นการเน้นการคัดเลือกลักษณะหนึ่งจะส่งผลให้อีกลักษณะหนึ่งดีด้วย หรือเป็นแบบตรงกันข้ามเช่นการคัดเลือกเพื่อปรับปรุงลักษณะหนึ่งให้ดีขึ้นมีผลให้อีกลักษณะหนึ่งเลวลง

สหสัมพันธ์ปรากฏ (Phenotypic correlation, r_p) คือความสัมพันธ์ของลักษณะสองลักษณะที่ไม่ได้เกิดขึ้นจากสาเหตุของพันธุกรรม แต่เป็นความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะสองลักษณะของสัตว์ที่เกิดขึ้นเนื่องจากการที่ได้รับอิทธิพลของสภาพสิ่งแวดล้อมที่เหมือนกัน

canonical transformation คือวิธีการสร้างเมตริกซ์พิเศษขึ้นมาเพื่อที่จะแปลงค่าสังเกตต่างๆ ที่เกี่ยวข้องหรือสัมพันธ์กับลักษณะต่างๆหลายลักษณะที่จะทำการวิเคราะห์ ให้เป็นตัวแปรใหม่ และตัวแปรใหม่นี้จะถูกวิเคราะห์แบบลักษณะเดี่ยวปกติ แต่เมื่อได้ผลลัพธ์แล้วค่าที่คำนวณได้จะต้องแปลงกลับโดยใช้สเกลของค่าสังเกตเดิม

เฮตเทอโรซิส (Heterosis) คือความแข็งแรงที่เกิดขึ้นในลูกผสมที่เกิดจากการผสมข้ามพันธุ์หรือที่เรียกอีกอย่างหนึ่งว่า hybrid vigor ความแตกต่างระหว่างพันธุ์ของพ่อแม่มีมากจะส่งผลให้เกิด

เฮดเทอโรซิสที่รุนแรงขึ้น หรืออาจอธิบายว่าเป็นปรากฏการณ์ที่ตรงกันข้ามกับความเสื่อมถอย
ลงของลักษณะต่างๆ ของสัตว์ที่เกิดขึ้นจากการผสมเลือดชิด (inbreeding)

เอกสารอ้างอิง

- รัชณี ดิยพันธุ์. 2536. การวิเคราะห์ความถดถอย.ภาควิชาสถิติ คณะวิทยาศาสตร์.
มหาวิทยาลัย เชียงใหม่. เชียงใหม่. 326 น.
- สมชัย จันทรสว่าง. 2530. การปรับปรุงพันธุ์สัตว์. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. กรุงเทพฯ.
505 น.
- สุวัฒน์ รัตนธนาชาติ. 2533. วิธีและเทคนิคการคำนวณด้วยบลัฟเพื่อประเมินคุณค่าทาง
พันธุกรรมของแม่โคขาวลำพูนสำหรับน้ำนม. วารสารเกษตร 6,2:128-134
(2533).
- ศรเทพ ชัมวาสร. 2532. ทฤษฎีการผสมพันธุ์สัตว์และการคัดเลือกพันธุ์ปศุสัตว์จากหลายประชา
กร. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. กรุงเทพฯ. 12 น.
- Amble, V.N. and Jain, J.P. 1967. Comparative performance of different grades of
crossbred cows on military farm in India. J. Dairy Sci. 50, 1695-1702.
- Beede, D. K., R. J. Collier, C. J. Wilcox and W. W. Thatcher. 1985. Effects of warm
climates on milk yield and composition (short-term effects). In: A. J. Smith (Ed.)
Milk Production in Developing Countries. Univ. of Edinburg, Scotland.
- Bhat, P.N., Taneja, V.K. and Garg, R.C. 1978. Effects of cross-breeding on
reproduction and production traits. Indian J. Dairy Sci. 48(2), 71-78.
- Boldman, K.G., L.A. Kriese, L.D. Van Vleck, C.P. Van Tassell and S.D. Kachman. 1995. A
Manual for Use of MTDFREML. A Set of programs to Obtain Estimates of
Variance and Covariance [Draft]. U.S. Department of Agriculture, Agriculture
Research Service.
- Campos, M.S., Wilcox, C.J., Becerril, C.M. and Diz, A. 1994. Genetics parameters for
yield and reproductive traits of Holstein and Jersey cattle in Florida. J. Dairy Sci.
77(3): 867-73.
- Chauhan, V.P. and Hayes, J.F. 1991. Genetic parameters for first milk production and
composition traits for Holstein using multivariate restricted maximum likelihood.
J. Dairy Sci. 74(2) :603-10.
- Cunningham, E.P. 1981. Selection and crossbreeding strategies in adverse
environments. In: "Animal Genetic Resource Conservation and Management",
pp. 279-288. FAO Animal Production and Health paper No.24. FAO, Rome.
- Cunningham, E.P. and Syrstad, O., 1987. Crossbreeding bos indicus and bos taurus for
milk production in the tropics. FAO animal production and health paper 68.

