

การประมาณค่าอิทธิพลโดยตรงและอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่
สำหรับลักษณะผลผลิตในโคนมลูกผสม



นาย ชาตรี คติวรเวช

สถาบันวิทยบริการ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ภาควิชาสัตวบาล

คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ปีการศึกษา 2543

ISBN 974-347-285-1

ลิขสิทธิ์ของจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ESTIMATION OF DIRECT AND MATERNAL GENETIC EFFECTS
FOR PRODUCTION TRAITS IN CROSSBRED DAIRY CATTLE

Mr. Chatree Khatiworavage

สถาบันวิทยบริการ

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

Department of Animal Husbandry

Faculty of Veterinary Science

Chulalongkorn University

Academic Year 2000

ISBN 974-347-285-1

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การประมาณค่าอิทธิพลโดยตรงและอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ สำหรับลักษณะผลผลิตในโคนมลูกผสม
โดย	นายสัตวแพทย์ ชาตรี คติวรเวช
ภาควิชา	สัตวบาล
อาจารย์ที่ปรึกษา	รองศาสตราจารย์ ดร. จันทร์จรัส เรียวเดชะ
อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม (ถ้ามี)	นาย วิสุทธิ์ หิมารัตน์

คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย อนุมัติให้บัณฑิตวิทยาลัย
เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต

..... คณบดีคณะสัตวแพทยศาสตร์
(ศาสตราจารย์ นายสัตวแพทย์ ดร. ณรงค์ศักดิ์ ชัยบุตร)

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

..... ประธานกรรมการ
(รองศาสตราจารย์ นายสัตวแพทย์ พีระศักดิ์ จันทร์ประทีป)

..... อาจารย์ที่ปรึกษา
(รองศาสตราจารย์ ดร. จันทร์จรัส เรียวเดชะ)

..... อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม (ถ้ามี)
(นาย วิสุทธิ์ หิมารัตน์)

..... กรรมการ
(รองศาสตราจารย์ นายสัตวแพทย์ วิวัฒน์ ชวนะนิกุล)

..... กรรมการ
(อาจารย์ ศักดิ์ชัย ไตภาณูรักษ์)

ชาติรี คติวเรช : การประมาณค่าอิทธิพลโดยตรงและอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่สำหรับลักษณะ
ผลผลิตในโคนมลูกผสม. (ESTIMATION OF DIRECT AND MATERNAL GENETIC EFFECTS
FOR PRODUCTION TRAITS IN CROSSBRED DAIRY CATTLE) อ. ที่ปรึกษา : รศ.ดร.จันทร์จรัส
เรียวเดชะ , อ. ที่ปรึกษาร่วม : นายวิสุทธิ หิมารัตน์ , 102 หน้า. ISBN 974-347-285-1.

ศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไซโตพลาสซึมจากบันทึกข้อมูลลักษณะปริมาณ
น้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมในระยะเวลาให้นมครั้งแรกของโคนมลูกผสม 3 พันธุ์
คือ พันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเชียน พันธุ์บราวน์สวิส และ พันธุ์เจอร์ซี จำนวน 18 กลุ่มพันธุ์ ซึ่งบันทึกข้อมูลระหว่างปี
พ.ศ. 2529 ถึง ปี พ.ศ. 2543 รวมข้อมูลแม่โคนมที่ให้ผลผลิตจำนวน 596 ตัว มีกลุ่มของอิทธิพลทางไซโตพลาสซึมที่
ย้อนพันธุ์ประวัติทางสายแม่กลับไปยังบรรพบุรุษเริ่มต้นเพศเมียจำนวน 131 กลุ่ม ทำการเปรียบเทียบภายในกลุ่ม
ของโมเดลเดียวกันในทุกลักษณะที่ศึกษาพบว่าค่าประมาณขององค์ประกอบความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์
ทางพันธุศาสตร์ที่ได้จากการกำหนดค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์และอิทธิพล
ทางพันธุกรรมของแม่มีค่าไม่แตกต่างจากศูนย์ (โมเดล [2] และ [20] ; [4F] และ [40F] ; [4R] และ [40R]) และการ
กำหนดให้อิทธิพลของไซโตพลาสซึมเป็นปัจจัยคงที่จะมีความเหมาะสมมากกว่าเมื่อกำหนดให้เป็นปัจจัยสุ่ม
(โมเดล [3F] และ [3R] ; [4F] และ [4R] ; [40F] และ [40R]) การเปรียบเทียบระหว่างโมเดลเมื่อไม่ได้คำนึงถึง
อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ในลักษณะปริมาณน้ำนมจะทำให้ค่าประมาณองค์ประกอบของความแปรปรวนและ
ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ที่ได้มีค่าสูงขึ้น แต่ไม่มีความแตกต่างของค่าประมาณดังกล่าวในลักษณะเปอร์เซ็นต์
ไขมันและโปรตีนในน้ำนม ค่าประมาณองค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ที่ได้
ในลักษณะปริมาณน้ำนมและเปอร์เซ็นต์ไขมันนมมีค่าสูงขึ้นเมื่อไม่มีอิทธิพลของไซโตพลาสซึม แต่ไม่มีความ
แตกต่างกันในลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีน ข้อสรุปจากการศึกษาค้นคว้าครั้งนี้คือ อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่มีความ
สำคัญต่อการประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ในลักษณะปริมาณ
น้ำนมเท่านั้น ส่วนอิทธิพลของไซโตพลาสซึมจะมีความสำคัญต่อลักษณะปริมาณน้ำนมและเปอร์เซ็นต์ไขมันนม
ทั้งนี้การใช้โมเดลที่แตกต่างกันจะมีผลต่อการจัดลำดับค่าการผสมพันธุ์ในแม่พันธุ์มากกว่าในพ่อพันธุ์โคนม

ภาควิชาสัตวบาล
สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์
ปีการศึกษา 2543

ลายมือชื่อนิติกร
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

4175558531 : MAJOR ANIMAL BREEDING

KEY WORD : MATERNAL GENETIC EFFECTS / CYTOPLASMIC EFFECTS / GENETIC PARAMETERS /
DAIRY CATTLE

CHATREE KHATIWORAVAGE : ESTIMATION OF DIRECT AND MATERNAL GENETIC EFFECTS FOR PRODUCTION TRAITS IN CROSSBRED DAIRY CATTLE. THESIS ADVISOR : ASSOC. PROF. CHANCHARAT REODECHA, Ph.D., THESIS COADVISOR : WISOOT HIMARAT , 102 pp. ISBN 974-347-285-1.

Maternal genetic effects and cytoplasmic effects were studied from milk yield, fat and protein percentage records that were collected during 1986 – 2000 from a farm in Ratchaburi province. The first lactation records from eighteen crossbred groups comprised of Holstein Friesian, Brown Swiss and Jersey. Five hundred and ninety six cows were traced back to the founder females. There were one hundred and thirty one cytoplasmic lineages included in this study. Comparisons within submodels under each model, covariances between direct and maternal genetic effects did not differ from zero when declared the covariance were not equal to zero (Model [2] and [20] ; [4F] and [40F] ; [4R] and [40R]). Defining cytoplasmic effects as fixed were more appropriate than defining as random effect (Model [3F] and [3R] ; [4F] and [4R] ; [40F] and [40R]). Comparisons between models, when maternal genetic effects were ignored for milk yield, estimates of variance components and genetic parameters were inflated, but not in fat and protein percentages. When cytoplasmic effects were ignored, estimates of variance components and genetic parameters were overestimated, for milk yield and fat percentages but there was no difference in protein percentage. The results suggested that maternal genetic effects were important and should be included in the model for milk yield while cytoplasmic effects were important and should be included in the model for milk yield and fat percentage. The models affected the ranking of estimated breeding values in cows more than those in sires.

Department Animal Husbandry
Field of study Animal Breeding
Academic year 2000

Student's signature
Advisor's signature
Coadvisor's signature

กิตติกรรมประกาศ

ขอกราบขอบพระคุณ เจ้าของฟาร์ม โคนมที่ให้ความอนุเคราะห์ด้านข้อมูลและเอื้อเพื่อทุกอย่างตลอดช่วงของการเก็บข้อมูล และเจ้าหน้าที่ภายในฟาร์มที่อำนวยความสะดวกในสิ่งต่างๆเป็นอย่างดี ขอกราบขอบพระคุณ รศ.ดร.จันทร์จรัส เรี่ยวเดชะ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ที่ได้ให้คำปรึกษาแนะนำและตรวจแก้ไขข้อบกพร่องตลอดช่วงของการทำวิทยานิพนธ์ และ การทำวิทยานิพนธ์ครั้งนี้จะไม่สามารถสำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี หากไม่ได้คำแนะนำและเรียนรู้วิธีการวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม RENUM RENUMMAT REMLF90 BLUPF90 และอีกหลายโปรแกรม โดย คุณวิสุทธิ หิมารัตน์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม ที่ได้รับความช่วยเหลือโดยตลอดการทำวิทยานิพนธ์ ขอขอบพระคุณ รศ.ดร.สุพล คุรงค์วัฒนา อาจารย์ประจำภาควิชาสถิติ คณะพาณิชยศาสตร์และการบัญชี จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย และ อาจารย์ ศักดิ์ชัย โดภาณรัักษ์ ที่ได้คำปรึกษาทางด้านการเตรียมข้อมูลและการวิเคราะห์ทางสถิติ และ คณาจารย์ภาควิชาสัตวบาลทุกท่าน ที่ได้คำปรึกษาและคำชี้แนะที่มีประโยชน์มากมาย

ขอขอบพระคุณ ทนุอดหนุนและส่งเสริมวิทยานิพนธ์ระดับปริญญาโท-เอก ในสถาบันอุดมศึกษาของรัฐ ทบวงมหาวิทยาลัย ปีการศึกษา 2543 และ ทนุอดหนุนทางบัณฑิตวิทยาลัย จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ที่สนับสนุนในการศึกษาวิทยานิพนธ์ครั้งนี้

ท้ายสุดและสำคัญมากที่สุด ขอกราบขอบพระคุณเป็นอย่างสูง แต่พระคุณของบิดรมารดา และครูบาอาจารย์ทุกท่านที่ได้อบรมสั่งสอนและประสิทธิ์ประสาทความรู้ให้มาจนถึงทุกวันนี้

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ชาตรี คติวรเวช

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อภาษาไทย.....	ง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	จ
กิตติกรรมประกาศ.....	ฉ
สารบัญ.....	ช
สารบัญตาราง.....	ฎ
สารบัญรูป.....	ฅ

บทที่

1. บทนำ.....	1
วัตถุประสงค์ของการวิจัย.....	4
2. เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	5
แนวคิดและทฤษฎี.....	5
2.1 อธิธิพลของแม่.....	7
2.1.1 ประเภทอิทธิพลของแม่.....	7
2.1.2 องค์ประกอบทางพันธุกรรม.....	9
2.2 หลักเกณฑ์พิจารณาลักษณะพันธุกรรมที่ถูกควบคุมด้วย ยีนนอกนิวเคลียส.....	10
2.3 การวิเคราะห์อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่.....	12
2.3.1 พัฒนาการของการวิเคราะห์อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่.....	12
2.3.2 ผลการวิเคราะห์อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่.....	13
2.4 วิธีการวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุศาสตร์.....	14
2.4.1 การประมาณค่าอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่.....	15
2.4.2 การประมาณค่าอิทธิพลของยีนภายนอกนิวเคลียส หรือไซโตพลาสซึม.....	17

2.5 รูปแบบการพัฒนาวิธีการวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุศาสตร์.....	19
2.5.1 การเปรียบเทียบการผสมพันธุ์ของฝูง.....	19
2.5.2 การเปรียบเทียบวิธีการหาค่าอัตราพันธุกรรม.....	19
2.5.3 การพัฒนาวิธีการหาค่าองค์ประกอบของความแปรปรวน.....	20
2.5.4 การพัฒนาโมเดลต่างๆและการใช้ BLUP.....	21
3. วิธีดำเนินการวิจัย.....	30
ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา.....	30
ลักษณะโครงสร้างของข้อมูลที่ใช้ศึกษา.....	30
การจัดการและการเตรียมข้อมูล.....	31
การวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้น.....	34
1. การจำแนกอิทธิพลของปัจจัยคงที่.....	34
1.1 อิทธิพลของปีที่แม่โคให้ผลผลิต.....	34
1.2 อิทธิพลของฤดูกาลที่ให้ผลผลิต.....	34
1.3 อิทธิพลของพันธุ์และกลุ่มพันธุ์.....	35
2. การตรวจสอบการกระจายของข้อมูลการศึกษา.....	35
การวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุศาสตร์.....	37
1. การวิเคราะห์ปัจจัยที่มีผลต่อลักษณะการให้ผลผลิต.....	37
2. โมเดลที่ใช้ในการศึกษาเปรียบเทียบ.....	38
3. การวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวน.....	40
4. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์.....	41
4.1 อัตราพันธุกรรม.....	41
4.2 ค่าการผสมพันธุ์.....	41
5. การเปรียบเทียบระหว่างโมเดล.....	42
4. ผลการวิเคราะห์.....	43
ผลการวิเคราะห์เบื้องต้น.....	43
ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะการให้ผลผลิต.....	47

1. ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะปริมาณน้ำนม.....	45
2. ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม.....	46
3. ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม.....	46
4. การเปรียบเทียบระหว่างโมเดล.....	46
ผลการวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวน.....	48
ผลของการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์.....	49
1. ค่าอัตราพันธุกรรม.....	49
2. ค่าการผสมพันธุ์.....	54
2.1 การตรวจสอบการกระจายค่าของค่าการผสมพันธุ์.....	53
2.2 ผลการวิเคราะห์อิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์.....	53
2.3 ผลการวิเคราะห์อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่.....	54
2.4 ผลการวิเคราะห์อิทธิพลของยีนภายนอกนิวเคลียส.....	54
2.5 ผลการประเมินค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์.....	55
3. ลำดับของค่าการผสมพันธุ์.....	55
3.1 แม่พันธุ์โคนม.....	55
3.2 พ่อพันธุ์โคนม.....	56
5. อภิปราย สรุปผล และข้อเสนอแนะ.....	59
ผลการวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้น.....	59
ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะการให้ผลผลิต.....	60
องค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าอัตราพันธุกรรม.....	62
1. ลักษณะปริมาณน้ำนม.....	62
2. ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม.....	65
3. ลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม.....	65
การเปรียบเทียบระหว่างโมเดล.....	66
1. การเปรียบเทียบภายในโมเดลกลุ่มเดียวกัน.....	66
2. การเปรียบเทียบระหว่างโมเดลที่อยู่ต่างกลุ่มกัน.....	69
ค่าการผสมพันธุ์.....	71

สรุปผลการวิจัย.....	73
ข้อเสนอแนะ.....	75
รายการอ้างอิง.....	76
ภาคผนวก.....	87
ประวัติผู้เขียน.....	102



สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2.1	ค่าอัตราพันธุกรรม (heritability ; h^2) และ ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error ; S.E.) จากความถดถอยระหว่างลูกสาวกับแม่ (daughter - dam ; DD) และลูกสาวกับยาย (daughter-granddam ; DG) โดยคำนึงถึงอิทธิพลของไซโตพลาสซึมที่มีผลต่อปริมาณน้ำนม ปริมาณ และเปอร์เซ็นต์ไขมันนม.....20
2.2	การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมจากค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ที่ระดับต่างๆ22
2.3	รายงานวิจัยบางส่วนในต่างประเทศที่ศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไซโตพลาสซึมต่อการประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตของโคนม.....27
3.1	จำนวนข้อมูลโดยจำแนกตามลักษณะที่ศึกษา.....32
3.2	จำนวนข้อมูลพันธุ์ประวัติที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้.....33
3.3	ขนาดและจำนวนของกลุ่มโคนมในแต่ละกลุ่มที่อยู่ภายในครอบครัวเดียวกัน.....34
3.4	การจำแนกอิทธิพลของฤดูกาลและจำนวนข้อมูลต่อลักษณะการให้ผลผลิตที่ศึกษา.....35
3.5	การจำแนกกลุ่มพันธุ์ตามระดับสายเลือดและจำนวนข้อมูลแยกตามลักษณะที่ศึกษา.....36
4.1	ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ค่าต่ำสุด และ ค่าสูงสุด โดยจำแนกตามลักษณะที่ศึกษา.....43
4.2	ค่าเฉลี่ยกำลังสองน้อยที่สุด และค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error ; S.E.) ของพันธุ์ที่ศึกษาในแต่ละลักษณะ44
4.3	ค่าเฉลี่ย และ ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error ; S.E.) ของระยะเวลารีดนมในระยะการให้นมครั้งแรก , อายุของแม่โคเมื่อคลอดลูกตัวแรก และจำนวนวันตั้งแต่คลอดจนถึงวันเก็บนมน้ำนมครั้งแรก.....44
4.4	ค่าเฉลี่ย และ ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ของลักษณะที่ทำการศึกษาโดยจำแนกตามฤดูกาล.....45
4.5	ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะปริมาณน้ำนม , เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม.....47

4.6 องค์ประกอบของความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรง
 เนื่องจากตัวสัตว์ (h_a^2) ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ (h_m^2) ค่าอัตราพันธุกรรมของ
 ไซโตพลาสซึม (h_c^2) ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (S.E.) และค่า log likelihood
 แต่ละโมเดลที่วิเคราะห์ของลักษณะปริมาณน้ำนม.....50

4.7 องค์ประกอบของความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรง
 เนื่องจากตัวสัตว์ (h_a^2) ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ (h_m^2) ค่าอัตราพันธุกรรมของ
 ไซโตพลาสซึม (h_c^2) ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (S.E.) และค่า log likelihood
 แต่ละโมเดลที่วิเคราะห์ของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม.....51

4.8 องค์ประกอบของความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรง
 เนื่องจากตัวสัตว์ (h_a^2) ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ (h_m^2) ค่าอัตราพันธุกรรมของ
 ไซโตพลาสซึม (h_c^2) ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (S.E.) และค่า log likelihood
 แต่ละโมเดลที่วิเคราะห์ของลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม.....52

ตารางภาคผนวกที่

1 ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ค่าต่ำสุด และ ค่าสูงสุดของ
 ค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละโมเดลของลักษณะปริมาณน้ำนม (หน่วย : กิโลกรัม).....88

2 ค่าสหสัมพันธ์ตามตำแหน่งของสเปียร์แมน (เหนือเส้นทแยงมุม) และค่าสหสัมพันธ์
 ของเพียร์สัน (ใต้เส้นทแยงมุม) ของค่าการผสมพันธุ์ ในลักษณะปริมาณน้ำนม
 ที่คำนวณได้จากโมเดลต่างๆ.....88

3 ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ค่าต่ำสุด และ ค่าสูงสุดของ
 ค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละโมเดลของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม (หน่วย : เปอร์เซ็นต์).....89

4 ค่าสหสัมพันธ์ตามตำแหน่งของสเปียร์แมน(เหนือเส้นทแยงมุม)และค่าสหสัมพันธ์
 ของเพียร์สัน(ใต้เส้นทแยงมุม)ของค่าการผสมพันธุ์ในลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม
 ที่คำนวณได้จากโมเดลต่างๆ.....89

5 ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ค่าต่ำสุด และ ค่าสูงสุดของ
 ค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละโมเดลของลักษณะ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม
 (หน่วย : เปอร์เซ็นต์).....90

6	ค่าสหสัมพันธ์ตามตำแหน่งของสเปียร์แมน(เหนือเส้นทแยงมุม)และค่าสหสัมพันธ์ของเพียร์สัน (ใต้เส้นทแยงมุม) ของค่าการผสมพันธุ์ ในลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนที่คำนวณได้จากโมเดลต่างๆ.....	90
7	ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ค่าต่ำสุด และ ค่าสูงสุดของค่าการผสมพันธุ์ เนื่องมาจากอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ ในแต่ละโมเดลของลักษณะปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม.....	91
8	ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ค่าต่ำสุด และ ค่าสูงสุดของค่าการผสมพันธุ์ เนื่องมาจากอิทธิพลของยีนที่อยู่ภายนอกนิวเคลียสหรือไซโตพลาสซึม ในแต่ละโมเดลของลักษณะปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม.....	91
9	ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ค่าต่ำสุด และ ค่าสูงสุดของค่าการผสมพันธุ์พ่อพันธุ์โคนม ในแต่ละโมเดลของลักษณะปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม.....	92
10	ตัวอย่างแสดงลำดับค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด 20 ลำดับแรกของแม่โคนมที่ให้ผลผลิตในแต่ละโมเดลที่ศึกษาของลักษณะปริมาณน้ำนม.....	93
11	ตัวอย่างแสดงลำดับค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด 20 ลำดับแรกของแม่โคนมที่ให้ผลผลิตในแต่ละโมเดลที่ศึกษาของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม.....	94
12	ตัวอย่างแสดงลำดับค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด 20 ลำดับแรกของแม่โคนมที่ให้ผลผลิตในแต่ละโมเดลที่ศึกษาของลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม.....	95
13	ลำดับพ่อพันธุ์โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด 5 ลำดับแรก จำนวนลูกสาว (N) และ ค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากแต่ละ โมเดลของลักษณะปริมาณน้ำนม.....	96
14	ลำดับพ่อพันธุ์โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด 5 ลำดับแรก จำนวนลูกสาว (N) และ ค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากแต่ละ โมเดลของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม.....	97
15	ลำดับพ่อพันธุ์โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด 5 ลำดับแรก จำนวนลูกสาว (N) และ ค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากแต่ละ โมเดลของลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม	98
16	ค่าเฉลี่ยกำลังสองน้อยที่สุด ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (S.E.) ของค่าการผสมพันธุ์ที่จำแนกตามกลุ่มพันธุ์ในแต่ละ โมเดลทั้งสามลักษณะ.....	99

- 17 รายงานเอกสารงานวิจัยบางส่วนในต่างประเทศถึงผลของการประมาณค่าอัตราพันธุกรรม โดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ (h^2_s) ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ (h^2_m) ค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมและ ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error ; S.E.) ในลักษณะปริมาณน้ำนมและองค์ประกอบของน้ำนม.....100



สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

สารบัญรูป

รูปที่

หน้า

2.1 แสดงกระบวนการและขั้นตอนของการถ่ายทอดทางพันธุกรรม
จากรุ่นพ่อแม่ไปสู่ลูก.....10



สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

บทที่ 1

บทนำ

การเลี้ยงโคนมในประเทศไทย เริ่มมีการส่งเสริมและพัฒนากันอย่างจริงจัง ตั้งแต่ ปี พ.ศ. 2503 ซึ่งได้มีการสนับสนุนอย่างเป็นทางการจากรัฐบาลให้มีการเลี้ยงโคนมโดยการจัดตั้งองค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย หรือ อ.ส.ค. จนกระทั่งต่อมา รัฐบาลได้มีการส่งเสริมให้เกษตรกรทั่วประเทศหันมาสนใจการเลี้ยงโคนมกันมากขึ้น เนื่องจากได้เล็งเห็นถึงความสำคัญของการผลิตน้ำนมดิบภายในประเทศโดยได้มีการนำเข้าพันธุ์โคนมมาจากทั่วโลกเพื่อเริ่มทดลองเลี้ยงและทดสอบการให้ผลผลิตที่สอดคล้องกับสภาพแวดล้อมภายในประเทศ ซึ่งพันธุกรรมของโคนมที่นำเข้าเหล่านั้นยังส่งผลของการถ่ายทอดมาจนถึงปัจจุบัน จึงทำให้โคนมที่เลี้ยงในประเทศไทยมีความหลากหลายทางด้านพันธุกรรมสูงมาก

นอกจากพันธุกรรมของโคนมที่มีความหลากหลายแล้ว ความสามารถในการจัดการเลี้ยงดูโคนมยังมีความแตกต่างกันสูงมากเช่นเดียวกัน ผู้เลี้ยงโคนมในประเทศไทยจะมีตั้งแต่ผู้เลี้ยงโคนมที่มีประสบการณ์สูงไปจนถึงผู้เลี้ยงรายใหม่ การให้อาหารหยาบจะมีตั้งแต่ฟางข้าวไปจนถึงทุ่งหญ้าที่มีคุณภาพ ซึ่งลักษณะการให้ผลผลิตของโคนม ได้แก่ ลักษณะปริมาณน้ำนม , ปริมาณไขมันนม ปริมาณโปรตีนในน้ำนม , เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม เป็นลักษณะสำคัญที่มีผลกระทบโดยตรงต่อเกษตรกรผู้เลี้ยงโคนม โดยเฉพาะลักษณะปริมาณน้ำนมจะสร้างผลกำไรให้แก่เกษตรกรมากที่สุดหากสามารถเพิ่มผลผลิตภายในฟาร์มได้สำเร็จ ดังนั้น ความแตกต่างของการให้ผลผลิตของโคนมแต่ละตัวจะเป็นผลมาจากการกระทำขององค์ประกอบทางพันธุกรรม หรือ จีโนไทป์ (genotype ; G) และ สภาพแวดล้อม (environment ; E) ซึ่งปัจจัยทั้งสองจะมีความสำคัญมากน้อยแตกต่างกัน ทั้งนี้เนื่องจากว่าพันธุกรรมที่ดีเด่นจะแสดงออกมาได้ต่อเมื่อได้รับสภาพแวดล้อมที่ไม่จำกัดศักยภาพทางพันธุกรรม ส่วนในทางกลับกัน สภาพแวดล้อมที่ดีเยี่ยมจะไม่สามารถที่จะสร้างพันธุกรรมชั้นยอดได้หากว่าโคนมเหล่านั้นไม่มียีนที่ควบคุมลักษณะนั้นๆอยู่ การเลือกใช้สัตว์จึงต้องหาวิธีการคัดเลือกสัตว์ที่มีความดีเด่นทางพันธุกรรมซึ่งประกอบไปด้วยยีนหรือชุดของยีนที่ต้องการ ความดีเด่นของพ่อแม่ที่เป็นผลเนื่องมาจากพันธุกรรมเท่านั้นที่สามารถจะถ่ายทอดไปยังลูกหลานได้ ส่วนความดีเด่นของพ่อแม่ที่เป็นผลอันเนื่องมาจากสภาพแวดล้อมจะไม่สามารถถ่ายทอดไปยังลูกหลานได้

วิธีการคัดเลือกสัตว์ จะต้องมีการประเมินพันธุกรรม (genetic evaluation) ของโคนมแต่ละตัวก่อนโดยมีการประเมินในรูปของค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ต่างๆ เช่น ค่าอัตราพันธุกรรม , ค่าการผสมพันธุ์ , ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม เป็นต้น ซึ่งจะมีความสำคัญเป็นอย่างยิ่งต่อผลของการตัดสินใจในการคัดเลือก (selection) การคัดทิ้ง (culling) หรือแม้กระทั่งการวางแผนระบบการผสมพันธุ์ (mating plan) ของฟาร์ม หากวิธีการประเมินทางพันธุกรรมมีความถูกต้องแม่นยำและน่าเชื่อถือจะทำให้สามารถทำการคัดเลือก, คัดทิ้งหรือวางแผนการปรับปรุงพันธุ์ได้อย่างถูกต้องและเหมาะสมต่อสภาพแวดล้อมที่เป็นอยู่ ทำให้เกิดความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (genetic progress) ได้มากที่สุด

อย่างไรก็ตาม ถ้าการประเมินพันธุกรรมเกิดความลำเอียงหรือมีอคติ (bias) จะทำให้เกิดความผิดพลาดในการคัดเลือกหรือการคัดทิ้งได้ ส่งผลกระทบต่อความถูกต้องแม่นยำในการคัดเลือก (accuracy of selection) ลดลง ดังนั้น โคนมที่สมควรจะถูกคัดทิ้งกลับถูกคัดเก็บเอาไว้ ในทางตรงกันข้าม โคนมที่สมควรจะถูกคัดเก็บเอาไว้กลับถูกคัดทิ้งซึ่งย่อมส่งผลกระทบต่อความก้าวหน้าทางพันธุกรรมและผลผลิตของฟาร์มต่อไปในอนาคต

การศึกษางานวิจัยของ Van Vleck และ Bradford (1965) ที่ได้ทำการวิเคราะห์หาค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในโคนมด้วยวิธีสมการถดถอยของลูกกับแม่ (daughter - dam regression) ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จะมีค่าสูงกว่าวิธีการหาค่าสหสัมพันธ์แบบร่วมพ่อแต่ต่างแม่ (paternal half sib correlation) ทำให้เกิดสมมติฐานว่าค่าประมาณที่สูงกว่าอาจจะเป็นผลเนื่องมาจากอิทธิพลของแม่ (maternal effects) หลังจากนั้นจนถึงปัจจุบัน นักวิจัยทั่วโลกได้หันมาให้ความสนใจศึกษาในโคนมและสัตว์เศรษฐกิจอีกหลายชนิดรวมทั้งสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมกันมากขึ้นเพื่อที่จะพิสูจน์ทราบแน่ชัดถึงความสำคัญของอิทธิพลของแม่ต่อการประเมินทางพันธุกรรมว่าทำให้เกิดมีอคติมากน้อยแค่ไหนหากไม่ได้คำนึงถึงอิทธิพลดังกล่าว

ลักษณะปรากฏที่สำคัญของโคนม ไม่ว่าจะเป็นปริมาณน้ำนม , ไขมันนม หรือ โปรตีนในน้ำนมจะเป็นผลเนื่องมาจากทั้งพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม อิทธิพลของพันธุกรรมนอกเหนือจากการถ่ายทอดโดยยีนภายในนิวเคลียสตามกฎของเมนเดลแล้วยังมีความพยายามพิสูจน์ว่าอิทธิพลของแม่จะมีความสำคัญต่อการแสดงออกของลักษณะปรากฏด้วยหรือไม่ เนื่องจากยีนของแม่ไม่ได้ถ่ายทอดไปให้ลูกเพียงแค่อินภายในนิวเคลียสเหมือนยีนของพ่อเท่านั้น แต่ไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอ (mitochondrial DNA) ของแม่ยังสามารถถ่ายทอดไปให้ลูกได้โดยตรง จึงทำให้อิทธิพลของแม่น่าจะมีอิทธิพลต่อลักษณะปรากฏของลูกด้วย เนื่องจากไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอของแม่จะนำข้อมูลทางพันธุกรรม (genetic information) ที่จำเป็นต่อการทำงานของไมโทคอนเดรีย (mitochondrial function) ถ่ายทอดไปสู่ลูก และเป็นที่ยอมรับกันดีอยู่แล้วว่า บทบาทของไมโทคอนเดรียจะมีหน้าที่

เกี่ยวกับเมตาโบลิซึมของเซลล์ต่างๆในร่างกายรวมทั้งเซลล์เด้านมด้วย ดังนั้น จึงทำให้สัตว์แต่ละตัวที่มีไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอที่ไม่เหมือนกัน อาจแสดงบทบาทที่สำคัญต่อผลผลิตของโคนมได้แตกต่างกัน (Reed and Van Vleck, 1987) นอกจากนี้ สภาพแวดล้อมของแม่ (maternal environment) เช่น สภาพแวดล้อมที่อยู่ภายในมดลูก (uterine environment) ถือว่าเป็นอิทธิพลของแม่ที่จะส่งผลถึงลักษณะปรากฏของลูกด้วย ส่วนความสามารถในการเลี้ยงลูกของแม่โคนม (maternal ability) จะไม่คำนึงถึงเนื่องจากในโคนมเวลาคลอดลูกแม่และลูกจะถูกแยกออกจากกันทันทีจึงทำให้ไม่มีอิทธิพลของสภาพแวดล้อมดังกล่าว

อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ (maternal genetic effects) และอิทธิพลของยีนที่อยู่ภายนอกนิวเคลียส (cytoplasmic genetic effects) เป็นอีกปัจจัยที่รวมอยู่ในอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมหรืออิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์และสามารถถ่ายทอดได้เช่นเดียวกัน แต่โดยทั่วไปไม่นิยมที่จะแยกออกมาเป็นอีกปัจจัยใน โมเดลเนื่องมาจากอิทธิพลดังกล่าวมีค่าน้อยมากพร้อมกันนั้นนักวิทยาศาสตร์และนักปรับปรุงพันธุ์ทั้งหลายได้พยายามพัฒนาหลากหลายวิธีการวิเคราะห์ เพื่อที่จะประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ให้มีความถูกต้องมากยิ่งขึ้นเช่นเดียวกัน ดังนั้นการประมาณค่าอิทธิพลของแม่จึงมีวิธีการวิเคราะห์มากมายที่พัฒนาขึ้นมาเป็นลำดับประกอบกับในอดีตที่ผ่านมาเครื่องมือที่ใช้ในการศึกษาไม่สามารถจะแยกแยะอิทธิพลเหล่านี้ได้ จึงอาจจะทำให้การประมาณค่าอิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์มีค่าสูงเกินไป (overestimate) ส่งผลให้ความแม่นยำในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ต่างๆมีความคลาดเคลื่อนและมีความถูกต้องแม่นยำลดลง และที่สำคัญคือ อาจส่งผลกระทบต่อการคัดเลือกและความก้าวหน้าในการปรับปรุงพันธุ์ต่อไปได้หากไม่ได้คำนึงถึงอิทธิพลของแม่ (O'Neill and Van Vleck, 1988)

ในปัจจุบัน พัฒนาการของเครื่องมือและโมเดลที่ใช้ในการศึกษาวิเคราะห์มีความก้าวหน้ามากกว่าในอดีตมาก จากเดิมที่ใช้วิธีการวิเคราะห์ด้วยสมการถดถอยธรรมดา (regression analysis) โดยใช้วิธีกำลังสองน้อยที่สุด (least square method) ซึ่งมีข้อจำกัดในการใส่ปัจจัยสู่เข้าไปในโมเดล จนกระทั่งพัฒนามาเป็นการใช้วิธีการ Maximum likelihood (ML) ในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และ Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) (Henderson, 1984) มาประมาณค่าการผสมพันธุ์ของโคนมเป็นรายตัวที่สามารถจำแนกปัจจัยของสภาพแวดล้อมออกจากพันธุกรรมในแต่ละลักษณะการแสดงออกของสัตว์ ซึ่งจะทำให้สามารถลดความมึนงงที่เกิดขึ้นได้ นอกจากนี้ จากเดิมที่เคยใช้โมเดลของพ่อพันธุ์ (sire model) ได้พัฒนามาเป็นโมเดลของสัตว์แต่ละตัว (animal model) แทนเพื่อที่จะประเมินความดีเด่นทางพันธุกรรม (genetic merit) ของสัตว์แต่ละตัวได้ดีกว่าซึ่งอยู่บนพื้นฐานของลักษณะปรากฏ (phenotype) ของตัวสัตว์และญาติพี่น้อง (Kuhn *et al.*, 1994 ; Keele *et al.*, 1991)

จากการศึกษาในครั้งนี้ มีเป้าหมายเพื่อตรวจสอบความสำคัญของอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไซโทพลาสซึมจากข้อมูลบันทึกการให้ผลผลิตของฝูงโคนมในประเทศไทย ซึ่งมีวัตถุประสงค์ของการวิจัย ประกอบด้วย

1. ประมาณค่าอิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ ในแต่ละโมเดลที่มีลักษณะแตกต่างกัน
2. ประมาณค่าอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ ซึ่งประกอบไปด้วย อิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงของแม่ และอิทธิพลของไซโทพลาสซึมที่มีผลต่อลักษณะผลผลิตในโคนม
3. เปรียบเทียบค่าอัตราพันธุกรรม และ ค่าการผสมพันธุ์ที่วิเคราะห์ได้จากโมเดลที่ใส่ และไม่ใส่ปัจจัยอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่



สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

บทที่ 2

เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

แนวคิดและทฤษฎี

ลักษณะการให้ผลผลิต (production traits) ของโคนม เช่น ลักษณะปริมาณน้ำนม , ปริมาณไขมันนม , ปริมาณโปรตีน , เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม เป็นลักษณะที่สามารถวัดได้อย่างต่อเนื่อง (continuous measurements) โดยไม่อาจจำแนกออกเป็นกลุ่มเป็นพวกได้อย่างชัดเจน ลักษณะเช่นนี้จะเรียกว่า ลักษณะปริมาณ (quantitative traits) ซึ่งมีจำนวนยีนหลายคู่ (polygenes) เข้ามาควบคุมและยีนแต่ละคู่จะมีผลกระทบต่อลักษณะนั้นๆ เพียงเล็กน้อย นอกจากนั้นสภาพแวดล้อม (environment) เป็นอิทธิพลที่มีความสำคัญต่อการเกิดความแปรผันของลักษณะนั้นๆ ทำให้ลักษณะที่ตรวจวัดดังกล่าว ไม่สามารถจำแนกออกเป็นกลุ่มที่ชัดเจนเหมือนลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยีนน้อยคู่ ที่เรียกว่า ลักษณะคุณภาพ (qualitative traits) ได้ นอกจากนั้น อิทธิพลของสภาพแวดล้อมยังมีผลกระทบน้อยมากต่อลักษณะคุณภาพ จึงทำให้ทำการปรับปรุงพันธุ์ได้ง่ายกว่า

ลักษณะปริมาณที่ถูกควบคุมด้วยยีนมากคู่ หากกล่าวถึงยีนแต่ละคู่แล้ว ลักษณะของการถ่ายทอดทางพันธุกรรมยังคงเป็นไปตามกฎของเมนเดล กล่าวคือ มีการแยกตัวกันของยีนจากขบวนการแบ่งเซลล์และมีการรวมตัวกันใหม่จากขบวนการปฏิสนธิอย่างอิสระ ทำให้จำนวนจีโนไทป์ (genotype) ซึ่งเป็นส่วนประกอบของยีนแต่ละคู่มีจำนวนเพิ่มมากขึ้น รวมทั้งยังมีการกระจายตัวที่มีลักษณะใกล้เคียงจะเป็นการกระจายแบบปกติ (normal distribution) มากขึ้นเมื่อจำนวนคู่ของยีนมากขึ้น ทั้งนี้เกิดขึ้นเนื่องจากมีอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้องด้วย ดังนั้น ลักษณะปริมาณที่แสดงออกในโคนมแต่ละตัวหรือ ลักษณะปรากฏ (phenotype ; P) จะเป็นผลเนื่องมาจากองค์ประกอบทางพันธุกรรม (genotype ; G) และ สภาพแวดล้อม (environment ; E) ตามความสัมพันธ์ดังนี้

$$P = G + E \dots\dots\dots(2.1)$$

เป็นการยากที่จะคำนวณคู่ของยีนที่ควบคุมลักษณะปริมาณนั้นๆ ในองค์ประกอบทางพันธุกรรม และไม่สามารถที่จะวัดได้ว่าแต่ละยีนแสดงผลออกมาเล็กน้อยเพียงใด แต่สามารถวัดรวมๆ ได้ว่า ยีนมีการแสดงออกมาในรูปบวกสะสม หรือ อิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม (additive gene effect ; A) ในรูปของการข่มในตำแหน่งเดียวกัน หรือ ปฏิกริยาระหว่างยีนตำแหน่งเดียวกันแต่ต่างอัลลีล (dominance gene effect ; D) และในรูปของการข่มต่างตำแหน่งหรือปฏิกริยาระหว่างยีนต่างตำแหน่งและปฏิกริยาร่วมอื่นๆของยีน (epistasis gene effect ; I) ตามความสัมพันธ์ดังนี้

$$P = A + D + I + E \quad \dots\dots\dots (2.2)$$

ความพยายามในการจำแนกแยกแยะผลของพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม ทำให้เป็นที่มาของการคำนวณและการประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวน (variance components) และค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ต่างๆ ค่าที่ใช้วัดความแตกต่างระหว่างโคนมแต่ละตัวในฝูง คือ ค่าความแปรปรวน (variance) ซึ่งเป็นการวัดความแตกต่างโดยการคำนวณเปรียบเทียบจากค่าเฉลี่ยของประชากร โดยใช้วิธีการทางสถิติที่สามารถอธิบายได้ว่า โคนมแต่ละตัวจะมีค่าทางลักษณะปรากฏ (phenotypic value) ต่างกันเพียงใด ดังนั้น สามารถเขียนความสัมพันธ์ของเทอมต่างๆ ในรูปของค่าความแปรปรวน ได้ดังนี้

$$V_P = V_A + V_D + V_I + V_E \quad \dots\dots\dots (2.3)$$

เมื่อต้องการทราบว่า ความแปรปรวนของลักษณะปริมาณหรือลักษณะปรากฏที่เกิดขึ้นนั้น เป็นผลเนื่องมาจากพันธุกรรมและสามารถถูกถ่ายทอดไปยังลูกหลานได้ในอัตราส่วนเท่าใด จะทราบได้โดยทำการเปรียบเทียบเป็นค่าสัดส่วนของความแปรปรวนในลักษณะปรากฏอันเนื่องมาจากผลของพันธุกรรม (V_A / V_P) จะเรียกค่านี้ว่า อัตราพันธุกรรม (heritability ; h^2) ซึ่งเป็นคุณสมบัติเฉพาะของลักษณะหนึ่งในประชากรนั้นภายใต้สภาพแวดล้อมหนึ่งๆ เท่านั้น ดังนั้น หากนำค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการประเมินในประชากรอื่นมาใช้เพื่อการปรับปรุงพันธุ์ของอีกประชากรหนึ่งจะต้องพิจารณาถึงความคล้ายคลึงของประชากรและสภาพแวดล้อมด้วย