- Dhillon, J.S. and Jain, A.K. 1977. Comparison of Sahiwal and different grades of Holstein Friesian x Sahiwal crossbreds for efficiency of milk production. *Indian J. Dairy Sci.* 30(3), 214-217.
- Dickerson, G.E. 1973. Inbreeding and heterosis in animals. *Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symp. in Honor of Dr. Jay L. Lush*, pp. 54-77, Amer. Soc. Anim. Sci., Champaign, IL.
- Falconer, D.S., 1985. *Introduction to quantitative genetics*. Published by Longman, England.
- Falconer, D.S. and Trudy F.C. Mackay. 1996. *Introduction to quantitative genetics*. 4th Edition, Longman, Harlow, England.
- Fuerst, C. and Solkner, J., 1994. Additive and nonadditive genetic variances for milk yield, fertility, and lifetime performance traits of dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 77 (4):1114-25.
- Gengler, N., Wiggans, G.R., Wright, J.R., Norman, H.D., Wolfe, C.W. 1997. Application of canonical transformation with missing value to multitrait evaluation of Jersey type. *J. Dairy Sci.* 80(10) : 2563-71.
- Gengler, N., Wiggans, G.R., Wright, J.R., Norman, H.D., Wolfe, C.W. 1997. Estimation of (co)variance components for Jersey type traits using a repeatability model. *J. Dairy Sci.* 80(8) : 1801-6.
- Gengler, N. 1998. Multiple-trait animal model iteration program for solutions and reliabilities, using a simultaneous diagonalization of several (co)variances and accepting missing values. Gengler.n@fsagx.ac.be.
- Gengler, N., Wiggans, G.R. and Wright, J.R.. 1999. Animal model genetic evaluation of type traits for five dairy cattle breeds. *J. Dairy Sci.* 82(6) : 1350.
- Groeneveld, E. 1990. *PEST User's Manual*, Institute of Animal Husbandry and Behaviour Federal Agriculture Research Center (FAL), 31535 Neustadt1, Hoeltystr.10, Germany.
- Harris, B.L., Freeman, A.E. and Metzger, E., 1992. Genetic and phenotypic parameters for type and production in Guernsey dairy cows. *J. Dairy Sci.* 75(4):1147-53.
- Harvey, W.R. 1960 *Least-squares analysis of data with unequal subclass numbers*. U.S. Dept. Agr. Agricultural Research Service (publication) ARS 20.28.
- Harville, D.A., 1977. Maximum Likelihood approaches to variance component estimation and to related problems. *J. Amer. Stat. Assoc.* 72:320-340.