ในการประเมินค่าทางพันธุกรรมของโคนมจะสามารถทำการประเมินในระดับประชากรหรือในระดับเป็นรายตัวได้โดยในระดับประชากรจะอาศัยค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ต่างๆ เช่น ค่าอัตราพันธุกรรม , ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม เป็นต้น เป็นตัวบ่งบอกถึงองค์ประกอบในภาพรวมของลักษณะต่างๆ ที่สนใจศึกษาภายในประชากรนั้นๆ ในช่วงเวลาหนึ่ง ส่วนในระดับของโคนมเป็นรายตัว ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ที่นิยมใช้กันคือ ค่าการผสมพันธุ์ (Breeding Value; BV) ซึ่งสามารถนำไปใช้ให้เกิดประโยชน์ต่อการคัดเลือกหรือคัดทิ้งโคนมเป็นรายตัวและยังสามารถนำไปศึกษาถึงดัชนีการคัดเลือกโคนม (selection index) และแนวโน้มทางพันธุกรรม (genetic trend) เพื่อดำเนินการวางแผนปรับปรุงพันธุ์ (breeding plan) ต่อไปได้ (จรัญ จันทลักษณ์, 2516 ; สมชัย จันทรสว่าง, 2530 ; จันทรจรัส เรียวเดชะ, 2534 ; วิสุทธิ ไข่มณี, 2536 ; ประดิษฐ์ พงศ์ทองคำ, 2541)

ความสำคัญของอิทธิพลของแม่และการถ่ายทอดทางพันธุกรรมของยีนที่อยู่ภายนอกนิวเคลียสหรือในไซโทพลาสซึมบริเวณไมโทคอนเดรียนั้นเป็นส่วนหนึ่งของการถ่ายทอดของยีนแบบหวงกะสมเช่นเดียวกันโดยจะมีรูปแบบความสัมพันธ์ที่คล้ายคลึงกับสมการ (2.1) นั้นหมายถึงอิทธิพลทั้งสองสามารถที่จะถ่ายทอดได้จากชั่วรุ่นไปสู่อีกชั่วรุ่น โดยจะมีแนวคิดและทฤษฎี ดังนี้

2.1 อิทธิพลของแม่ (maternal effects)

อิทธิพลของแม่ หมายถึง อิทธิพลใดๆจากแม่ที่มีผลต่อลูกของตัวเองโดยไม่รวมอิทธิพลของยีนที่ถ่ายทอดได้โดยตรงเนื่องจากตัวสัตัว หรือ ยีนแบบบวกสะสม ซึ่งมีผลต่อลักษณะการให้ผลผลิตของลูก (Legates, 1972)

2.1.1 ประเภทอิทธิพลของแม่ ในการจำแนกอิทธิพลของแม่ จะจำแนกตามการจำแนกของ Hohenboken(1985) ที่ได้แบ่งอิทธิพลของแม่ออกเป็น 5 ประเภท ได้แก่

(1) อิทธิพลของไซโตพลาสซึมที่ไม่เกี่ยวข้องกับดีเอ็นเอที่อยู่ภายนอกนิวเคลียส (cytoplasmic effects not involving extra-nuclear DNA) มักจะพบในสัตว์ที่ไม่มีกระดูกสันหลัง (invertebrate) ตัวอย่างในหอยลิมเนีย (*Limnaea spp.*) เป็นต้น

(2) อิทธิพลของไซโตพลาสซึมที่เกี่ยวข้องกับดีเอ็นเอที่อยู่ภายนอกนิวเคลียส (cytoplasmic effects involving extra-nuclear DNA) วิสุทธิ โบไม (2536) ประดิษฐ์ พงศ์ทองคำ (2541) Wagner (1972) Hohenboken (1985) Brown และคณะ (1989) Schutz และคณะ (1993) Schutz และคณะ (1994) Boettcher และคณะ (1996a) ได้กล่าวถึง ลักษณะรูปร่างและคุณสมบัติของไมโทคอนเดรียอย่างละเอียด ไมโทคอนเดรียสามารถถ่ายทอดทางพันธุกรรมจากแม่สู่ลูกได้โดยตรงในไข่ของสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม และในส่วนของสเปิร์มจะมีไมโทคอนเดรียอยู่เป็นจำนวนมาก แต่หลังจากเกิดการผสมพันธุ์แล้วจะมีเพียงส่วนหัวของสเปิร์มเท่านั้นที่จะผ่านเข้าไปในไข่ได้ ดังนั้นไมโทคอนเดรียของลูกจะได้รับมาจากไข่ของแม่เสมอ ซึ่งสามารถจะถ่ายทอดผ่านทางแม่ไปสู่ลูกได้โดยตรงเพียงทางเดียวเท่านั้น และส่วนใหญ่จะไม่เกิดการแยกตัวและเกิดการรวมตัวกันใหม่ของยีนอย่างอิสระตามกฎของเมนเดล จึงไม่มีการเกิด ครอสซิง โอเวอร์ (crossing over) แต่อย่างใด

อย่างไรก็ตาม มีรายงานวิจัยที่พบว่าได้มีการถ่ายทอดยีนของไมโทคอนเดรียผ่านทางสายพ่อ ซึ่งเกิดขึ้นภายหลังจากการผสมกลับ (backcross) 26 ชั่วรุ่น (generations) ในหนูไมซ์ (mice) (Gyllensten *et al.*, 1991) ไมโทคอนเดรียจะมีบทบาทและเป็นหัวใจสำคัญในการทำงานของเซลล์ต่างๆโดยมากกว่า 90 เปอร์เซ็นต์จะเป็นแหล่งของการสร้างพลังงาน (ATP) ให้แก่เซลล์ นอกจากนั้นในปัจจุบันยังได้ถูกพิสูจน์และยอมรับกันแล้วว่าไมโทคอนเดรียของพวกยูคาริโอต (eukaryote) จะมีจีโนม (genome) เป็นของตัวเอง (Hutchison *et al.*, 1974) ที่สามารถสร้างเอนไซม์ (enzyme) ที่มีความสำคัญในระบบเมตาโบลิซึม (metabolism) ต่างๆของร่างกายได้ (Boettcher *et al.*, 1996a) ถึงแม้ว่าการถ่ายทอดของไมโทคอนเดรียจะสามารถถ่ายทอดจากแม่สู่ลูกได้โดยตรงก็ตาม ยังพบว่าได้มีความแปรผันของลำดับนิวคลีโอไทด์ภายในไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอเกิดขึ้นในระดับหนึ่ง นั่นหมายถึง การถ่ายทอดของไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอสามารถที่จะเกิดการกลายพันธุ์ (mutation)

ได้ในระดับหนึ่ง รายละเอียดสามารถศึกษาได้จาก Laipis และคณะ (1980) Lindberg (1989) อ้างโดย Boettcher และคณะ (1996a)

Anderson และคณะ (1982) อ้างโดย Kirkpatrick และ Dentine (1988) กล่าวว่า ดีเอ็นเอทั้งหมดของไมโทคอนเดรียในโคโคโดยทั่วไป ประกอบด้วย ไรโบโซม ไรโบนิวคลีอิก แอซิด (ribosome ribonucleic acid) 2 ตัว ไรโบนิวคลีอิกแอซิดที่ถ่ายถอดได้ (transfer ribonucleic acid) 22 ตัว และ ยีนโครงสร้างของรหัสโปรตีน (protein-encoding structural gene) อยู่ประมาณ 13 ตัว ถึงแม้ว่าดีเอ็นเอทั้งหมดของไมโทคอนเดรียยังไม่สามารถหาได้ครบถ้วนอย่างสมบูรณ์แบบก็ตาม แต่มียีนโครงสร้างตัวหนึ่งที่สามารถถอดรหัสได้เอนไซม์ไซโตโครมบี (cytochrome b) ไซโตโครม ออกซิเดส (cytochrome oxidase) และเอนไซม์ที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์พลังงาน(ATP synthase) ซึ่งเอนไซม์ดังกล่าวมีความสำคัญต่อการสังเคราะห์น้ำนม (milk synthesis) ในโคนม

(3) อิทธิพลของแม่ที่ลูกได้รับก่อนคลอด (prenatal maternal effect) แม่จะมีอิทธิพลต่อการเกิดและลักษณะหลังคลอดของลูกโดยขึ้นอยู่กับสภาพแวดล้อมภายในมดลูกระหว่างการตั้งท้องซึ่งไม่สามารถวัดได้โดยตรงภายในประชากร ดังนั้น จึงอาจจะต้องทำการทดสอบโดยทำการผสมสลับ (reciprocal cross) เพื่อให้ทราบถึงความแตกต่างที่เกิดขึ้นนั้นเป็นผลเนื่องมาจากอิทธิพลของแม่ (Karihaloo and Combs, 1971 ; Gibson and Russell, 1978 cited by Robison, 1981 ; Robison *et al.*, 1981 ; Thorpe *et al.*, 1993)

(4) การส่งผ่านภูมิคุ้มกันจากแม่สู่ลูก (transfer of maternal antibodies to the offspring) ภูมิคุ้มกันจากแม่ เช่น IgA , IgM และ IgG จะมีความสำคัญและจำเป็นอย่างยิ่งต่อการมีชีวิตรอดของลูกโดยขณะที่อยู่ในท้องก่อนคลอดลูกจะไม่สามารถรับภูมิคุ้มกันต่างๆผ่านทางรก (placenta) ได้ แต่ภายหลังจากคลอดแล้ว ลูกจะสามารถได้รับภูมิคุ้มกันดังกล่าวจากนมแม่เหลืองของแม่

(5) อิทธิพลของแม่ที่ลูกได้รับหลังคลอด (postnatal maternal effects) ระหว่างแรกเกิดจนถึงหย่านม อิทธิพลของแม่มีบทบาทสำคัญต่อลักษณะปรากฏของลูกได้มาก

จะเห็นได้ว่า อิทธิพลของแม่ที่กล่าวมาทั้งหมดจะมีลักษณะรูปแบบคล้ายคลึงกับสมการ (2.1) กล่าวคือ เป็นอิทธิพลของแม่ที่มีผลมาจากพันธุกรรมที่อยู่ภายนอกนิวเคลียส (cytoplasmic genetic effect) (ข้อ(1) และ (2)) ส่วนที่เหลือเป็นอิทธิพลที่มาจากสภาพแวดล้อมของแม่ (maternal environmental effect) (ข้อ (3) , (4) และ (5)) ที่เรียกว่า ความสามารถในการเลี้ยงลูกของแม่ (maternal ability) ซึ่งถูกควบคุมด้วยยีนหรือพันธุกรรมจากแม่ (direct maternal genetic effect) ที่เป็นส่วนหนึ่งในการถ่ายทอดของยีนแบบบวกสะสม โดยสอดคล้องกับรูปแบบในสมการ (2.1) (Mrode, 1996)

2.1.2 องค์ประกอบทางพันธุกรรม กระบวนการและขั้นตอนของการถ่ายทอดทางพันธุกรรมจากรุ่นพ่อแม่ไปสู่ลูกสามารถเขียนโดยสรุปเพื่อให้เข้าใจถึงองค์ประกอบทางพันธุกรรมของยีนแบบบวกสะสม พันธุกรรมของแม่ และยีนที่อยู่ภายนอกนิวเคลียสได้ดังรูปที่ 2.1 โดยที่ลักษณะปรากฏ (phenotype ; Z_x) ของลักษณะต่างๆในลูกตัวที่ x เป็นผลเนื่องมาจาก อิทธิพลโดยตรงของยีน (direct genetic effects ; G_{ox}) อิทธิพลโดยตรงของสิ่งแวดล้อม (direct environmental effects ; E_{ox}) และอิทธิพลของแม่ (maternal effects ; M_x) โดยกำหนดให้ o เป็นอิทธิพลโดยตรง และ m เป็นอิทธิพลจากแม่ w คือแม่ของ x ที่เป็นเพศเมียและสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างอิทธิพลโดยตรงและอิทธิพลของแม่ กำหนดให้เป็น r_{om} อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ที่อยู่ในรุ่นลูกคือ G_{mx}

จะเห็นได้ว่า อิทธิพลของแม่ (M_x) เป็นอิทธิพลโดยอ้อมของลักษณะปรากฏ ซึ่งจะประกอบไปด้วย ส่วนพันธุกรรมของแม่และสิ่งแวดล้อมที่เนื่องจากแม่ (G_{mw} และ E_{mw}) ดังสมการ

$$M_x = G_{mw} + E_{mw} \quad \dots\dots\dots (2.4)$$

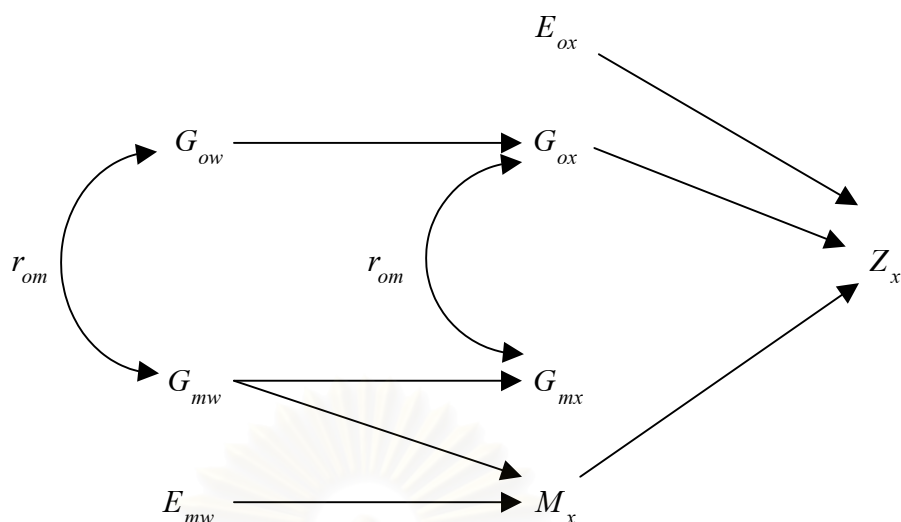
ผลของอิทธิพลโดยตรงของยีนต่อลักษณะปรากฏของลูก (Z_{ox}) ที่ไม่รวมอิทธิพลของแม่ จะประกอบไปด้วย จีโนไทป์ของตัว x และสิ่งแวดล้อมรอบตัวมัน ดังสมการ

$$Z_{ox} = \mu + G_{ox} + E_{ox} \quad \dots\dots\dots (2.5)$$

ดังนั้น ลักษณะปรากฏของลูก จะเป็นผลเนื่องมาจาก อิทธิพลจากยีนโดยตรงต่อลักษณะปรากฏของลูก และอิทธิพลของแม่ ดังสมการ

$$Z_x = Z_{ox} + M_x = \mu + (G_{ox} + E_{ox}) + (G_{mw} + E_{mw}) \quad \dots\dots\dots (2.6)$$

โดยมีข้อสมมติว่า อิทธิพลโดยตรงและอิทธิพลโดยอ้อม (G_{ox} และ G_{mw}) เป็นตัวแปรสุ่ม และไม่มีผลเนื่องมาจากปฏิกริยาร่วมระหว่างยีนต่างตำแหน่งและปฏิกริยาร่วมอื่นๆของยีน (Lynch and Walsh, 1998)



รูปที่ 2.1 แสดงกระบวนการและขั้นตอนของการถ่ายทอดทางพันธุกรรมจากรุ่นพ่อแม่ไปสู่ลูกที่มา (Lynch and Walsh, 1998)

ในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม ความแปรปรวนในสภาพแวดล้อมของลักษณะการแสดงออกของลูก บางส่วนจะมาจากความแปรปรวนทางพันธุกรรมบางลักษณะของแม่ เช่น ในการศึกษาลักษณะปริมาณ จะมีส่วนประกอบทางพันธุกรรมที่มีอิทธิพลอยู่ 2 ส่วน คือ จีโนไทป์ของตัวสัตว์ (animal genotype) ที่เรียกว่า อิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรง (direct genetic effects) และ จีโนไทป์ของแม่ (dam genotype) ที่เรียกว่า อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ (maternal genetic effects) (Willham, 1963) ซึ่งจะประกอบไปด้วย อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ในความสามารถของการเลี้ยงลูกโดยจะเป็นส่วนหนึ่งของอิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรง ที่เรียกว่า อิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงของแม่ (direct maternal genetic effects) และอิทธิพลของยีนที่อยู่นอกนิวเคลียสหรือไมโทคอนเดรีย (Mrode, 1996) ซึ่งจะได้กล่าวถึงต่อไป

2.2 หลักเกณฑ์พิจารณาลักษณะพันธุกรรมที่ถูกควบคุมด้วยยีนนอกนิวเคลียส (extrachromosomal inheritance)

ลักษณะพันธุกรรมที่ถูกควบคุมด้วยยีนที่มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมในนิวเคลียส การถ่ายทอดลักษณะพันธุกรรมดังกล่าวจะเป็นไปตามกฎของเมนเดล โดยอาจจะสามารถเรียกลักษณะพันธุกรรมเหล่านี้ว่า ลักษณะพันธุกรรมตามกฎของเมนเดล (Mendelian inheritance) ซึ่งพ่อและแม่จะสามารถถ่ายทอดพันธุกรรมให้กับลูกได้เท่าๆกันอย่างละครึ่ง และเมื่อมีการผสมระหว่างพ่อแม่ทั้งการผสมข้ามโดยตรง (crossing) และการผสมกลับ ซึ่งลูกผสมที่ได้ของทั้ง 2 ประเภท จะมีลักษณะการแสดงออกไม่แตกต่างกัน ยกเว้นในพันธุกรรมที่ถูกควบคุมด้วยยีนบนโครโมโซมเพศ

อย่างไรก็ตาม จะมีบางลักษณะในสิ่งมีชีวิต ยีนที่ควบคุมลักษณะพันธุกรรมเหล่านี้ไม่ได้มีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมในนิวเคลียสเท่านั้น แต่จะอยู่ในไซโตพลาสซึม เรียกยีนเหล่านี้ว่า พลาสมายีน (plasmagene) และเรียกลักษณะพันธุกรรมเหล่านี้ว่า ลักษณะพันธุกรรมที่ถูกควบคุมด้วยยีนนอกนิวเคลียส โดยทั่วไปในส่วนของไซโตพลาสซึมประกอบด้วย ออร์แกเนลล์ (organelle) เป็นจำนวนมาก เช่น ไมโทคอนเดรีย (mitochondria) พลาสติด (plastid) ไลโซโซม (lysosome) โกลจิ บอดี (golgi bodies) และอื่นๆ ออร์แกเนลล์เหล่านี้บางชนิดพบว่ามีพลาสมายีนอยู่เนื่องจากตรวจพบดีเอ็นเอในออร์แกเนลล์เหล่านี้ ได้แก่ ไมโทคอนเดรีย และ พลาสติด ออร์แกเนลล์ทั้งสองสามารถแบ่งตัวและถูกถ่ายทอดจากชั่วอายุหนึ่งไปอีกชั่วอายุหนึ่งได้ (ประดิษฐ์ พงศ์ทองคำ, 2541)

ประดิษฐ์ พงศ์ทองคำ (2541) ได้เสนอหลักเกณฑ์พิจารณาลักษณะพันธุกรรมที่ควบคุมด้วยยีนนอกนิวเคลียส โดยแบ่งออกได้ดังนี้

(1) ลักษณะใดก็ตาม เมื่อมีการผสมระหว่างพ่อแม่ทั้งการผสมข้ามโดยตรงและการผสมกลับ ลูกผสมที่ได้ของทั้งสองสายมีอัตราส่วนไม่เท่ากันและพิสูจน์ได้ว่าไม่ใช่ลักษณะพันธุกรรมที่ถูกควบคุมด้วยยีนบนโครโมโซมเพศแล้ว แสดงว่าลักษณะดังกล่าวถูกควบคุมด้วยยีนนอกนิวเคลียส

(2) ลักษณะใดก็ตาม เมื่อมีการผสมระหว่างพ่อแม่ทั้งการผสมข้ามโดยตรงและการผสมกลับ ลูกผสมที่ได้ของทั้งสองสายแสดงลักษณะออกมาเหมือนกับฝ่ายแม่ตลอดเวลา (maternal inheritance) แสดงว่า ลักษณะดังกล่าวถูกควบคุมด้วยยีนนอกนิวเคลียส ที่เป็นเช่นนี้เพราะว่า เซลล์สืบพันธุ์จากฝ่ายแม่จะถ่ายทอดไซโตพลาสซึมให้กับลูก เซลล์สืบพันธุ์ของฝ่ายพ่อจะไม่ถ่ายทอดไซโตพลาสซึมให้กับลูก จะถ่ายทอดเฉพาะยีนที่อยู่ภายในนิวเคลียสเท่านั้น

(3) ลักษณะใดก็ตาม ถ้ายีนที่ควบคุมลักษณะนั้นไม่สามารถจะกำหนดได้ว่ามีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมใดในนิวเคลียสและอยู่ชิดกับยีนใดบนโครโมโซม (non mappability) แสดงว่าลักษณะนั้นถูกควบคุมด้วยยีนนอกนิวเคลียส

(4) ลักษณะใดก็ตาม ถ้ายีนที่ควบคุมลักษณะนั้นไม่มีการแยกตัวของยีน (non segregation) หรือ มีการแยกตัวของยีนแต่ไม่เป็นไปตามกฎของเมนเดลแล้ว (non Mendelian segregation) แสดงว่าลักษณะนั้นถูกควบคุมด้วยยีนนอกนิวเคลียส

(5) ลักษณะใดก็ตาม ที่มีการถ่ายทอดลักษณะดังกล่าวจากชั่วอายุหนึ่งไปยังอีกชั่วอายุหนึ่ง โดยปราศจากการถ่ายทอดทางโครโมโซมภายในนิวเคลียสแล้ว แสดงว่าลักษณะนั้นจะถูกควบคุมด้วยยีนนอกนิวเคลียส เช่น การเกิดทรานสฟอร์เมชัน (transformation) ในแบคทีเรีย

(6) ถ้ายีนที่ควบคุมลักษณะใดก็ตาม มีการเปลี่ยนแปลงหรือกลายพันธุ์ไปแต่ไม่ใช่การกลายพันธุ์ของยีนบนโครโมโซมแล้ว แสดงว่าลักษณะนั้นถูกควบคุมด้วยยีนนอกนิวเคลียส

2.3 การวิเคราะห์อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่

2.3.1 พัฒนาการของการวิเคราะห์อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ Willham (1972) ได้อธิบายถึงพัฒนาการของการวิเคราะห์อิทธิพลของแม่โดยย้อนกลับไปได้ตั้งแต่ Dickerson ได้เริ่มต้นศึกษาและพัฒนาวิธีการวิเคราะห์ทางคณิตศาสตร์ที่เรียกว่า “ไบโอเมตริกซ์” (biometrics) ตั้งแต่ปี ค.ศ. 1947 หลังจากนั้น ในปี ค.ศ. 1955 Koch และ กลุ่มของ Clark และ Kempthorne ทั้ง 2 กลุ่มได้พัฒนาวิธีการวิเคราะห์เรื่อยมา จนในปี ค.ศ. 1963 Willham ได้ใช้โมเดลทางพันธุกรรมในเชิงเส้นตรง (linear genetic model) ศึกษาอิทธิพลดังกล่าว ต่อมาในปี ค.ศ. 1965 Falconer ได้พัฒนาโมเดลทางพันธุกรรมเพื่อที่จะอธิบายผลความสัมพันธ์ของอิทธิพลของแม่ต่อลักษณะปรากฏของลูกในปี ค.ศ. 1967 Eisen ได้เสนอแผนการผสมพันธุ์ 3 แบบ รวมทั้งการใช้วิธีการวิเคราะห์แบบกำลังสองน้อยที่สุด เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ทั่วไป และในปี ค.ศ. 1971 Van Vleck ได้เริ่มการวิเคราะห์ทั้งอิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงและอิทธิพลของแม่ในแต่ละลักษณะเพื่อที่จะวิเคราะห์หาดัชนีการคัดเลือก จนกระทั่งต่อมา สมาคมวิทยาศาสตร์การสัตว์ของสหรัฐอเมริกา (The American Society of Animal Science) มหาวิทยาลัยแคลิฟอร์เนีย ได้จัดการประชุมใหญ่ขึ้นในหัวข้อ “บทบาทอิทธิพลของแม่ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์” (The role of maternal effects in animal breeding) โดยรายละเอียดของเนื้อหาการประชุมทั้งหมดได้ถูกตีพิมพ์ใน Journal of Animal Science ปีที่ 35 ฉบับที่ 6 ในปี ค.ศ. 1972 (Stormont, 1972 ; Wagner, 1972 ; Willham, 1972 ; Legates, 1972 ; Robison, 1972 ; Koch, 1972 ; Bradford, 1972 ; Cundiff, 1972) หลังจากนั้น จึงได้มีงานวิจัยที่ศึกษาถึงอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไซโตพลาสซึมเพิ่มมากขึ้นพร้อมกับได้มีการพัฒนาวิธีการวิเคราะห์โมเดลที่ใช้และการประเมินค่าทางพันธุกรรมให้มีความถูกต้องแม่นยำมากยิ่งขึ้นในสัตว์ชนิดอื่นๆอีกหลายชนิด เช่น โคนม (ลักษณะด้านระบบสืบพันธุ์) (Thompson *et al.*, 1981 ; Lin *et al.*, 1984 ; Cue and Hayes, 1985 ; Balcerzak *et al.*, 1989 ; Manfredi *et al.*, 1991) โคนเนื้อ (Tess *et al.*, 1987 ; Meyer, 1992 ; Meyer, 1997 ; Tosh *et al.*, 1999 ; Quintanilla *et al.*, 1999 ; Ferreira *et al.*, 1999 ; Miller and Wilton, 1999 ; Choi *et al.*, 2000) กระบือ (Meyer, 2000) สุกร (Roehle and Kennedy, 1993a ; Roehle and Kennedy, 1993b ; Roehle and Kennedy, 1993c ; See, 2001) แกะ (Karihaloo and Combs, 1971 ; Analla *et al.*, 1999 ; Lewis and Beatson, 1999 ; Naser *et al.*, 2000) สัตว์ปีก (Sewalem and Johansson, 2000) กระต่าย (Aina *et al.*, 1998 ; Ferraz and Eler, 2000) และ ในมนุษย์ (Hutchison *et al.*, 1974 ; Stearns, 1999) เป็นต้น

2.3.2 ผลการวิเคราะห์อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ จากการตรวจเอกสารรายงานวิจัย ในต่างประเทศโดยส่วนใหญ่ที่ผ่านมาในอดีตจนถึงปัจจุบันพบว่าจากเดิมที่ได้มีข้อจำกัดสำหรับ ประสิทธิภาพของอุปกรณ์เทคโนโลยีและวิธีการในการคำนวณที่มีความถูกต้องแม่นยำ จึงได้มีการ วิเคราะห์โดยรวมอิทธิพลทางพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมของแม่เป็นอิทธิพลของแม่เพียง อย่างเดียว จนกระทั่งต่อมา ได้มีการจำแนกอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ออกเป็น 2 ส่วนตามแหล่ง ที่มาของพันธุกรรมที่แตกต่างกันพร้อมทั้งวิธีการและโมเดลที่ใช้วิเคราะห์ได้มีความถูกต้องแม่นยำ และสามารถจำแนกปัจจัยทางสิ่งแวดล้อมได้ชัดเจนยิ่งขึ้นจึงทำให้สามารถลดความมึนงงที่เกิดขึ้น ได้อย่างมีประสิทธิภาพ (Kennedy, 1989 ; Mrode, 1996 ; Schaeffer, 2001) ซึ่งจะได้อธิบายต่อไป

อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไซโตพลาสซึมเป็นค่าที่มีค่าน้อย Boettcher และ Gibson (1996) ได้รายงานค่าอิทธิพลของไซโตพลาสซึมต่อความแปรปรวนทั้งหมด ของปริมาณน้ำนม ปริมาณและเปอร์เซ็นต์ไขมันนม เท่ากับ 0.41% , 0.34% และ 0.47% ตามลำดับ ซึ่งจะเห็นได้ว่าค่าประมาณที่ได้มีค่าน้อยกว่า 0.5% ของความแปรปรวนทั้งหมดของทุกลักษณะที่ ศึกษา ซึ่งสอดคล้องกับรายงานวิจัยของ Boettcher และคณะ(1996b) ซึ่งได้ค่าประมาณอยู่ระหว่าง 1-3% ของความแปรปรวนทั้งหมดในเปอร์เซ็นต์ไขมันนม Southwood และคณะ(1989) ได้ ค่าประมาณอยู่ในช่วงระหว่าง 1.8-3.1% ของความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน และสอดคล้อง กับรายงานวิจัยของ Bell และคณะ(1985) Huizinga และคณะ(1986) เช่นเดียวกัน โดยค่าประมาณ ที่ได้จะอยู่ระหว่าง 1.2-12.1% ของความแปรปรวนทั้งหมดของลักษณะปริมาณน้ำนม

การวิเคราะห์อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ (ตารางที่ 2.4) ส่วนใหญ่จะนิยมศึกษา อิทธิพลของไซโตพลาสซึมมากกว่าอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากอิทธิพลทาง พันธุกรรมของแม่ในโคนมมีความสำคัญไม่มากนักต่อลักษณะผลผลิตของลูก เนื่องมาจากแม่โคนม ภายหลังจากคลอดได้แยกลูกโคนมออกทันที (สมชาย จันทร์ส่องแสง, 2530) จึงทำให้โคนมโดย ส่วนใหญ่ขาดช่วงของการเลี้ยงลูกและไม่ได้แสดงความสามารถในการเลี้ยงลูกได้อย่างเต็มที่ ดังนั้น อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ใน โคนมจึงส่งผลเพียงอิทธิพลของแม่ที่ลูกได้รับก่อนคลอดหรือ สภาพแวดล้อมภายในมดลูกเท่านั้น (Schutz *et al.*, 1992a)

โดยผลของการศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ที่ประกอบไปด้วย อิทธิพลทาง พันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของยีนที่อยู่ภายนอกนิวเคลียสหรือไซโตพลาสซึมจากการ ทบทวนเอกสาร (ตารางที่ 2.4) ได้ข้อสรุปว่า ในลักษณะการให้ผลผลิตต่างๆในโคนม เช่น ลักษณะปริมาณน้ำนม , ปริมาณและเปอร์เซ็นต์ไขมันนม , ปริมาณและเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม เป็นต้น รายงานวิจัยโดยส่วนใหญ่จะสนับสนุนถึงความสำคัญของอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ต่อ การประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ต่างๆ

(Van Vleck and Bradford, 1965 ; Van Vleck and Bradford, 1966 ; Robison, 1981 ; Bell, 1983 ; Seykora and McDaniel, 1983 ; Bell *et al.*, 1985 ; Huizinga *et al.*, 1986 ; Ahlborn-Breier *et al.*, 1988 ; Kirkpatrick and Dentine, 1988 ; Faust *et al.*, 1989 ; McAllister *et al.*, 1989 ; Schutz and Freeman, 1989 ; Southwood *et al.*, 1989 ; Kennedy and Schaeffer, 1990 ; Freeman, 1990 ; Ron *et al.*, 1990 ; Faust *et al.*, 1990 ; Ron *et al.*, 1992 ; Schutz *et al.*, 1992a ; Schutz *et al.*, 1992b ; Schutz *et al.*, 1993 ; Thorpe *et al.*, 1993 ; McAllister *et al.*, 1994 ; Schutz *et al.*, 1994 ; Boettcher *et al.*, 1996a ; Boettcher *et al.*, 1996b ; Boettcher and Gibson., 1996 ; Gibson *et al.*, 1997 ; Boettcher and Gibson., 1997 ; Schnitzenlehner and Essl, 1999 ; Rorato *et al.*, 1999)

อย่างไรก็ตาม มีรายงานวิจัยอยู่อีกส่วนหนึ่งที่ไม่เห็นด้วยหรือไม่สนับสนุนและคาดว่าความสำคัญของอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ต่อการประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนเพื่อที่จะนำไปสู่การประเมินค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ต่างๆรวมทั้งผลกระทบต่อการคัดเลือกและการตอบสนองต่อการคัดเลือกนั้น ไม่นับยสำคัญ อิทธิพลดังกล่าวจะเป็นเพียงแค่ว่าใดๆที่มีค่าใกล้เคียงกันและเป็นค่าน้อยที่ไม่มีผลต่อการประมาณค่าทางพันธุศาสตร์ (Van Vleck and Hart, 1966 ; Kennedy, 1986 ; Reed and Van Vleck, 1987 ; Ahlborn-Breier *et al.*, 1988 ; Lee *et al.*, 1988 ; O'Neil and Van Vleck, 1988 ; Brown *et al.*, 1989 ; Kebede *et al.*, 1990 ; Campos *et al.*, 1991 ; Boettcher *et al.*, 1996c ; Roughsedge *et al.*, 1998 ; Albuquerque *et al.*, 1998 ; Roughsedge *et al.*, 1999 ; Roughsedge *et al.*, 2000)

2.4 วิธีการวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุศาสตร์

การวิเคราะห์ข้อมูลเพื่อประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ต่างๆสามารถที่จะศึกษารายละเอียดของทฤษฎีการวิเคราะห์ทางพันธุศาสตร์สถิติพื้นฐานได้จาก Henderson (1984) Kennedy (1989) หรือ Schaeffer (2001) ซึ่งรวบรวมไว้โดยละเอียด

โมเดลที่ใช้ในการวิเคราะห์เป็นสิ่งที่สำคัญมาก ค่าที่ประมาณได้จะถูกต้องแม่นยำน่าเชื่อถือมากน้อยแค่ไหน ขึ้นอยู่กับการกำหนดปัจจัยหรืออิทธิพลต่างๆภายในโมเดลเป็นสำคัญ โดยทั่วไปโมเดลแบบง่ายที่สุด จะเป็นรูปแบบของโมเดลตามสมการ (2.1) ซึ่งส่วนใหญ่จะไม่คำนึงถึงอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่แยกออกจากส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมของยีนแบบบวกสะสม ซึ่งอาจทำให้การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ต่างๆมีค่าสูงเกินไป

2.4.1 การประมาณค่าอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ ในการประเมินค่าทางพันธุกรรม เช่น อัตราพันธุกรรม ค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะผลผลิตในโคนม โดยส่วนใหญ่จะใช้โมเดลของสัตว์แต่ละตัว ซึ่งได้มีการเก็บบันทึกข้อมูลซ้ำในวงรอบของการให้ผลผลิตในแต่ละระยะของการให้นม ดังนั้น ลักษณะของสมการจึงต้องเป็นแบบ โมเดลที่มีการวัดซ้ำ (repeatability model) ดังนี้

$$y = Xb + Za + Wpe + e \quad \dots\dots\dots(2.7)$$

- โดยที่
- y = เวกเตอร์ของค่าสังเกต (observation)
 - b = เวกเตอร์ของปัจจัยคงที่ (fixed effects)
 - a = เวกเตอร์ของปัจจัยสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ (random animal effects)
 - pe = เวกเตอร์ของสภาพแวดล้อมถาวรแบบสุ่มและอิทธิพลที่ไม่ใช่ยีนบวกสะสม (permanent environmental effects)
 - e = เวกเตอร์ของอิทธิพลที่เหลือแบบสุ่ม (residual effects)
 - X, Z, W = เมตริกซ์ของเหตุการณ์ (incidence matrix) ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์ที่ระบุไว้แล้ว

ในบางลักษณะที่ต้องการคัดเลือก ค่าประมาณของอัตราพันธุกรรม และ ค่าการผสมพันธุ์ที่ได้ อาจจะมีค่าสูงเกินไป เนื่องจากในการวิเคราะห์ข้อมูลโดยส่วนใหญ่ อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ ไม่ได้วิเคราะห์แยกออกมาจากอิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงภายในโมเดล จึงทำให้การวิเคราะห์ดังกล่าวมีผลต่อการคัดเลือกและวางแผนการปรับปรุงพันธุ์ได้สำหรับลักษณะที่มีอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่จะมีโมเดลแบบผสมเป็นดังนี้

$$y = Xb + Za + Wm + Spe + e \quad \dots\dots\dots(2.8)$$

- โดยที่
- y = เวกเตอร์ของค่าสังเกต
 - b = เวกเตอร์ของปัจจัยคงที่
 - a = เวกเตอร์ของปัจจัยตัวสัตว์แบบสุ่ม
 - m = เวกเตอร์ของอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่แบบสุ่ม
 - pe = เวกเตอร์ของอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมที่ถาวร
 - e = เวกเตอร์ของอิทธิพลที่เหลือแบบสุ่ม
 - X, Z, S, W = เมตริกซ์ของเหตุการณ์ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์ที่ระบุไว้แล้ว

โดยที่สมมติว่า

$$\text{var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11} A & g_{12} A & 0 & 0 \\ g_{21} A & g_{22} A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

- ซึ่ง
- g_{11} = ความแปรปรวนทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลโดยตรง
 - g_{22} = ความแปรปรวนทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่
 - g_{21}, g_{12} = ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมระหว่างอิทธิพลโดยตรงและเนื่องมาจากแม่
 - σ_{pe}^2 = ความแปรปรวนอันเนื่องมาจากสิ่งแวดล้อมแบบสุ่ม
 - σ_e^2 = ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลที่เหลือแบบสุ่ม

ดังนั้น ความแปรปรวนของ y หาได้คือ

$$\text{var}(y) = \begin{bmatrix} Z & W \end{bmatrix} \begin{bmatrix} g_{11} A & g_{12} A \\ g_{21} A & g_{22} A \end{bmatrix} \begin{bmatrix} Z \\ W \end{bmatrix} S I \sigma_{pe}^2 S' + I \sigma_e^2$$

ในการประมาณค่าของปัจจัยคงที่ที่ได้ใส่ไว้ในโมเดล จะใช้วิธีการประมาณค่าปัจจัยคงที่คือ Best Linear Unbiased Estimator (BLUE) ส่วนปัจจัยสุ่ม ได้แก่ u , m และ pe จะใช้วิธีการทำนายคือ Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ในโมเดลแบบผสมดังกล่าวข้างต้น จะได้ว่า การแก้สมการหาค่าตัวแปรต่างๆในรูปของเมตริกซ์จะเป็นดังนี้

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \\ \hat{m} \\ p\hat{e} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'S \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha_1 & Z'W + A^{-1}\alpha_2 & Z'S \\ W'X & W'Z + A^{-1}\alpha_2 & W'W + A^{-1}\alpha_3 & W'S \\ S'X & S'Z & S'W & S'S + I\alpha_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ S'y \end{bmatrix}$$

โดยที่

$$G = \begin{bmatrix} g_{11} & g_{12} \\ g_{21} & g_{22} \end{bmatrix}; \quad G^{-1} = \begin{bmatrix} g^{11} & g^{12} \\ g^{21} & g^{22} \end{bmatrix} \quad \text{และ} \quad \begin{bmatrix} \alpha_1 & \alpha_2 \\ \alpha_2 & \alpha_3 \end{bmatrix} = \sigma_e^2 \begin{bmatrix} g^{11} & g^{12} \\ g^{21} & g^{22} \end{bmatrix}$$

และ

$$\alpha_4 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{pe}^2} \quad (\text{Mrode, 1996})$$

2.4.2 การประมาณค่าอิทธิพลของยีนภายนอกนิวเคลียสหรือไซโตพลาสซึม Kennedy (1989) ได้อธิบายผลของการประเมินพันธุกรรมที่คำนึงถึงอิทธิพลของไซโตพลาสซึมด้วยโมเดลอย่างง่าย ตัวอย่างที่จะกล่าวถึงต่อไปนี้เป็นตัวอย่างขนาดเล็ก โดยพ่อโคนมหมายเลข 1 ผสมพันธุ์กับโคนมเพศเมีย 2 ตัว คือ หมายเลข 2 และ 3 ได้ลูกโคนมเพศเมียเช่นเดียวกันหมายเลข 4 และ 5 ตามลำดับ โคนมหมายเลข 2, 3, 4 และ 5 มีข้อมูลที่วัดได้เท่ากับ 10, 8, 9 และ 7 ตามลำดับ สมมติว่า $\sigma_a^2 = 0.25\sigma^2$, $\sigma_c^2 = 0.25\sigma^2$ และ $\sigma_e^2 = 0.50\sigma^2$ โดยที่ σ^2 คือความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ สมการโมเดลของสัตว์แต่ละตัวที่คำนึงถึงอิทธิพลของไซโตพลาสซึมเป็นดังนี้

$$y = Xb + Za + Wc + e \dots\dots\dots(2.8)$$

โดยที่ c คือเวกเตอร์ของอิทธิพลทางพันธุกรรมเนื่องมาจากไซโตพลาสซึม, W คือเมตริกซ์เหตุการณ์ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์ที่ระบุไว้แล้ว จะได้การแก้สมการหาค่าตัวแปรต่างๆในรูปเมตริกซ์ดังนี้

$$\begin{bmatrix} b \\ a \\ c \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda & Z'W \\ W'X & X'Z & W'W + I\theta \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