- Hayes, A.E. and Mao, I.L. 1987. Effects of parity ages and stage of lactation at classification on linear type scores of Holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 70(9) :1898-905.
- Hayes, J.F., Cue R.I. and Monardes, H.G. 1992. Estimates of repeatability of reproductive measures in Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 75(6):1701-6.
- Henderson, C.R. 1975. Use of all relatives in intraherd prediction of breeding values and producing abilities. *J.Dairy Sci.* 58:173.
- Henderson, C.R. 1984. Applications of linear models in animal breeding. Univ. Guelph, Guelph, Ont., Can. 455 p.
- Holstein Canada. Beauty&Utility. Holstein association of Canada, box 610, Brantford, Ontario N3T 5R4 519-756-8300, 21p.
- Holstein Association U.S.A. Linear. Program for linear classification. Holstein-Freisian Association of America, 1 Holstein Place, Brattleboro, VT 05301-0808 USA, 28p.
- Jairath, L.K., Hayes, J.F. and Cue, R.I. 1994. Multitrait restricted maximum likelihood estimates of genetic and phenotypic parameters of lifetime performance traits for Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 77(1): 303-12.
- Jones, L.P. 1985. Australian breeding values for production characters. *Proc. AAABG 5th Conf.*, Sydney.
- Kaplon, M.L., Rothchild, M.F., Berger, P.J. and Healey, M. 1991. Genetic and phenotypic trends in polish large white nucleus swine herds. *J.Anim.Sci.* 69:551-558.
- Katpatal, B.G. 1970. The fraction of Holstein - Dairy Zebu crosses in maximum milk production and growth in India. Ph.D. thesis, University of Illinois, Urbana. 165 p. *Diss. Abstr. Intern.* 32 (9), 5189 B.
- Katpatal, B.G. 1977. Dairy cattle crossbreeding in India. *Wld Anim. Rev.* 22, 15-21, and 23, 2-9.
- Kennedy, B.W. 1989. ANIMAL-MODEL BLUP Erasmus Intensive Graduate Course, August 20th-26th, 1989. Trinity College, Dublin. 141p.
- Kennedy, B.W. 1993. Linear Models. University of Guelph, Canada.
- Keown, J.F. 1988. How to interpret the new animal model for dairy sire evaluation. *Proceedings of the animal model workshop*. Edmonton, Alberta, Canada. June 25-26, 1988, *J. Dairy Sci.* Vol.71, Supplement 2.

- Lo, L.L., McLaren, D.G., McKeith, F.K., Fernando, R.L. and Novakofski, J. 1992. Genetic analysis of growth, real time ultrasound, carcass, and pork quality traits in Duroc and Landrace pigs: II. Heritability and correlations. *J. Anim. Sci.* 70:2387-2396.
- Madsen, O. and Vinther, K. 1975. Performance of purebred and crossbred dairy cattle in Thailand. *Anim. Prod.* 21, 209-216.
- Mattes, E. 1996. mattes@azu.informatik.uni-stuttgart.de.
- Meyer, K. 1990. Present status of knowledge about statistical procedures and algorithms to estimate variance and covariance components. 4th World Congress on Genet. Applied to Livst. Prod. Edinburgh. p403.
- Meyer, K. 1997. DFREML –Version 3.0 α - User Notes. 28 p.
- Misztal, I. 1994. Multitraits REML estimation of variance program by canonical transformation with support multiple random effect, ignacy@uiuc.edu.
- Mrode, R.A. 1996. Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values, CAB INTERNATIONAL, Wallingford, Oxon OX10 8DE, UK. 187p.
- Norman, H.D., Powell, R.L., Wright, J.R. and Cassell, B.G. 1988. Phenotypic and genetic relationship between linear functional type traits and milk yield for five breeds. *J. Dairy Sci.* 71(7): 1880-90.
- Orozco, F. 1976. Heterosis and genotypic-environment interaction: Theoretical and experimental aspects. *Bull. Tech. Depart. Genetique Animale, INRA, No. 24*, 43-52.
- Patterson, H.D. and R. Thompson. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika* 58:545-554
- Rao, M.K. and Nagarcenkar, R. 1979. First lactation performance of crossbred and exotic cattle in Indo-Gangetic plains. *Indian J. Dairy Sci.* 32(4), 355-361.
- Rich, S.S. and Bell, A.E. 1980. Genotype-environment interaction effects in long term selected populations of *Tribolium*. *J. Hered.* 71, 319-322.
- Sang, B.C., Y.Y. Cho and B.C. Chee. 1986. Estimates of heritability and genetic correlation for milk productive traits in Holstein cattle. *Korean J. Anim. Sci.* 28:179-183.
- SAS. 1985. SAS/STATTM User's guide for Personal Computer, Version 6 Edition. SAS Institute Inc. Cary, NC.
- Schnitker, R. 1994. Schnitker@azu.informatik.uni-stuttgart.de