ที่ซึ่ง $\theta = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2}$ ในที่นี้กำหนดให้ $\lambda = \theta = 2$ สำหรับตัวอย่างนี้กำหนดให้สัตว์ถูก

เรียงตามลำดับของตัวเลข จะได้ผลลัพธ์ของเมตริกซ์ความสัมพันธ์ (relationship matrix ; A) ดังนี้

$$A = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & \frac{1}{2} & \frac{1}{2} \\ 0 & 1 & 0 & \frac{1}{2} & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & \frac{1}{2} \\ \frac{1}{2} & \frac{1}{2} & 0 & 1 & \frac{1}{2} \\ 2 & 2 & 0 & 4 & 4 \\ \frac{1}{2} & 0 & \frac{1}{2} & \frac{1}{2} & 1 \\ 2 & 2 & 4 & 4 & 4 \end{bmatrix} \quad \text{จะได้ } A^{-1}\lambda = \begin{bmatrix} 4 & 1 & 1 & -2 & -2 \\ 1 & 3 & 0 & -2 & 0 \\ 1 & 0 & 3 & 0 & -2 \\ -2 & -2 & 0 & 4 & 0 \\ -2 & 0 & -2 & 0 & 4 \end{bmatrix}$$

กลุ่มของไซโตพลาสซึมแบ่งได้เป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มของโคนมหมายเลข 2 และ 3 โดยกำหนดให้ไม่มีการเกิดความเปลี่ยนแปลงใดๆของยีนที่อยู่ในไซโตพลาสซึม เช่น เกิดการกลายพันธุ์ (mutation) เป็นต้น ดังนั้น จะได้

$$I\theta = \begin{bmatrix} 2 & 0 \\ 0 & 2 \end{bmatrix}$$

กำหนดให้ ปัจจัยคงที่ที่อยู่ในสมการมีค่าเท่ากับค่าเฉลี่ย เพื่อความสะดวกต่อการคำนวณ จะได้การแก้สมการหาค่าตัวแปรต่างๆในรูปเมตริกซ์ ดังนี้

$$\begin{bmatrix} \mu \\ a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \\ c_1 \\ c_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 4 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 2 & 2 \\ 0 & 4 & 1 & 1 & -2 & -2 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 4 & 0 & -2 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 4 & 0 & -2 & 0 & 1 \\ 1 & -2 & -2 & 0 & 5 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & -2 & 0 & -2 & 0 & 5 & 0 & 1 \\ 2 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 4 & 0 \\ 2 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 4 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} 34 \\ 0 \\ 10 \\ 8 \\ 9 \\ 7 \\ 19 \\ 15 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 8.52 \\ -0.19 \\ 0.37 \\ -0.18 \\ 0.09 \\ -0.38 \\ 0.37 \\ -0.37 \end{bmatrix}$$

จากผลลัพธ์ที่ได้เป็นการประมาณค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์แต่ละตัว ยกตัวอย่างเช่น โคนมหมายเลข 4 จะประมาณค่าการผสมพันธุ์ได้เท่ากับ $c_1 + a_4 = 0.37 + 0.09 = 0.46$ เป็นต้น

ถึงแม้ว่าการประเมินพันธุกรรมในปัจจุบัน โมเดลของสมการมีความซับซ้อนและมีจำนวนข้อมูลมากกว่าในตัวอย่างดังกล่าวเป็นจำนวนมากก็ตาม แต่หลักการข้างต้นสามารถจะนำมาประยุกต์ใช้ได้อย่างเหมาะสมและมีความถูกต้องมากกว่าวิธีการวิเคราะห์แบบอื่นๆในอดีตที่ผ่านมา

Mrode (1996) และ Schaeffer (2001) ได้แสดงตัวอย่างการคำนวณแบบง่ายของโมเดลที่มีลักษณะสำคัญในโคเนื้อที่ใส่ปัจจัยดังกล่าวคล้ายๆกับโมเดลข้างต้น

2.5 รูปแบบการพัฒนาวิธีการวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุศาสตร์

เมื่อก้าวถึงความสำคัญของอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ในครั้งนี จะสอดคล้องไปตามรูปแบบของการพัฒนาวิธีการวิเคราะห์และโมเดลที่ใช้ เพื่อที่จะให้โมเดลที่ได้จากการกำหนดมีลักษณะใกล้เคียงกับโมเดลที่แท้จริง (true model) มากที่สุด โดยจะสามารถจำแนกความสำคัญของอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ตามรูปแบบของการพัฒนาวิธีการวิเคราะห์ ได้ดังนี้

2.5.1 การเปรียบเทียบการผสมพันธุ์ของฝูง (herd-mate comparisons) เริ่มต้นมาจากแนวคิดที่ได้กล่าวไปแล้วในบทนี้ข้างต้นว่า การหาอิทธิพลของแม่สามารถที่จะหาโดยทำการผสมแบบผสมสายสลับ เพื่อทำการเปรียบเทียบความแตกต่าง โดยสมมติให้โคนมเพศผู้สายพันธุ์ A ผสมกับโคนมเพศเมียสายพันธุ์ B (AxB) และโคนมเพศผู้สายพันธุ์ B ผสมกับโคนมเพศเมียสายพันธุ์ A (BxA) ลูกที่ได้มีการแสดงออกของลักษณะที่ศึกษาแตกต่างกัน สิ่งนั้นจะเป็นผลเนื่องมาจากอิทธิพลของแม่ แต่ในทางปฏิบัติจริงค่อนข้างยากที่จะสรุปออกมาเช่นนั้น เนื่องมาจากว่ามีหลากหลายปัจจัยที่จะเข้ามากระทบต่อความแตกต่างดังกล่าว พร้อมกันนั้นไม่สามารถที่จะแยกอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ออกจากอิทธิพลของยีนภายนอกนิวเคลียสได้ การเปรียบเทียบนี้จึงเป็นเพียงการพิสูจน์ให้เห็นเป็นรูปธรรมว่า อิทธิพลของแม่มีอยู่จริงในบางลักษณะที่สนใจ

2.5.2 การเปรียบเทียบวิธีการหาค่าอัตราพันธุกรรม (estimations of heritability comparisons) การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมโดยทั่วไปจะมีวิธีการในการประมาณค่าได้หลายวิธีแตกต่างกัน (Becker, 1984 ; Falconer and Mackay, 1996) เช่น การวิเคราะห์ทางญาติพี่น้อง (sib analysis) ที่มีความสัมพันธ์ของพี่น้องเป็นแบบพ่อแม่เดียวกัน (full sib) หรือแบบพ่อเดียวกันแต่ต่างแม่ (half sib) , การวิเคราะห์ความถดถอยของลูกกับแม่ (regression of offspring on dam) หรือค่าเฉลี่ยของพ่อและแม่กับลูก (regression of offspring on mid parents) เป็นต้น ซึ่งทั้งสองวิธีการแรกเป็นวิธีการที่นิยมใช้กันมากที่สุด

Van Vleck และ Bradford (1966) รายงานว่า ค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับลักษณะปริมาณ นำนมที่คำนวณจากสมการถดถอยของลูกตัวเมียกับแม่ (daughter-dam regression coefficient) จะมีค่าสูงกว่าที่คำนวณได้จากค่าสหสัมพันธ์ของพ่อแบบพ่อเดียวกันแต่ต่างแม่ (paternal half sib correlation) นักวิจัยทั้งสองได้ตั้งข้อสมมติฐานว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่สูงกว่านั้นน่าจะเนื่องมาจากอิทธิพลของแม่ ซึ่งผลสรุปที่ได้จะสอดคล้องกับการศึกษาในอีกหลายงานวิจัยต่อมา (ตารางที่ 2.4) เช่น การศึกษาของ Seykora และ McDaniel (1983) , Visscher และ Thompson (1992)

Reed และ Van Vleck (1987) ได้ทำการศึกษาจากข้อมูลในภาคสนาม โดยเขาได้ศึกษาในโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ที่ให้นมครั้งแรก วิเคราะห์ค่าอัตราพันธุกรรมจากความถดถอย (regression) ระหว่างลูกสาวกับแม่ (daughter-dam) และ หลานสาวกับยาย (granddaughter-granddam) ต่อลักษณะปริมาณน้ำนม , ปริมาณไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์ไขมันนม ความแตกต่างระหว่างอัตราพันธุกรรมของความถดถอยทั้งสองนี้สามารถที่จะหาอิทธิพลของไซโตพลาสซึมได้ ดังตารางที่ 2.1

ตารางที่ 2.1 ค่าอัตราพันธุกรรม (heritability ; h^2) และค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error ; S.E.) จากความถดถอยระหว่างลูกสาวกับแม่ (daughter - dam ; DD) และลูกสาวกับยาย (daughter - granddam ; DG) โดยคำนึงถึงอิทธิพลของไซโตพลาสซึมที่มีผลต่อปริมาณน้ำนม ปริมาณ และ เปอร์เซ็นต์ไขมันนม

ลักษณะ	ค่าอัตราพันธุกรรม				อิทธิพลของไซโตพลาสซึม (%)
	DD		DG		
	h^2	S.E.	h^2	S.E.	
ปริมาณน้ำนม	0.3474	0.0120	0.3405	0.0253	-0.0035
ปริมาณไขมันนม	0.3046	0.0118	0.2780	0.0250	-0.0133
เปอร์เซ็นต์ไขมันนม	0.6261	0.0111	0.5532	0.0252	-0.0365

ที่มา Reed และ Van Vleck (1987)

จากตารางที่ 2.1 จะเห็นได้ว่าอิทธิพลของไซโตพลาสซึมมีค่าเป็นลบทำให้สรุปได้ว่าไม่มีอิทธิพลของไซโตพลาสซึมต่อลักษณะต่างๆที่ศึกษา

2.5.3 การพัฒนาวิธีการหาค่าองค์ประกอบของความแปรปรวน (variance component estimation) ในอดีต การศึกษาองค์ประกอบของความแปรปรวนเพื่อที่จะประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์ต่างๆ จะนิยมใช้วิธีการวิเคราะห์ความแปรปรวนธรรมดา (Analysis of Variance; ANOVA) (Becker, 1984) จนกระทั่งได้พัฒนาวิธีการวิเคราะห์ไปเป็นการใช้วิธีวิเคราะห์แบบ Henderson's method I , II , III จนกระทั่งพัฒนาวิธีการวิเคราะห์เรื่อยมาจนเป็น restricted maximum likelihood (REML) ที่ใช้กันอยู่ในปัจจุบัน (Searle, 1992)

Bell และคณะ(1985) ศึกษาอิทธิพลของแม่โดยใช้ข้อมูลโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ในการให้นมครั้งแรกจำนวน 4,461 ตัว วิเคราะห์โดยใช้โมเดลที่ได้รวมอิทธิพลของไซโตพลาสซึมซึ่งกำหนดให้เป็นอิทธิพลคงที่ ผลการวิเคราะห์สรุปได้ว่าการถ่ายทอดของยีนในไซโตพลาสซึม (cytoplasmic line effects) มีอิทธิพลต่อการผลิตน้ำนมและลักษณะทางการสืบพันธุ์อย่างมีนัยสำคัญเช่นเดียวกับการศึกษาของ Huizinga และคณะ (1986) ส่วน Schutz และคณะ (1992a) ได้วิเคราะห์โดยใช้วิธีกำลังสองน้อยที่สุด พบว่า อิทธิพลของไซโตพลาสซึมในครั้งแรกและครั้งที่สองของการให้นมมีค่าเป็น 4.1% และ 3.8% ของความแปรปรวนทั้งหมดอย่างมีนัยสำคัญ

2.5.4 การพัฒนาโมเดลต่างๆและการใช้ BLUP (model and BLUP) โดยปกติอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ และอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม มักจะจำแนกไม่ออกว่าลักษณะปรากฏของลูกเกิดมาจากอิทธิพลใดกันแน่ เรียกปรากฏการณ์นี้ว่า ผลของการเกิดคอนฟาวนด์ (confounding effects) ขึ้นจำนวนหนึ่ง (Southwood *et al.*, 1989) ซึ่ง Henderson (1984) ได้แนะนำว่าการวิเคราะห์ภายใต้โมเดลของสัตว์แต่ละตัวจะสามารถช่วยแยกความแตกต่างระหว่างอิทธิพลทั้งสองออกจากกันได้ ดังนั้น โมเดลที่ใช้ในการวิเคราะห์ส่วนใหญ่จะเป็นโมเดลของสัตว์แต่ละตัว

อย่างไรก็ตาม Kennedy (1986) ทำการศึกษาโดยการจำลองเหตุการณ์ (simulation) และวิเคราะห์ด้วยโมเดลของ Bell และคณะ (1985) เพื่อบ่งบอกถึงความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์ของแม่ ผลการวิเคราะห์ขัดแย้งกับการวิจัยของ Bell และคณะ (1985) โดยอธิบายว่า อาจจะเป็นผลเนื่องมาจากการเกิดความเปลี่ยนแปลงในความแปรปรวนของอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมอย่างฉับพลัน (drift variance of additive genetic effects) มากกว่าผลจากยีนของไมโตคอนเดรียซึ่งไม่น่าจะรวมเข้าไปอยู่ในโมเดล เพราะจะทำให้เกิดอิทธิพลของไซโตพลาสซึมลวง (spurious cytoplasmic effects) และเขาได้แนะนำว่า เมื่อวิเคราะห์โดยใช้โมเดลของสัตว์แต่ละตัวอาจจะแยกอิทธิพลของไซโตพลาสซึมออกจากอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมได้ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Southwood และคณะ (1989) และ Salehi และ James (1997) อ้างโดย Schnitzenlehner และ Essl (1999)

Kirkpatrick และ Dentine (1988) ได้ออกมาโต้แย้งการรายงานของ Reed และ Van Vleck (1987) โดยได้อ้างถึงรายงานของ Huizinga และคณะ (1986) ที่ได้ทำการประมาณค่าอิทธิพลของไซโตพลาสซึมในลักษณะของปริมาณน้ำนม , เปอร์เซ็นต์ไขมันนม , เปอร์เซ็นต์โปรตีน และปริมาณ ไขมันนมบวกโปรตีนได้เท่ากับ 5.6 , 4.8 , 6.2 และ 10.1 เปอร์เซ็นต์ของความแปรปรวนทั้งหมด ตามลำดับ นอกจากนั้น ยังได้ทำการทดสอบอีกครั้งโดยใช้โมเดลจำลองที่รวมอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม, อิทธิพลของไซโตพลาสซึม, ปฏิกริยาของอิทธิพลดังกล่าว และอิทธิพลของแม่ต่อลักษณะปริมาณน้ำนม โดยสมมติให้อัตราพันธุกรรมอย่างแคบ (narrow - sense heritability)

ของปริมาณน้ำนมให้เท่ากับ 0.25 อัตราพันธุกรรมอิทธิพลของไซโตพลาสซึมให้มีความเท่ากับ 0.02 , 0.04 และ 0.08 (Bell *et al.*, 1985) และสัมประสิทธิ์อิทธิพลของแม่ให้มีความเท่ากับ 0 , 0.02 , 0.04 และ 0.08 ซึ่งโมเดลที่ได้เป็นโมเดลแบบผสมที่เป็นเส้นตรงของสัตว์แต่ละตัว

ผลการทดลองสรุปได้ดังตารางที่ 2.2 จะเห็นได้ว่า การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลูกสาวกับแม่ (daughter-dam ; D.D) และ หลานสาวกับยาย (daughter-granddaughter ; GD.GD) จะมีความมากกว่าค่าที่ประมาณได้จากลูกสาวที่มาจากพ่อเดียวกัน paternal half sibs (PHS) ดังนั้น ทำให้สรุปได้ว่า ผลของอัตราพันธุกรรมที่แตกต่างไปจากอัตราพันธุกรรมของพ่อนั้นมีค่าคงที่จำนวนหนึ่ง และเป็นผลเนื่องมาจากอิทธิพลของแม่

ตารางที่ 2.2 การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมจากค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ที่ระดับต่างๆ

	อัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึม						
	PHS	0.02		0.04		0.08	
		D.D	GD.GD	D.D	GD.GD	D.D	GD.GD
m = 0	0.25	0.29	0.33	0.33	0.41	0.41	0.57
m = 0.02	0.25	0.33	0.35	0.37	0.43	0.46	0.60
m = 0.04	0.25	0.38	0.37	0.42	0.45	0.50	0.63
m = 0.08	0.25	0.46	0.42	0.51	0.52	0.59	0.70

ที่มา Kirkpatrick และคณะ(1988)

การทดลองดังกล่าวสอดคล้องกับการทดลองของ Schutz และคณะ (1992a) ที่ได้สรุปว่า อิทธิพลของแม่มีผลต่อเปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ ปริมาณพลังงานสุทธิของน้ำนม รวมทั้งปริมาณไขมันนม แต่ผลที่ได้จ่าน้อยกว่า 2 ตัวแรกแต่จะไม่มีผลอย่างมีนัยสำคัญต่อปริมาณน้ำนม, ของแข็งที่ไม่รวมไขมัน (solid not fat ; SNF) เปอร์เซ็นต์ของของแข็งที่ไม่รวมไขมัน (% SNF) และพลังงานในน้ำนม (lactational energy of milk) โดยเขากำหนดให้อิทธิพลของไซโตพลาสซึมเป็นอิทธิพลคงที่ในโมเดลของสัตว์แต่ละตัว

Boettcher และคณะ (1996c) ได้ศึกษาถึงอิทธิพลของไซโตพลาสซึมว่าจะมีผลกระทบต่อ การประเมินคุณค่าทางพันธุกรรมหรือไม่ โดยได้ทำการจำลองข้อมูลใส่เข้าไปในโมเดลเพื่อที่จะวิเคราะห์หาองค์ประกอบของความแปรปรวน โดยใช้โมเดลในการวิเคราะห์ ดังนี้

$$Y = MGT + M + A + PE + e \text{ ----- (1)}$$

$$Y = MGT + A + PE + e \text{ ----- (2)}$$

$$Y = MGT + M + S + PE + e \text{ ----- (3)}$$

$$Y = MGT + S + PE + e \text{ ----- (4)}$$

Y คือ ข้อมูลที่จำลองขึ้นมา MGT คือ อิทธิพลคงที่ของกลุ่มการจัดการ M คือ อิทธิพลคงที่ของสายแม่ A คือ อิทธิพลโดยสุ่มของตัวสัตว์หรือยีนแบบบวกสะสมนั่นเอง S คือ อิทธิพลโดยสุ่มของพ่อ PE คือ อิทธิพลของสิ่งแวดล้อมถาวรแบบสุ่ม และ e คือ อิทธิพลที่เหลือโดยสุ่ม ซึ่งข้อมูลที่จำลองขึ้นจะประกอบไปด้วยปัจจัยที่แตกต่างกันเพื่อหาความสำคัญของอิทธิพลของแม่

ผลการทดลองสรุปได้ว่า การใช้โมเดลของสัตว์แต่ละตัว โมเดล (1) และ (2) ดีกว่าการใช้โมเดลของพ่อพันธุ์ ในโมเดล (3) และ (4) การไม่ใส่อิทธิพลของแม่ (M) ในโมเดลการวิเคราะห์จะทำให้ค่าอัตราพันธุกรรมมีค่าที่ได้สูงเกินไป นอกจากนี้ การให้อิทธิพลของแม่ เป็นอิทธิพลที่ได้จากการสุ่ม จะทำให้มีความแตกต่างเพียงเล็กน้อยจากการให้อิทธิพลของแม่เป็นอิทธิพลคงที่

Boettcher และคณะ (1996b) ได้ใช้ข้อมูลของฝูงโคนมฝูงเดียวกับที่ Bell และคณะ (1985) ใช้เพื่อประมาณค่าอิทธิพลของแม่ต่อลักษณะปริมาณน้ำนม โดยใช้โมเดลของสัตว์แต่ละตัวพบว่าความสัมพันธ์ระหว่างอิทธิพลของสายแม่ (maternal lineage) และลักษณะปริมาณน้ำมนั้น จะมีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติแต่ลักษณะส่วนประกอบของน้ำนมเท่านั้น โดยอิทธิพลของแม่จะมีผลต่อเปอร์เซ็นต์ไขมันนมและปริมาณพลังงานในน้ำนม (milk energy concentration) แต่ลักษณะปริมาณน้ำนมไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ

Albuquerque และคณะ(1998) ได้ทำการทดลองโดยการใช้ฝูงโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ โดยการวิเคราะห์ข้อมูลของ DHI (Dairy Herd Improvement) ในอเมริกา ตั้งแต่ปี ค.ศ. 1950 – ค.ศ. 1991 เพื่อที่จะประมาณค่าความแปรปรวนของอิทธิพลจากยีนโดยตรง , อิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสมของแม่, อิทธิพลของไซโตพลาสซึม, ปฏิกริยาระหว่างพ่อพันธุ์กับฝูงและอิทธิพลสิ่งแวดล้อมถาวรของแม่โคนม โดยโมเดลที่ใช้ทดลองมีอยู่ทั้งหมดรวม 6 โมเดลดังนี้

โมเดลที่ 1 : เป็นโมเดลที่สมบูรณ์ของสัตว์แต่ละตัว

$$y = X\beta + Zg + Mm + Ps + Dc + Wpe + e$$

โมเดลที่ 2 : เป็นโมเดลที่ไม่รวมอิทธิพลของไซโตพลาสซึม (Dc)

$$y = X\beta + Zg + Mm + Ps + Wpe + e$$

โมเดลที่ 3 : เป็นโมเดลที่ไม่รวมอิทธิพลของแม่แบบบวกสะสม (Mm) และความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลโดยตรงแบบบวกสะสมและอิทธิพลของแม่แบบบวกสะสม

$$y = X\beta + Zg + Ps + Dc + Wpe + e$$

โมเดลที่ 4 : เป็นโมเดลแบบที่ 3 ที่ไม่รวมปฏิกริยาระหว่างพ่อพันธุ์กับฝูง (Ps)

$$y = X\beta + Zg + Dc + Wpe + e$$

โมเดลที่ 5 : เป็นโมเดลแบบที่ 3 ที่ไม่รวมอิทธิพลเนื่องมาจากไซโตพลาสซึม (Dc)

$$y = X\beta + Zg + Ps + Wpe + e$$

โมเดลที่ 6 : เป็นโมเดลแบบที่ 5 ที่ไม่รวมปฏิกริยาระหว่างพ่อพันธุ์กับฝูง (Ps)

$$y = X\beta + Zg + Wpe + e$$

โดยที่

y	=	เวกเตอร์ของค่าสังเกต
β	=	เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ เช่น ฝูง-ปี-ฤดูกาล (herd-year-seasons)
g	=	เวกเตอร์ของอิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงของสัตว์
m	=	เวกเตอร์ของอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่
s	=	เวกเตอร์ของปฏิกริยาระหว่างพ่อพันธุ์กับฝูง
c	=	เวกเตอร์ของอิทธิพลของไซโตพลาสซึม
pe	=	เวกเตอร์ของอิทธิพลเนื่องมาจากสิ่งแวดล้อมถาวร
e	=	เวกเตอร์ของอิทธิพลที่เหลือ
X, Z, M, P, D, W	=	เมตริกซ์ของเหตุการณ์ที่สัมพันธ์กับเวกเตอร์ที่ระบุไว้แล้ว

สำหรับทุกลักษณะ อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่จะแปรผันจาก 0.8 ถึง 1% ของความแปรปรวนของลักษณะปรากฏและความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลโดยตรงเท่ากับ 0.7 ถึง 2.5% ดังนั้น จะเห็นได้ว่าอิทธิพลดังกล่าวไม่มีผลต่อความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ อิทธิพลของไซโตพลาสซึมดูเหมือนว่าจะไม่มีผลต่อปริมาณน้ำมัน , ไขมันนม และเปอร์เซ็นต์ไขมันนม ถึงแม้การประมาณค่าที่ได้รับจากบางตัวอย่างจะมีค่าที่ได้ถึง 3.4 , 2.3 และ 2.4 ของความแปรปรวนของปริมาณน้ำมัน , ปริมาณไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์ไขมันนม ตามลำดับ

ผลการทดลอง ในการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมจากโมเดลทั้ง 6 โมเดลข้างต้น สรุปได้ว่า ถ้าไม่รวมอิทธิพลของไซโตพลาสซึมอยู่ในโมเดล (โมเดล 1 เทียบกับ โมเดล 2 และ โมเดล 4 เทียบกับ โมเดล 5) จะทำให้การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมเพิ่มขึ้นเพียงแค่ 0.006 และ 0.010 ในปริมาณน้ำมัน , 0.004 และ 0.007 ในปริมาณไขมันนม และ 0.006 และ 0.015 ในเปอร์เซ็นต์ไขมันนมตามลำดับ ทำให้สรุปได้ว่าอัตราส่วนของความแปรปรวนจากอิทธิพลของไซโตพลาสซึมต่อความแปรปรวนของลักษณะปรากฏเป็นค่าที่มีค่าน้อยคล้ายคลึงกันทั้งสามลักษณะ ซึ่งภายในโมเดลจะไม่เปลี่ยนแปลงความแปรปรวนของลักษณะปรากฏมากนัก ดังนั้น ทั้งอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไซโตพลาสซึมมีค่าน้อยและมีความเป็นไปได้ว่าไม่มีความสำคัญต่อการประเมินทางพันธุกรรมซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Gibson และคณะ (1997)

ผลการทดลองดังกล่าวสอดคล้องกับสิ่งที่ Boettcher และ Gibson (1997) ได้อธิบายไว้ จากการวิเคราะห์ปริมาณน้ำมัน , ปริมาณไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์ไขมันนมของโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ของแคนาดาในครั้งแรกของการให้นมโดยการใช้โมเดลของสัตว์แต่ละตัวและได้ใช้วิธีการของ Gibbs sampling ในการวิเคราะห์ด้วย ซึ่งจะได้อิทธิพลของไซโตพลาสซึมมีค่าเท่ากับ 0.5% ของความแปรปรวนทั้งหมด

นอกจากนั้น Albuquerque และคณะ (1998) ยังได้โต้แย้งถึงผลสรุปของ Bell และคณะ (1985) Kennedy(1986) และ Schutz และคณะ (1992a) ที่กล่าวว่า อิทธิพลของไซโตพลาสซึมจะมีอิทธิพลต่อเปอร์เซ็นต์ไขมันนมและพลังงานที่อยู่ในนมมากกว่าลักษณะอื่น ๆ นั้น ลักษณะดังกล่าวไม่ได้เป็นผลเนื่องจากบทบาทของไมโทคอนเดรียในการสังเคราะห์กรดไขมัน (fatty acid synthesis) ตามที่ Bell และคณะ (1985) คาดหวังไว้ แต่ก่อนข้างจะเป็นผลเนื่องมาจากการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของเปอร์เซ็นต์ไขมันนมที่มีค่าสูงกว่าของปริมาณน้ำมัน

จากที่กล่าวมาทั้งหมด ค่าประมาณของอิทธิพลดังกล่าวจะมีความสำคัญต่อการประเมินทาง พันธุกรรมหรือไม่ ข้อสรุปที่ได้ยังไม่ชัดเจนที่จะสามารถอธิบายว่าอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ และอิทธิพลของไซโตพลาสซึมจะทำให้โมเดลมีความเหมาะสมและใกล้เคียงกับโมเดลที่แท้จริง มากที่สุด หรือ เนื่องจากอิทธิพลทั้งสองมีค่าน้อย อาจจะไม่ส่งผลกระทบต่อการประเมินและ การนำไปใช้จริง อย่างไรก็ตาม เป็นที่น่าสังเกตอย่างหนึ่งว่า การวิเคราะห์ทางพันธุกรรมตั้งแต่อดีต จนถึงปัจจุบันโดยส่วนใหญ่จะเน้น โคนมพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเซียนพันธุ์เดียวเป็นหลัก เนื่องจากนิยม เลี้ยงกันมากที่สุดแต่ในประเทศไทยมีความหลากหลายทางด้านพันธุ์และความแปรปรวนของ สิ่งแวดล้อมมาก ซึ่งน่าสนใจที่จะศึกษาว่าจะมีผลเป็นเช่นไร



สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ตารางที่ 2.3 รายงานวิจัยบางส่วนในต่างประเทศที่ศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไซโตพลาสซึมต่อการประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตของโคนม

เอกสารอ้างอิง	วิธีการ ^I	M ^{II}	C ^{III}	ผลโดยสรุป ^{IV}
Van Vleck และ Bradford (1965)	ข	*		Mk [$h^2(DD) > h^2(PHS)$]
Van Vleck และ Bradford (1966)	ข	*		Mk [$h^2(DD) > h^2(PHS)$] ระยะให้นมที่ $1 > 2 > 3$]
Van Vleck และ Hart(1966)	0	NS		Mk
Robison(1981)	ก / ค	*		Mk / F / %F / ปริมาณไขมันนมที่ปรับ
Bell(1983)	ข		*	Mk / F / %F / ปริมาณไขมันนมที่ปรับ
Seykora และ McDaniel (1983)	ข	*		Mk / F [$h^2(DD) > h^2(PHS)$]
Bell และคณะ(1985)	ค ¹		*	Mk / F / %F / ปริมาณไขมันนมที่ปรับ
Kennedy(1986)	ง ²		NS	Mk / %F
Huizinga และคณะ(1986)	ค ¹		*	Mk / F+P / ผลตอบแทนจากการผลิตนม
Reed และ Van Vleck(1987)	ข		NS	Mk / F / %F
Kirkpatrick และ Dentine (1988)	ข ⁸	*	*	ผลของ Reed และ Van Vleck (1987) ไม่สามารถนำมาใช้ได้ [$h^2(DD) > h^2(PHS)$]
Lee และคณะ(1988)	ง	NS		การเติบโต / การใช้อาหาร (โคสาว)
Ahlborn-Breier และคณะ (1988)	0	*	NS	* [Mk / %F] NS [Mk / F / %F]
O'Neil และ Van Vleck (1988)	ฉ		NS	มีอิทธิพลต่อความก้าวหน้าทางพันธุกรรมน้อยมาก
Faust และคณะ(1989)	0		*	คงที่ใกล้เคียงกันในทุกระยะการให้นม
Brown และคณะ(1989)	จ		NS	%F
McAllister และคณะ(1989)	0	*		Mk / F / P
Schutz และ Freeman(1989)	ง ³		*	Mk / F / %F
Southwood และคณะ(1989)	ง ^{2,4}	*	*	Mk

ตารางที่ 2.3 (ต่อ) รายงานวิจัยบางส่วนในต่างประเทศที่ศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไซโตพลาสซึมต่อการประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตของโคนม

เอกสารอ้างอิง	วิธีการ ^I	M ^{II}	C ^{III}	ผลโดยสรุป ^{IV}
Kennedy และ Schaeffer (1990)	ง ⁴		*	ควรที่จะทำการย้ายฝากตัวอ่อน
Freeman(1990)	ง / จ ³		*	Mk / F / %F
Ron และคณะ(1990)	ง / จ		*	Mk
Faust และคณะ(1990)	ง ⁴		*	ปริมาณไขมันนมที่ปรับ
Kebede และคณะ(1990)	0	NS		อายุเมื่อให้ลูกตัวแรก น้ำนม
Campos และคณะ(1991)	ง	NS		Mk
Ron และคณะ(1992)	จ		*	Mk
Schutz และคณะ(1992a)	ง / จ		*	% F / ปริมาณพลังงานที่ให้น้ำนมให้
Schutz และคณะ(1992b)	ก ¹		*	มีผลต่อเปอร์เซ็นต์ไขมัน แต่ไม่มีนัยสำคัญ
Schutz และคณะ (1993)	ง / จ		*	% F / ปริมาณพลังงานที่ให้น้ำนมให้
Thorpe และคณะ(1993)	ก	*		Mk
McAllister และคณะ(1994)	ก		*	ผลตอบแทนสุทธิ
Schutz และคณะ(1994)	ง ⁴		*	Mk / ปริมาณน้ำนมและไขมันนม
Boettcher และคณะ(1996a)	ง ⁴		*	%F / ปริมาณพลังงานที่ให้น้ำนมให้ (ใช้ฝูงเดียวกับ Bell และคณะ (1985) Schutz และคณะ (1992))
Boettcher และคณะ(1996b)	ง ^{2(4,5)}		*	Mk
Boettcher และคณะ(1996c)	ง ³		NS	Mk
Boettcher และGibson(1996)	ง		*	Mk / F / %F
Gibson และคณะ(1997)	ง / จ		*	F
Boettcher และGibson(1997)	ง ²		*	Mk / F / P / %F / %P
Roughsedge และคณะ (1998)	ง ⁴		NS	Mk / F / %F / P / %P
Albuquerque และคณะ (1998)	ง ⁴	NS	NS	Mk / F / %F

ตารางที่ 2.3 (ต่อ) รายงานวิจัยบางส่วนในต่างประเทศที่ศึกษาอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไซโตพลาสซึมต่อการประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตของโคนม

เอกสารอ้างอิง	วิธีการ ^I	M ^{II}	C ^{III}	ผลโดยสรุป ^{IV}
Schnitzenlehner และ Essl (1999)	ง ⁴		*	Mk / F / P
Rorato และคณะ(1999)	ง ^{4,5}		*	Mk
Roughsedge และคณะ (1999)	ง ^{4,5,6}		NS	Mk / F / %F / P / %P
Roughsedge และคณะ (2000)	ง ⁷		NS	Mk

^I ก = การเปรียบเทียบการผสมพันธุ์ของฝูง

ข = การเปรียบเทียบวิธีการหาค่าอัตราพันธุกรรม

ค = การพัฒนาวิธีการหาค่าองค์ประกอบของความแปรปรวน

ง = การพัฒนาโมเดลต่างๆและการใช้ BLUP

จ = การศึกษาทางพันธุศาสตร์โมเลกุล

ฉ = ความถูกต้องแม่นยำในการคัดเลือก

0 = ไม่ได้กล่าวถึง

¹ วิธีการวิเคราะห์แบบกำลังสองน้อยที่สุด

² การวิเคราะห์แบบจำลองข้อมูล

³ ให้อิทธิพลที่ศึกษาเป็นปัจจัยคงที่ / ปัจจัยสุ่มในโมเดล

⁴ โมเดลของสัตว์แต่ละตัว

⁵ โมเดลพ่อพันธุ์

⁶ โมเดลสมการถดถอย

⁷ โมเดลการให้นม 305 วันเปรียบเทียบกับโมเดลของวันทดสอบ

⁸ โมเดลของ Falconer

^{II} M = อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่

^{III} C = อิทธิพลของไซโตพลาสซึม , * = มีนัยสำคัญ , NS = ไม่มีนัยสำคัญ

^{IV} Mk = ปริมาณน้ำนม , F = ปริมาณไขมัน , P = ปริมาณโปรตีน , %F = เปอร์เซ็นต์ไขมัน

%P = เปอร์เซ็นต์โปรตีน , h^2 = ค่าอัตราพันธุกรรม

DD = Daughter Dam Regression , PHS = Paternal Half Sibs Correlation

บทที่ 3

วิธีดำเนินการวิจัย

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา

แหล่งข้อมูลที่นำมาใช้ในการศึกษาค้างนี้ได้มาจากการรวบรวมบันทึกพันธุ์ประวัติ , การให้ผลผลิตและส่วนประกอบของน้ำนมประจำตัวแม่โคนมพันธุ์แท้ได้แก่ โฮลสไตน์ฟรีเซียน (Holstein Friesian) บราวน์สวิส (Brown Swiss) และเจอร์ซี (Jersey) ซึ่งเป็นโคพันธุ์ยุโรป (*Bos taurus*) ที่นำเข้าจากต่างประเทศหรือเกิดขึ้นเองภายในฟาร์มและโคนมลูกผสมในระดับสายเลือดต่าง ๆ กันระหว่างโคนมพันธุ์แท้ดังกล่าวกับโคพื้นเมือง (*Bos indicus*) ได้แก่ บราห์มัน (Brahman) ซาฮิวาล (Sahiwal) หรือ ออสเตรเลียนฟรีเซียนซาฮิวาล หรือ เอเอฟเอส (Australian Friesian Sahiwal ; AFS) เป็นต้น ซึ่งถูกจัดเก็บอยู่ในระบบฐานข้อมูลของฟาร์มโคนมแห่งหนึ่งในจังหวัดราชบุรี ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2529 (1986) ถึงปี พ.ศ. 2543 (2000) รวม 21,116 บันทึก โดยทางฟาร์มจะทำการเก็บบันทึกข้อมูลเป็นรายเดือนในรูปแบบของวันทดสอบ (test day records) ไปจนถึงแม่โคตัวนั้นหยุดรีดนม ซึ่งน้ำหนักนมของโคที่ให้นมทุกตัวและสุ่มเก็บตัวอย่างน้ำนมทดสอบเป็นรายตัว เพื่อทำการตรวจวัดส่วนประกอบของน้ำนม ได้แก่ เเปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม ภายในห้องปฏิบัติการของศูนย์วิจัยผสมเทียมราชบุรี โดยใช้เครื่อง Milko Scan โคนมในประชากรที่ศึกษาค้างนี้ประกอบด้วย ลำดับการให้นมที่แตกต่างกันตั้งแต่ลำดับการให้นมครั้งแรกจนถึงการให้นมครั้งที่ 10

ลักษณะโครงสร้างของข้อมูลที่ใช้ศึกษา

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา แบ่งเป็น 2 แฟ้มข้อมูล คือ

1. ข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับผลผลิต ประกอบด้วย
 - 1.1 หมายเลขประจำตัวและ / หรือ ชื่อของแม่โคนมที่ให้ผลผลิต
 - 1.2 พันธุ์ / กลุ่มพันธุ์และระดับสายเลือด
 - 1.3 วัน เดือน ปีที่คลอด
 - 1.4 อายุเมื่อให้ลูกตัวแรก
 - 1.5 ลำดับที่ของการให้นม (lactation number)
 - 1.6 ปริมาณน้ำนม เเปอร์เซ็นต์ไขมัน และเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม
 - 1.7 วันแห้งนม

2. ข้อมูลพันธุ์ประวัติ

- 2.1 หมายเลขประจำตัว และ / หรือ ชื่อของโคนม
- 2.2 หมายเลข และ / หรือ ชื่อของพ่อพันธุ์
- 2.3 หมายเลข และ / หรือ ชื่อของแม่พันธุ์
- 2.4 วัน เดือน ปีเกิดของโคนมแต่ละตัว

การจัดการและการเตรียมข้อมูล

เนื่องจากลักษณะโครงสร้างของข้อมูลที่ได้จากฟาร์มยังไม่เป็นไปตามรูปแบบที่ต้องการ ดังนั้น ข้อมูลดิบที่ได้มาจึงต้องผ่านการจัดการและการเตรียมข้อมูลก่อนที่จะทำการวิเคราะห์ต่อไป โดยจะใช้โปรแกรมฟอกซ์โปร (Foxpro) (ปรีชา อัสวเดชาบุตร และ เสาวรส ใหญ่สว่าง , 2531) ซึ่งเป็นโปรแกรมสำเร็จรูปด้านการจัดการฐานข้อมูล (database) ทั่วไป และโปรแกรม RENUM และ RENUMMAT (Misztal, 2000) ที่จะช่วยในการจัดเรียงลำดับหมายเลขประจำตัวสัตว์ การรวมปีจจัยในโมเดล และช่วยจัดเรียงลำดับตัวสัตว์ในแฟ้มข้อมูลพันธุ์ประวัติโดยเฉพาะกลุ่มของสัตว์ที่ไม่ทราบพันธุ์ประวัติ (unknown parent groups) รายละเอียดสามารถศึกษาได้จากแฟ้มข้อมูล RENUM.MSG และ RENUMMAT.MSG ของ Misztal (2000) อย่างไรก็ตาม การจัดการและการเตรียมข้อมูลจะสามารถอธิบายตามโครงสร้างของข้อมูลได้ ดังนี้

1. ข้อมูลผลผลิต ลักษณะที่ทำการศึกษาประกอบด้วย ปริมาณน้ำนม , เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม โดยการศึกษาครั้งนี้จะใช้ข้อมูลเฉพาะลำดับของการให้นมครั้งที่หนึ่งเท่านั้น (the first lactation) เนื่องจากการให้นมครั้งแรกจะมีค่าประมาณของอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่มากที่สุด ในสามลำดับแรกของการให้นม (the first three lactations) (Van Vleck and Bradford, 1966 ; Schmitzenlehner and Essl, 1999) นอกจากนี้ ปีจจัยจากสิ่งแวดล้อมที่เข้ามากระทบต่อการให้ผลผลิตจะมีน้อยกว่า ทำให้สามารถจำแนกปีจจัยดังกล่าวได้ง่ายและถูกต้องมากกว่าลำดับของการให้นมครั้งถัดมา ดังนั้น ข้อมูลผลผลิตทั้งหมดที่ใช้ในการวิเคราะห์จะมีจำนวนเท่ากับจำนวน โคนมที่ให้ผลผลิตกล่าวคือโคนมแต่ละตัวจะมีข้อมูลบันทึกรายลักษณะได้เพียงหนึ่งค่าเท่านั้น

โดยปกติ โคนมสามารถให้นมได้นานประมาณ 10 เดือนหรือ 305 วัน อย่างไรก็ตาม ความสามารถในการให้นมของโคนมแต่ละตัวจะไม่เท่ากัน กล่าวคือโคนมลูกผสมในประเทศไทยส่วนใหญ่มักมีความสามารถในการให้นมไม่ถึง 305 วัน ในทางกลับกันโคนมบางตัวโดยเฉพาะโคนมที่ให้น้ำนมปริมาณมากมักจะมีปัญหาเรื่องของระบบสืบพันธุ์ซึ่งเป็นสาเหตุหลักที่ทำให้ระยะเวลาการรีดนมยืดยาวออกไปเกิน 305 วัน (สมชาย จันทร์ส่องแสง, 2541) ดังนั้นการคำนวณปริมาณ

น้ำนมรวมตลอดช่วงของการให้นมที่จะบ่งบอกถึงความสามารถของการให้นมจริงๆของโคตัวใดตัวหนึ่งจะมีหลักเกณฑ์ คือ เมื่อแม่โคให้นมเกินกว่า 305 วัน จะคิดปริมาณน้ำนมเพียง 305 วัน หากแม่โคให้นมได้น้อยกว่า 305 วัน จะใช้ตัวเลขนั้นๆเป็นการให้นมที่แท้จริง เพราะถือว่าความสามารถของการให้นมใน 305 วันของแม่โคตัวนั้นมีอยู่เพียงเท่านั้นจริงๆ (วิโรจน์ ภู่อ่อง, 2530) นอกจากนั้นโคนมที่ให้นมน้อยกว่า 150 วันจะไม่นำมาวิเคราะห์ ส่วนวิธีการคำนวณเพื่อให้ได้ปริมาณน้ำนมรวม 305 วันจะใช้วิธี Test Interval Method (TIM) (Everett and Carter, 1968 ; Sargent *et al.*, 1968)

ส่วนประกอบของน้ำนม ได้แก่ เเปอร์เซ็นต์ไขมัน และ เเปอร์เซ็นต์โปรตีน ตลอดช่วงของการให้นมจะมีหลักเกณฑ์ในการพิจารณาค่าคลึงกับลักษณะปริมาณน้ำนม เมื่อตรวจสอบความผิดปกติของข้อมูลเบื้องต้นพบว่าส่วนประกอบของน้ำนมบางตัวมีค่าสูงผิดปกติซึ่งอาจเกิดจากความผิดพลาดในการตรวจวัดทางห้องปฏิบัติการหรือการลงบันทึกข้อมูล ทำให้ส่งผลกระทบต่อ การวิเคราะห์ได้ ดังนั้น ข้อมูลที่เกิดจากความผิดพลาดดังกล่าวจะไม่นำมาศึกษาในครั้งนี้ โดยกำหนดให้ ส่วนประกอบของเปอร์เซ็นต์ไขมันนม อยู่ในช่วง 2.3 ถึง 6.5 เเปอร์เซ็นต์ และเปอร์เซ็นต์โปรตีนอยู่ในช่วง 2.0 ถึง 4.5 เเปอร์เซ็นต์ (รัชนี ดันทะพานิชกุล อ้างโดย เทียมพบ ก้านเหลือง, 2541) คำนวณหาค่าเฉลี่ยกำลังสองน้อยที่สุด (least square means) ของทั้งสามลักษณะ ซึ่งจะแตกต่างไปจากการหาค่าเฉลี่ยธรรมดา (arithmatic means) เนื่องจากข้อมูลของวันทดสอบในโคนมแต่ละตัวมีจำนวนไม่เท่ากัน จำนวนข้อมูลทั้งหมดในแต่ละลักษณะที่ศึกษาหลังจากการจัดการและการเตรียมข้อมูลเป็นดังแสดงในตารางที่ 3.1

ตารางที่ 3.1 จำนวนข้อมูลโดยจำแนกตามลักษณะที่ศึกษา

ลักษณะ	จำนวนข้อมูล
ปริมาณน้ำนม	596
เปอร์เซ็นต์ไขมันนม	584
เปอร์เซ็นต์โปรตีนในนม	587

2. ข้อมูลด้านพันธุ์ประวัติ ที่นำมาใช้ในการวิเคราะห์ประเมินค่าทางพันธุกรรมครั้งนี้จะใช้ข้อมูลที่มีสายสัมพันธ์ทางเครือญาติของโคนมที่ให้ผลผลิตเท่านั้น ตรวจสอบ และ ดำเนินการแก้ไขข้อผิดพลาดในการเก็บบันทึกข้อมูลดังกล่าวโดยใช้หลักเกณฑ์ในการตรวจสอบ ดังนี้

2.1 วันเดือนปีเกิดของตัวสัตว์ จะช่วยในการตรวจสอบและแก้ไขความผิดพลาดที่เกิดจากการจัดเก็บข้อมูลที่ผิดพลาดได้ ได้แก่ ลักษณะบันทึกที่ลูกเกิดก่อนพ่อหรือแม่ การให้บันทึกผลผลิตก่อนสัตว์ตัวนั้นจะเกิด ซึ่งจะเป็นข้อมูลที่ผิดจากความเป็นจริงตามธรรมชาติ เป็นต้น

2.2 ความซ้ำซ้อนของชื่อโคนมแต่ละตัว ในความเป็นจริงโคนมตัวหนึ่งอาจจะมีอยู่หลายชื่อ เช่น ชื่อหมายเลขประจำตัวโคนม , ชื่อหมายเลขหู หรือ ชื่อเล่นที่เกษตรกรมักจะนิยมตั้งชื่อและเรียกแทนโคนมตัวนั้น เป็นต้น ซึ่งหากไม่มีการตรวจสอบชื่อหรือหมายเลขทั้งสามนี้ก่อน โคนมทั้งสามชื่อหรือหมายเลขนี้จักกลายเป็นโคนมสามตัวที่ไม่ใช่โคนมตัวเดียวกันทำให้มีผลต่อการวิเคราะห์ข้อมูล ดังนั้น ทำการตรวจสอบความซ้ำซ้อนของชื่อหรือหมายเลข โดยกำหนดให้โคนมแต่ละตัวมีเพียงชื่อหรือหมายเลขเดียว โดยยึดตามชื่อหมายเลขประจำตัวโคนมเป็นเกณฑ์ ถ้าโคนมตัวใดไม่มีชื่อหมายเลขประจำตัวให้ใช้ชื่อหรือหมายเลขที่อยู่ในกลุ่มอื่นแทนเพียงชื่อหรือหมายเลขเดียวเท่านั้น จำนวนข้อมูลพันธุ์ประวัติทั้งหมดที่นำมาศึกษาในครั้งนี้ จะเป็นดังแสดงในตารางที่ 3.2

ตารางที่ 3.2 จำนวนข้อมูลพันธุ์ประวัติที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้

รายละเอียด	จำนวน (ตัว)
แม่โคนมที่ให้ผลผลิต	596
แม่โคนมที่ไม่ให้ผลผลิต	252
พ่อพันธุ์	125
โคนมที่ไม่ทราบพันธุ์ประวัติ	11
รวม	984

2.3 ทำการจำแนกกลุ่มของสายสัมพันธ์ทางเครือญาติ ที่สามารถจะถ่ายทอดยีนภายนอกนิวเคลียสผ่านทางสายแม่ ตามจุดกำเนิดของไซโตพลาสซึม (cytoplasmic origins) เดียวกันได้ โดยติดตามพันธุ์ประวัติโคนมทุกตัวทางสายแม่ย้อนหลังกลับไป (trace back) จนถึงแม่โคนมตัวแรกเริ่ม (founder dam) ที่อยู่ภายในสายแม่เดียวกัน ซึ่งอาจจะเรียกได้ว่าอยู่ภายในครอบครัวเดียวกัน (cow family) โคนมตัวใดที่มีสมาชิกอยู่เพียงตัวเดียวภายในสายสัมพันธ์จะไม่ถูก นำมาวิเคราะห์ เนื่องจากไม่มีการถ่ายทอดของยีนภายนอกนิวเคลียส (Huizinga *et al.*, 1986) (ตารางที่ 3.3)

การวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้น

1. การจำแนกอิทธิพลของปัจจัยคงที่

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาเป็นข้อมูลลักษณะเชิงปริมาณ ซึ่งจะมีอยู่หลายปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะนี้โดยเฉพาะปัจจัยทางสิ่งแวดล้อมที่ทำให้ลักษณะการแสดงออกเกิดความแปรผันไปได้มากในการศึกษาครั้งนี้จะสามารถจำแนกอิทธิพลของปัจจัยทางสิ่งแวดล้อมได้ ดังนี้

1.1 อิทธิพลของปีที่แม่โคให้ผลผลิต ในการวิเคราะห์ข้อมูลครั้งนี้ ปีที่แม่โคคลอดลูกและให้ผลผลิตเริ่มตั้งแต่ ปี พ.ศ. 2529 (1986) ถึงปี พ.ศ. 2543 (2000) รวมทั้งสิ้น 15 ปี ซึ่งมีแม่โคคลอดทุกปีในระยะเวลาให้นมครั้งแรก

ตารางที่ 3.3 ขนาดและจำนวนของกลุ่มโคนมในแต่ละกลุ่มที่อยู่ภายในครอบครัวเดียวกัน

ขนาด (จำนวนโคนมต่อกลุ่ม)	จำนวนกลุ่ม (กลุ่ม)
2	35
3	18
4	23
5	16
6	17
7	8
8	8
9	1
10	1
12	1
14	1
16	1
17	1

1.2 อิทธิพลของฤดูกาลที่ให้ผลผลิต ในการวิเคราะห์ข้อมูลครั้งนี้ได้แบ่งฤดูกาลออกเป็น 3 ฤดูกาล ตามกรมอุตุนิยมวิทยาโดยใช้ค่าเฉลี่ยของอุณหภูมิ , ความชื้นสัมพัทธ์และปริมาณน้ำฝนในแต่ละเดือนจากรายงานของสถานีตรวจอากาศจังหวัดราชบุรี ตั้งแต่ปี พ.ศ.2535 ถึง พ.ศ.2543 (ตารางที่ 3.4)

1.3 อิทธิพลของพันธุ์และกลุ่มพันธุ์ ในการศึกษาครั้งนี้ใช้โคนมพันธุ์แท้และโคนมลูกผสมสายเลือดโคยุโรป 3 พันธุ์ ได้แก่โคนมพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเชียน พันธุ์บราวน์สวิส และ พันธุ์เจอร์ซี โดยในแต่ละพันธุ์จะสามารถจำแนกกลุ่มพันธุ์ตามระดับสายเลือดของโคยุโรปที่ได้ปรับปรุงจากการแบ่งระดับสายเลือดโคนมลูกผสมรวม-กลุ่มพันธุ์ (Vinther , 1974) ออกเป็น 6 กลุ่มพันธุ์ ประกอบด้วยกลุ่มพันธุ์ 100% , $\geq 87.5\% - < 100\%$, $\geq 75\% - < 87.5\%$, $\geq 62.5\% - < 75\%$, $\geq 50\% - < 62.5\%$ และ $< 50\%$ (ตารางที่ 3.5)

ตารางที่ 3.4 การจำแนกอิทธิพลของฤดูกาลและจำนวนข้อมูลต่อลักษณะการให้ผลผลิตที่ศึกษา

รายละเอียด	ฤดูร้อน	ฤดูฝน	ฤดูหนาว
เดือน	มี.ค. ถึง พ.ค.	มิ.ย. ถึง ต.ค.	พ.ย. ถึง ก.พ.
อุณหภูมิเฉลี่ย (°C)	35.70	32.80	31.80
ความชื้นสัมพัทธ์เฉลี่ย (%)	43.10	58.00	45.60
ปริมาณน้ำฝนเฉลี่ย (มม.)	76.50	180.80	21.70
ปริมาณน้ำนม (ตัว)	218	209	169
ปริมาณไขมันนม (ตัว)	213	205	166
ปริมาณโปรตีนนม (ตัว)	213	207	167

2 การตรวจสอบการกระจายของข้อมูลที่ศึกษา

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้เป็นข้อมูลที่ได้จากการเก็บบันทึกในภาคสนาม (field data) และลักษณะที่ศึกษายังเป็นลักษณะปริมาณซึ่งมีอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมเข้ามาเกี่ยวข้อง จึงทำให้เกิดการกระจายตัวเป็นแบบปกติ ดังนั้น เพื่อให้สอดคล้องกับสมมติฐานที่ตั้งเอาไว้ จึงทำการตรวจสอบการกระจายของข้อมูลโดยใช้คำสั่ง PROC UNIVARIATE NORMAL PLOT ในโปรแกรมสำเร็จรูป SAS for WINDOWS version 6.02 (SAS, 1998) จะพบว่า ลักษณะปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม ที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ได้ถูกสุ่มตัวอย่างมาจากประชากรที่มีการกระจายตัวของข้อมูลเป็นแบบปกติ

ตารางที่ 3.5 การจำแนกกลุ่มพันธุ์ตามระดับสายเลือดและจำนวนข้อมูลแยกตามลักษณะที่ศึกษา

พันธุ์	ระดับเลือด	กลุ่มพันธุ์	จำนวนข้อมูล (ตัว)		
			M ¹	% F ²	% P ³
โฮลสไตน์	100 %	1	45	45	45
ฟรีเซียน	≥ 87.5 % และ < 100 %	2	288	283	283
	≥ 75.0 % และ < 87.5 %	3	47	46	47
	≥ 62.5 % และ < 75.0 %	4	33	33	33
	≥ 50.0 % และ < 62.5 %	5	21	21	21
	< 50.0 %	6	6	6	6
	รวม			440	434
บราวน์สวิส	100 %	7	2	2	2
	≥ 87.5 % และ < 100 %	8	25	24	24
	≥ 75.0 % และ < 87.5 %	9	30	29	29
	≥ 62.5 % และ < 75.0 %	10	21	20	21
	≥ 50.0 % และ < 62.5 %	11	14	14	14
	< 50.0 %	12	16	16	16
	รวม			108	105
เจอร์ซี่	100 %	13	10	8	8
	≥ 87.5 % และ < 100 %	14	9	9	9
	≥ 75.0 % และ < 87.5 %	15	15	14	15
	≥ 62.5 % และ < 75.0 %	16	1	1	1
	≥ 50.0 % และ < 62.5 %	17	11	11	11
	< 50.0 %	18	2	2	2
	รวม			48	45

¹ M = ลักษณะปริมาณน้ำนม² %F = ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม³ %P = ลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม

การวิเคราะห์ข้อมูลทางพันธุศาสตร์

1. การวิเคราะห์ปัจจัยที่มีผลต่อลักษณะการให้ผลผลิต

ข้อมูลที่ใช้ศึกษาจะมีทั้งปัจจัยคงที่ ซึ่งเป็นปัจจัยทางด้านสิ่งแวดล้อม และ ปัจจัยสุ่ม ซึ่งเป็นปัจจัยทางด้านพันธุกรรมที่มีอิทธิพลต่อลักษณะปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมัน และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม โดยสามารถจำแนกปัจจัยคงที่ออกได้เป็น อิทธิพลของพันธุ์และกลุ่มพันธุ์ อิทธิพลของปีและฤดูกาล ส่วนปัจจัยสุ่ม ได้แก่ อิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไซโตพลาสซึม ส่วนอิทธิพลของอายุแม่โคที่ให้ลูกตัวแรก (age at first calving) จำนวนวันตั้งแต่แรกคลอดจนถึงวันเก็บน้ำนมครั้งแรก (first test date) และ อิทธิพลของจำนวนวันให้นม (day in milk) จะเป็นปัจจัยสุ่มที่นำมาใช้เป็นตัวปรับ (adjusted covariate) ในโมเดล เนื่องจากโคนมแต่ละตัวที่ให้ผลผลิตจะมีอายุเมื่อให้ลูกตัวแรก จำนวนวันตั้งแต่แรกคลอดจนถึงวันเก็บน้ำนมครั้งแรกและจำนวนวันให้นมไม่เท่ากัน ทำการวิเคราะห์ปัจจัยดังกล่าวพร้อมกันที่ละลักษณะ โดยใช้คำสั่ง PROC MIXED ในโปรแกรมสำเร็จรูป SAS for WINDOWS version 6.02 (SAS, 1998) โดยมีโมเดลที่ใช้วิเคราะห์ ดังสมการที่ 3.1

$$Y_{ijklmn} = \mu + YS_i + BG_j + b_1(ACALV)_{ijklmn} + b_2(DIM)_{ijklmn} + A_k + M_l + C_m + e_{ijklmn} \quad \dots\dots\dots (3.1)$$

โดยที่

- Y_{ijklmn} = ลักษณะปริมาณน้ำนม, เปอร์เซ็นต์ไขมันและโปรตีนในน้ำนมของโคนมตัวที่ k กลุ่มพันธุ์ที่ j เป็นลูกของแม่ตัวที่ 1 ที่อยู่ในกลุ่มครอบครัวที่ m กลุ่มเดียวกันที่ได้รับอิทธิพลจากปี-ฤดูกาล ที่ i
- μ = ค่าเฉลี่ยในแต่ละลักษณะของทุกค่าสังเกต
- YS_i = อิทธิพลคงที่ของ ปี-ฤดูกาลที่ i (i = 1, 2, 3,, 42)
- BG_j = อิทธิพลคงที่ของ กลุ่มพันธุ์ที่ j (j = 1, 2, 3,, 18)
- $b_1(ACALV)_{ijklmn}$ = สัมประสิทธิ์ความถดถอยเชิงเส้นตรงของอายุเมื่อโคคลอดลูกตัวแรก
- $b_2(DIM)_{ijklmn}$ = สัมประสิทธิ์ความถดถอยเชิงเส้นตรงของจำนวนวันที่โคให้นม
- A_k = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากสัตว์ตัวที่ k โดยที่ $A_k \sim NID(0, \sigma_a^2)$
- M_l = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากแม่ตัวที่ 1 โดยที่ $M_l \sim NID(0, \sigma_m^2)$
- C_m = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากยีนภายนอกนิวเคลียสกลุ่มที่ m โดยที่ $C_m \sim NID(0, \sigma_c^2)$
- e_{ijklmn} = อิทธิพลสุ่มอื่นๆ ที่มีผลต่อค่าสังเกต $e_{ijklmn} \sim NID(0, \sigma_e^2)$

2. โมเดลที่ใช้ในการศึกษาเปรียบเทียบ

โมเดลที่ใช้จะเป็นโมเดลแบบเดียวกันทั้งสามลักษณะที่ทำการศึกษาในครั้งนี้ นั่นคือ เป็นสมการโมเดลแบบผสม (Mixed Model Equation ; MME) ที่เป็นโมเดลของสัตว์แต่ละตัว ดังนั้น เพื่อให้สอดคล้องตามสมการที่ 3.1 จะสามารถเขียนโมเดลในรูปทั่วไปเต็มรูปแบบ (full model) ได้ ดังนี้

$$Y = X\beta + Za + Mm + Dc + e \quad \dots\dots\dots (3.2)$$

โดยที่

Y = เวกเตอร์ของค่าสังเกต

X = เมตริกซ์ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับอิทธิพลคงที่ตามสมการ (3.1)

Z, M, D = เมตริกซ์ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับอิทธิพลสุ่มตามสมการ (3.1)

β = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ตามสมการ (3.1)

a = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ โดยที่ $a \sim NID(0, \sigma_a^2)$

m = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากแม่ โดยที่ $m \sim NID(0, \sigma_m^2)$

c = เวกเตอร์ของปัจจัยสุ่มเนื่องจากยีนนอกนิวเคลียส โดยที่ $c \sim NID(0, \sigma_c^2)$

e = เวกเตอร์ของความคลาดเคลื่อน (error) โดยที่ $e \sim NID(0, \sigma_e^2)$

$$\text{var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11} A & g_{12} A & 0 & 0 \\ g_{21} A & g_{22} A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & g_{33} A & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

ซึ่ง

g_{11} = ความแปรปรวนทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลโดยตรง

g_{22} = ความแปรปรวนทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่

g_{33} = ความแปรปรวนทางพันธุกรรมเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่

g_{21}, g_{12} = ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมระหว่างอิทธิพลโดยตรงและเนื่องมาจากแม่

σ_{pe}^2 = ความแปรปรวนอันเนื่องมาจากสิ่งแวดล้อมแบบสุ่ม

σ_e^2 = ความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลที่เหลือแบบสุ่ม

โมเดลที่ใช้ศึกษาวิเคราะห์ข้อมูลในครั้งนี้นี้จะมีอยู่ทั้งหมด 4 โมเดล โดยยึดสมการตามโมเดลที่ 3.2 เป็นหลัก ซึ่งจะตัดปัจจัยหรืออิทธิพลส่วนบางตัวออก เพื่อศึกษาถึงความสำคัญของอิทธิพลนั้นต่อการวิเคราะห์ทางพันธุกรรม โดยกำหนดให้ ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมของตัวสัตว์และอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่มีค่าเท่ากับ 0 ($cov(a,m) = 0$) และเท่ากับ 0.15 ($cov(a,m) = 0.15$) (Southwood *et al.*, 1989) และกำหนดให้อิทธิพลของไซโตพลาสซึมเป็นปัจจัยคงที่ หรือ ปัจจัยสุ่ม ตามแต่ละโมเดล โดยมีรายละเอียด ดังต่อไปนี้

2.1 โมเดล [1] เป็นโมเดลดังสมการ (3.2) ที่ตัดอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ (Mm) และอิทธิพลของไซโตพลาสซึม (Dc) ออก ซึ่งเป็นโมเดลปกติที่ใช้ในการประเมินพันธุกรรมทั่วไป

2.2 โมเดล [2] เป็นโมเดลที่ตัดอิทธิพลของไซโตพลาสซึมออกโดยแบ่งโมเดลออกเป็น

2.2.1 โมเดล [2] กำหนดให้ ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมของตัวสัตว์และอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ เท่ากับ 0.15 ($cov(a,m) = 0.15$)

2.2.2 โมเดล [20] กำหนดให้ ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมของตัวสัตว์และอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ เท่ากับ 0 ($cov(a,m) = 0$)

2.3 โมเดล [3] เป็นโมเดลที่ตัดปัจจัยอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ (Mm) ออก โดยแบ่งโมเดลออกเป็น

2.3.1 โมเดล [3F] กำหนดให้ อิทธิพลของไซโตพลาสซึม (Dc) มีค่าเป็นปัจจัยคงที่ (fixed effect)

2.3.2 โมเดล [3R] กำหนดให้ อิทธิพลของไซโตพลาสซึม (Dc) มีค่าเป็นปัจจัยสุ่ม (random effect)

2.4 โมเดล [4] เป็นโมเดลที่มีความสอดคล้องไปตามโมเดล [2] และโมเดล [3] ดังนี้

2.4.1 โมเดล [4F] กำหนดให้ ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์และอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ เท่ากับ 0.15 ($cov(a,m) = 0.15$) และ อิทธิพลของไซโตพลาสซึม (Dc) เป็นปัจจัยคงที่ (fixed effect)

2.4.2 โมเดล [4R] กำหนดให้ ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์และอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ เท่ากับ 0.15 ($cov(a,m) = 0.15$) และ อิทธิพลของไซโตพลาสซึม (Dc) เป็นปัจจัยสุ่ม (random effect)

2.4.3 โมเดล [40F] กำหนดให้ ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลโดยตรง เนื่องจากตัวสัตว์และอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ เท่ากับ 0 ($\text{cov}(a,m) = 0$) และ อิทธิพลของ ไชโตพลาสซึม (Dc) เป็นปัจจัยคงที่ (fixed effect)

2.4.4 โมเดล [40R] กำหนดให้ ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลโดยตรง เนื่องจากตัวสัตว์และอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ เท่ากับ 0 ($\text{cov}(a,m) = 0$) และ อิทธิพลของ ไชโตพลาสซึม (Dc) เป็นปัจจัยสุ่ม (random effect)

3. การวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวน (Variance Component Estimation ; VCE)

การวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวน เพื่อนำไปประมาณค่าอัตราพันธุกรรม และค่าการผสมพันธุ์ของโคนมแต่ละตัวภายใต้โมเดลที่แตกต่างกัน จะใช้วิธีการวิเคราะห์ครั้งละ ลักษณะ (univariate analysis) มากกว่าการวิเคราะห์ครั้งละหลายลักษณะพร้อมกัน (multivariate analysis) ทั้งนี้เพื่อที่จะศึกษาเปรียบเทียบถึงความสำคัญและบทบาทของอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไชโตพลาสซึมที่มีผลต่อการประมาณค่าทางพันธุกรรมที่ได้ในแต่ละลักษณะมากกว่าที่จะประมาณค่าจากหลายลักษณะพร้อมกันเมื่อใส่หรือไม่ใส่อิทธิพลดังกล่าวรวมเข้าไว้ในโมเดล ส่วนวิธีการที่ใช้ในการวิเคราะห์ครั้งนี้จะใช้วิธีการ Expectation Maximization Restricted Maximum Likelihood (EM-REML) ซึ่งโปรแกรมสำเร็จรูปที่จะใช้ในการวิเคราะห์ คือ REMLF90 (Misztal, 2001) โดยจะกำหนดค่าเริ่มต้น (prior) ที่ใช้ในการวิเคราะห์ คือ $\sigma_a^2 = \sigma_m^2 = \sigma_c^2 = 0.3$ และ $\sigma_e^2 = 0.7$ (Southwood *et al.*, 1989) โมเดลที่ใช้เป็นโมเดลในสมการที่ (3.2) โดยลักษณะที่ศึกษาทั้งหมดจะใช้โมเดลเดียวกัน ซึ่งมีความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม ดังนี้

$$V \begin{bmatrix} a \\ m \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_c\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_n\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

โดยที่ A เป็นเมตริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ (relationship matrix)

I_c, I_n เป็นเมตริกซ์เอกลักษณ์ (identity matrix) ที่มีจำนวนเท่ากับ c และ n ตามลำดับ

4. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์

4.1 อัตราพันธุกรรม

จากการวิเคราะห์ประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนจะทำให้ทราบถึงค่าความแปรปรวนของอิทธิพลโดยตรงเนื่องจากพันธุกรรมของตัวสัตว์ (σ_a^2) อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ (σ_m^2) อิทธิพลของไซโตพลาสซึม (σ_c^2) และค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน (σ_e^2) ในแต่ละโมเดลซึ่งจะนำค่าเหล่านี้มาประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะต่างๆที่ศึกษาได้ โดยค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณค่าได้จากการวิเคราะห์ข้อมูลจะเป็นค่าอัตราพันธุกรรมอย่างแคบ (narrow sense heritability) ซึ่งมีสูตรในการคำนวณ ดังนี้

(1) อัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2}$$

(2) อัตราพันธุกรรมของแม่

$$h_m^2 = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2}$$

(3) อัตราพันธุกรรมของยีนที่อยู่นอกนิวเคลียส

$$h_c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2}$$

4.2 ค่าการผสมพันธุ์

ผลของค่าประมาณองค์ประกอบของความแปรปรวนที่วิเคราะห์ได้ในแต่ละโมเดลจะนำมาคำนวณหาค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์แต่ละตัวโดยใช้วิธีการ Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ซึ่งจะใช้โปรแกรม REMLF90 (Misztal, 2001) เมื่อได้ค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์แต่ละตัวจากการวิเคราะห์ในแต่ละโมเดลแล้ว จะทำการศึกษาต่อไป ดังนี้

1. ตรวจสอบการกระจายข้อมูลของค่าการผสมพันธุ์ที่วิเคราะห์ได้ในแต่ละโมเดล ว่ามีการกระจายแบบปกติหรือไม่ เพื่อที่จะนำค่าการผสมพันธุ์เหล่านั้นมาเปรียบเทียบภายในโมเดลเดียวกันหรือระหว่างโมเดลที่แตกต่างกันโดยวิธีการทางสถิติต่อไป

2. คำนวณหาค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่าต่ำสุด ค่าสูงสุด ของค่าการผสมพันธุ์ที่วิเคราะห์ได้ในแต่ละ โมเดลของลักษณะที่ทำการศึกษาทั้งสามลักษณะ

3. คำนวณหาค่าสหสัมพันธ์ของเพียร์สัน (Pearson correlation) และ ค่าสหสัมพันธ์ของสเปียร์แมน (Spearman correlation) ของค่าการผสมพันธุ์ที่วิเคราะห์ได้ในแต่ละ โมเดลของ แต่ละลักษณะเพื่อที่จะศึกษาถึงความสัมพันธ์ระหว่าง โมเดลที่ทำการศึกษา

4. คำนวณหาค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่าต่ำสุด ค่าสูงสุด ของค่าการผสมพันธุ์เนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ อิทธิพลของไซโตพลาสซึม และอิทธิพลของพ่อพันธุ์ที่วิเคราะห์ได้ในแต่ละ โมเดลของลักษณะที่ทำการศึกษาทั้งสามลักษณะ

5. จัดเรียงลำดับค่าการผสมพันธุ์จากค่าที่มากที่สุด ไปจนถึงค่าน้อยที่สุดในพ่อพันธุ์ และแม่พันธุ์โคนมที่ให้ผลผลิตภายในแต่ละ โมเดล ทำการเปรียบเทียบการเปลี่ยนแปลงของลำดับที่เปลี่ยนไปในแต่ละ โมเดลตามลักษณะที่ศึกษา

6. ศึกษาอิทธิพลของพันธุ์และกลุ่มพันธุ์ของแม่โคนมที่ให้ผลผลิต โดยจะคำนวณค่าการผสมพันธุ์โดยเฉลี่ยของทุก โมเดลที่ใช้ในการศึกษา

5. การเปรียบเทียบระหว่างโมเดล

วิธีทดสอบทางสถิติที่จะใช้ในการศึกษาเปรียบเทียบครั้งนี้ คือ ค่า \log likelihood ($-2\log L$) ภายใต้แต่ละโมเดลที่ทำการวิเคราะห์ ซึ่งในการเปรียบเทียบระหว่างโมเดล ค่า \log likelihood ที่มีค่าเป็นบวกและมีค่าน้อยที่สุดจะเป็น โมเดลที่มีความเหมาะสมมากที่สุดและมากกว่า โมเดลที่มีค่า \log likelihood มากกว่า ส่วนโมเดลที่มีค่า \log likelihood เป็นลบที่มีค่าติดลบน้อยที่สุด (คือค่าเข้าใกล้ศูนย์) จะเป็นโมเดลที่มีความเหมาะสมมากกว่าโมเดลที่มีค่าติดลบมากๆ นอกจากนี้ในการเปรียบเทียบระหว่างโมเดลที่มีค่า \log likelihood เป็นบวกและเป็นลบ โมเดลที่มีค่า \log likelihood เป็นบวกจะมีความเหมาะสมมากกว่าโมเดลที่มีค่า \log likelihood เป็นลบ (Searle *et al.*, 1992)

นอกจากการพิจารณาด้วยค่า \log likelihood ของความคลาดเคลื่อนดังกล่าว จะนำค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนที่วิเคราะห์ได้ในแต่ละ โมเดลมาประกอบการพิจารณาด้วยโดยโมเดลที่มีค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนน้อยที่สุดจะเป็นโมเดลที่มีความเหมาะสมมากกว่า เนื่องจากสามารถอธิบายหรือจำแนกปัจจัยของความคลาดเคลื่อนได้ดีกว่า แต่อย่างไรก็ตามในบางครั้งค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนที่ลดลงอาจจะเป็นผลเนื่องมาจากสาเหตุของการใส่อิทธิพลหรือบางปัจจัยเข้าไปในโมเดลแล้วทำให้เกิดการประมาณค่าที่สูงเกินไป จึงทำให้ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนมีค่าลดลงได้ (Albuquerque *et al.*, 1998)

บทที่ 4

ผลการวิเคราะห์

ผลการวิเคราะห์เบื้องต้น

ในการวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้นเชิงสถิติเป็นการศึกษาถึงลักษณะของข้อมูลในภาพรวม ก่อนที่จะทำการวิเคราะห์ทางพันธุกรรมต่อไป ทั้งนี้เพื่อที่จะทำการศึกษาถึงปัจจัยต่างๆที่มีอิทธิพล ต่อปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม โดยในการศึกษาครั้งนี้ จะได้ค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนมมีค่าเท่ากับ $3,777.59 \pm 1,090.00$ กิโลกรัม ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์ ไขมันนมมีค่าเท่ากับ 3.74 ± 0.58 เปอร์เซ็นต์ และ ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมมี ค่าเท่ากับ 3.30 ± 0.37 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 4.1)

ตารางที่ 4.1 ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ค่าต่ำสุด และ ค่าสูงสุด โดยจำแนกตามลักษณะที่ศึกษา

ลักษณะ	ค่าเฉลี่ย	S.D.	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด
ปริมาณน้ำนม	3777.59	1090.00	1068.05	7018.90
เปอร์เซ็นต์ไขมันนม	3.74	0.58	2.30	5.80
เปอร์เซ็นต์โปรตีนในนม	3.30	0.37	2.00	5.50

เมื่อจำแนกลักษณะดังกล่าวตามพันธุ์โคนมที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ ซึ่งมีอยู่จำนวน 3 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเชียน , พันธุ์บราวน์สวิส และ พันธุ์เจอร์ซี่ จะมีค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนม เท่ากับ $3,777.08 \pm 4.54$ กิโลกรัม , $3,625.11 \pm 0.32$ กิโลกรัม และ $2,964.65 \pm 121.36$ กิโลกรัม ตามลำดับ เปอร์เซ็นต์ไขมันนมเท่ากับ 3.75 ± 0.03 เปอร์เซ็นต์ , 3.88 ± 0.06 เปอร์เซ็นต์ และ 4.25 ± 0.09 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ และเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมเท่ากับ 3.27 ± 0.02 เปอร์เซ็นต์ 3.40 ± 0.03 เปอร์เซ็นต์ และ 3.45 ± 0.05 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตารางที่ 4.2)

ตารางที่ 4.2 ค่าเฉลี่ยกำลังสองน้อยที่สุด และ ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error ; S.E.) ของพันธุ์ที่ศึกษาในแต่ละลักษณะ

พันธุ์	ปริมาณน้ำนม		เปอร์เซ็นต์ไขมัน		เปอร์เซ็นต์โปรตีน	
	ค่าเฉลี่ย	S.E.	ค่าเฉลี่ย	S.E.	ค่าเฉลี่ย	S.E.
โฮลสไตน์ฟรีเชียน	3777.08 ^a	4.54	3.75 ^a	0.03	3.27 ^a	0.02
บราวนส์วิส	3625.11 ^a	0.32	3.88 ^b	0.06	3.40 ^b	0.03
เจอร์ซี	2964.65 ^b	121.36	4.25 ^c	0.09	3.45 ^b	0.05

ตัวอักษรต่างกันหมายถึงพันธุ์ที่ศึกษามีความแตกต่างกันในแต่ละลักษณะที่เปรียบเทียบกัน ($p < 0.05$)

ค่าเฉลี่ยของระยะเวลารีดนมในระยะการให้นมครั้งแรกจะมีค่าเท่ากับ 283.11 ± 33.29 วัน อายุของแม่โคเมื่อคลอดลูกตัวแรกโดยเฉลี่ยจะมีค่าเท่ากับ 28.12 ± 4.29 เดือน จำนวนวันตั้งแต่คลอดจนถึงวันเก็บน้ำนมครั้งแรกโดยเฉลี่ยจะมีค่าเท่ากับ 18.92 ± 11.79 วัน (ตารางที่ 4.3) ส่วนข้อมูลด้านพันธุ์ประวัติ แม่โคนมที่ให้ผลผลิตในการวิเคราะห์ครั้งนี้มีจำนวน 596 ตัว แม่โคนมที่ไม่ให้ผลผลิตแต่มีความสัมพันธ์ทางเครือญาติมีจำนวน 252 ตัว พ่อพันธุ์ที่ใช้มีจำนวน 125 ตัว ดังรายละเอียดในตารางที่ 3.2 พ่อพันธุ์แต่ละตัวจะมีจำนวนลูกสาวที่อยู่ในการศึกษาครั้งนี้โดยเฉลี่ย 5.64 ± 4.72 ตัว พ่อพันธุ์ที่ให้จำนวนลูกสาวน้อยที่สุดและมากที่สุดในการศึกษาครั้งนี้เท่ากับ 2 และ 29 ตัว ตามลำดับ จำนวนกลุ่มที่สามารถจำแนกพันธุกรรมตามสายแม่หรืออิทธิพลของยีนที่อยู่ภายนอกนิวเคลียสหรือไซโตพลาสซึมจะมีอยู่จำนวน 156 กลุ่ม โดยจะมีฐานนิยม (mode) เท่ากับกลุ่มละ 2 ตัว ซึ่งมีอยู่จำนวน 35 กลุ่ม จะเป็นกลุ่มที่มีอยู่จำนวนมากที่สุด ส่วนจำนวนโคนมที่มีมากที่สุดและน้อยที่สุดใน 1 กลุ่ม เท่ากับ 17 และ 2 ตัว ตามลำดับ ดังรายละเอียดในตารางที่ 3.3

ตารางที่ 4.3 ค่าเฉลี่ย และ ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error ; S.E.) ของระยะเวลารีดนมในระยะการให้นมครั้งแรก, อายุของแม่โคเมื่อคลอดลูกตัวแรก และ จำนวนวันตั้งแต่คลอดจนถึงวันเก็บน้ำนมครั้งแรก

ลักษณะ	ค่าเฉลี่ย	S.E.
ระยะเวลารีดนมในระยะการให้นมครั้งแรก	283.11	33.29
อายุของแม่โคเมื่อคลอดลูกตัวแรก	28.12	4.29
จำนวนวันตั้งแต่คลอดจนถึงวันเก็บน้ำนมครั้งแรก	18.92	11.79

ค่าเฉลี่ย และ ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะผลผลิตที่ศึกษาโดยจำแนกตามฤดูกาล ในฤดูร้อน โคนมที่ศึกษาจะมีค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และเปอร์เซ็นต์โปรตีน ในน้ำนม มีค่าเท่ากับ $3,630.93 \pm 1,052.07$ กิโลกรัม 3.71 ± 0.54 เปอร์เซ็นต์ และ 3.29 ± 0.33 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ ในฤดูฝน โคนมที่ศึกษาจะมีค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมมีค่าเท่ากับ $3,829.55 \pm 1,094.60$ กิโลกรัม 3.789 ± 0.60 เปอร์เซ็นต์ และ 3.32 ± 0.40 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ ในฤดูหนาว โคนมที่ศึกษาจะมีค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมมีค่าเท่ากับ $3,902.51 \pm 1,117.04$ กิโลกรัม 3.70 ± 0.60 เปอร์เซ็นต์ และ 3.28 ± 0.37 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตารางที่ 4.4)

ตารางที่ 4.4 ค่าเฉลี่ย และ ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ของลักษณะที่ทำการศึกษาโดยจำแนกตามฤดูกาล

ลักษณะ	ฤดูร้อน	ฤดูฝน	ฤดูหนาว
ปริมาณน้ำนม \pm S.D.	3630.93 ± 1052.07^a	3829.55 ± 1094.60^a	3902.51 ± 1117.04^a
%ไขมันนม \pm S.D.	3.71 ± 0.54^a	3.79 ± 0.60^a	3.70 ± 0.60^a
%โปรตีนนม \pm S.D.	3.29 ± 0.33^a	3.32 ± 0.40^a	3.28 ± 0.37^a

ตัวอักษรต่างกันหมายถึงพันธุ์ที่ศึกษามีความแตกต่างกันในแต่ละลักษณะที่เปรียบเทียบกัน ($p < 0.05$)

ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะการให้ผลผลิต

1. ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะปริมาณน้ำนม จากการวิเคราะห์ข้อมูลโดยใช้สมการโมเดลแบบผสมซึ่งทุกโมเดลที่ศึกษาจะมีทั้งปัจจัยคงที่และปัจจัยสุ่มอยู่ในโมเดลโดยการใช้คำสั่ง PROC MIXED METHOD=REML COVTEST (SAS, 1998) พบว่า ปัจจัยคงที่ ได้แก่ อิทธิพลของปี-ฤดูกาล กลุ่มพันธุ์ และ กลุ่มของยีนที่อยู่ภายนอกนิวเคลียสหรือไซโตพลาสซึมที่กำหนดให้เป็นปัจจัยคงที่ในบางโมเดล ได้แก่ โมเดล [3F] , [4F] และ [40F] ซึ่งจะกล่าวต่อไป จะมีอิทธิพลต่อปริมาณน้ำนมอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.01$) ในทุกโมเดลที่ศึกษา ส่วนปัจจัยสุ่ม ได้แก่ จำนวนวันให้นมจะมีอิทธิพลต่อปริมาณน้ำนมในทุกโมเดลอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.01$) เช่นเดียวกัน จำนวนวันตั้งแต่คลอดจนถึงวันเก็บน้ำนมครั้งแรกจะมีอิทธิพลต่อปริมาณน้ำนมเพียงบางโมเดล (โมเดล [1] , [2] , [20] , [3R] , [4R] และ [40R]) อย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.01$) และอายุของแม่โคเมื่อคลอดลูกตัวแรกจะมีอิทธิพลต่อปริมาณน้ำนมเพียงบางโมเดล (โมเดล [3F] , [3R] , [4F] , [40F] [4R] และ [40R]) อย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.05$) (ตารางที่ 4.5)

2. ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม จากการวิเคราะห์ข้อมูลโดยใช้วิธีการเช่นเดียวกับลักษณะปริมาณน้ำนมพบว่า ปัจจัยคงที่ ได้แก่ อิทธิพลของปี-ฤดูกาล และกลุ่มของยีนที่อยู่ภายนอกนิวเคลียสหรือไซโตพลาสซึมที่กำหนดให้เป็นปัจจัยคงที่ในบางโมเดล ได้แก่ โมเดล [3F] , [4F] และ [40F] ซึ่งจะกล่าวต่อไป จะมีอิทธิพลต่อเปอร์เซ็นต์ไขมันนมอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.01$) ในทุกโมเดลที่ศึกษา กลุ่มพันธุ์บางโมเดล [3F] , [4F] และ [40F] จะไม่มีอิทธิพลต่อเปอร์เซ็นต์ไขมันนม ($p > 0.05$) ส่วนปัจจัยสุ่ม ได้แก่ จำนวนวันให้นมจะมีอิทธิพลต่อเปอร์เซ็นต์ไขมันนมอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.05$) ในทุกโมเดลที่ศึกษา อายุของแม่โคเมื่อคลอดลูกตัวแรก และจำนวนวันตั้งแต่คลอดจนถึงวันเก็บบั้นที่น้ำนมครั้งแรกจะไม่มีอิทธิพลต่อเปอร์เซ็นต์ไขมันนมอย่างมีนัยสำคัญในทุกโมเดล ($p > 0.05$) (ตารางที่ 4.5)

3. ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม จากการวิเคราะห์ข้อมูลโดยใช้วิธีการเช่นเดียวกับลักษณะปริมาณน้ำนมพบว่าปัจจัยคงที่ ได้แก่ อิทธิพลของปี-ฤดูกาลและกลุ่มของยีนที่อยู่ภายนอกนิวเคลียสหรือไซโตพลาสซึมที่กำหนดให้เป็นปัจจัยคงที่ในบางโมเดล ได้แก่ โมเดล [3F] , [4F] และ [40F] ซึ่งจะกล่าวต่อไป จะมีอิทธิพลต่อเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.01$) ในทุกโมเดลที่ศึกษา อิทธิพลของกลุ่มพันธุ์จะมีผลอย่างมีนัยสำคัญเช่นเดียวกับเปอร์เซ็นต์ไขมันนม ส่วนปัจจัยสุ่ม ได้แก่ จำนวนวันให้นม จะมีอิทธิพลต่อเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.01$) ในทุกโมเดลที่ศึกษา อายุของแม่โคเมื่อคลอดลูกตัวแรกจะไม่มีอิทธิพลต่อเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมอย่างมีนัยสำคัญ ($p > 0.05$) ในทุกโมเดลที่ศึกษา และจำนวนวันตั้งแต่คลอดจนถึงวันเก็บบั้นที่น้ำนมครั้งแรกจะมีอิทธิพลต่อเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมเพียงบางโมเดล (โมเดล [1] , [2] , [20] , [3R] , [4R] และ [40R]) อย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.01$) (ตารางที่ 4.5)

4. การเปรียบเทียบระหว่างโมเดล เพื่อศึกษาความแตกต่างระหว่างโมเดลในแต่ละลักษณะ โดยการใช้ค่า log likelihood เป็นเกณฑ์ในการพิจารณาที่ได้จากการวิเคราะห์ ด้วยชุดคำสั่ง PROC MIXED (SAS, 1998) ซึ่งเป็นเพียงการทดสอบโมเดลทางสถิติเท่านั้น จะเห็นได้ว่า โมเดลที่มีความเหมาะสมมากที่สุดในปริมาณน้ำนมและเปอร์เซ็นต์ไขมันนม คือ โมเดล [3F] , [4F] และ [40F] ซึ่งมีความสอดคล้องกันทั้งสองลักษณะดังกล่าว ส่วนเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม โมเดลที่เหมาะสมมากที่สุดคือ โมเดล [3R] , [4R] และ [40R] เนื่องจากค่า log likelihood น้อยที่สุด (ตารางที่ 4.5)

ตารางที่ 4.5 ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะปริมาณน้ำนม , เปอร์เซ็นต์ไขมันและเปอร์เซ็นต์โปรตีน
ในน้ำนม

โมเดล	ปัจจัย						-2Log L
	YS	Breed	DIM	FTD	ACALV	Lineage	
<i>ปริมาณน้ำนม</i>							
[1]	**	**	**	*	ns	--	8808.887
[2] , [20]	**	**	**	*	ns	--	8801.978
[3F]	**	**	**	ns	**	**	-7592.110
[3R]	**	**	**	*	*	--	8796.579
[4F] , [40F]	**	**	**	ns	**	**	6837.253
[4R] , [40R]	**	**	**	*	**	--	8795.230
<i>เปอร์เซ็นต์ไขมัน</i>							
[1]	**	**	*	ns	ns	--	1107.511
[2] , [20]	**	**	*	ns	ns	--	1106.849
[3F]	**	ns	**	ns	ns	**	986.022
[3R]	**	**	*	ns	ns	--	1101.876
[4F] , [40F]	**	ns	**	ns	ns	**	986.022
[4R] , [40R]	**	**	*	ns	ns	--	1101.876
<i>เปอร์เซ็นต์โปรตีน</i>							
[1]	**	**	**	**	ns	--	371.756
[2] , [20]	**	**	**	**	ns	--	371.756
[3F]	**	ns	**	ns	ns	**	436.150
[3R]	**	**	**	**	ns	--	367.435
[4F] , [40F]	**	ns	**	ns	ns	**	436.150
[4R] , [40R]	**	**	**	**	ns	--	367.435

YS = อิทธิพลของปี-ฤดูกาล , Breed = อิทธิพลของกลุ่มพันธุ์ , DIM = อิทธิพลของจำนวนวันให้นม

FTD = อิทธิพลของจำนวนวันตั้งแต่คลอดจนกระทั่งวันเก็บนมน้ำนมครั้งแรก

ACALV = อิทธิพลอายุของแม่เมื่อคลอดลูกตัวแรก , Lineage = อิทธิพลกลุ่มของยีนที่อยู่ภายนอกนิวเคลียส

** = $p < 0.01$, * = $p < 0.05$, ns = $p > 0.05$

ผลการวิเคราะห์องค์ประกอบของความแปรปรวน

องค์ประกอบของความแปรปรวนในแต่ละโมเดลจะประกอบไปด้วย ค่าความแปรปรวนโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ (Va) ค่าความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมของแม่ (Vm) ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างตัวสัตว์และพันธุกรรมของแม่ (cov(a,m)) ค่าความแปรปรวนเนื่องจากยีนภายนอกนิวเคลียสหรือไซโตพลาสซึม (Vc) ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน (Ve) และค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ (Vp) ทั้งนี้จะขึ้นอยู่กับโมเดลที่ใช้ในการวิเคราะห์เป็นสำคัญ

1. องค์ประกอบของความแปรปรวนสำหรับลักษณะปริมาณน้ำนม จะมีค่าความแปรปรวนโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์อยู่ในช่วง 218,040 กิโลกรัม² (โมเดล [40R]) ถึง 274,860 กิโลกรัม² (โมเดล [4R]) ค่าความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมของแม่จะอยู่ในช่วง 36,058 กิโลกรัม² (โมเดล [40R]) ถึง 74,347 กิโลกรัม² (โมเดล [40F]) และค่าความแปรปรวนเนื่องจากยีนภายนอกนิวเคลียสจะอยู่ในช่วง 3,996 กิโลกรัม² (โมเดล [40R]) ถึง 18,249 กิโลกรัม² (โมเดล [3R]) (ตารางที่ 4.6)

2. องค์ประกอบของความแปรปรวนสำหรับลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม จะมีค่าความแปรปรวนโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์อยู่ในช่วง 0.04983 เปอร์เซ็นต์² (โมเดล [3R]) ถึง 0.09457 เปอร์เซ็นต์² (โมเดล [4F]) ค่าความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมของแม่จะอยู่ในช่วง 0.0069 เปอร์เซ็นต์² (โมเดล [40F]) ถึง 0.04618 เปอร์เซ็นต์² (โมเดล [2]) และ ค่าความแปรปรวนเนื่องจากยีนภายนอกนิวเคลียสหรือไซโตพลาสซึมจะอยู่ในช่วง 0.00931 เปอร์เซ็นต์² (โมเดล [40R]) ถึง 0.01785 เปอร์เซ็นต์² (โมเดล [3R]) (ตารางที่ 4.7)

3. องค์ประกอบของความแปรปรวนสำหรับลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม จะมีค่าความแปรปรวนโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์อยู่ในช่วง 0.01754 เปอร์เซ็นต์² (โมเดล [3R]) ถึง 0.03194 เปอร์เซ็นต์² (โมเดล [4F]) ค่าความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมของแม่จะอยู่ในช่วง 0.00091 เปอร์เซ็นต์² (โมเดล [40R]) ถึง 0.00278 เปอร์เซ็นต์² (โมเดล [4F]) และค่าความแปรปรวนเนื่องจากยีนภายนอกนิวเคลียสหรือไซโตพลาสซึมจะอยู่ในช่วง 0.00377 เปอร์เซ็นต์² (โมเดล [40R]) ถึง 0.00558 เปอร์เซ็นต์² (โมเดล [4R]) (ตารางที่ 4.8)

ผลของการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์

1. ค่าอัตราพันธุกรรม

(1) *ลักษณะปริมาณน้ำนม* จากผลของการศึกษาวิเคราะห์ในแต่ละโมเดลจะได้ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์อยู่ในช่วง 0.368 ± 0.043 (โมเดล [4F]) ถึง 0.431 ± 0.035 (โมเดล [2]) ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่จะมีค่าอยู่ในช่วง 0.061 ± 0.003 (โมเดล [40R]) ถึง 0.120 ± 0.024 (โมเดล [40F]) และค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมจะมีค่าอยู่ในช่วง 0.007 ± 0.002 (โมเดล [40R]) ถึง 0.031 ± 0.012 (โมเดล [3R]) โมเดลที่มีค่า log likelihood ต่ำที่สุดคือ โมเดล [4F] ซึ่งมีค่าเท่ากับ 5888.679 โมเดลที่มีค่า log likelihood ใกล้เคียงกับ โมเดล [4F] คือ โมเดล [40F] ซึ่งมีค่าเท่ากับ 5888.690 และ โมเดล [3F] ซึ่งมีค่าเท่ากับ 5924.280 ส่วนโมเดลที่มีค่า log likelihood มากที่สุดคือ โมเดล [1] ซึ่งมีค่าเท่ากับ 7643.964 โดยมีโมเดล [3R] จะมีค่า log likelihood ใกล้เคียงกัน คือ 7643.600 ส่วนโมเดลที่เหลือ (โมเดล [2] , [20] , [4R] และ [40R]) จะมีค่า log likelihood เท่ากัน ประมาณ 7607 (ตารางที่ 4.6)

(2) *ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม* จากผลของการศึกษาวิเคราะห์ในแต่ละโมเดลจะได้ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์อยู่ในช่วง 0.209 ± 0.028 (โมเดล [3R]) ถึง 0.365 ± 0.076 (โมเดล [4F]) ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่จะมีค่าอยู่ในช่วง 0.030 ± 0.002 (โมเดล [40F]) ถึง 0.175 ± 0.013 (โมเดล [2]) และ ค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมจะมีค่าอยู่ในช่วง 0.039 ± 0.021 (โมเดล [40R]) ถึง 0.075 ± 0.020 (โมเดล [3R]) โมเดลที่มีค่า log likelihood ต่ำที่สุดคือ โมเดล [3R] ซึ่งมีค่าเท่ากับ -71.805 โมเดลที่มีค่า log likelihood ใกล้เคียงกัน คือ โมเดล [2] , [20] , [4R] และ [40R] ซึ่งมีค่าเท่ากับ -60.776 , -59.537 , -61.778 และ -59.897 ตามลำดับ ส่วนโมเดลที่มีค่า log likelihood มากที่สุดคือ โมเดล [40F] ซึ่งมีค่าเท่ากับ 100.591 (ตารางที่ 4.7)

(3) *ลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม* จากผลของการศึกษาวิเคราะห์ในแต่ละโมเดลจะได้ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์อยู่ในช่วง 0.203 ± 0.032 (โมเดล [3R]) ถึง 0.357 ± 0.064 (โมเดล [4F]) ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่จะมีค่าอยู่ในช่วง 0.010 ± 0.001 (โมเดล [40R]) ถึง 0.031 ± 0.024 (โมเดล [4F]) และ ค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมจะมีค่าอยู่ในช่วง 0.043 ± 0.015 (โมเดล [40R]) ถึง 0.061 ± 0.016 (โมเดล [4R]) โมเดลที่มีค่า log likelihood ต่ำที่สุดคือ โมเดล [3R] ซึ่งมีค่าเท่ากับ -589.996 โมเดลที่มีค่า log likelihood ใกล้เคียงกับ โมเดล [3R] คือ โมเดล [1] , [2] , [20] , [4R] และ [40R] ส่วนโมเดลที่มีค่า log likelihood มากที่สุดคือ โมเดล [40F] ซึ่งมีค่าเท่ากับ -288.329 โดยมีโมเดล [3F] และ [4F] ที่จะมีค่า log likelihood ใกล้เคียงกับโมเดล [40F] คือ -299.835 และ -289.087 ตามลำดับ (ตารางที่ 4.8)

ตารางที่ 4.6 องค์ประกอบของความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ (h_a^2) ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ (h_m^2) ค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึม (h_c^2) ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (S.E.) และค่า log likelihood แต่ละโมเดลที่วิเคราะห์ของลักษณะปริมาณน้ำนม

โมเดล	Va ¹	Vm ²	cov (a,m) ³	Vc ⁴	Ve ⁵	Vp ⁶	h_a^2	S.E.	h_m^2	S.E.	h_c^2	S.E.	-2logL
[1]	253080				340300	593380	0.427	0.017					7643.964
[2]	274470	69362	-45511		293720	637552	0.431	0.035	0.109	0.012			7607.079
[20]	223050	38351	0		330060	591461	0.377	0.021	0.065	0.005			7607.535
[3F]	253620				336800	590420	0.430	0.034					5924.280
[3R]	227250			18249	348080	593579	0.383	0.029			0.031	0.012	7643.600
[4F]	225650	69992	6035		317920	613562	0.368	0.043	0.114	0.033			5888.679
[4R]	274860	64768	-49035	7546	294210	641384	0.429	0.059	0.101	0.065	0.012	0.002	7607.055
[40F]	230770	74347	0		313590	618707	0.373	0.021	0.120	0.024			5888.690
[40R]	218040	36058	0	3996	333500	591594	0.369	0.021	0.061	0.003	0.007	0.002	7607.556

¹ ค่าความแปรปรวนโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์

² ค่าความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมของแม่

³ ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างตัวสัตว์และพันธุกรรมของแม่

⁴ ค่าความแปรปรวนเนื่องจากยีนภายนอกนิวเคลียสหรือไซโตพลาสซึม

⁵ ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน

⁶ ค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ

ตารางที่ 4.7 องค์ประกอบของความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ (h_a^2) ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ (h_m^2) ค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึม (h_c^2) ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (S.E.) และค่า log likelihood แต่ละโมเดลที่วิเคราะห์ของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม

โมเดล	Va ¹	Vm ²	cov (a,m) ³	Vc ⁴	Ve ⁵	Vp ⁶	h_a^2	S.E.	h_m^2	S.E.	h_c^2	S.E.	-2logL
[1]	0.07522				0.16328	0.23850	0.315	0.007					-69.276
[2]	0.08076	0.04618	-0.02364		0.13689	0.26383	0.306	0.057	0.175	0.013			-60.776
[20]	0.05576	0.02789	0		0.15635	0.24001	0.232	0.018	0.116	0.011			-59.537
[3F]	0.05452				0.17147	0.22599	0.241	0.025					89.821
[3R]	0.04983			0.01785	0.17080	0.23848	0.209	0.028			0.075	0.020	-71.805
[4F]	0.09457	0.02293	-0.03565		0.14133	0.25883	0.365	0.076	0.089	0.025			98.670
[4R]	0.07992	0.03202	-0.02946	0.01631	0.14133	0.26958	0.296	0.058	0.119	0.016	0.061	0.016	-61.778
[40F]	0.05535	0.00690	0		0.16825	0.23050	0.240	0.021	0.030	0.002			100.591
[40R]	0.05107	0.01765	0	0.00931	0.16180	0.23983	0.213	0.030	0.074	0.003	0.039	0.021	-59.897

¹ ค่าความแปรปรวนโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์

² ค่าความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมของแม่

³ ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างตัวสัตว์และพันธุกรรมของแม่

⁴ ค่าความแปรปรวนเนื่องจากยีนภายนอกนิวเคลียสหรือไซโตพลาสซึม

⁵ ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน

⁶ ค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ

ตารางที่ 4.8 องค์ประกอบของความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ (h_a^2) ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ (h_m^2) ค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึม (h_c^2) ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (S.E.) และค่า log likelihood ในแต่ละโมเดลที่วิเคราะห์ของลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม

โมเดล	Va ¹	Vm ²	cov (a,m) ³	Vc ⁴	Ve ⁵	Vp ⁶	h_a^2	S.E.	h_m^2	S.E.	h_c^2	S.E.	-2logL
[1]	0.02291				0.06345	0.08636	0.265	0.071					-588.962
[2]	0.02530	0.00125	-0.00138		0.06152	0.08806	0.287	0.050	0.014	0.009			-574.997
[20]	0.02280	0.00125	0		0.06263	0.08668	0.263	0.022	0.014	0.008			-574.930
[3F]	0.02447				0.05983	0.08430	0.290	0.113					-299.835
[3R]	0.01754			0.00418	0.06480	0.08652	0.203	0.032			0.048	0.013	-589.996
[4F]	0.03194	0.00278	-0.00708		0.05483	0.08955	0.357	0.064	0.031	0.024			-289.087
[4R]	0.02472	0.00211	-0.00519	0.00558	0.05984	0.09225	0.268	0.031	0.023	0.009	0.061	0.016	-576.449
[40F]	0.02458	0.00117	0		0.05910	0.08485	0.290	0.060	0.014	0.002			-288.329
[40R]	0.01871	0.00091	0	0.00377	0.06349	0.08687	0.215	0.033	0.010	0.001	0.043	0.015	-575.857

¹ ค่าความแปรปรวนโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์

² ค่าความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมของแม่

³ ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างตัวสัตว์และพันธุกรรมของแม่

⁴ ค่าความแปรปรวนเนื่องจากยีนภายนอกนิวเคลียสหรือไซโตพลาสซึม

⁵ ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน

⁶ ค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ

2. ค่าการผสมพันธุ์

2.1 การตรวจสอบการกระจายของค่าการผสมพันธุ์ ผลของการตรวจสอบการกระจายค่าของค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละโมเดลจะพบว่ามีกระจายค่าของค่าการผสมพันธุ์เป็นแบบปกติที่ระดับความเชื่อมั่น 95 % โดยใช้คำสั่ง PROC UNIVARIATE NORMAL PLOT (SAS, 1998)

2.2 ผลการวิเคราะห์อิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์

ลักษณะปริมาณน้ำนม จากแม่โคนมที่ให้ผลผลิตจำนวนทั้งหมด 596 ตัว ค่าเฉลี่ยมากที่สุดของค่าการผสมพันธุ์จะมีค่าเท่ากับ -199.365 ± 325.100 กิโลกรัม (โมเดล [3F]) ส่วนค่าเฉลี่ยน้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ -707.343 ± 370.246 กิโลกรัม (โมเดล [4R]) แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 2,371.848 กิโลกรัม (โมเดล [3F]) ในทางตรงกันข้าม แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ $-1,738.150$ กิโลกรัม (โมเดล [2]) (ตารางภาคผนวกที่ 1) นอกจากนั้นค่าสหสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของแต่ละโมเดลที่ใช้ศึกษาจะมีค่าอยู่ในช่วง 0.580 (ระหว่างโมเดล [20] และโมเดล [3F]) ถึง 0.999 (ระหว่างโมเดล [4F] และโมเดล [40F]) (ตารางภาคผนวกที่ 2)

ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม จากแม่โคนมที่ให้ผลผลิต จำนวนทั้งหมด 584 ตัว ค่าเฉลี่ยมากที่สุดของค่าการผสมพันธุ์จะมีค่าเท่ากับ 0.374 ± 0.147 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [3F]) ส่วนค่าเฉลี่ยน้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.115 ± 0.090 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [40R]) แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 1.343 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [4F]) ในทางตรงกันข้าม แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ -1.262 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [40F]) (ตารางภาคผนวกที่ 3) นอกจากนั้นค่าสหสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละโมเดลที่ใช้ศึกษาจะมีค่าอยู่ในช่วง 0.299 (ระหว่างโมเดล [20] และโมเดล [3R]) ถึง 0.989 (ระหว่างโมเดล [20] และโมเดล [40R]) (ตารางภาคผนวกที่ 4)

ลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม จากแม่โคนมที่ให้ผลผลิตจำนวนทั้งหมด 587 ตัว ค่าเฉลี่ยมากที่สุดของค่าการผสมพันธุ์จะมีค่าเท่ากับ 0.102 ± 0.079 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [2]) ส่วนค่าเฉลี่ยน้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.058 ± 0.056 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [3R]) แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.921 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [3F]) ในทางตรงกันข้าม แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [2], [20], [4F], [4R], [40F] และ [40R]) (ตารางภาคผนวกที่ 5) นอกจากนั้นค่าสหสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละโมเดลที่ใช้ศึกษา จะมีค่าอยู่ในช่วง -0.005 (ระหว่างโมเดล [4F] และโมเดล [40R]) ถึง 0.997 (ระหว่างโมเดล [2] และโมเดล [20]) (ตารางภาคผนวกที่ 6)

2.3 ผลการวิเคราะห์หือทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ที่ใส่รวมไว้ในโมเดล ลักษณะปริมาณน้ำนม ค่าเฉลี่ยมากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 168.376 ± 163.122 กิโลกรัม (โมเดล [4F]) ส่วนค่าเฉลี่ยน้อยที่สุดจะมีค่า เท่ากับ 155.429 ± 141.340 กิโลกรัม (โมเดล [20]) แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ $2,351.846$ กิโลกรัม (โมเดล [4F]) ในทางตรงกันข้าม แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ $-1,092.384$ กิโลกรัม (โมเดล [1]) ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม ค่าเฉลี่ยมากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.208 ± 0.099 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [4F]) ส่วนค่าเฉลี่ยน้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.119 ± 0.070 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [1]) แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 1.072 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [4F]) ในทางตรงกันข้าม แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ -0.195 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [40F]) ลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม ค่าเฉลี่ยมากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.102 ± 0.055 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [4F]) ส่วนค่าเฉลี่ยน้อย ที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.050 ± 0.049 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [4R]) แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.953 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [4F]) ในทางตรงกันข้าม แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดจะมีค่า เท่ากับ 0 เปอร์เซ็นต์ (ทุกโมเดล) (ตารางภาคผนวกที่ 7)

2.4 ผลการวิเคราะห์หือทธิพลของยีนภายนอกนิวเคลียสหรือไซโตพลาสซึม ที่ใส่รวมไว้ในโมเดล ลักษณะปริมาณน้ำนม ค่าเฉลี่ยมากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.00000128 ± 15.082 กิโลกรัม (โมเดล [4R]) ส่วนค่าเฉลี่ยน้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ -0.0000032 ± 7.868 กิโลกรัม (โมเดล [40R]) ส่วนแม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 147.312 กิโลกรัม (โมเดล [3R]) ในทางตรงกันข้าม แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ -89.242 กิโลกรัม (โมเดล [3R]) ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม ค่าเฉลี่ยมากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.037 ± 0.039 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [3R]) ส่วนค่าเฉลี่ยน้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.019 ± 0.020 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [40R]) แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.193 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [3R]) ในทางตรงกันข้าม แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.101 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [40R]) ลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมค่าเฉลี่ยมากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.019 ± 0.022 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [4R]) ส่วนค่าเฉลี่ยน้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.013 ± 0.015 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [40R]) แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.139 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [4R]) ในทางตรงกันข้าม แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0 เปอร์เซ็นต์ (ทุกโมเดล) (ตารางภาคผนวกที่ 8)

2.5 ผลการประเมินค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ ในลักษณะปริมาณน้ำนม ค่าเฉลี่ยมากที่สุดและน้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ -177.764 ± 234.340 กิโลกรัม (โมเดล [3F]) และ -848.832 ± 276.820 กิโลกรัม (โมเดล [2]) ตามลำดับ แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 393.403 กิโลกรัม (โมเดล [3F]) ในทางตรงกันข้าม แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ $-1,482.800$ กิโลกรัม (โมเดล [4R]) ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม ค่าเฉลี่ยมากที่สุดและน้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.362 ± 0.088 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [3F]) และ 0.087 ± 0.066 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [40R]) ตามลำดับ แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.677 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [4F]) ในทางตรงกันข้าม แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ -0.049 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [40F]) และ ลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม ค่าเฉลี่ยมากที่สุดและน้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.091 ± 0.054 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [2]) และ 0.043 ± 0.041 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [3R]) แม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0.283 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [4F]) ในทางตรงกันข้ามแม่โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดจะมีค่าเท่ากับ 0 เปอร์เซ็นต์ (โมเดล [40F]) (ตารางภาคผนวกที่ 9)

3. ลำดับของค่าการผสมพันธุ์

3.1 แม่พันธุ์โคนม เมื่อจัดลำดับค่าการผสมพันธุ์จากค่ามากที่สุดไปจนถึงค่าน้อยที่สุดของโคนมจำนวน 20 ตัว จากจำนวนโคนมที่ให้ผลผลิตทั้งหมด โดยจำแนกตามลักษณะที่ศึกษาและโมเดลที่แตกต่างกัน พบว่า ลำดับค่าการผสมพันธุ์ของแม่โคนมที่วิเคราะห์ได้จากแต่ละโมเดลจะแตกต่างกัน แต่อย่างไรก็ตาม ลำดับบางตำแหน่งในบางโมเดลจะเหมือนกัน

ลักษณะปริมาณน้ำนม โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดในโมเดล [1] , [3F] และ [3R] คือ โคนมหมายเลข 932-1 ซึ่งมีค่าการผสมพันธุ์เท่ากับ $1,251.695$, $2,371.848$ และ $1,285.316$ กิโลกรัม ตามลำดับ โคนมหมายเลข 38 จะมีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดในโมเดล [4R] และ [40R] เท่ากับ 488.006 และ 361.633 กิโลกรัม ตามลำดับ ส่วนโมเดล [4F] และ [40F] โคนมหมายเลข 728 มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด เท่ากับ 502.383 และ 509.257 กิโลกรัม ตามลำดับ นอกจากนี้ ในโมเดลที่ [2] และ [20] จะมีการสลับลำดับกันระหว่างลำดับโคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดและรองลงมา โดยโคนมหมายเลข 584 จะมีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดเท่ากับ 582.321 กิโลกรัมในโมเดล [2] โดยมีโคนมหมายเลข 3068 อยู่ในลำดับถัดมา ซึ่งได้สลับลำดับกันภายในโมเดล [20] โดยโคนมหมายเลข 3068 จะมีค่าการผสมพันธุ์มากกว่าและมากที่สุด ซึ่งเท่ากับ 877.344 กิโลกรัม โดยมีโคนมหมายเลข 584 อยู่ในลำดับถัดมา (ตารางภาคผนวกที่ 10)

ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด ในโมเดล [3F] [4F] และ [40F] คือ โคนมหมายเลข 329 ซึ่งมีค่าการผสมพันธุ์เท่ากับ 1.192 , 1.343 และ 1.229 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ โคนมหมายเลข 3007 จะมีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด ในโมเดล [1] และ [3R] เท่ากับ 0.707 และ 0.636 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ส่วนโมเดล [20] และ [40R] โคนมหมายเลข AS214 มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดเท่ากับ 0.579 และ 0.547 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ นอกจากนี้ ในโมเดล [2] และ [4R] โคนมหมายเลข 3047 จะมีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด เท่ากับ 0.586 และ 0.561 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตารางภาคผนวกที่ 11)

ลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์ที่สุดในโมเดล [2] , [20] , [3R] , [4R] และ [40R] คือ โคนมหมายเลข AS02 ซึ่งมีค่าการผสมพันธุ์เท่ากับ 0.767 0.759 , 0.473 , 0.757 และ 0.743 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ส่วนโมเดล [4F] และ [40F] โคนมหมายเลข AS214 จะมีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดเท่ากับ 0.884 และ 0.841 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ โคนมหมายเลข 4009 และ 924-1 จะมีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด เท่ากับ 0.579 และ 0.921 เปอร์เซ็นต์ ในโมเดล [1] และ [3F] (ตารางภาคผนวกที่ 12)

3.2 พ้อพันธุ์โคนม เมื่อทำการจัดลำดับค่าการผสมพันธุ์จากค่ามากที่สุดจนถึงค่าน้อยที่สุดของพ้อพันธุ์โคนมจำนวน 5 ตัว จากทั้งหมดจำนวน 125 ตัว โดยจำแนกตามลักษณะที่ศึกษาและโมเดลที่แตกต่างกัน พบว่า ลำดับค่าการผสมพันธุ์ของพ้อพันธุ์โคนมที่วิเคราะห์ได้จากแต่ละโมเดลจะแตกต่างกัน แต่อย่างไรก็ตาม ลำดับบางตำแหน่งในบางโมเดลจะเหมือนกัน

ลักษณะปริมาณน้ำนม พ้อพันธุ์ที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดในทุกโมเดลยกเว้นโมเดล [3F] คือ พ้อพันธุ์โคนมหมายเลข 14H1140 โดยโมเดลที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดและที่มีค่าใกล้เคียงกัน คือ โมเดล [2] และ [4R] ซึ่งมีค่าเท่ากับ -35.987 และ -37.835 กิโลกรัม โมเดล [20] และ [40R] ซึ่งมีค่าเท่ากับ -87.005 และ -94.980 กิโลกรัม โมเดล [4F] และ [40F] ซึ่งมีค่าเท่ากับ 304.233 และ 310.581 กิโลกรัม และสุดท้าย โมเดล [1] และ โมเดล [3R] ซึ่งมีค่าเท่ากับ 193.137 และ 162.263 กิโลกรัม ตามลำดับ ส่วนโมเดล [3F] พ้อพันธุ์โคนมหมายเลข 11H2143 มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด เท่ากับ 393.403 กิโลกรัม (ตารางภาคผนวกที่ 13)

ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม พ้อพันธุ์ที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดในแต่ละโมเดลจะเป็นพ้อพันธุ์ตัวเดียวกัน คือ พ้อพันธุ์โคนมหมายเลข 14H1140 ในโมเดล [2] , [20] , [4R] และ [40R] ซึ่งมีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดเท่ากับ 0.363 , 0.339 , 0.362 และ 0.329 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ ส่วนพ้อพันธุ์โคนมหมายเลข 74H0037 ในโมเดล [3F] [3R] และ [40F] จะมีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดเท่ากับ 0.631 , 0.43 และ 0.479 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ นอกจากนี้ ในโมเดลที่เหลือ คือ

โมเดล [1] และ [4F] ฟอพันธุ์โคนมหมายเลข BSC613 จะมีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดเท่ากับ 0.449 และ 0.677 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ (ตารางภาคผนวกที่ 14)

ลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม ฟอพันธุ์ที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดในแต่ละโมเดล จะเป็นฟอพันธุ์ตัวเดียวกัน คือ ฟอพันธุ์โคนมหมายเลข 14H1140 ในโมเดล [2] , [20] [3F] , [4R] และ [40R] ซึ่งมีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดเท่ากับ 0.274 , 0.268 , 0.208 , 0.253 และ 0.246 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ ส่วนฟอพันธุ์โคนมหมายเลข BSC613 จะมีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดในโมเดล [1] , [3R] , [4F] และ [40F] เท่ากับ 0.266 , 0.219 , 0.283 และ 0.20 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ (ตารางภาคผนวกที่ 15)

3.3 ปัจจัยเนื่องจากพันธุ์และกลุ่มพันธุ์ ที่มีผลกระทบต่อค่าการผสมพันธุ์

ผลของการประมาณค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละโมเดลของลักษณะที่ทำการศึกษา โดยจำแนกตามพันธุ์และกลุ่มพันธุ์ของแม่โคนมที่ให้ผลผลิต พบว่า กลุ่มพันธุ์และโมเดลที่ทำการศึกษาเปรียบเทียบมีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($p < 0.01$) ทั้งสามลักษณะ ผลของค่าเฉลี่ยแบบกำลังสองน้อยที่สุดและค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานของแต่ละกลุ่มพันธุ์ทั้งสามลักษณะ แสดงดังตารางภาคผนวกที่ 16

ลักษณะปริมาณน้ำนม ค่าการผสมพันธุ์โดยเฉลี่ยที่มีค่ามากที่สุดจะอยู่ในกลุ่มที่ 1 นั่นคือ กลุ่มโฮลสไตน์ฟรีเชียนพันธุ์แท้ (100 HF) ซึ่งมีค่าการผสมพันธุ์โดยเฉลี่ยเท่ากับ -345.754 ± 16.432 กิโลกรัม ส่วนกลุ่มที่ 13 คือ กลุ่มเจอร์ซี่พันธุ์แท้ (100JS) จะมีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดเท่ากับ -630.112 ± 34.857 กิโลกรัม นอกจากนี้ เมื่อทำการเปรียบเทียบโดยแยกตามพันธุ์โคนมที่ศึกษา จะพบว่า โคนมพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเชียน ที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะอยู่ในกลุ่มที่ 1 ดังที่กล่าวมาแล้ว ส่วนกลุ่มที่ 6 คือ กลุ่มที่มีระดับสายเลือดน้อยกว่า 50 เปอร์เซ็นต์ (< 50 HF) จะมีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดเท่ากับ -565.601 ± 45.000 กิโลกรัม โคนมพันธุ์ บราวน์สวิส ที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะอยู่ในกลุ่มที่ 7 คือ กลุ่มพันธุ์แท้ (100BS) ซึ่งมีค่าเท่ากับ -373.783 ± 77.944 กิโลกรัม ส่วนกลุ่มที่ 8 คือ กลุ่มระดับสายเลือดมากกว่าหรือเท่ากับ 87.5 เปอร์เซ็นต์ขึ้นไปแต่ไม่ใช่พันธุ์แท้ ($\geq 87.5 - < 100$ BS) จะมีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดเท่ากับ -548.920 ± 22.046 กิโลกรัม โคนมพันธุ์เจอร์ซี่ที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะอยู่ในกลุ่มที่ 17 คือ กลุ่มระดับสายเลือดมากกว่าหรือเท่ากับ 50 เปอร์เซ็นต์แต่น้อยกว่า 62.5 เปอร์เซ็นต์ ($\geq 50 - < 62.5$ JS) ซึ่งมีค่าเท่ากับ -473.115 ± 33.235 กิโลกรัม ส่วนกลุ่มที่ 13 คือ กลุ่มพันธุ์แท้ (100 JS) จะมีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุด เท่ากับ -630.112 ± 34.857 กิโลกรัม

ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม ค่าการผสมพันธุ์โดยเฉลี่ยที่มีค่ามากที่สุดจะอยู่ในกลุ่มที่ 13 นั่นคือ โคนมเจอร์ซีพันธุ์แท้ (100 JS) ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.262 ± 0.013 เปอร์เซ็นต์ ส่วนกลุ่มที่ 14 คือ โคนมกลุ่มเจอร์ซีที่มีระดับสายเลือดมากกว่าหรือเท่ากับ 87.5 เปอร์เซ็นต์ขึ้นไปแต่ไม่ใช่พันธุ์แท้ ($\geq 87.5 - < 100$ JS) มีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดเท่ากับ 0.136 ± 0.014 เปอร์เซ็นต์ นอกจากนี้ เมื่อทำการเปรียบเทียบโดยจำแนกตามพันธุ์พบว่า โคนมพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเซียน ที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะอยู่ในกลุ่มที่ 6 คือ กลุ่มระดับสายเลือดน้อยกว่า 50 เปอร์เซ็นต์ (<50HF) ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.213 ± 0.017 เปอร์เซ็นต์ ส่วนในกลุ่มที่ 5 จะมี ค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดเท่ากับ 0.177 ± 0.009 เปอร์เซ็นต์ โคนมพันธุ์บราวนส์วิสที่มีค่าการผสมพันธุ์ มากที่สุดจะอยู่ในกลุ่มที่ 7 คือ กลุ่มพันธุ์แท้ (100BS) ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.203 ± 0.03 เปอร์เซ็นต์ ส่วนกลุ่มที่ 12 คือ กลุ่มระดับสายเลือดน้อยกว่า 50 เปอร์เซ็นต์ (<50BS) จะมีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดเท่ากับ 0.157 ± 0.011 เปอร์เซ็นต์ ส่วนโคนมพันธุ์เจอร์ซีที่มีค่าการผสมพันธุ์มากและน้อยที่สุดจะเป็นไปดังที่กล่าวมาแล้วข้างต้น

ลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในนม ค่าการผสมพันธุ์โดยเฉลี่ยที่มีค่ามากที่สุดจะอยู่ในกลุ่มที่ 3 นั่นคือ โคนมกลุ่มโฮลสไตน์ฟรีเซียนที่มีระดับสายเลือดมากกว่าหรือเท่ากับ 75 เปอร์เซ็นต์แต่น้อยกว่า 87.5 เปอร์เซ็นต์ ($\geq 75 - < 87.5$ HF) ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.103 ± 0.003 เปอร์เซ็นต์ ส่วนกลุ่มที่ 18 คือ โคนมกลุ่มเจอร์ซีที่มีระดับสายเลือดน้อยกว่า 50 เปอร์เซ็นต์ (<50 JS) จะมีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดเท่ากับ 0.037 ± 0.016 เปอร์เซ็นต์ นอกจากนี้ เมื่อทำการเปรียบเทียบโดยแยกตามพันธุ์ พบว่า โคนมพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเซียน ที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะอยู่ในกลุ่มที่ 3 ดังกล่าวข้างต้น ส่วนในกลุ่มที่ 6 คือ กลุ่มระดับสายเลือดน้อยกว่า 50 เปอร์เซ็นต์ (<50HF) จะมีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุด ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.077 ± 0.009 เปอร์เซ็นต์ โคนมพันธุ์บราวนส์วิสที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดจะอยู่ในกลุ่มที่ 9 คือ กลุ่มระดับสายเลือดมากกว่าหรือเท่ากับ 75 เปอร์เซ็นต์แต่น้อยกว่า 87.5 เปอร์เซ็นต์ ($\geq 75 - < 87.5$ BS) จะมีค่าเท่ากับ 0.076 ± 0.004 เปอร์เซ็นต์ ส่วนกลุ่มที่ 7 คือ กลุ่มพันธุ์แท้ (100BS) จะมีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุด ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.044 ± 0.016 เปอร์เซ็นต์ โคนมพันธุ์เจอร์ซีที่มีค่าการผสมพันธุ์ มากที่สุดจะอยู่ในกลุ่มที่ 13 และ 14 คือ กลุ่มพันธุ์แท้ และกลุ่มระดับสายเลือดมากกว่าหรือเท่ากับ 87.5 เปอร์เซ็นต์ขึ้นไป แต่ไม่ใช่พันธุ์แท้ ($\geq 87.5 - < 100$ JS) ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.075 ± 0.007 เปอร์เซ็นต์ ส่วนกลุ่มที่ 18 คือ โคนมกลุ่มเจอร์ซีที่มีระดับสายเลือดน้อยกว่า 50 เปอร์เซ็นต์ (<50 JS) จะมีค่าการผสมพันธุ์น้อยที่สุดเท่ากับ 0.037 ± 0.016 เปอร์เซ็นต์