- Sivarajasingam, S., Kinghorn, B. and Van de Werf, J. 1998. Animal breeding and genetics for the tropics. University of New England, Armidale NSW Australia. 169 p.
- Stanton, T.L., Blake, R.W., Quaas, R.L., Van Vleck L.D. and Carabano, M.J. 1991. Genotype by environment interaction for Holstein milk yield in Columbia, Mexico, and Puerto Rico. J. Dairy Sci. 74(5): 1700-14.
- Suzuki, M. and Van Vleck, L.D. 1994. Heritability and repeatability for milk production traits of Japanese Holsteins from animal model. J. Dairy Sci. 77(2):583-8.
- Taneja, V.K. and Bhat, P.N. 1978. Additive and nonadditive genetic effects in Sahiwal x Friesian crossbreds. 1st World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Madrid, Oct. 7 to 11, 1974, III, 611-615.
- Thompson, R. 1977. Estimation of quantitative genetic parameters In: Pollak, E., Kempthorne, O. and Bailey, T.B. (eds) Proceedings of the International Conference on Quantitative Genetics, Iowa State University Press, Ames, pp. 639-657.
- Vanraden, P.M., Jensen, E.L., Lawlor, T.J. and Funk, D.A. 1990. Prediction of transmitting ability of Holstein type traits. J. Dairy Sci. 73(1) 191:7.
- Wang, T. 1995. A References Guide of MATVEC. 105 p.
- Welper, R.D. and Freeman, A.E. 1992. Genetic parameters for yield traits of Holsteins, including lactose and somatic cell score. J. Dairy Sci. 75(5):1342-8.

ตารางที่ 6-1 การวิเคราะห์ปัจจัยที่อิทธิพลต่อลักษณะผลผลิตน้ำมัน

Source	d.f	Sum square	Mean square	F Value	Prob.
ระดับสายเลือด	7	403173711.77	57596244.54	74.14	0.0001
ปี	11	646341786.79	58758344.25	75.63	0.0001
ฤดู	2	185311088.63	92655544.31	119.26	0.0001
แลคเตชัน	11	27524281.55	2502207.41	3.22	0.0002
อายุ	1	136024673.17	136024673.17	175.08	0.0001
อายุ ²	1	112330395.22	112330395.22	144.59	0.0001
ความยาวระยะรีดนม	1	20097825786.67	20097825786.67	25868.94	0.0001

ตารางที่ 6-2 การวิเคราะห์ปัจจัยที่อิทธิพลต่อลักษณะความยาวระยะรีดนม

Source	d.f	Sum square	Mean square	F Value	Prob.
ระดับสายเลือด	7	6197804.93	885400.70	88.72	0.0001
ปี	11	6789499.75	617227.25	61.85	0.0001
ฤดู	2	501824.22	250912.11	25.14	0.0001
แลคเตชัน	11	868015.53	78910.50	7.91	0.0001
อายุ	1	1095.04	1095.04	0.11	0.7405
อายุ ²	1	122036.31	122036.31	12.23	0.0005

ตารางที่ 6-3 การวิเคราะห์ปัจจัยที่อิทธิพลต่อลักษณะอายุเมื่อให้ลูกตัวแรก

Source	d.f	Sum square	Mean square	F Value	Prob.
ระดับสายเลือด	7	32849.75	4692.82	256.96	0.0001
ปี	12	50555.59	4212.97	230.69	0.0001
ฤดู	2	347.72	173.86	9.62	0.0001