บทที่ 5

อภิปรายผล สรุปผลการวิจัย และข้อเสนอแนะ

ผลการวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้น

ลักษณะปริมาณน้ำนมโดยเฉลี่ยทั้งหมดจากการศึกษาครั้งนี้ (ตารางที่ 4.1) จะมีปริมาณน้อยกว่าค่าเฉลี่ยในรายงานวิจัยของ พัชรินทร์ สานธิไพโรจน์ และคณะ (2542) ที่ศึกษาในโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเชียนที่นำเข้าจากแคนาดาจำนวน 103 ตัว ซึ่งได้ปริมาณน้ำนม 305 วันมีค่าเท่ากับ $6,549.56 \pm 1,287.46$ กิโลกรัม แต่ค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนมในการศึกษาครั้งนี้จะมีค่าเฉลี่ยสูงกว่ารายงานวิจัยของ กฤษณะ ทองทิพย์ และคณะ (2528) ที่ศึกษาในแม่โคนมเรดซินดีพันธุ์แท้ จำนวน 158 ตัวและแม่โคลูกผสมเรดซินดี จำนวน 90 ตัว ในระยะการให้นมครั้งแรก ซึ่งได้ค่าเฉลี่ยปริมาณน้ำนมเท่ากับ $1,466 \pm 688$ และ $1,441 \pm 589$ กิโลกรัมตามลำดับ นอกจากนั้น ค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนมในการศึกษาครั้งนี้จะมีค่าค่อนข้างสูงและสูงกว่าปริมาณน้ำนมโดยเฉลี่ยในหลายงานวิจัยภายในประเทศที่ได้รายงานไว้ (กัลยา เก่งวิชัยกรรม และคณะ, 2537 ; ประชุม อินทรโชติ และคณะ, 2539 ; อุดมศรี อินทรโชติ และคณะ, 2540 ; พินิจ ลำดวงหอม และ สุขสันต์ จันทรพลาบูรณ์, 2540 ; วิสุทธิ หิมารัตน์ และคณะ, 2540 ; อังคณา เมฆวิสัย, 2541 ; สุพจน์ อานันทนะสูงรังศ์, 2541 ; เทียมพบก้านเหลือง, 2541 และ กรรณิกา เร่งศิริกุล และคณะ, 2542) ทั้งนี้เนื่องจากการศึกษาปริมาณน้ำนมในแต่ละงานวิจัยจะทำการศึกษาในลักษณะและขนาดของประชากรที่แตกต่างกันจึงทำให้ค่าเฉลี่ยที่ได้มีความแตกต่างกัน อย่างไรก็ตาม ฟาร์มที่ใช้ศึกษาในครั้งนี้ได้เลี้ยงโคนมมาเป็นระยะเวลานาน โคนมได้ผ่านการคัดเลือกและการเลือกใช้น้ำเชื้อของพ่อพันธุ์ชั้นเลิศผสมกับแม่พันธุ์ที่มีการคัดเลือกเอาไว้ กอปรกับทางฟาร์มได้มีการนำเข้าแม่โคนมพันธุ์แท้จากต่างประเทศ เช่น พันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเชียน พันธุ์บราวน์สวิส หรือ พันธุ์เจอร์ซี่ มาผสมพันธุ์กับโคพื้นเมืองเพื่อยกระดับสายเลือดโคนมลูกผสมภายในฟาร์มมาเป็นระยะเวลานานเพื่อหวังผลของการเกิดเฮเทอโรซิส (heterosis effect) ดังนั้น โคนมลูกผสมที่ได้จึงมีค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนมที่ค่อนข้างสูงกว่า

จากการศึกษาในครั้งนี้ ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนมจะมีค่าเฉลี่ยที่สูงกว่ารายงานวิจัยของ เทียมพบ ก้านเหลือง (2541) และ พัชรินทร์ สนธิไพโรจน์ และคณะ (2542) แต่จะมีค่าเฉลี่ยที่น้อยกว่า รายงานวิจัยของ วิสุทธิ หีมารัตน์ และคณะ (2540) ส่วนลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมจะมีค่าเฉลี่ยที่สูงกว่ารายงานวิจัยของ พัชรินทร์ สนธิไพโรจน์ และคณะ (2542) และ วิสุทธิ หีมารัตน์ และคณะ (2540) แต่จะมีค่าเฉลี่ยที่น้อยกว่ารายงานวิจัยของ เทียมพบ ก้านเหลือง (2541)

ลักษณะผลผลิตของโคนมที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้เป็นลักษณะผลผลิตในระยะของการให้นม ครั้งแรก ซึ่งประกอบไปด้วยพันธุ์โคนมจำนวน 3 พันธุ์ ได้แก่ พันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเซียน จำนวน 440 ตัว พันธุ์บราวน์สวิส จำนวน 108 ตัว และพันธุ์เจอร์ซี่ จำนวน 48 ตัว (ตารางที่ 3.5) โดยจะยึดจำนวนโคนมตามลักษณะปริมาณน้ำนมเป็นเกณฑ์ เนื่องจากอีก 2 ลักษณะที่เหลือจะมีข้อมูลสูญหาย (missing data) จึงทำให้จำนวนโคนมทั้งหมดในแต่ละพันธุ์มีจำนวนน้อยกว่าจำนวนโคนมในลักษณะปริมาณน้ำนม โดยจะเห็นได้ว่าโคนมทั้งสามพันธุ์ที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ โคนมพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเซียนจะมีค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนมมากที่สุดซึ่งมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 3,777.08 กิโลกรัม แต่ในทางตรงกันข้ามโคนมพันธุ์นี้จะมีค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์ไขมันนมและเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมน้อยที่สุด ซึ่งจะมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 3.75 และ 3.27 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ ส่วนโคนมพันธุ์เจอร์ซี่จะมีค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนมน้อยที่สุดซึ่งมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 2,964.65 กิโลกรัม แต่ในทางตรงกันข้ามโคนมพันธุ์นี้จะมีค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์ไขมันนมและเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมมากที่สุดซึ่งมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 4.25 และ 3.45 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ (ตารางที่ 4.2) โดยสอดคล้องกับ ชวนิศนดากร วรวรรณ (2534) และ สมชาย จันท์ฟองแสง (2541) ที่กล่าวว่าความสัมพันธ์ของลักษณะปริมาณน้ำนมและองค์ประกอบของน้ำนมจะเป็นไปในแนวทางตรงข้ามกันกล่าวคือโคนมพันธุ์ใดที่ให้ปริมาณน้ำนมมาก เช่น โคนมพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเซียน จะมีองค์ประกอบของน้ำนมน้อยกว่าโคนมพันธุ์ที่ให้ปริมาณน้ำนมน้อยกว่า เช่น โคนมพันธุ์เจอร์ซี่ เป็นต้น

ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะการให้ผลผลิต

ปัจจัยคงที่ที่มีอิทธิพลต่อลักษณะที่ศึกษา ได้แก่ อิทธิพลของปีและฤดูกาล อิทธิพลของพันธุ์ และกลุ่มพันธุ์ ส่วนปัจจัยสุ่ม คือ อิทธิพลของอายุแม่โคที่ให้ลูกตัวแรก จำนวนวันตั้งแต่แรกคลอดจนถึงวันเก็บน้ำนมครั้งแรกและอิทธิพลของจำนวนวันให้นม ซึ่งจะทำการทดสอบทุกปัจจัยพร้อมกันในทุกโมเดลและทุกลักษณะ ผลที่ได้ปรากฏว่า อิทธิพลของปี-ฤดูกาล พันธุ์และกลุ่มพันธุ์ และจำนวนวันให้นมจะมีอิทธิพลต่อทุกลักษณะที่ทำการศึกษาในครั้งนี้อย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($p < 0.01$) (ตารางที่ 4.5)

นอกจากนั้น การทดสอบโมเดลที่มีอิทธิพลของไซโตพลาสซึมเมื่อกำหนดให้อิทธิพลดังกล่าวเป็นปัจจัยคงที่ภายในโมเดลจะมีผลอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($p < 0.01$) ต่อทุกลักษณะที่ทำการศึกษาในครั้งนี้ อิทธิพลของฤดูกาลที่คลอดซึ่งทดสอบเป็นอิทธิพลหลัก (main effect) ในโมเดล ปรากฏว่าไม่มีอิทธิพลต่อลักษณะใดๆในการศึกษาครั้งนี้ ซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ จูร์ริตันน์ แส่นโกชน์ และคณะ (2529) พัชรินทร์ จินกล้า และคณะ (2534) และ พัชรินทร์ สนธิไพโรจน์ และคณะ (2542) ส่วนงานวิจัยของ กรรณิกา เร่งศิริกุล และคณะ (2542) รายงานว่า ฤดูกาลไม่มีอิทธิพลต่อปริมาณผลผลิตน้ำมันจริง โดยให้เหตุผลว่าเนื่องจากสภาพอากาศในประเทศไทยตลอดทั้งปีมีความแตกต่างกันน้อยมากทำให้ผลผลิตปริมาณน้ำมันที่ได้ไม่มีความแตกต่างกันในแต่ละฤดู

อิทธิพลของพันธุ์และกลุ่มพันธุ์มีผลต่อทุกลักษณะที่ทำการศึกษาในครั้งนี้ ($p < 0.01$) (ตารางที่ 4.5) ซึ่งได้จำแนกกลุ่มพันธุ์แต่ละพันธุ์ออกเป็น 6 กลุ่ม ได้แก่ 100% , $\geq 87.5\%$ - $< 100\%$, $\geq 75\%$ - $< 87.5\%$, $\geq 62.5\%$ - $< 75\%$, $\geq 50\%$ - $< 62.5\%$ และ $< 50\%$ ซึ่งแตกต่างจากวิธีการของ Vinther (1974) ที่ใช้ระบบการจัดกลุ่มพันธุ์เพื่อบอกระดับเลือดโคยูโรปโดยมีรายละเอียดถึง 12 กลุ่มพันธุ์ ซึ่งการจำแนกกลุ่มพันธุ์ดังกล่าวมีความละเอียดมากเกินไปสำหรับฟาร์มที่ใช้ศึกษาในครั้งนี้ เนื่องจากโคนมลูกผสมภายในประเทศโดยส่วนใหญ่จะมีการผสมแบบยกระดับสายเลือด และมีระดับเลือดสูงกว่า 50% ขึ้นไป ดังนั้น จึงไม่ได้จำแนกโคนมลูกผสมที่มีระดับสายเลือดน้อยกว่า 50% ลงไปเป็นกลุ่มจำเพาะเนื่องจากว่า ไม่สอดคล้องกับลักษณะข้อมูลและข้อเท็จจริงดังกล่าว นอกจากนี้ การจำแนกกลุ่มพันธุ์ในการศึกษาครั้งนี้ยังแตกต่างไปจากการจำแนกกลุ่มพันธุ์ของ จันทรจักรี เรี่ยวเดชะ (2542) ซึ่งเสนอให้มีการจำแนกกลุ่มพันธุ์ออกเป็นระดับเลือด 62.5% , 75% , $\geq 87.5\%$ และ พันธุ์แท้ ทั้งนี้อาจจะเนื่องจากการจำแนกกลุ่มพันธุ์ดังกล่าวเป็นการจำแนกที่เหมาะสมเฉพาะในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเชียนเท่านั้น

งานวิจัยโคนมที่ทำการศึกษาในประเทศไทยส่วนใหญ่จะเป็นการศึกษาในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเชียนที่มีการจำแนกกลุ่มพันธุ์แตกต่างกันออกไปตามลักษณะข้อมูลและประชากรที่ศึกษายันต์และคณะ (2531) ได้จำแนกกลุ่มพันธุ์ตามระดับเลือด 50% , 75% และ มากกว่า 75% พัชรินทร์ จินกล้า และคณะ (2534) ได้จำแนกกลุ่มพันธุ์ตามระดับเลือด 50% และ 75% กัลยา เก่งวิทย์กรรม และคณะ (2537) ได้จำแนกกลุ่มพันธุ์ตามระดับเลือด 100% , 87.5% และ 75% สมเกียรติ ประสานพานิช และคณะ (2542) ได้จำแนกกลุ่มพันธุ์ตามระดับเลือดออกเป็น 50% , มากกว่าหรือเท่ากับ 75% และ มากกว่าหรือเท่ากับ 87.5% กรรณิกา เร่งศิริกุล และคณะ (2542) ได้จำแนกกลุ่มพันธุ์ตามระดับเลือดมากกว่า 75% และ น้อยกว่าหรือเท่ากับ 75% เทียมพบ ก้านเหลือง (2541) ได้จำแนกกลุ่มพันธุ์ตาม

ระดับเลือด 100% , มากกว่า 87.5% แต่ไม่ใช่พันธุแท้ , 87.5% , มากกว่า 75% แต่น้อยกว่า 87.5% , 75% และ น้อยกว่า 62.5% ลงมา อังคณา เมฆวิสัย (2541) ได้จำแนกกลุ่มพันธุตามระดับเลือด 100% , มากกว่า 87.5% แต่ไม่ใช่พันธุแท้ , 87.5% , มากกว่า 75% แต่น้อยกว่า 87.5% , 75% , มากกว่า 62.5% แต่น้อยกว่า 75% และ 62.5% สุพจน์ อานันทนระสูวงศ์ (2541) ได้จำแนกกลุ่มพันธุตามระดับเลือด ออกเป็น 9 กลุ่มพันธุ คือ 100% , >87.5% - <100% , 87.5% , >75% - <87.5% , 75% , >62.5% - <75% , 62.5% , >50% - <62.5% และ 50% ซึ่งการจำแนกกลุ่มพันธุที่ศึกษาในครั้งนี้ จะแตกต่างไปจากที่กล่าวมาข้างต้นทั้งหมด ทั้งนี้เพื่อให้การจำแนกดังกล่าวสามารถกระจายครอบคลุม โคนมลูกผสมจากทุกพันธุและกลุ่มพันธุ จึงไม่ใช่เป็นเพียงการจำแนกกลุ่มพันธุตาม โคนม พันธุโฮลสไตน์ฟรีเซียนเท่านั้น

อิทธิพลของอายุแม่โคที่ให้ลูกตัวแรกจะไม่มีนัยสำคัญ ($p>0.05$) ต่อเปอร์เซ็นต์ไขมันนม เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม และปริมาณน้ำนมบางส่วน (ตารางที่ 4.5) ซึ่งสอดคล้องกับ Cowan และ คณะ (1974) อ้างโดย สมเกียรติ ประสานพานิช (2542) ที่กล่าวว่าอิทธิพลของอายุแม่โคที่ให้ลูกตัวแรก จะไม่มีผลต่อการให้นมในครั้งแรก ส่วนพัชรินทร์ สนธิไพโรจน์ (2542) ได้รายงานว่ายอายุแม่โคที่ให้ลูกตัวแรกจะมีผลต่อเปอร์เซ็นต์ไขมันนม ($p<0.05$) ซึ่งขัดแย้งกับผลการศึกษาในครั้งนี้ โดยงานวิจัยดังกล่าวกำหนดอิทธิพลของอายุแม่โคที่ให้ลูกตัวแรกเป็นปัจจัยคงที่ซึ่งแตกต่างไปจากการศึกษาครั้งนี้ ที่ได้กำหนดให้เป็นปัจจัยสุ่ม นอกจากนั้น สำหรับปริมาณน้ำนมและเปอร์เซ็นต์ไขมันนมจะมีอิทธิพลอย่างไม่มีนัยสำคัญซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาในครั้งนี้

อิทธิพลของจำนวนวันตั้งแต่แรกคลอดจนถึงวันเก็บบันทึกน้ำนมครั้งแรก ไม่มีผลต่อ เปอร์เซ็นต์ไขมันนม แต่จะมีผลต่อปริมาณน้ำนมและเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมเป็นส่วนใหญ่ (ตารางที่ 4.5)

องค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าอัตราพันธุกรรม

1. ลักษณะปริมาณน้ำนม

ลักษณะปริมาณน้ำนมที่ศึกษา (ตารางที่ 4.6) ในโมเดล [1] ซึ่งเป็นโมเดลโดยทั่วไปที่ใช้ในการ ประเมินค่าทางพันธุกรรม โดยไม่ได้รวมอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไซโตพลาสซึม เข้าไว้ในโมเดล จะมีค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์เท่ากับ 0.427 ซึ่งมีค่าสูงกว่ารายงานวิจัย ของ จูร์รัตน์ แส่นโกชน และคณะ (2529) ที่รายงานค่าอัตราพันธุกรรมของพ่อโคนม 11 ตัว ในโครงการ

ทดสอบพ้อพันธุ้ได้ค่าอัตราพันธุกรรมมีค่าเท่ากับ 0.05 เช่นเดียวกับรายงานวิจัยของ จันทรา กอนันทา และคณะ (2540) และ รัชชัย อินทรตุล และคณะ (2540) ซึ่งได้ศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของ ปริมาณน้ำนมปรับ 4% ไขมันนมต่อแผลคเต้ชั้นมีค่าเท่ากับ 0.40 และ 0.20 ตามลำดับ จะเห็นได้ว่า ค่าอัตราพันธุกรรมดังกล่าวจะมีค่าน้อยกว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ศึกษา ทั้งนี้อาจจะเนื่องมาจากวิธีการในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุศาสตร์มีความแตกต่างกัน ทั้งสามรายงานวิจัยที่กล่าวมาจะใช้วิธี paternal half sib correlation ซึ่งจะได้ค่าอัตราพันธุกรรมที่ต่ำกว่าวิธีการ daughter-dam regression (Van Vleck and Bradford, 1966) หรือวิธีการ REML (Searle *et al.*, 1992) และ BLUP (Henderson, 1984) ในโมเดลของสัตว์แต่ละตัวซึ่งค่าประมาณที่ได้จะมีความถูกต้องแม่นยำมากกว่าเนื่องจากสามารถที่จะจำแนกอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมได้ดีกว่า จึงทำให้ค่าประมาณของความแปรปรวนโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์มีค่าสูงขึ้น ในขณะที่ค่าประมาณความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนมีค่าลดลง (Schaeffer, 2001) จึงทำให้การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้ในครั้งนี้มีค่าสูงกว่าในรายงานวิจัยของ จุริรัตน์ แสนโกชน์ และคณะ (2529) จันทรา กอนันทา และคณะ (2540) และรัชชัย อินทรตุล และคณะ (2540)

เมื่อเปรียบเทียบค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ที่ได้ในโมเดลอื่นๆ ซึ่งรวมอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่หรืออิทธิพลของไซโตพลาสซึมเข้าไปในโมเดล จะเห็นได้ว่าค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ในโมเดล [3R] จะมีค่าเท่ากับ 0.383 (ตารางที่ 4.6) ซึ่งมีค่าน้อยกว่ารายงานวิจัยของ Roughsedge และคณะ (1999) (ตารางภาคผนวกที่ 17) ที่ได้ค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.400 แต่ค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมที่ได้มีค่าเท่ากับ 0.031 มากกว่าค่าประมาณจากงานวิจัยดังกล่าว ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.02 เมื่อทำการเปรียบเทียบในโมเดล [40R] ที่ได้ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ , ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ และ ค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมมีค่าเท่ากับ 0.369 0.061 และ 0.007 ตามลำดับ หากเปรียบเทียบกับรายงานวิจัยของ Schnitzenlehner และ Essl (1999) และ Albuquerque และคณะ (1998) จะเห็นได้ว่า ในระยะการให้นมครั้งแรก ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์มีค่าเท่ากับ 0.311 และ 0.278 ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่มีค่าเท่ากับ 0.017 และ 0.008 ค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมมีค่าเท่ากับ 0.020 และ 0.011 ตามลำดับ ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์และค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ของทั้งสองงานวิจัยดังกล่าวจะมีค่าประมาณน้อยกว่าค่าที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้ ทั้งนี้อาจจะบ่งบอกได้ถึงความสำคัญของอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ต่อลักษณะปริมาณน้ำนมภายใต้สภาพแวดล้อมของประเทศไทย ซึ่งถึงแม้ว่าจะมีหลายรายงานวิจัยในต่างประเทศได้รายงานว่าอิทธิพลดังกล่าวจะไม่มีผลต่อการประเมินทางพันธุกรรมก็ตาม

ส่วนค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมจากรายงานวิจัยของทั้งสองรายงานข้างต้นนั้น จะได้ค่าประมาณที่มากกว่าการศึกษาในครั้งนี้ อาจจะเนื่องมาจากจำนวนสมาชิกภายในกลุ่มของสายแม่ มีจำนวนน้อยเกินไปสำหรับการวิเคราะห์ข้อมูลในภาคสนาม (Schnitzenlehner and Essl, 1999) ทำให้ไม่สามารถที่จะกำหนดอิทธิพลของไซโตพลาสซึมในรูปแบบเดียวกับการประเมินค่าทาง พันธุกรรมในฝูงทดลองต่างๆ (experimental herds) ได้ (Bell *et al.*, 1985 ; Huizinga *et al.*, 1986 ; Schutz *et al.*, 1992a ; Albuquerque *et al.*, 1998 ; Rorato *et al.*, 1999) และจำนวนขนาดของ กลุ่มทางสายแม่ของข้อมูลในภาคสนามจะมีการกระจายไม่เป็นแบบปกติ จึงทำให้การเปรียบเทียบใน ครั้งนี้ได้กำหนดอิทธิพลของไซโตพลาสซึมให้เป็นปัจจัยสุ่มในโมเดล จะมีค่า log likelihood มากกว่า การกำหนดอิทธิพลดังกล่าวให้เป็นปัจจัยคงที่ซึ่งจะมีความเหมาะสมมากกว่า (Boettcher *et al.*, 1996b)

ในระหว่างการให้นมครั้งแรก ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ในการศึกษาครั้งนี้อยู่ในช่วง 0.061 จนถึง 0.120 ซึ่งมีค่าสูงกว่ารายงานของ Schnitzenlehner และ Essl (1999) ที่ได้ประมาณค่าอัตราพันธุกรรม ของแม่เท่ากับ 0.017 โดยเป็นค่าประมาณที่มากที่สุดในช่วงระยะเวลาให้นมสามครั้งแรกที่ได้รายงานไว้ Albuquerque และคณะ (1998) ประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ได้เท่ากับ 0.008 ซึ่งได้ค่าประมาณที่ มีค่าน้อยกว่าในการศึกษาครั้งนี้เช่นเดียวกัน แต่ค่าที่ประมาณได้ในครั้งนี้จะมีค่าน้อยกว่าค่าที่ได้จากใน รายงานวิจัยของ Southwood และคณะ (1989) ที่ทำการศึกษาโดยการจำลองข้อมูลและกำหนดค่าความ แปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์และอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่มีค่าเท่ากับ 0 ผลจากการศึกษาจะได้ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่เท่ากับ 0.212 ซึ่งมากกว่าค่าที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้ ส่วนเมื่อกำหนดให้ค่าความแปรปรวนร่วมมีค่าเท่ากับ 0.15 ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่กลับมีค่าน้อยลง เหลือเพียง 0.027 ซึ่งน้อยกว่าค่าประมาณที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้ และ ผลของการประมาณค่าที่ได้ ดังกล่าวขัดแย้งกับผลจากการศึกษาเมื่อกำหนดค่าความแปรปรวนร่วมเหมือนกัน

ค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมจะอยู่ในช่วง 0.007 ถึง 0.031 ซึ่งสูงกว่าการรายงานของ Boettcher และ Gibson (1997) Roughsedge และคณะ (1998) Albuquerque และคณะ (1998) Rorato และคณะ (1999) Schnitzenlehner และ Essl (1999) Roughsedge และคณะ (1999) ซึ่งในหลายๆ งานวิจัยดังกล่าวได้สรุปว่า อิทธิพลของไซโตพลาสซึมจะไม่มีอิทธิพลต่อลักษณะปริมาณน้ำนม ส่วนใน การศึกษาครั้งนี้คาดว่าค่าประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมซึ่งได้ค่าประมาณสูงกว่า หลายๆงานวิจัยข้างต้นนั้น อาจจะเป็นผลมาจากการกำหนดอิทธิพลของไซโตพลาสซึมให้เป็นปัจจัยสุ่ม

ดังนั้น จึงทำให้ค่าประมาณที่ได้มีค่าสูงกว่ารายงานอื่นๆ อย่างไรก็ตาม เนื่องจากข้อจำกัดด้านประชากรที่ศึกษา การตรวจสอบและการกำหนดปัจจัยจากอิทธิพลของไซโตพลาสซึม น่าจะได้ศึกษาในประชากรที่มีขนาดใหญ่ขึ้น

2. ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม

จากผลของการศึกษาในโมเดล [1] (ตารางที่ 4.7) ซึ่งได้ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ เท่ากับ 0.315 สูงกว่ารายงานวิจัยของ จูร์รีตันน์ แสโนโกห์น และคณะ (2529) ซึ่งประมาณค่าอัตราพันธุกรรมได้เท่ากับ 0.09 ประชุม อินทรโชติ และคณะ (2539) ที่ประมาณค่าอัตราพันธุกรรมได้เท่ากับ 0.13 ซึ่งจะเห็นได้ว่าผลลัพธ์ที่ได้จะเป็นไปในการทำนองเดียวกับการประมาณค่าในลักษณะของปริมาณน้ำมัน ดังนั้น เหตุผลที่สามารถอธิบายจะเป็นเช่นเดียวกับที่ได้กล่าวมาแล้ว

ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่จะอยู่ในช่วง 0.030 จนถึง 0.175 ซึ่งค่าที่ได้สูงกว่ารายงานวิจัยของ Albuquerque และคณะ (1998) (ตารางภาคผนวกที่ 17) ซึ่งได้เท่ากับ 0.006

ค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมจะอยู่ในช่วง 0.039 จนถึง 0.075 ซึ่งค่าที่ได้มีค่าสูงกว่ารายงานวิจัยของ Boettcher และคณะ (1996b) Boettcher และ Gibson (1997) Albuquerque และคณะ (1998) Roughsedge และคณะ (1998) Rorato และคณะ (1999) Schnitzenlehner และ Essl (1999) Roughsedge และคณะ (1999) แต่ค่าที่ได้ดังกล่าวจะมีค่าน้อยกว่ารายงานวิจัยของ Bell และคณะ (1985) Schutz และคณะ (1992a)

3. ลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำมัน

จากผลของการศึกษาในโมเดล [1] (ตารางที่ 4.8) ซึ่งได้ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์มีค่าเท่ากับ 0.265 แต่จากการเปรียบเทียบกับผล การศึกษางานวิจัยอื่นๆภายในประเทศค่อนข้างจะทำได้ยากเนื่องจากไม่ค่อยมีรายงานวิจัย (จันทร์จรัส เรียวเดชะ, 2542) ทั้งนี้อาจเป็นเพราะระบบข้อมูล โคนมและการตรวจสอบลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนยังไม่ได้มีการเก็บบันทึกข้อมูลกันอย่างแพร่หลายดังเช่นการตรวจสอบปริมาณน้ำมันและเปอร์เซ็นต์ไขมันนม ส่วนค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้จะอยู่ในช่วง 0.010 จนถึง 0.031 ซึ่งไม่ค่อยพบรายงานวิจัยในต่างประเทศที่ศึกษาถึงค่าอัตราพันธุกรรมของแม่เช่นเดียวกัน (ตารางภาคผนวกที่ 17) และส่วนใหญ่ในต่างประเทศมักจะศึกษาวิจัยเน้นไปในแนวทางของการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมมากกว่า

ค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึมจะอยู่ในช่วง 0.043 จนถึง 0.061 ซึ่งค่าที่ได้มีค่าสูงกว่า รายงานวิจัยของ Huizinga และคณะ (1986) Boettcher และ Gibson (1997) Roughsedge และคณะ (1998) และ Roughsedge และคณะ (1999)

การเปรียบเทียบระหว่างโมเดล

จากผลของการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและค่าอัตราพันธุกรรมที่แยกวิเคราะห์ตามโมเดลที่ศึกษาในครั้งนี้ของลักษณะปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม (ตารางที่ 4.6 , 4.7 และ 4.8) จะเห็นได้ว่า ความสำคัญของอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่หรืออิทธิพลของไซโตพลาสซึมต่อการประเมินค่าทางพันธุกรรมโดยพิจารณาจากความเหมาะสมในการรวมอิทธิพลทั้งสองปัจจัยที่ต้องการศึกษาเข้าไปในโมเดลหรือตัดอิทธิพลดังกล่าวออกจะสามารถแบ่งออกได้เป็น การเปรียบเทียบภายในโมเดลกลุ่มเดียวกัน และการเปรียบเทียบระหว่างโมเดลที่อยู่ต่างกลุ่มกัน

1. การเปรียบเทียบภายในโมเดลกลุ่มเดียวกัน

จากการเปรียบเทียบระหว่างโมเดล [2] และ [20] , [4F] และ [40F] หรือ [4R] และ [40R] ของลักษณะปริมาณน้ำนม , เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม ซึ่งเป็นโมเดลที่กำหนดค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมของตัวสัตว์กับอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ ($cov(a,m)$) ให้มีค่าเท่ากับ 0.15 และ 0 โดยพิจารณาจากค่า log likelihood จะเห็นได้ว่าไม่มีความแตกต่างกันในแต่ละคู่ของโมเดลที่ทำการเปรียบเทียบกันในทุกลักษณะที่ทำการศึกษา ถึงแม้ว่าผลของการประมาณค่าที่ได้ในการเปรียบเทียบแต่ละสองโมเดลจะมีค่าอัตราพันธุกรรมแตกต่างกันถึง 5.4 , 7.8 และ 2.4 เปอร์เซ็นต์ในโมเดล [2] และ [20] 0.5 , 12.5 และ 6.7 เปอร์เซ็นต์ในโมเดล [4F] และ [40F] และ 6.0 , 8.3 และ 5.3 เปอร์เซ็นต์ในโมเดล [4R] และ [40R] ของลักษณะที่ศึกษาตามลำดับ ซึ่งสอดคล้องกับงานวิจัยของ Schutz และคณะ (1992a) และ Schnitzenlehner และ Essl (1999) ที่แสดงให้เห็นว่าเมื่อรวมอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่เข้าไปในโมเดลโดยกำหนดให้มีค่าเริ่มต้นของความแปรปรวนร่วมดังกล่าวเช่นเดียวกับในการศึกษาครั้งนี้ ปรากฏว่าค่าความแปรปรวนร่วมดังกล่าวมีค่าไม่แตกต่างจาก 0 อย่างมีนัยสำคัญ

ค่าอัตราพันธุกรรมที่แตกต่างกันในแต่ละคู่ที่ทำการเปรียบเทียบอาจจะเนื่องมาจากค่าความแปรปรวนร่วมดังกล่าวที่ได้จากการวิเคราะห์ในโมเดล [2] , [4F] และ [4R] มีค่าน้อยกว่า 0 ทำให้ค่าประมาณของความแปรปรวนเนื่องจากตัวสัตว์ , ค่าความแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมของแม่ ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ และค่าอัตราพันธุกรรมของแม่มีค่าสูงขึ้นด้วยในทุกโมเดลที่กำหนดให้ความแปรปรวนร่วมดังกล่าวมีค่าไม่เท่ากับ 0 ผลที่ได้สอดคล้องกับหลายรายงานวิจัยซึ่งได้ข้อสรุปที่ชัดเจนและสามารถบ่งชี้ได้ว่า ค่าความแปรปรวนร่วมที่ได้ค่าเป็นลบหรือน้อยกว่า 0 จะเป็นสาเหตุให้การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ และ ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่มีค่าสูงขึ้น (Ferreira *et al.*, 1999 ; Quintanilla *et al.*, 1999 ; See, 2001) ดังนั้น โมเดลที่มีความเหมาะสมมากกว่า คือ โมเดล [20] , [40F] และ [40R] ตามลำดับ

จากการเปรียบเทียบโมเดล [3F] และ [3R] , [4F] และ [4R] หรือ [40F] และ [40R] ของลักษณะปริมาณน้ำนม , เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม ซึ่งโมเดลทั้งหมดเป็นโมเดลที่ไม่ได้คำนึงถึงอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่แต่จะคำนึงถึงอิทธิพลของไซโตพลาสซึมที่ถูกกำหนดให้เป็นปัจจัยคงที่และปัจจัยสุ่มตามโมเดลข้างต้น โดยพิจารณาจากค่า log likelihood จะเห็นได้ว่า ค่า log likelihood ของโมเดลแต่ละคู่ที่ทำการเปรียบเทียบกันในทุกลักษณะที่ศึกษาจะมีความแตกต่างกันมาก ตัวอย่างเช่น ในลักษณะปริมาณน้ำนม ค่า log likelihood ของความคลาดเคลื่อนในโมเดล [3F] (5924.280) มีค่าน้อยกว่าในโมเดล [3R] (7643.600) ในลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม ค่า log likelihood ของความคลาดเคลื่อนในโมเดล [3F] มีค่าเป็นบวก (89.821) ในขณะที่โมเดล [3R] มีค่าเป็นลบ (-71.805) ในลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม ค่า log likelihood ของความคลาดเคลื่อนในโมเดล [3F] และ โมเดล [3R] มีค่าติดลบทั้งสองโมเดล แต่โมเดล [3F] (-299.835) มีค่าติดลบน้อยกว่า (เข้าใกล้ค่าศูนย์) โมเดล [3R] (-589.996) เป็นต้น

ดังนั้น โมเดลของทั้งสามลักษณะที่มีความเหมาะสมมากกว่า คือ โมเดล [3F] และ [40F] ซึ่งสามารถที่จะบ่งบอกได้ว่า การกำหนดอิทธิพลของไซโตพลาสซึมให้เป็นปัจจัยคงที่นั้นมีความเหมาะสมมากกว่าการกำหนดให้เป็นปัจจัยสุ่ม ซึ่งขัดแย้งกับรายงานวิจัยของ Boettcher และคณะ (1996b) ที่จำลองข้อมูลขึ้นมาโดยกำหนดให้อิทธิพลของไซโตพลาสซึมมีการกระจายแบบปกติ หลังจากนั้นจึงได้ทำการวิเคราะห์โดยแยกอิทธิพลนี้ออกเป็นปัจจัยคงที่และปัจจัยสุ่ม ผลการวิเคราะห์สรุปได้ว่า การพิจารณาอิทธิพลดังกล่าวให้เป็นปัจจัยคงที่หรือปัจจัยสุ่มในโมเดลของสัตว์แต่ละตัวจะให้ผลของการวิเคราะห์ที่มีความคล้ายคลึงกันมากจะมีความแตกต่างกันเพียงเล็กน้อย แต่การกำหนดให้อิทธิพลดังกล่าวเป็นปัจจัยสุ่มจะสามารถประเมินค่าทางพันธุกรรมได้ถูกต้องแม่นยำมากกว่าโดยดูจากค่า

สหสัมพันธ์ของค่าการผสมพันธุ์ที่วิเคราะห์ได้และค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริงซึ่งค่าที่ได้จากปัจจัยสุ่มจะมีค่าสหสัมพันธ์ที่สูงกว่า Boettcher และคณะ (1996b) ยังให้เหตุผลว่าในสภาพความเป็นจริงจะมีจำนวนกลุ่มทางสายเลือดของแม่ที่มีขนาดของประชากรภายในกลุ่มขนาดเล็กอยู่เป็นจำนวนมากและจากการนำอิทธิพลหรือจำนวนกลุ่มดังกล่าวมาวิเคราะห์จะเป็นเพียงการสุ่มตัวอย่างหนึ่งที่ได้มาจากประชากรขนาดใหญ่เท่านั้น ดังนั้น การกำหนดอิทธิพลของไซโตพลาสซึมให้เป็นปัจจัยคงที่จึงมีความเหมาะสมมากกว่าการกำหนดให้เป็นปัจจัยสุ่ม นั่นคือ โมเดล [3F] และ [40F] เป็นโมเดลที่มีความเหมาะสมมากกว่า

อย่างไรก็ตาม การศึกษาในครั้งนี้ที่ได้กำหนดให้อิทธิพลของไซโตพลาสซึมเป็นปัจจัยคงที่จะมีความเหมาะสมมากกว่า ซึ่งสอดคล้องกับนักวิจัยหลายๆท่านที่กำหนดให้อิทธิพลดังกล่าวเป็นปัจจัยคงที่ (Bell *et al.*, 1985 ; Faust *et al.*, 1990 ; Boettcher *et al.*, 1996b) เหตุผลที่สามารถจะอธิบายได้คือการกระจายของจำนวนกลุ่มทางสายเลือดของแม่ไม่ได้มีการกระจายเป็นแบบปกติเช่นเดียวกับ Boettcher และคณะ (1996b) เมื่อศึกษาจากตารางที่ 3.3 แสดงจำนวนและขนาดในแต่ละกลุ่มของโคนมที่อยู่ภายในสายเลือดเดียวกันจะเห็นได้ว่า การกระจายของจำนวนกลุ่มทางสายเลือดของแม่ในการศึกษาครั้งนี้ จะอยู่ในช่วงที่มีจำนวนแม่โคนมขนาด 2 ถึง 6 ตัวต่อกลุ่มมากที่สุด แต่อย่างไรก็ตามมีนักวิจัยหลายๆท่าน (Boettcher *et al.*, 1996b ; Southwood *et al.*, 1989) ให้เหตุผลในการสนับสนุนอิทธิพลดังกล่าวให้เป็นปัจจัยคงที่ เนื่องจากการถ่ายทอดทางพันธุกรรมจากแม่สู่ลูกของยีนภายนอกนิวเคลียสหรือไมโทคอนเดรียเป็นส่วนใหญ่นั้นไม่มีการเกิดหรือเกิดขึ้นน้อยมากต่อการกลายพันธุ์ของยีนและการเกิดรีคอมบิเนชันหรือเกิด ครอสซิง โอเวอร์ ใดๆ จึงทำให้อิทธิพลของไซโตพลาสซึมเกิดขึ้นซ้ำๆ ซ้ำกันผ่านระยะเวลาระหว่างชั่วรุ่นหนึ่งไปยังอีกชั่วรุ่นจึงเป็นอีกเหตุผลหนึ่งที่จะอธิบายให้เห็นภาพชัดเจนในการกำหนดอิทธิพลนี้ให้เป็นปัจจัยคงที่มากกว่าเป็นปัจจัยสุ่ม

ในแต่ละลักษณะที่ศึกษาจากการเปรียบเทียบภายในโมเดลกลุ่มเดียวกันข้างต้น โมเดลที่มีความเหมาะสมมากที่สุดคือ โมเดล [1] เป็นโมเดลทั่วไปที่ใช้กันอยู่และใช้เป็นโมเดลเปรียบเทียบกับโมเดลที่เหลือ โมเดล [20] ซึ่งกำหนดให้ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลทางพันธุกรรมเนื่องจากตัวสัตว์และอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่เป็นศูนย์ โมเดล [3F] ซึ่งกำหนดอิทธิพลของไซโตพลาสซึมให้เป็นปัจจัยคงที่ และ โมเดลสุดท้ายคือ โมเดล [40F] ที่รวมเอาข้อกำหนดทุกอย่างของอิทธิพลทั้งสองที่ต้องการศึกษาเข้าไปในโมเดล

2. การเปรียบเทียบระหว่างโมเดลที่อยู่ต่างกลุ่มกัน

ในลักษณะปริมาณน้ำนม เมื่อพิจารณาจากค่า log likelihood ของโมเดล [1] , [20] , [3F] และ [40F] จะเห็นได้ว่าในโมเดลที่ [40F] จะมีค่า log likelihood น้อยที่สุด เท่ากับ 5888.690 นอกจากนั้น ค่าอัตราพันธุกรรมของตัวสัตว์จะมีค่าน้อยที่สุดเช่นเดียวกัน เท่ากับ 0.373 ซึ่งสอดคล้องกับการรายงานของ Albuquerque และคณะ (1998) เมื่อพิจารณาเปรียบเทียบโดยการตัดอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ออกจากโมเดล [40F] ซึ่งจะกลายเป็นโมเดล [3F] ทำให้ค่าอัตราพันธุกรรมมีค่าสูงขึ้นจากเดิม 0.057 ซึ่งสอดคล้องกับงานวิจัยของ Albuquerque และคณะ (1998) ที่รายงานว่า เมื่อนำอิทธิพลดังกล่าวออกจากโมเดลจะทำให้เพิ่มการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของตัวสัตว์ประมาณ 0.014 และสอดคล้องกับงานวิจัยของ Southwood และคณะ (1989) ที่ได้จำลองข้อมูลและวิเคราะห์ภายใต้โมเดลที่ไม่ถูกต้อง (incorrect model) ซึ่งได้รายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จะเพิ่มขึ้นอย่างมีนัยสำคัญ ในทำนองเดียวกัน เมื่อพิจารณาเปรียบเทียบโดยการตัดอิทธิพลของไซโตพลาสซึมออกจากโมเดล [40F] ซึ่งจะกลายเป็นโมเดล [20] จะเห็นได้ว่าค่าอัตราพันธุกรรมของตัวสัตว์เพิ่มขึ้น 0.058 ซึ่งจะสอดคล้องกับงานวิจัยของ Albuquerque และคณะ (1998) ที่รายงานว่า เมื่อนำอิทธิพลดังกล่าวออกจากโมเดลจะทำให้เพิ่มการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของตัวสัตว์ประมาณ 0.006 ส่วนค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ในการศึกษาครั้งนี้กลับมีค่าลดลงเท่ากับ 0.011 ซึ่งขัดแย้งกับงานวิจัยของ Albuquerque และคณะ (1998) ที่รายงานว่า เมื่อนำอิทธิพลดังกล่าวออกจากโมเดลจะทำให้การประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของแม่เพิ่มขึ้น 0.003 สุดท้าย เมื่อพิจารณาเปรียบเทียบโดยการตัดอิทธิพลดังกล่าวทั้งสองออกจากโมเดล [40F] ซึ่งจะกลายเป็นโมเดล [1] จะเห็นได้ว่า ค่าความแปรปรวนของตัวสัตว์ ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน และค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้มีค่าสูงขึ้น จะสังเกตเห็นได้ว่าความแตกต่างดังกล่าวของการเปรียบเทียบระหว่างโมเดลที่ตัดปัจจัยที่จะศึกษาออกนั้นมีค่าสูงกว่าค่าที่ได้รายงานไว้ของ Albuquerque และคณะ (1998) ค่อนข้างมาก ดังนั้น อาจจะบ่งบอกได้ว่าอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไซโตพลาสซึมน่าจะมีความสำคัญต่อการประเมินทางพันธุกรรมในลักษณะปริมาณน้ำนม

ในลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม เมื่อพิจารณาจากค่า log likelihood ของโมเดล [1] , [20] , [3F] และ [40F] จะเห็นได้ว่าในโมเดลที่ [3F] จะมีค่า log likelihood ที่เป็นบวกน้อยที่สุดเท่ากับ 89.821 ซึ่งมีค่า log likelihood ใกล้เคียงกับโมเดล [40F] ที่มีค่าเท่ากับ 100.591 เมื่อพิจารณาเปรียบเทียบโดยการตัดอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ออกจากโมเดล [40F] ซึ่งจะกลายเป็นโมเดล [3F] นั้น ค่าอัตราพันธุกรรมของตัวสัตว์จะมีค่าแตกต่างกันเพียง 0.001 ค่าความแปรปรวนของตัวสัตว์และ

ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนจะแตกต่างกันเพียง 0.00083 และ 0.00322 ตามลำดับ อาจจะ สามารถบ่งบอกได้ว่าอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่จะไม่มีผลสำคัญต่อลักษณะปริมาณไขมันนม ซึ่ง สอดคล้องกับงานวิจัยของ Southwood และคณะ (1989) Albuquerque และคณะ (1998) ในทำนอง เดียวกัน เมื่อพิจารณาเปรียบเทียบโดยการตัดอิทธิพลของไซโตพลาสซึมออกจากโมเดล [40F] ซึ่งจะ กลายเป็นโมเดล [20] ค่าความแปรปรวนเนื่องจากตัวสัตว์จะมีค่าแตกต่างกันน้อยมากเพียงแค่ 0.00041 แต่จะแตกต่างกันมากตรงค่าความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่จะมีค่า เพิ่มขึ้น 0.021 ทำให้ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่เพิ่มขึ้นด้วย เท่ากับ 0.086 ค่าที่เพิ่มขึ้นนี้จะสูงกว่าค่าที่ได้ จากการศึกษามากของ Albuquerque และคณะ (1998) ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.001 นั่นอาจจะแสดงให้เห็นถึงความ สำคัญของอิทธิพลของไซโตพลาสซึมต่อการประเมินทางพันธุกรรมในลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม

ในลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม เมื่อพิจารณาจากค่า log likelihood ของโมเดล [1] , [20] , [3F] และ [40F] จะเห็นได้ว่าในโมเดล [40F] จะมีค่า log likelihood ที่มีค่าติดลบน้อยที่สุด ซึ่งมีค่าเท่ากับ -288.329 เมื่อพิจารณาเปรียบเทียบโดยการตัดอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ออกจาก โมเดล [40F] ซึ่งจะกลายเป็นโมเดล [3F] จะเห็นได้ว่าค่าความแปรปรวนของตัวสัตว์มีค่าแตกต่างกัน น้อยมาก เท่ากับ 0.00011 ส่วนค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้มีค่าไม่แตกต่างกันอาจจะบ่งบอกได้ว่า อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ไม่มีความสำคัญต่อลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม ในทำนอง เดียวกัน เมื่อพิจารณาเปรียบเทียบโดยการตัดอิทธิพลของไซโตพลาสซึมออกจากโมเดล [40F] ซึ่งจะ กลายเป็นโมเดล [20] ค่าประมาณของความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ มีค่าแตกต่างกันน้อยมากเท่ากับ 0.00009 ส่งผลให้ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ไม่แตกต่างกันทำให้ สามารถที่จะบ่งบอกได้ว่า อิทธิพลของไซโตพลาสซึมจะไม่มีผลสำคัญต่อลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีน ในน้ำนม ส่วนค่าประมาณของความแปรปรวนของตัวสัตว์ที่มีค่าลดลงอาจจะเป็นสาเหตุมาจากการเกิด คอนฟาวนด์ (confound) ระหว่างอิทธิพลของไซโตพลาสซึมและอิทธิพลทางพันธุกรรมของตัวสัตว์ได้ (Albuquerque *et al.*, 1998)

ค่าการผสมพันธุ์

ในลักษณะปริมาณน้ำนม ค่าการผสมพันธุ์โดยเฉลี่ยจะมีค่าติดลบในทุกโมเดล (ตารางภาคผนวกที่ 1) ทั้งนี้อาจจะเนื่องมาจากที่ผ่านมามีความผิดพลาดจากการคัดเลือกหรือคัดทิ้งโคนมที่มีพันธุกรรมที่ดีซึ่งไม่สามารถปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อมภายในฟาร์มได้จึงถูกคัดทิ้งไป ทำให้โคนมพันธุ์ดีมีเหลืออยู่เพียงบางส่วนภายในฟาร์ม การคัดเลือกหรือคัดทิ้งโดยดูจากลักษณะของการแสดงออกเพียงอย่างเดียว จะเป็นอีกสาเหตุหนึ่งที่ทำให้เกิดความผิดพลาดได้เมื่อทำการคัดเลือกหรือคัดทิ้งโคนมเนื่องจากมีความแปรปรวนทางด้านสภาพแวดล้อมเข้ามามีอิทธิพลอยู่ตลอดเวลา นอกจากนั้น การหวังผลจากการเกิดเฮเทอโรซีตเพื่อให้ลักษณะการแสดงออกที่ต้องการถ่ายทอดพันธุกรรมไปสู่ลูกนั้นจะเกิดขึ้นได้ยากเพราะผลของการเกิดเฮเทอโรซีตจะไม่สามารถถ่ายทอดไปได้ (จันทร์จรัส เรียวเดชะ, 2534 ; สมชัย จันทร์สว่าง, 2534) ดังนั้น การถ่ายทอดของยีนที่ควบคุมลักษณะของการแสดงออกที่ต้องการ แทนที่จะถ่ายทอดไปยังรุ่นลูกได้ทั้งหมด แต่กลับกัน การถ่ายทอดของยีนดังกล่าวจะเกิดการกระจายตัวภายในประชากร จึงทำให้ค่าเฉลี่ยของการผสมพันธุ์ที่ได้จึงมีค่าน้อยและมีค่าต่ำกว่าศูนย์

ส่วนลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันและเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม (ตารางภาคผนวกที่ 3 และ 5) จะมีค่าโดยเฉลี่ยเป็นบวก สังเกตได้ว่าเมื่อกำหนดให้อิทธิพลของไซโตพลาสซึมเป็นปัจจัยคงที่ จะมีค่าการผสมพันธุ์มากกว่าการกำหนดให้เป็นปัจจัยสุ่มในทุกลักษณะที่ทำการศึกษา ส่วนผลของค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมทั้งสามลักษณะ (ตารางภาคผนวกที่ 2 , 4 และ 6) จะบ่งบอกได้ว่า อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ที่กำหนดค่าเริ่มต้นของความแปรปรวนร่วมมีค่าเท่ากับหรือไม่เท่ากับศูนย์นั้นสามารถที่จะใช้ทดแทนกันได้ ซึ่งผลที่ได้สอดคล้องกับผลจากการเปรียบเทียบโมเดลในองค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าการผสมพันธุ์ในข้างต้น นอกจากนั้น การกำหนดอิทธิพลของไซโตพลาสซึมให้เป็นปัจจัยคงที่จะไม่สามารถนำมาใช้ทดแทนกับโมเดลที่กำหนดให้อิทธิพลดังกล่าวเป็นปัจจัยสุ่ม โมเดลที่กำหนดอิทธิพลของไซโตพลาสซึมให้เป็นปัจจัยคงที่จะมีความสัมพันธ์กันสูงเช่นเดียวกับโมเดลที่กำหนดอิทธิพลดังกล่าวให้เป็นปัจจัยสุ่ม อย่างไรก็ตาม การกำหนดอิทธิพลดังกล่าวด้วยปัจจัยคงที่และปัจจัยสุ่มก่อนข้างที่จะมีความสัมพันธ์กันสูงภายในโมเดลที่อยู่ในกลุ่มเดียวกัน ส่วนค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ (ตารางภาคผนวกที่ 9) ผลที่ได้จะสอดคล้องกับผลที่ได้ในค่าการผสมพันธุ์ของแม่พันธุ์

ในการเปรียบเทียบลำดับของค่าการผสมพันธุ์ในแม่โคนม (ตารางภาคผนวกที่ 10 , 11 และ 12) ก่อนข้างที่จะมีการสลับสับเปลี่ยนตำแหน่งกันค่อนข้างมากเมื่อโมเดลที่ใช้เปลี่ยนไป จะสังเกตได้ว่า ลักษณะของการจัดเรียงลำดับค่าการผสมพันธุ์ในแม่พันธุ์ภายในแต่ละโมเดล จะมีลักษณะรูปแบบที่ คล้ายคลึงกับผลของการประมาณค่าสหสัมพันธ์ของค่าการผสมพันธุ์ที่ได้กล่าวไปแล้ว กล่าวคือ ในโมเดลภายในกลุ่มเดียวกัน สัตว์ตัวเดียวกันที่จะปรากฏอยู่ในทั้งสองโมเดลที่เปรียบเทียบกันจะมี จำนวนมากกว่าโมเดลที่อยู่ต่างกลุ่มอย่างเห็นได้ชัดเจน และ โมเดลที่กำหนดอิทธิพลของไซโตพลาสซึม เหมือนกัน คือ เป็นปัจจัยคงที่ หรือ ปัจจัยสุ่มจะมีจำนวนสัตว์ตัวเดียวกันอยู่ทั้งสองโมเดลค่อนข้างมาก และมากกว่าในโมเดลที่กำหนดอิทธิพลดังกล่าวแตกต่างกัน เช่น ในโมเดล [3R] หรือ [4R] จะมี หมายเลขประจำตัวสัตว์ที่ถูกจัดเรียงใน 25 ลำดับแรกสุด ที่อยู่ภายในทั้งสองโมเดลเป็นจำนวนมากและ มากกว่าเมื่อเปรียบเทียบโมเดลทั้งสองโมเดลกับโมเดล [3F] หรือ [4F]

ส่วนการจัดลำดับของพ่อพันธุ์ ได้รับผลกระทบน้อยกว่าในแม่พันธุ์โคนมเป็นอย่างมาก ทั้งนี้ อาจจะเป็นเนื่องจากอิทธิพลของไซโตพลาสซึมไม่ได้ถูกถ่ายทอดผ่านสายสัมพันธ์ทางพ่อ จึงส่งผลกระทบ น้อยต่อการจัดเรียงลำดับของพ่อพันธุ์ ซึ่งสอดคล้องกับงานวิจัยของ Boettcher และคณะ (1996b) ที่ รายงานว่าอิทธิพลของไซโตพลาสซึมในโมเดลถูกคาดว่ามีผลกระทบต่อค่าการผสมพันธุ์ที่ทำนายได้ (predicted breeding value; PBV) จากพ่อพันธุ์น้อยกว่าจากแม่พันธุ์ เมื่อเปรียบเทียบกับค่าการผสมพันธุ์ ที่แท้จริง (true breeding value ; TBV)

ในการศึกษาค่าเฉลี่ยของค่าการผสมพันธุ์ที่จำแนกตามพันธุ์และกลุ่มพันธุ์ในแต่ละโมเดลที่ทำการศึกษา (ตารางภาคผนวกที่ 16) นั้น จะเห็นได้ว่า พันธุ์โคนมที่มีค่าเฉลี่ยของค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด ในลักษณะปริมาณน้ำนม คือ โคนมพันธุ์โฮลสไตน์พันธุ์แท้ จะสามารถถ่ายทอดพันธุกรรมไปให้ลูกได้ ดีที่สุด

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

สรุปผลการวิจัย

ผลการวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้น

โคนมที่ใช้ศึกษาครั้งนี้ จะอยู่ในระยะการให้นมครั้งแรกจำนวน 596 ตัว ประกอบไปด้วยกลุ่มพันธุ์ของโคนมจำนวน 18 กลุ่มพันธุ์ที่มาจาก 3 พันธุ์ได้แก่ พันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเชียน พันธุ์บราวน์สวิส และ พันธุ์เจอร์ซี โดยโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเชียนมีค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนมมากที่สุดแต่จะมีค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนน้อยที่สุด ซึ่งค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนมที่ได้จะมีค่าสูงกว่ารายงานวิจัยส่วนใหญ่ภายในประเทศ ส่วนโคนมพันธุ์เจอร์ซีมีค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำมนน้อยที่สุดแต่มีค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนมากที่สุด

ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะการให้ผลผลิต

อิทธิพลของปี-ฤดูกาล พันธุ์และกลุ่มพันธุ์ จำนวนวันให้นม จะมีผลต่อปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนมและเปอร์เซ็นต์โปรตีน ส่วนจำนวนวันตั้งแต่คลอดจนถึงวันเก็บนมน้ำนมครั้งแรกจะมีอิทธิพลต่อบางลักษณะในบางโมเดล และ อิทธิพลของอายุแม่โคที่ให้ลูกตัวแรกโดยส่วนใหญ่จะไม่มีผลต่อลักษณะที่ศึกษา นอกจากนั้นเมื่อทดสอบอิทธิพลของฤดูกาลเป็นอิทธิพลหลักปรากฏว่าไม่มีอิทธิพลต่อลักษณะใดๆในการศึกษาครั้งนี้

องค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าอัตราพันธุกรรม

องค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าอัตราพันธุกรรม โดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์จะมีค่าสูงขึ้นเมื่อไม่ได้รวมอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไซโตพลาสซึมไว้ในโมเดล

องค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ จะมีค่ามากขึ้นเมื่อกำหนดให้ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพล โดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์และอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ มีค่าไม่เท่ากับ 0 ผลของค่าประมาณที่ได้ค่าสูงขึ้นอาจจะเป็นผลเนื่องมาจากการเกิดความมีอคติที่เกิดจากการประมาณค่าทางพันธุกรรม

องค์ประกอบของความแปรปรวนและค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึม จะมีค่ามากกว่าในหลายๆรายงานวิจัยในต่างประเทศ เมื่อกำหนดให้ปัจจัยดังกล่าวเป็นปัจจัยสุ่ม ซึ่งอาจจะเป็นผลเนื่องมาจากการเกิดความมีอคติในการประมาณค่าทางพันธุกรรมเช่นเดียวกัน

การเปรียบเทียบระหว่างโมเดล

อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่จะมีค่าประมาณที่ได้ไม่แตกต่างกัน เมื่อกำหนดให้ค่าความแปรปรวนร่วมระหว่างอิทธิพลทางพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์และอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่มีค่าเท่ากับ 0 หรือไม่เท่ากับ 0 นั้นหมายถึงค่าความแปรปรวนร่วมดังกล่าวมีค่าไม่แตกต่างจาก 0

อิทธิพลของไซโตพลาสซึม เนื่องจากข้อมูลที่ใช้ศึกษาในครั้งนี้ เป็นข้อมูลที่เก็บบันทึกจริงภายในฟาร์ม ไม่ได้มาจากฝูงทดลองจึงทำให้การกระจายขนาดของกลุ่มสายสัมพันธ์ของแม่ไม่ได้มีการกระจายเป็นแบบปกติ นอกจากนี้ การถ่ายทอดของไมโทคอนเดรียไม่มีการเกิดการกลายพันธุ์ และการเกิด ครอสมิ่ง โอเวอร์ แต่อย่างใด ดังนั้น การกำหนดอิทธิพลดังกล่าวให้เป็นปัจจัยคงที่จะมีความเหมาะสมต่อการประมาณค่าทางพันธุกรรมได้ดีกว่าการกำหนดอิทธิพลดังกล่าวให้เป็นปัจจัยสุ่ม

อิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่จะมีความสำคัญต่อการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมในปริมาณน้ำนมเท่านั้น แต่ไม่มีผลต่อการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของเปอร์เซ็นต์ไขมันและเปอร์เซ็นต์โปรตีน ส่วนอิทธิพลของไซโตพลาสซึมจะมีความสำคัญต่อปริมาณน้ำนมและเปอร์เซ็นต์ไขมันนม ส่วนเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนมจะไม่มีผลต่อการประมาณค่าอัตราพันธุกรรม อย่างไรก็ตาม ในการประมาณค่าอัตราพันธุกรรม ถ้าไม่ได้คำนึงถึงอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่หรืออิทธิพลของไซโตพลาสซึมในโมเดลจะทำให้ค่าประมาณที่ได้มีค่าสูงขึ้น

ข้อเสนอแนะ

ข้อสรุปในการศึกษาครั้งนี้เป็นบทสรุปที่ได้มาจากการศึกษาในประชากรโคนมของฟาร์มแห่งหนึ่งภายในประเทศ ผลของการศึกษาบ่งบอกถึงความสำคัญของอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่และอิทธิพลของไซโตพลาสซึมในบางลักษณะของการให้ผลผลิตในโคนม แต่อย่างไรก็ตาม การศึกษาในครั้งนี้ยังไม่สามารถสรุปประเด็นดังกล่าวครอบคลุมไปยังระดับประเทศได้ ความสำคัญของอิทธิพลทั้งสองต่อการประเมินค่าทางพันธุกรรมใดๆ ในประเทศไทยซึ่งมีความหลากหลายของกลุ่มพันธุ์มากมายยังเป็นที่น่าสนใจและน่าศึกษาในระดับประเทศต่อไป ถึงแม้ว่าการประเมินค่าทางพันธุกรรมส่วนใหญ่ในต่างประเทศจะมีแนวโน้มสรุปไปในแนวทางที่ว่าอิทธิพลดังกล่าวจะไม่มีผลสำคัญก็ตาม หากว่าอิทธิพลดังกล่าวมีอยู่จริงแต่ถูกละเลยเมื่อประเมินทางพันธุกรรม จะทำให้การประเมินเกิดอคติและอาจจะส่งผลกระทบต่อการศึกษาและการปรับปรุงพันธุ์ได้ในอนาคต

ในการศึกษาครั้งนี้ กลุ่มของไซโตพลาสซึมที่ถ่ายทอดไมโทคอนเดรียผ่านมาทางสายแม่มีข้อจำกัดที่สำคัญ คือจำนวนของตัวรุ่นที่ได้ในแต่ละกลุ่มมีจำนวนน้อยเกินไป Schmitzenlehner และ Essl (1999) แนะนำว่า จำนวนตัวรุ่นของบรรพบุรุษทางสายแม่ที่สามารถตามย้อนพันธุ์ประวัติไปจนถึงบรรพบุรุษเริ่มต้นควรที่จะมีจำนวนไม่น้อยกว่า 4 ตัวรุ่นขึ้นไป และมีจำนวนมากที่สุดไม่เกิน 16 ตัวรุ่น ซึ่งต้องตรวจสอบแนวคิดและทฤษฎีในระดับของประชากรขนาดใหญ่ต่อไป ถ้าเป็นไปได้

การศึกษาวิจัยด้านพันธุศาสตร์โมเลกุลที่จะนำมาประยุกต์ใช้กับการประเมินค่าทางพันธุกรรม การคัดเลือก และผลตอบสนองทางพันธุกรรม เป็นสิ่งที่น่าศึกษาต่อไปในอนาคต โดยทำการศึกษาทางพันธุศาสตร์โมเลกุลของยีนบ่งชี้ (marker gene) ในไมโทคอนเดรียว่าในระดับประชากรที่มียีนดังกล่าวอยู่จะส่งผลกระทบต่อค่าทางพันธุกรรม การคัดเลือก และความก้าวหน้าทางพันธุกรรมในการปรับปรุงพันธุ์อย่างไรต่อไปภายในประเทศ

นอกจากนั้น หากความสำคัญของการถ่ายทอดอิทธิพลดังกล่าวมีอยู่จริงในโคนม การศึกษาความแตกต่างของการรวมอิทธิพลดังกล่าวเพื่อที่จะให้ได้คำตอบที่แน่ชัดและสมบูรณ์แบบที่แท้จริงควรที่จะมีการออกแบบการทดลอง (experimental design) โดยการย้ายฝากยีน (nuclear transfer) หรือใช้เทคนิคของการโคลนนิ่ง (cloning) ภายในนิวเคลียสให้มีความเหมือนกันทุกประการ (identical) โดยมี ดีเอ็นเอของไซโตพลาสซึมที่แตกต่างกันออกไปและใช้เทคนิคของการย้ายฝากตัวอ่อน ทำให้ทราบได้แน่ชัดถึงความสำคัญของอิทธิพลดังกล่าวต่อลักษณะที่สำคัญทางด้านผลผลิตในโคนม (Huizinga *et al.*, 1986 ; Kirkpatrick and Dentine, 1988 ; Schutz *et al.*, 1992a)

รายการอ้างอิง

ภาษาไทย

- กรรมิกา เร่งศิริกุล สมเกียรติ ประสานพานิช และ ศิริรัตน์ บัวผัน. 2542. ประสิทธิภาพการให้ผลผลิตของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียนภายใต้สภาพการเลี้ยงของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กำแพงแสน. การประชุมวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 37. 3-5 กุมภาพันธ์ 2542 มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ , หน้า 183 – 197.
- กฤษณะ ทองทิพย์ อุดมศรี อินทรโชติ และสุพจน์ ศรีนิเวศน์. 2528. ความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยบางประการที่มีผลต่อปริมาณน้ำนมในช่วงการให้นมครั้งแรก. ประมวลเรื่องการประชุมทางวิชาการปศุสัตว์ ครั้งที่ 4. 3-5 กรกฎาคม 2528 กองบำรุงพันธุ์สัตว์ กรมปศุสัตว์ กรุงเทพฯ , หน้า 101 – 112.
- กัลยา เก่งวิทย์กรรม พรรณพิไล เสกสิทธิ์ จุริรัตน์ แสนโกชน์ และ ไพโรจน์ ชำรงโอภาส. 2537. ผลผลิตน้ำนมของโคนมสายพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเซียนระดับต่างๆที่จังหวัดเพชรบุรีและจังหวัดประจวบคีรีขันธ์. ประมวลเรื่องการประชุมวิชาการสัตวแพทยสมาคม ครั้งที่ 21. 28-30 พฤศจิกายน 2537 หน้า 7 – 17.
- จรรย์ จันทลักขณา. 2516. หลักการปรับปรุงพันธุ์ปศุสัตว์. พิมพ์ครั้งที่ 1 ภาควิชาสัตวบาล มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ : โรงพิมพ์สำนักทำเนียบนายกฯ , 216 หน้า.
- จันทร์ภา กอนันทา อุดมศรี อินทรโชติ และ กัลยา บุญญานูวัตร. 2540. ดัชนีการคัดเลือกในโคนมเอฟเอส (เอฟเพนดิกซ์ 3) การประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 35. สาขาสัตวและสัตวแพทยศาสตร์ 3-5 กุมภาพันธ์ 2540 หน้า 539 – 544.
- จันทร์จรัส เรียวเดชะ. 2534. เรื่องความรู้เกี่ยวกับการปรับปรุงพันธุ์สัตว์. ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย , 167 หน้า.
- จันทร์จรัส เรียวเดชะ. 2542. พันธุ์และการปรับปรุงพันธุ์ (บทที่ 1). จันทร์จรัส เรียวเดชะ และ เปล่งศรี อินคินันท์ (บรรณาธิการ) สถานภาพงานวิจัยโคนมในประเทศไทย (2526-2542) การประชุมวิชาการเรื่องวิจัยและพัฒนาเพื่ออนาคตโคนมไทยและการประชุมทางวิชาการโคนมและผลิตภัณฑ์ ครั้งที่ 3 4-5 พฤศจิกายน 2542 โรงแรมเอเชีย ราชเทวี กรุงเทพฯ : โรงพิมพ์ธีรณสาร, หน้า 5 – 26.
- จุริรัตน์ แสนโกชน์ พรรณพิไล เสกสิทธิ์ ประเสริฐ สงสะเสน สุรพงศ์ โชติกเสถียร สัมพันธ์สิงห์จันทร์ และวิโรจน์ ทองเหลือ. 2529. โครงการทดสอบพ่อโคนมที่ใช้ในการผสมเทียม 4. อัตราพันธุกรรมของพ่อพันธุ์และคุณค่าการผสมพันธุ์. ประมวลเรื่องการประชุมทางวิชาการปศุสัตว์ ครั้งที่ 5. 6-8 พฤษภาคม 2529 หน้า 32 – 44.

- ชวนิศนดากร วรวรรณ. 2534. การเลี้ยงโคนม. พิมพ์ครั้งที่ 4 ภาควิชาสัตวบาล มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ : บริษัทโรงพิมพ์ไทยวัฒนาพานิช จำกัด , 365 หน้า.
- เทียมพบ ก้านเหลือง. 2541. การประเมินค่าการผสมพันธุ์พ่อพันธุ์โคนมภายใต้สภาพแวดล้อมประเทศไทย. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพฯ , 134 หน้า.
- ธวัชชัย อินทรตุล จันทรา กอนันทา และ กัลยา บุญญานุวัตร. 2540. ดัชนีการคัดเลือกในโคนมการประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 35. สาขาสัตว และสัตวแพทยศาสตร์ 3-5 กุมภาพันธ์ 2540 หน้า 533 – 538.
- ประทุม อินทรโชติ จินตนา วงศ์นากนกร กัลยา บุญญานุวัตร และเฉลิมพล บุญเจือ. 2539. การให้ผลผลิตน้ำนมและความสมบูรณ์พันธุ์ในโค เอ.เอฟ.เอส. (แอฟเพนดิกซ์ 3). การประชุมวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 34. 30 มกราคม – 1 กุมภาพันธ์ 2539 มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ , หน้า 395 – 399.
- ประดิษฐ์ พงศ์ทองคำ. 2541. ลักษณะพันธุกรรมที่ควบคุมด้วยยีนนอกนิวเคลียส (บทที่ 14) การถ่ายทอดพันธุกรรมลักษณะปริมาณ (บทที่ 15) พันธุศาสตร์. พิมพ์ครั้งที่ 1 มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ : สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ , หน้า 295 - 323
- ปรีชา อัสวเดชาบุตร และ เสาวรส ใหญ่สว่าง. 2531. คู่มือการใช้โปรแกรม dBASE III PLUS FoxBASE+ และเทคนิคการเขียนโปรแกรม. ภาควิชาสถิติ คณะพาณิชยศาสตร์และการบัญชี จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย โรงพิมพ์จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, 485 หน้า.
- พัชรินทร์ จินกล้า สมเพชร ดุ้ยคำภีร์ วิสุทธิ์ หิมารัตน์ และ อังคณา ผ่องแผ้ว. 2534. ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อการให้นมครั้งแรกของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเชียน. รายงานผลงานวิจัยโคนม ประจำปี 2534 สถาบันพัฒนาฝึกอบรมและวิจัยโคนมแห่งชาติ จ. เชียงใหม่. หน้า 1-12.
- พัชรินทร์ สนธิไพโรจน์ สหัทธยา ทรัพย์รอด และ ประภาส มหินชัย. 2542. สมรรถนะความสมบูรณ์พันธุ์และการให้ผลผลิตของโคพันธุ์โฮลสไตน์ที่นำเข้าจากประเทศแคนาดา. การประชุมวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 37. สาขาสัตวและสัตวแพทยศาสตร์ 3-5 กุมภาพันธ์ 2542 มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ , หน้า 237 – 248.
- พินิจ ลำควนหอม และ สุขสันต์ จันทรพลาบูรณ์. 2540. ผลการเลี้ยงโคนมพันธุ์ผสมที่นำเข้าจากต่างประเทศภายใต้แผนปรับโครงสร้างและระบบการผลิตการเกษตรปี 2538 ของเกษตรกร อำเภอไชยปราการ จังหวัดเชียงใหม่. รวมผลงานวิจัย 2539 – 2540 ศูนย์วิจัยและบำรุงพันธุ์สัตว์เชียงใหม่ สำนักงานปศุสัตว์เขต 5. หน้า 141 – 155.

- ยันต์ สุขวงศ์ ประสิทธิ์ ศรีอุทารวงศ์ และ นิวัฒน์ ถาวระ. 2531. สมรรถภาพการสืบพันธุ์ของแม่โคพันธุ์ผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียนในจังหวัดสระบุรี. ประมวลเรื่องการประชุมวิชาการปศุสัตว์ ครั้งที่ 7. 2-4 พฤษภาคม 2531 หน้า 176-182.
- วิโรจน์ กู้ต้อง. 2530. ดัชนีพันธุกรรมและความสัมพันธ์ทางสภาพแวดล้อมร่วมระหว่างลูกวัวพ่อแม่ของลักษณะการให้นมในโคนม. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท ภาควิชาสัตวบาล มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพมหานคร.
- วิสุทธิ ใบไม้. 2536. สมบัติและพฤติกรรมของยีนนอกเหนือไปจากภูของเมนเดล (บทที่ 3) พันธุศาสตร์. พิมพ์ครั้งที่ 3 ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล กรุงเทพฯ : เอ็นพีซีพลาซพรินติ้ง, หน้า 61-90.
- วิสุทธิ หิมารัตน์ จินตนา วงศ์นากนกร จันทรา กอนันทา และ ชวิชัย อินทรตุล. 2540. รายงานผลการดำเนินงานกิจกรรมการจัดระบบการเก็บข้อมูลผลผลิตน้ำนม ปี 2537 - 2539. กองบำรุงพันธุ์สัตว์ กรมปศุสัตว์ กระทรวงเกษตรและสหกรณ์ 84 หน้า.
- สมเกียรติ ประสานพานิช ชลลดา รัตนวิเชียร และ พีระ ไชยรัตต์. 2542. ผลผลิตและการสืบพันธุ์ของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียนระดับสายเลือดต่างๆภายใต้การเลี้ยงดูขององค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อ.ส.ค.). การประชุมวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 37. 3-5 กุมภาพันธ์ 2542 มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ, หน้า 174-182.
- สมชาย จันทรผ่องแสง. 2541. การเลี้ยงโคนม. พิมพ์ครั้งที่ 1 ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพฯ : สำนักพิมพ์แห่งจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, 311 หน้า.
- สมชัย จันทรสว่าง. 2530. การปรับปรุงพันธุ์สัตว์. ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ 505 หน้า.
- สุพจน์ อานันทนะสูงศักดิ์. 2540. การเปรียบเทียบคุณค่าการผสมพันธุ์โคนมในโครงการส่งเสริมการเลี้ยงโคนม. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพฯ.
- อุดมศรี อินทรโชติ จินตนา วงศ์นากนกร และประชุม อินทรโชติ. 2540. สมรรถภาพการสืบพันธุ์และการให้ผลผลิตของโคพันธุ์ เอ.เอฟ.เอส. (เอฟเพนดิกซ์ 3) ของศูนย์วิจัยและบำรุงพันธุ์สัตว์ทับกวาง. การประชุมวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 35. 3-5 กุมภาพันธ์ 2540 มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ, หน้า 486-497.
- อังคณา เมฆวิไลย์. 2541. กราฟแสดงการให้นมของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียนในประเทศไทย. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพฯ, 78 หน้า.

ภาษาอังกฤษ

- Ahlborn-Breier, G. Hohenboken, W. and Wickham, B.W. 1988. Cytoplasmic, additive genetic and non-additive genetic effects on milk production in New Zealand Friesians , Jerseys and their crosses. Journal of Dairy Science 71 : 143. (Abstr.)
- Aina, A.O. Ikeobi, C.O.N. and Ozoje, M.O. 1998. Maternal effects on litter characteristics of rabbits in a tropical environment. Proc. 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production , Armidale. 23 : 129 – 132.
- Albuquerque, L.G. Keown, J.F. and Van Vleck, L.D. 1998. Variances of direct genetic effects , maternal genetic effects, and cytoplasmic inheritance effects for milk yield, fat yield and fat percentage. Journal of Dairy Science 81 : 544 – 549.
- Analla, M. Munoz-Serrano, A. and Serradilla, J.M. 1999. Comparison of the simple breeding value model and the maternal effects model for genetic evaluation of Segurena lambs. Animal Science 68 : 427 – 432.
- Balcerzak, K.M. Freeman, A.E. and Willham, R.L. 1989. Selection for the direct and maternal genetic effects for dystocia in Holsteins. Journal of Dairy Science 72 : 1273 – 1279.
- Becker, W.A. 1984. In : Manual of Quantitative Genetics. Fourth Edition. Pullman, Washington : Academic Enterprises. 188 pp.
- Bell, B.R. 1983. Effects of cytoplasmic inheritance on production traits in dairy cattle. Dissertation Abstracts International, B (Sciences and Engineering) 44 : 1285. (Abstr.)
- Bell, B.R. McDaniel, B.T. and Robison, O.W. 1985. Effects of cytoplasmic inheritance on production traits of dairy cattle. Journal of Dairy Science 68 : 2038 – 2051.
- Boettcher, P.J. Freeman, A.E. Johnston, S.D. Smith, R.K. Beitz, D.C. and McDaniel, B.T. 1996a. Relationships between polymorphism for mitochondrial deoxyribonucleic acid and yield traits of Holstein cows. Journal of Dairy Science 79 : 647 – 654.
- Boettcher, P.J. Steverink, D.W.B. Beitz, D.C. Freeman, A.E. and McDaniel, B.T. 1996b. Multiple herd evaluation of the effects of maternal lineage on yield traits of Holstein cattle. Journal of Dairy Science 79 : 655 – 662.
- Boettcher, P.J. Kuhn, M.T. and Freeman, A.E. 1996c. Impacts of cytoplasmic inheritance on genetic evaluations. Journal of Dairy Science 79 : 663 – 675.
- Boettcher, P.J. and Gibson, J.P. 1996. Cytoplasmic effects on production traits of Canadian Holsteins. Journal of Dairy Science 78 (Suppl.1) : 146. (Abstr.)

- Boettcher, P.J. and Gibson, J.P. 1997. Estimation of variance of maternal lineage effects among Canadian Holsteins. Journal of Dairy Science 80 : 2167 – 2176.
- Bradford, G.E. 1972. The role of maternal effects in animal breeding : VII. Maternal effects in sheep. Journal of Animal Science 35 : 1324 – 1334.
- Brown, D.R. Koehler, C.M. Lindberg, G.L. Freeman, A.E. Mayfield, J.E. Myers, A.M. Schutz, M.M. and Beitz, D.C. 1989. Molecular analysis of cytoplasmic genetic variation in Holstein cows. Journal of Animal Science 67 : 1926 – 1932.
- Campos, M.S. Salgado, D. Tewolde, A. and Wilcox, C.J. 1991. Direct-maternal genetic and heterotic effects on lactation curve parameters and milk yield in Dairy criollo , Jersey and their crosses under tropical conditions. Journal of Dairy Science 74 (Suppl.1) : 230. (Abstr.)
- Choi, S.B. Lee, J.W. Kim, N.S. Na, S.H. Keown, J.F. and Van Vleck, L.D. 2000. Estimation of genetic parameters for direct , maternal and grandmaternal genetic effects for birth , weaning and six month weights of Hanwoo (Korean cattle). Asian Australasian Journal of Animal Science 13 (2) : 155 – 160.
- Cue, R.I. and Hayes, J.F. 1985. Correlations of various direct and maternal effects for calving ease. Journal of Dairy Science 68 : 374 – 381.
- Cundiff, L.V. 1972. The role of maternal effects in animal breeding : VIII. Comparative aspects of maternal effects. Journal of Animal Science 35 : 1335 – 1337.
- Everett, R. W. and Carter, H.W. 1968. Accuracy of test interval method of calculating dairy herd improvement association records. Journal of Dairy Science 51 : 1936-1941.
- Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. 1996. In : Introduction to Quantitative Genetics. 4th ed. England. Longman House , Jarlow. 464 pp.
- Faust, M.A. Robison, O.W. and McDaneil, B.T. 1989. The effects of cytoplasm on reproduction and production in Holsteins. Journal of Dairy Science 72(Suppl.1) : 52. (Abstr.)
- Faust, M.A. Robison, O.W. and McDaneil, B.T. 1990. Animal model estimates of cytoplasmic line constants for yield in Holsteins. Journal of Animal Breeding and Genetics 107 : 401-410. (Abstr.)
- Ferraz, J.B.S. and Eler, J.P. 2000. Choice of animal models for estimation of genetic parameters of reproductive, growth and slaughter traits of Californian and New Zealand rabbits raised under tropical conditions. Livestock Research for Rural Development Available from : <http://www.cipav.org.co/lrrd/lrrd12/2/ferr122b.htm>. 12 : (2)

- Ferreira, G.B. MacNeil, M.D. and Van Vleck, L.D. 1999. Variance components and breeding values for growth traits from different statistical models. Journal of Animal Science 77 : 2641– 2650.
- Freeman, A.E. 1990. Cow families and mitochondria. British Cattle Breeders' Club Digest 45 : 33 – 36. (Abstr.)
- Gibson, J.P. Freeman, A.E. and Boettcher, P.J. 1997. Cytoplasmic and mitochondrial inheritance of economic traits in cattle. Livestock Production Science 47 : 115 – 124.
- Gyllensten, U. Wharton, D. Josefsson, A. and Wilson, A.C. 1991. Paternal inheritance of mitochondrial DNA in mice. Nature 352 : 255 – 257.
- Henderson, C.R. 1984. In : Applications of Linear Models in Animal Breeding. University of Guelph, Ontario, Canada. : Guelph press. 462 pp.
- Hohenboken, W.D. 1985. Maternal effects. In: General and Quantitative genetics. (World animal science ; A4) A.B. Chapman (ed). Amsterdam, Netherlands : Elsevier. 135 – 149.
- Huizinga, H.A. Korver, S. McDaneil, B.T. and Politiek, R.D. 1986. Maternal effects due to cytoplasmic inheritance in dairy cattle. Influence on milk production and reproduction traits. Livestock Production Science 15 : 11 – 26.
- Hutchison, C.A. Newbold, J.E. Potter, S.S. and Edgell, M.H. 1974. Maternal inheritance of mammalian mitochondrial DNA. Nature 251 : 536 – 538.
- Karihaloo, A.K. and Combs, W. 1971. Some maternal effects on growth in lambs produced by reciprocal crossbreeding between Lincoln and Southdown sheep. Canadian Journal of Animal Science 51 : 511 – 522.
- Kebede, B. Blake, R.W. and Pollack, E.J. 1990. Genetic effects on growth, age at first calving and milk yield of crossbred cows in Ethiopia. Journal of Dairy Science 73 (Suppl.1) : 232 . (Abstr.)
- Keele, J.W. Long, T.E. and Johnson, R.K. 1991. Comparison of methods of estimating variance components in pigs. Journal of Animal Science 69 : 1428 – 1434.
- Kennedy, B.W. 1986. A further look at evidence for cytoplasmic inheritance of production traits in dairy cattle. Journal of Dairy Science 69 : 3100 – 3105.
- Kennedy, B.W. 1989. In : Animal-Model BLUP. Erasmus Intensive Graduate Course. Trinity College, Dublin. 20th – 26th August 1989. 141 pp.

- Kennedy, B.W. and Schaeffer, L.R. 1990. Reproductive technology and genetic evaluation. Advances in Statistical Methods for Genetic Improvement of Livestock 507 – 532. (Abstr.)
- Kirkpatrick, B.W. and Dentine M.R. 1988. An alternative model for additive and cytoplasmic genetic and maternal effects on lactation. Journal of Dairy Science 71 : 2502 – 2507.
- Koch, R.M. 1972. The role of maternal effects in animal breeding : VI. Maternal effects in beef cattle. Journal of Animal Science 35 : 1316 – 1323.
- Kuhn, M.T. Boettcher, P.J. Moeller, S.J. Wilson, D.E. and Freeman, A.E. 1994. A comparison of biases and sampling variances of restricted maximum likelihood estimators of variance components under sire and animal models. Journal of Animal Science 72 (Suppl.1) : Abstract No. 214.
- Laipis, P.J. Wilcox, C.J. and Hauswirth, W.W. 1980. Nucleotide sequence variation in bovine mitochondrial deoxyribonucleic acid from bovine liver. Journal of Dairy Science 65 : 1655 – 1662.
- Lee, A.J. McAllister, A.J. Winter, K.A. Roy, G.L. Vesely, J.A. Wauthy, J.M. Batra, T.R. and Atwal, A.S. 1988. Growth and feed efficiency of pureline and crossline dairy heifers. Journal of Dairy Science 71 : 1000 – 1010.
- Legates, J.E. 1972. The role of maternal effects in animal breeding : IV. Maternal effects in laboratory species. Journal of Animal Science 35 : 1294 – 1302.
- Lewis, R.M. and Beatson, P.R. 1999. Choosing maternal-effect models to estimate (co)variances for live and fleece weight in New Zealand Coopworth sheep. Livestock Production Science 58 : 137 – 150.
- Lin, C.Y. McAllister, A.J. Batra, T.R. Lee, A.J. Roy, G.L. Vesely, J.A. Wauthy, J.M. and Winter, K.A. 1984. Reproductive performance of crossline and pureline dairy heifers. Journal of Dairy Science 67 : 2420 – 2428.
- Lynch, M. and Walsh, B. 1998. Maternal effects (23). In : Genetics and Analysis of Quantitative Traits. Massachusetts, USA. : Sinauer Associates, Inc. Publishers. pp. 687 – 714.
- Manfredi, E. Ducrocq, V. and Foulley, J.L. 1991. Genetic analysis of dystocia in dairy cattle. Journal of Dairy Science 74 : 1715 – 1723.
- McAllister, A.J. Batra, T.R. Lee, A.J. Lin, C.Y. Roy, G.L. Vesely, J.A. Wauthy, J.M. and Winter, K.A. 1989. Additive and non-additive genetic effects on lactation yields of dairy cattle. Journal of Dairy Science 72(Suppl.1) : 59-60. (Abstr.)

- McAllister, A.J. Lee, A.J. Batra, T.R. Lin, C.Y. Roy, G.L. Vesely, J.A. Wauthy, J.M. and Winter, K.A. 1994. The influence of additive and nonadditive gene action on lifetime yields and profitability of dairy cattle. Journal of Dairy Science 77 : 2400 – 2414.
- Meyer, K. 1992. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. Livestock Production Science 31 : 179 – 204.
- Meyer, K. 1997. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environmental covariances. Livestock Production Science 52 : 187 - 199.
- Meyer, K. Graser, H.-U. and Na-Chiangmai, A. 2000. Estimates of genetic parameters for growth and skeletal measurements in Thai swamp buffalo. Animal Science 70 : 399 – 406.
- Miller, S.P. and Wilton, J.W. 1999. Genetic relationships among direct and maternal components of milk yield and maternal weaning gain in a multibreed beef herd. Journal of Animal Science 77 : 1155 – 1161.
- Misztal, I. 2000. RENUM.MSG RENUMMAT.MSG. Available from <ftp://nec.ads.uga.edu/pub/ignacy/renum>
- Misztal, I. 2001. REMLF90. Available from <ftp://nec.ads.uga.edu/pub/ignacy/remlf90>
- Mrode, R.A. 1996. Maternal-trait models : animal and reduced animal models. In : Linear Models for The Prediction of Animal Breeding Values. UK. : CAB international. pp. 100 – 112.
- Neser, F.W.C. Erasmus, G.J. and van Wyk, J.B. 2000. Genetic studies on the South African Mutton Merino : growth traits. South African Journal of Animal Science Available from <http://www.sasas.co.za/Sajas.html> 30 : 172 – 177.
- O'Neill, K. and Van Vleck, L.D. 1988. Potential of cytoplasmic effects for selection in dairy cattle. Journal of Dairy Science 71 : 3390 – 3398.
- Quintanilla, R. Varona, L. Pujol, M.R. and Piedrafita, J. 1999. Maternal animal model with correlation between maternal environmental effects of related dams. Journal of Animal Science 77 : 2904 – 2917.
- Reed, P.D. and Van Vleck, L.D. 1987. Lack of evidence of cytoplasmic inheritance in milk production traits of dairy cattle. Journal of Dairy Science 70 : 837 – 841.
- Robison, O.W. 1972. The role of maternal effects in animal breeding : V. Maternal effects in swine. Journal of Animal Science 35 : 1303 – 1315.

- Robison, O.W. 1981. The influence of maternal effects on the efficiency of selection : A review. Livestock Production Science 8 : 121 – 137.
- Robison, O.W. McDaniel, B.T. and Rincon, E.J. 1981. Estimation of direct and maternal additive and heterotic effects from crossbreeding experiments in animals. Journal of Animal Science 52 : 44 – 50.
- Roehe, R. and Kennedy, B.W. 1993a. The influence of maternal effects on accuracy of evaluation of litter size in swine. Journal of Animal Science 71 : 2353 – 2364.
- Roehe, R. and Kennedy, B.W. 1993b. Effect of selection for maternal and direct genetic effects on genetic improvement of litter size in swine. Journal of Animal Science 71 : 2891 – 2904.
- Roehe, R. and Kennedy, B.W. 1993c. Efficiency of an approximate animal model for maternal and direct genetic effects of litter size in swine. Journal of Animal Science 71 : 3251 – 3260.
- Ron, M. Genis, I. Ezra, E. and Shani, M. 1990. Polymorphism of mitochondrial DNA in Israeli-Holstein cattle. Proc. 4th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production , Armidale. 24 : 255 – 258.
- Ron, M. Genis, I. Ezra, E. Yoffe, O. Weller, J.L. and Shani, M. 1992. Mitochondrial DNA polymorphism and determination of effects on economic traits in dairy cattle. Animal Biotechnology 3 : 201 – 219. (Abstr.)
- Rorato, P.R.N. Keown, J.F. and Van Vleck, L.D. 1999. Variance caused by cytoplasmic line and sire by herd interaction effects for milk yield considering estimation bias. Journal of Dairy Science 82 : 1574 – 1580.
- Roughsedge, T. Brotherstone, S. and Visscher, P.M. 1998. Lack of evidence for cytoplasmic inheritance for milk production traits at the Langhill dairy herd. Proc. 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production , Armidale. 23 : 351 – 354.
- Roughsedge, T. Brotherstone, S. and Visscher, P.M. 1999. Estimation of variance of maternal lineage effects at the Langhill dairy herd. Animal Science 68 : 79 – 86.
- Roughsedge, T. Visscher, P.M. and Brotherstone, S. 2000. Effects of cow families on production traits in dairy cattle. Animal Science 71 : 49 – 57.
- Sargent, F.D. Lytton, V.H. and Wall, Jr.O.G. 1968. Test interval method of calculating dairy herd improvement association records. Journal of Dairy Science 51 : 170.
- SAS, 1998. SAS User's Guide. Version 6.12 SAS. Institue. Cary, NC.

- Schaeffer, L.R. 2001. In : Animal Models Winter2001. Available from <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/Animalz/> 338 pp.
- Schnitzenlehner, S. and Essl, A. 1999. Field data analysis of cytoplasmic inheritance of dairy and fitness-related traits in cattle. Animal Production 68 : 459 – 466.
- Schutz, M.M. and Freeman, A.E. 1989. Maternal lineage effects on production traits of dairy cattle from animal model analyses. Journal of Dairy Science 12 (Suppl.1) : 52 . (Abstr.)
- Schutz, M.M. Freeman, A.E. Beitz, D.C. and Mayfield, J.E. 1992a. The importance of maternal lineage on milk yield traits of dairy cattle. Journal of Dairy Science 75 : 1331 – 1341.
- Schutz, M.M. Freeman, A.E. Lindberg, G.L. and Beitz, D.C. 1992b. Effects on milk production of maternal lineages grouped by mitochondrial DNA genotypes. Journal of Dairy Science 75 (Suppl.1) : 248. (Abstr.)
- Schutz, M.M. freeman, A.E. Lindberg, G.L. and Beitz, D.C. 1993. Effects of maternal lineages grouped by mitochondrial genotypes on milk yield and composition. Journal of Dairy Science 76 : 621 – 629.
- Schutz, M.M. Freeman, A.E. Lindberg, G.L. Koehler, C.M. and Beitz, D.C. 1994. The effect of mitochondrial DNA on milk production and health of dairy cattle. Livestock Production Science 37 : 283 – 295.
- Searle, S.R. Casella, G. and McCulloch, C.E. 1992. In : Variance Components. USA : John Wiley & Sons, Inc. 501 pp.
- See, M.T. 2001. Comparison of statistical models for days to 114 kg and backfat depth. Annual Swine Report 2001. College of Agricultural and Life Sciences. Department of Animal Science. NC State University. Available from <http://mark.asci.ncsu.edu/SwineReports/2001/02gentodd.htm>. 3 pp.
- Sewalem, A. and Johansson, 2000. Egg weight and reproduction traits in laying hens : estimation of direct and maternal genetic effects using Bayesian approach via Gibbs sampling. Animal Science 70 : 9 – 16.
- Seykora, A. and McDaniel, B.T. 1983. Heritabilities and correlations of lactation yields and fertility in Holsteins. Journal of Dairy Science 66 : 1486 – 1493.
- Southwood, O.I. Kennedy, B.W. Meyer, K. and Gibson, J.P. 1989. Estimation of additive maternal and cytoplasmic genetic variances in animal models. Journal of Dairy Science 72 : 3006 – 3012.
- Stearns, S. 1999. Mother love and its selective advantage. Nature 397 : 36.

- Stormont, C. 1972. The role of maternal effects in animal breeding : I. Passive immunity in newborn animals. Journal of Animal Science 35 : 1275 – 1279.
- Tess, M.W. Reodecha, C. and Robison, O.W. 1987. Cytoplasmic genetic effects on preweaning growth and milk yield in Hereford cattle. Journal of Animal Science 65 : 675 – 684.
- Thompson, J.R. Freeman, A.E. and Berger, P.J. 1981. Age of dam and maternal effects for dystocia in Holsteins. Journal of Dairy Science 64 : 1603 – 1609.
- Thorpe, W. Kang'ethe, P. Rege, J.E.O. Mosi, R.O. Mwandotto, B.A.J. and Njuguna, P. 1993. Crossbreeding Ayrshire, Friesian, and Sahiwal cattle for milk yield and preweaning traits of progeny in the Semiarid tropics of Kenya. Journal of Dairy Science 76 : 2001 - 2012.
- Tosh, J.J. Kemp, R.A. and Ward, D.R. 1999. Estimates of direct and maternal genetic parameters for weight traits and backfat thickness in a multibreed population of beef cattle. Canadian Journal of Animal Science 79 : 433 – 439.
- Van Vleck, L.D. and Bradford, G.E. 1965. Comparison of heritability estimates from daughter-dam regression and paternal half-sib correlation. Journal of Dairy Science 48 : 1372 – 1375.
- Van Vleck, L.D. and Bradford, G.E. 1966. Genetic and maternal influence on the first three lactations of Holstein cows. Journal of Dairy Science 49 : 45 – 52.
- Van Vleck, L.D. and Hart, C.L. 1966. Covariances among first-lactation milk records of cousins. Journal of Dairy Science 49 : 41 – 44.
- Vinther, K.M. 1974. Production performance of the Thai dairy herd and evaluation of the breeding plan at the Thai-Danish dairy farm. In : The dairy farming promotion organization of Thailand. Muak Lek, Saraburi. 78 pp.
- Visscher, P.M. and Thompson, R. 1992. Comparisons between genetic variances estimated from different types of relatives in dairy cattle. Animal Production 55 : 315 – 320.
- Wagner, R.P. 1972. The role of maternal effects in animal breeding : II. Mitochondria and animal inheritance. Journal of Animal Science 35 : 1280 – 1287.
- Willham, R.L. 1963. The covariance between relatives for characters composed of components contributed by related individuals. Biometrics 19 : 18.
- Willham, R.L. 1972. The role of maternal effects in animal breeding : III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. Journal of Animal Science 35 : 1288 – 1293.



ภาคผนวก

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ตารางภาคผนวกที่ 1 ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ค่าต่ำสุด และค่าสูงสุดของค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละโมเดลของลักษณะปริมาณน้ำนม (หน่วย : กิโลกรัม)

โมเดล	ค่าเฉลี่ย	S.D.	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด
[1]	-460.592	373.553	-1520.417	1251.695
[2]	-701.616	379.417	-1738.150	582.321
[20]	-680.621	350.776	-1713.430	877.344
[3F]	-199.365	325.100	-1517.660	2371.848
[3R]	-461.584	344.307	-1524.860	1285.316
[4F]	-219.385	254.450	-1329.300	502.383
[4R]	-707.343	370.246	-1730.640	488.006
[40F]	-223.120	257.653	-1325.014	509.257
[40R]	-686.611	334.956	-1709.270	361.633

ตารางภาคผนวกที่ 2 ค่าสหสัมพันธ์ตามตำแหน่งของสปีร์แมน (เหนือเส้นทแยงมุม) และค่าสหสัมพันธ์ของเพียร์สัน (ใต้เส้นทแยงมุม) ของค่าการผสมพันธุ์ในลักษณะปริมาณน้ำนมที่คำนวณได้จากโมเดลต่างๆ

โมเดล	[1]	[2]	[20]	[3F]	[3R]	[4F]	[4R]	[40F]	[40R]
[1]	1.000	0.943	0.944	0.686	0.998	0.731	0.943	0.733	0.945
[2]	0.943	1.000	0.995	0.635	0.943	0.775	0.996	0.778	0.991
[20]	0.941	0.994	1.000	0.613	0.943	0.760	0.990	0.762	0.997
[3F]	0.711	0.608	0.580	1.000	0.719	0.903	0.658	0.902	0.630
[3R]	0.998	0.939	0.938	0.744	1.000	0.759	0.944	0.761	0.945
[4F]	0.727	0.758	0.734	0.859	0.749	1.000	0.798	0.999	0.779
[4R]	0.938	0.988	0.974	0.645	0.934	0.793	1.000	0.801	0.993
[40F]	0.728	0.761	0.735	0.859	0.750	0.999	0.796	1.000	0.780
[40R]	0.940	0.984	0.982	0.621	0.936	0.775	0.993	0.776	1.000

ตารางภาคผนวกที่ 3 ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ค่าต่ำสุด และ
ค่าสูงสุดของค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละโมเดลของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม
(หน่วย : เปอร์เซ็นต์)

โมเดล	ค่าเฉลี่ย	S.D.	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด
[1]	0.178	0.139	0.0002	0.707
[2]	0.136	0.105	0	0.586
[20]	0.122	0.095	0	0.579
[3F]	0.374	0.147	0.037	1.192
[3R]	0.170	0.119	0.002	0.636
[4F]	0.253	0.172	0	1.343
[4R]	0.131	0.100	0	0.561
[40F]	0.194	0.156	-1.262	1.229
[40R]	0.115	0.090	0	0.547

ตารางภาคผนวกที่ 4 ค่าสหสัมพันธ์ตามตำแหน่งของสปีร์แมน (เหนือเส้นทแยงมุม) และ ค่า
สหสัมพันธ์ของเพียร์สัน (ใต้เส้นทแยงมุม) ของค่าการผสมพันธุ์ใน
ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนมที่คำนวณได้จากโมเดลต่างๆ

โมเดล	[1]	[2]	[20]	[3F]	[3R]	[4F]	[4R]	[40F]	[40R]
[1]	1.000	0.043	-0.140	0.417	0.877	0.526	0.108	0.535	-0.126
[2]	0.299	1.000	0.897	-0.161	-0.123	-0.154	0.976	-0.156	0.889
[20]	0.150	0.934	1.000	-0.284	-0.299	-0.292	0.823	-0.290	0.988
[3F]	0.399	-0.094	-0.202	1.000	0.547	0.769	-0.122	0.786	-0.288
[3R]	0.920	0.119	-0.030	0.532	1.000	0.711	-0.049	0.739	-0.284
[4F]	0.524	-0.005	-0.133	0.779	0.674	1.000	-0.098	0.940	-0.295
[4R]	0.347	0.982	0.882	-0.046	0.190	0.061	1.000	-0.101	0.833
[40F]	0.473	-0.026	-0.121	0.646	0.623	0.717	0.027	1.000	-0.294
[40R]	0.160	0.925	0.989	-0.203	-0.008	-0.136	0.891	-0.127	1.000

ตารางภาคผนวกที่ 5 ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ค่าต่ำสุด และค่าสูงสุดของค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละโมเดลของลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม (หน่วย : เปอร์เซ็นต์)

โมเดล	ค่าเฉลี่ย	S.D.	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด
[1]	0.070	0.065	0.0005	0.579
[2]	0.103	0.079	0	0.767
[20]	0.101	0.077	0	0.759
[3F]	0.078	0.081	0.0006	0.921
[3R]	0.058	0.056	0.0001	0.473
[4F]	0.072	0.068	0	0.884
[4R]	0.084	0.072	0	0.757
[40F]	0.060	0.059	0	0.841
[40R]	0.087	0.069	0	0.743

ตารางภาคผนวกที่ 6 ค่าสหสัมพันธ์ตามตำแหน่งของสปีयरแมน (เหนือเส้นทแยงมุม) และค่าสหสัมพันธ์ของเพียร์สัน (ใต้เส้นทแยงมุม) ของค่าการผสมพันธุ์ ในลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนที่คำนวณได้จากโมเดลต่างๆ

โมเดล	[1]	[2]	[20]	[3F]	[3R]	[4F]	[4R]	[40F]	[40R]
[1]	1.000	0.205	0.166	0.281	0.962	0.328	0.296	0.331	0.150
[2]	0.480	1.000	0.995	0.480	0.184	0.0003	0.924	0.206	0.965
[20]	0.445	0.997	1.000	0.476	0.148	-0.021	0.901	0.186	0.973
[3F]	0.439	0.312	0.307	1.000	0.311	0.068	0.567	0.387	0.519
[3R]	0.977	0.459	0.429	0.522	1.000	0.375	0.271	0.375	0.132
[4F]	0.513	0.364	0.346	0.186	0.540	1.000	0.106	0.861	-0.005
[4R]	0.555	0.953	0.941	0.371	0.545	0.487	1.000	0.336	0.929
[40F]	0.501	0.521	0.509	0.333	0.537	0.937	0.645	1.000	0.220
[40R]	0.437	0.970	0.976	0.337	0.437	0.394	0.965	0.568	1.000

ตารางภาคผนวกที่ 7 ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ค่าต่ำสุด และ ค่าสูงสุดของค่าการผสมพันธุ์เนื่องมาจากอิทธิพลทางพันธุกรรมของแม่ ในแต่ละโมเดลของลักษณะปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม

โมเดล	ปริมาณน้ำนม (กิโลกรัม)				เปอร์เซ็นต์ไขมันนม (เปอร์เซ็นต์)				เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม (เปอร์เซ็นต์)			
	ค่าเฉลี่ย	S.D.	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด	ค่าเฉลี่ย	S.D.	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด	ค่าเฉลี่ย	S.D.	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด
[2]	160.494	149.521	-1092.384	1186.884	0.119	0.070	0	0.389	0.060	0.045	0	0.351
[20]	155.429	141.340	-1074.661	1219.181	0.120	0.064	0	0.345	0.059	0.045	0	0.345
[4F]	168.376	163.122	-427.968	2351.846	0.208	0.099	0	1.072	0.102	0.055	0	0.953
[4R]	164.690	139.477	-420.378	1197.011	0.123	0.064	0	0.371	0.050	0.049	0	0.569
[40F]	168.302	163.552	-428.197	2345.269	0.186	0.087	-0.195	0.973	0.098	0.053	0	0.927
[40R]	160.819	129.869	-418.153	1225.981	0.123	0.056	0	0.374	0.053	0.047	0	0.576

ตารางภาคผนวกที่ 8 ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ค่าต่ำสุด และค่าสูงสุดของค่าการผสมพันธุ์เนื่องมาจากอิทธิพลของยีนที่อยู่ภายนอกนิวเคลียส หรือไซโตพลาสซึมในแต่ละโมเดลของลักษณะปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม

โมเดล	ปริมาณน้ำนม (กิโลกรัม)				เปอร์เซ็นต์ไขมันนม (เปอร์เซ็นต์)				เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม (เปอร์เซ็นต์)			
	ค่าเฉลี่ย	S.D.	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด	ค่าเฉลี่ย	S.D.	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด	ค่าเฉลี่ย	S.D.	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด
[3R]	6.41×10^{-7}	35.969	-89.242	147.312	0.037	0.039	0	0.193	0.014	0.016	0	0.104
[4R]	1.28×10^{-6}	15.082	-36.909	57.284	0.034	0.036	0	0.182	0.019	0.022	0	0.139
[40R]	-3.21×10^{-6}	7.868	-19.250	30.026	0.019	0.020	0	0.101	0.013	0.015	0	0.094

ตารางภาคผนวกที่ 9 ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation ; S.D.) ค่าต่ำสุด และ ค่าสูงสุดของค่าการผสมพันธุ์พื้พันธ์โคนม ในแต่ละโมเดลของ ลักษณะปริมาณน้ำนม เปอร์เซ็นต์ไขมันนม และ เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม

โมเดล	ปริมาณน้ำนม (กิโลกรัม)				เปอร์เซ็นต์ไขมันนม (เปอร์เซ็นต์)				เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม (เปอร์เซ็นต์)			
	ค่าเฉลี่ย	S.D.	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด	ค่าเฉลี่ย	S.D.	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด	ค่าเฉลี่ย	S.D.	ค่าต่ำสุด	ค่าสูงสุด
[1]	-528.218	263.110	-1185.600	193.137	0.180	0.105	0.0001	0.449	0.052	0.050	0.0003	0.266
[2]	-848.832	276.820	-1478.760	-35.987	0.103	0.084	0.002	0.363	0.091	0.054	0.001	0.274
[20]	-826.445	241.114	-1402.400	-87.005	0.093	0.070	0.002	0.339	0.091	0.051	0.004	0.268
[3F]	-177.764	234.340	-906.995	393.403	0.362	0.088	0.099	0.631	0.061	0.046	0.001	0.208
[3R]	-523.407	244.613	-1140.400	162.263	0.189	0.085	0.009	0.430	0.043	0.041	0.0003	0.219
[4F]	-261.337	213.889	-924.483	304.233	0.262	0.132	0.004	0.677	0.063	0.054	0.0003	0.283
[4R]	-848.617	277.410	-1482.800	-37.835	0.099	0.083	0.001	0.362	0.072	0.050	0.0004	0.253
[40F]	-265.672	217.332	-937.684	310.581	0.210	0.089	-0.049	0.479	0.047	0.045	0	0.207
[40R]	-826.140	237.391	-1393.240	-94.980	0.087	0.066	0.002	0.329	0.077	0.044	0.002	0.246

ตารางภาคผนวกที่ 10 ตัวอย่างแสดงลำดับค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด 20 ลำดับแรกของแม่โคนมที่ให้ผลผลิตในแต่ละโมเดลที่ศึกษาของลักษณะปริมาณน้ำนม

ID	[1]	ID	[2]	ID	[20]	ID	[3F]	ID	[3R]	ID	[4F]	ID	[4R]	ID	[40F]	ID	[40R]
932-1	1251.695	584	582.321	3068	877.344	932-1	2371.848	932-1	1285.316	728	502.383	38	488.006	728	509.257	38	361.633
134	903.499	3068	579.729	584	668.115	134	1622.243	134	888.116	508	446.952	573	389.886	508	452.938	573	357.332
573	847.930	38	501.352	38	385.302	240	1158.795	573	697.955	3925	423.299	728	356.017	3925	428.120	961	226.459
38	715.529	573	399.685	573	378.747	508	590.782	38	594.943	134	377.289	538	227.561	134	385.148	728	223.533
584	634.836	728	363.629	728	244.700	728	568.276	584	571.409	21	352.665	961	199.615	21	361.199	215	178.020
215	605.270	538	230.458	961	238.731	3925	565.553	3068	531.862	560	336.139	134	198.351	560	337.993	538	140.286
3068	570.454	961	209.654	215	195.028	21	537.357	215	483.124	578	328.228	215	182.432	572	335.038	128	134.704
728	497.211	134	196.491	538	153.308	38	481.316	728	406.061	572	324.199	508	178.365	578	332.572	134	107.682
538	466.131	215	191.103	128	141.673	572	453.549	538	399.839	401	317.388	3037	142.469	401	320.181	3037	102.415
441	420.818	508	180.705	134	116.165	401	444.489	508	320.200	793	307.026	664	120.050	793	307.201	704-1	84.354
961	403.570	3037	149.225	3037	115.243	793	412.301	3037	319.732	292	301.529	3113	109.763	292	294.406	508	80.895
3037	386.419	664	131.804	508	94.640	560	408.515	961	309.004	38	281.886	128	102.312	38	293.258	209	67.782
508	378.513	128	111.353	704-1	83.803	774	404.861	3925	300.811	6108	278.707	704-1	99.222	6108	283.484	441	19.273
3925	371.331	3113	108.258	209	78.530	551	385.766	441	297.732	239	272.119	3110	99.177	3108	283.466	664	12.125
603	361.962	3110	99.063	840	61.904	233	380.453	240	284.390	713	270.513	209	92.671	713	275.502	603	10.678
664	323.265	209	98.029	441	35.655	3108	379.540	603	274.803	624	268.525	3109	72.113	555	270.503	3113	8.885
401	311.226	704-1	94.426	664	31.781	6108	378.544	401	260.873	538	265.293	603	54.561	239	270.252	584	0
128	296.903	3109	73.231	603	21.322	538	375.694	128	253.129	3108	265.245	3925	53.977	538	269.314	924-1	0
146	275.304	840	68.178	3113	19.381	555	363.373	924-1	235.950	555	262.241	401	9.456	624	269.067	932-1	0
924-1	258.863	603	53.689	924-1	0	247	361.161	664	227.739	233	256.211	584	0	551	254.711	3925	-21.407

ตารางภาคผนวกที่ 11 ตัวอย่างแสดงลำดับค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด 20 ลำดับแรกของแม่โคนมที่ให้ผลผลิตในแต่ละ โมเดลที่ศึกษาของลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม

ID	[1]	ID	[2]	ID	[20]	ID	[3F]	ID	[3R]	ID	[4F]	ID	[4R]	ID	[40F]	ID	[40R]
3007	0.707	3047	0.586	AS214	0.579	329	1.192	3007	0.636	329	1.343	3047	0.561	329	1.229	AS214	0.547
3047	0.703	AS214	0.578	3047	0.514	924-1	1.062	291	0.618	AS02	1.176	AS214	0.523	101	0.937	821	0.488
549	0.691	298	0.555	821	0.507	101	0.995	549	0.599	101	1.113	3007	0.519	472	0.712	3047	0.485
291	0.649	821	0.507	298	0.495	AS02	0.965	3047	0.559	3007	0.841	298	0.508	3007	0.674	298	0.454
837	0.618	3007	0.506	861-1	0.436	144	0.868	211J	0.556	809	0.815	809	0.503	291	0.670	291	0.416
809	0.615	809	0.477	3007	0.422	3007	0.806	809	0.549	472	0.815	821	0.476	3016	0.607	3007	0.413
211J	0.611	3006	0.439	291	0.417	291	0.777	365	0.533	365	0.763	365	0.463	3005	0.593	861-1	0.396
458	0.598	365	0.438	592	0.417	472	0.766	403	0.473	423	0.707	549	0.427	809	0.580	592	0.382
492	0.594	549	0.429	549	0.386	809	0.722	AS214	0.456	291	0.697	3006	0.426	365	0.558	549	0.375
710	0.590	592	0.422	595	0.368	290	0.714	837	0.452	3047	0.682	291	0.409	3073	0.557	3068	0.345
365	0.579	291	0.417	211J	0.348	553	0.701	423	0.451	3016	0.663	211J	0.408	ET17	0.555	824	0.343
403	0.572	211J	0.406	824	0.347	3016	0.695	542	0.450	549	0.655	592	0.376	3047	0.538	211J	0.340
3010	0.567	861-1	0.395	3006	0.343	365	0.677	492	0.450	828	0.637	657	0.372	549	0.534	144	0.336
106	0.554	595	0.382	657	0.339	ET17	0.675	219	0.449	3012	0.633	144	0.365	211J	0.524	595	0.331
627	0.513	657	0.382	144	0.339	402	0.664	710	0.447	3003	0.630	3913	0.362	423	0.523	781	0.326
425	0.512	3913	0.374	713	0.335	549	0.661	ET17	0.442	211J	0.626	166	0.358	219	0.517	809	0.324
3019	0.510	622	0.370	781	0.333	3005	0.654	106	0.432	ET17	0.623	3068	0.357	542	0.508	657	0.323
238	0.509	713	0.366	3913	0.332	423	0.653	458	0.431	3048	0.622	423	0.354	3103	0.499	365	0.320
477	0.509	7105	0.365	622	0.332	211J	0.650	3020	0.430	116	0.621	713	0.340	166	0.493	3006	0.318
AS214	0.501	144	0.363	809	0.331	274	0.634	238	0.427	542	0.621	622	0.335	176	0.475	3913	0.317
423	0.495	837	0.360	365	0.326	219	0.636	3010	0.417	426	0.606	249	0.332	3048	0.470	403	0.313

ตารางภาคผนวกที่ 12 ตัวอย่างแสดงลำดับค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด 20 ลำดับแรกของแม่โคนมที่ให้ผลผลิตในแต่ละโมเดลที่ศึกษาของลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม

ID	[1]	ID	[2]	ID	[20]	ID	[3F]	ID	[3R]	ID	[4F]	ID	[4R]	ID	[40F]	ID	[40R]
4009	0.579	AS02	0.767	AS02	0.759	924-1	0.921	AS02	0.473	AS214	0.884	AS02	0.757	AS214	0.841	AS02	0.743
AS02	0.484	AS214	0.656	AS214	0.647	932-1	0.908	4009	0.448	AS02	0.570	AS214	0.649	AS02	0.525	AS214	0.632
AS214	0.374	4009	0.518	4009	0.473	134	0.571	924-1	0.376	4009	0.352	4009	0.483	821	0.313	4009	0.386
238	0.373	4106-1	0.335	4106-1	0.314	202	0.445	AS214	0.365	821	0.348	4106-1	0.303	4009	0.279	3945	0.281
7103	0.361	728	0.322	728	0.311	240	0.411	932-1	0.323	4106-1	0.262	3945	0.292	3945	0.223	728	0.273
924-1	0.360	146	0.322	3945	0.310	402	0.364	238	0.291	444	0.234	238	0.287	4106-1	0.218	541	0.262
453	0.315	3945	0.318	146	0.303	3068	0.360	7103	0.274	581	0.230	728	0.286	815	0.207	4106-1	0.261
932-1	0.303	541	0.304	541	0.295	AS214	0.347	453	0.271	4103-1	0.227	541	0.275	728	0.198	3068	0.257
216	0.265	238	0.296	238	0.265	584	0.287	3068	0.252	216	0.224	828	0.272	414	0.197	828	0.255
3068	0.255	438	0.277	438	0.261	414	0.276	202	0.204	414	0.221	146	0.270	541	0.192	146	0.244
367	0.240	453	0.270	7103	0.259	4106-1	0.272	828	0.202	3945	0.218	3068	0.262	3068	0.191	251	0.219
146	0.234	7103	0.267	828	0.259	840	0.259	134	0.200	813-1	0.218	453	0.246	636	0.185	815	0.217
414	0.229	828	0.264	619	0.254	3945	0.257	216	0.200	238	0.213	438	0.238	6108	0.182	238	0.216
828	0.215	414	0.262	453	0.252	453	0.240	414	0.197	293	0.213	414	0.238	824	0.179	414	0.215
4106-1	0.213	619	0.262	251	0.251	636	0.232	584	0.196	728	0.205	624	0.223	339old	0.171	438	0.215
598	0.212	251	0.257	414	0.249	4009	0.228	704-1	0.190	147	0.203	251	0.222	581	0.171	619	0.214
835	0.210	148	0.254	470	0.246	728	0.224	367	0.185	541	0.202	617	0.217	4103-1	0.168	624	0.214
704-1	0.210	624	0.250	148	0.243	815	0.221	710-1	0.179	3068	0.200	502	0.216	216	0.166	453	0.211
4103-1	0.207	470	0.250	624	0.243	339old	0.218	835	0.172	805-1	0.195	619	0.215	444	0.162	470	0.211
813-1	0.206	502	0.250	502	0.241	6108	0.218	146	0.170	670	0.194	148	0.213	465	0.162	502	0.207
597	0.203	3108	0.248	3108	0.239	465	0.212	840	0.169	815	0.193	815	0.211	867	0.160	521	0.205

ตารางภาคผนวกที่ 13 ลำดับพ้อพันธุ์โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด 5 ลำดับแรก จำนวนลูกสาว (N) และ ค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากแต่ละโมเดลของลักษณะปริมาณน้ำนม

พ้อพันธุ์	N	[1]	พ้อพันธุ์	N	[2]	พ้อพันธุ์	N	[20]	พ้อพันธุ์	N	[3F]	พ้อพันธุ์	N	[3R]
14H1140	29	193.137	14H1140	29	-35.987	14H1140	29	-87.0052	11H2143	26	393.403	14H1140	29	162.26
11H1273	8	71.798	29H4568	4	-160.737	11H1273	8	-275.333	7H3039	7	389.825	11H1273	8	40.001
29H4568	4	62.033	11H1273	8	-245.434	29H4568	4	-278.309	14H1140	29	383.401	29H4568	4	18.797
11H2188	13	58.746	11H369	6	-258.352	11H369	6	-337.59	29H4568	4	307.562	11H2188	13	4.993
11H369	6	4.135	ALLAMOY	3	-282.585	11H2188	13	-338.621	11H1273	8	248.480	11H369	6	-40.021

พ้อพันธุ์	N	[4F]	พ้อพันธุ์	N	[4R]	พ้อพันธุ์	N	[40F]	พ้อพันธุ์	N	[40R]
14H1140	29	304.233	14H1140	29	-37.835	14H1140	29	310.581	14H1140	29	-94.980
7H3039	7	253.617	29H4568	4	-159.488	7H3039	7	256.919	11H1273	8	-281.823
11H2143	26	252.975	11H1273	8	-244.942	11H2143	26	247.044	29H4568	4	-289.293
29H4568	4	168.201	11H369	6	-260.584	29H4568	4	177.166	11H2188	13	-344.677
11H1273	8	155.088	ALLAMOY	3	-277.555	11H1273	8	155.758	11H369	6	-347.823

ตารางภาคผนวกที่ 14 ลำดับพ้อยท์โคมนที่มีค่าการผสมพ้อยท์มากที่สุด 5 ลำดับแรก จำนวนลูกสาว (N) และ ค่าการผสมพ้อยท์ที่ได้จากแต่ละโมเดลของ ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมันนม

พ้อยท์	N	[1]	พ้อยท์	N	[2]	พ้อยท์	N	[20]	พ้อยท์	N	[3F]	พ้อยท์	N	[3R]
BSC613	9	0.449	14H1140	29	0.363	14H1140	29	0.339	74H0037	24	0.631	74H0037	24	0.430
11H2132	10	0.447	11H2143	26	0.352	11H2143	26	0.310	11H2132	10	0.620	11H2132	10	0.415
74H0037	24	0.444	11H1340	15	0.323	11H1340	15	0.295	BSC613	9	0.605	BSC613	9	0.408
24H0415	3	0.437	BSC613	9	0.319	11H2597	4	0.261	14H1380	6	0.577	14H1380	6	0.367
11H1056	5	0.407	11H2597	4	0.298	11J354	8	0.242	11H2188	13	0.541	24H0415	3	0.360

พ้อยท์	N	[4F]	พ้อยท์	N	[4R]	พ้อยท์	N	[40F]	พ้อยท์	N	[40R]
BSC613	9	0.677	14H1140	29	0.362	74H0037	24	0.479	14H1140	29	0.329
72H0415	10	0.625	BSC613	9	0.349	11H2132	10	0.458	11H2143	26	0.284
11H2188	13	0.612	11H2143	26	0.329	BSC613	9	0.455	11H1340	15	0.275
14H1380	6	0.589	11H1340	15	0.299	14H1380	6	0.434	11H2597	4	0.245
74H0037	24	0.513	11H2597	4	0.283	11H2188	13	0.403	11J354	8	0.225

ตารางภาคผนวกที่ 15 ลำดับพื่อพันธุ้โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุด 5 ลำดับแรก จำนวนลูกสาว (N) และ ค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากแต่ละโมเดลของ ลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม

พื่อพันธุ้	N	[1]	พื่อพันธุ้	N	[2]	พื่อพันธุ้	N	[20]	พื่อพันธุ้	N	[3F]	พื่อพันธุ้	N	[3R]
BSC613	9	0.266	14H1140	29	0.274	14H1140	29	0.268	14H1140	29	0.208	BSC613	9	0.219
787	11	0.241	ROBO	3	0.240	ROBO	3	0.227	ROBO	3	0.197	B787	11	0.199
11H1479	11	0.199	11B520	10	0.232	11B520	10	0.223	11H1273	8	0.185	11H1479	11	0.168
4	5	0.189	11H1340	15	0.222	11H1340	15	0.220	11H2325	9	0.185	4	5	0.144
AMZ	2	0.172	S2619	6	0.203	11H1733	9	0.196	B750	7	0.170	14H1140	29	0.140

พื่อพันธุ้	N	[4F]	พื่อพันธุ้	N	[4R]	พื่อพันธุ้	N	[40F]	พื่อพันธุ้	N	[40R]
BSC613	9	0.283	14H1140	29	0.253	BSC613	9	0.207	14H1140	29	0.246
11H1709	8	0.217	BSC613	9	0.216	14H1140	29	0.170	ROBO	3	0.191
11H1479	11	0.216	ROBO	3	0.215	11H1479	11	0.152	11B520	10	0.184
4	5	0.205	11B520	10	0.190	ROBO	3	0.149	11H1340	15	0.181
14B0190	6	0.186	11H1273	8	0.181	11H1709	8	0.146	11H1733	9	0.168

ตารางภาคผนวกที่ 16 ค่าเฉลี่ยกำลังสองน้อยที่สุด ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (S.E.) ของค่าการผสมพันธุ์ที่จำแนกตามกลุ่มพันธุ์ในแต่ละโมเดลทั้งสามลักษณะ

ลำดับที่	กลุ่มพันธุ์	ปริมาณน้ำนม (กิโลกรัม)		เปอร์เซ็นต์ไขมันนม (เปอร์เซ็นต์)		เปอร์เซ็นต์โปรตีนในน้ำนม (เปอร์เซ็นต์)	
		ค่าเฉลี่ย	S.E.	ค่าเฉลี่ย	S.E.	ค่าเฉลี่ย	S.E.
1	100 HF	-345.754	16.432	0.198	0.006	0.079	0.003
2	≥ 87.5 HF - < 100HF	-460.665	6.495	0.192	0.003	0.080	0.001
3	≥ 75 HF - < 87.5 HF	-535.995	16.079	0.181	0.006	0.103	0.003
4	≥ 62.5 HF - < 75 HF	-543.097	19.188	0.187	0.007	0.081	0.004
5	≥ 50 HF - < 62.5 HF	-536.495	24.054	0.177	0.009	0.086	0.005
6	< 50 HF	-565.601	45.001	0.213	0.017	0.077	0.009
7	100 BS	-373.783	77.944	0.204	0.030	0.044	0.016
8	≥ 87.5 BS - < 100BS	-548.920	22.046	0.168	0.008	0.074	0.005
9	≥ 75 BS - < 87.5 BS	-508.715	20.125	0.173	0.008	0.075	0.004
10	≥ 62.5 BS - < 75 BS	-462.358	24.054	0.159	0.009	0.075	0.005
11	≥ 50 BS - < 62.5 BS	-494.324	29.460	0.197	0.011	0.072	0.075
12	< 50 BS	-505.070	27.557	0.157	0.011	0.063	0.072
13	100 JS	-630.112	34.857	0.262	0.013	0.075	0.063
14	≥ 87.5 JS - < 100JS	-518.663	36.743	0.136	0.014	0.075	0.075
15	≥ 75 JS - < 87.5 JS	-603.781	28.460	0.172	0.011	0.063	0.075
16	≥ 62.5 JS - < 75 JS	-548.688	110.229	0.152	0.043	0.053	0.063
17	≥ 50 JS - < 62.5 JS	-473.115	33.235	0.154	0.013	0.053	0.053
18	< 50 JS	-596.854	77.944	0.144	0.030	0.037	0.053

ตารางภาคผนวกที่ 17 (ต่อ) รายงานเอกสารงานวิจัยบางส่วนในต่างประเทศถึงผลของการประมาณค่าอัตราพันธุกรรม โดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ (h^2_a) ค่าอัตราพันธุกรรมของแม่ (h^2_m) ค่าอัตราพันธุกรรมของไซโตพลาสซึม และ ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error ; S.E.) ในลักษณะ ปริมาณน้ำนมและองค์ประกอบของน้ำนม

ลักษณะ	ปริมาณน้ำนม			เปอร์เซ็นต์ไขมันนม			เปอร์เซ็นต์โปรตีน		
	h^2_a (SE)	h^2_m (SE)	h^2_c (SE)	H^2_a (SE)	h^2_m (SE)	h^2_c (SE)	h^2_a (SE)	h^2_m (SE)	h^2_c (SE)
เอกสารอ้างอิง									
Boettcher	0.446		0.0041	0.718		0.0038	0.762		0.0044
และ Gibson	(0.0086)		(0.0011)	(0.0086)		(0.0011)	(0.007)		(0.001)
(1997)									
Boettcher			0.00 ^a			0.0087 ^a			0.00 ^a
และ คณะ						(0.001)			
(1996b)			0.002 ^d			0.0117 ^d			0.00 ^d
			(0.14)			(0.001)			
			0.0038 ^I			0.0290 ^I			
			(0.24)			(0.0003)			
Schutz	0.519		0.052	0.614		0.105			
และ คณะ									
(1992a)									

1 = ข้อมูลดั้งเดิม

2 = ข้อมูลจำลอง

3 = โมเดลของสัตว์แต่ละตัว

4 = โมเดลของสัตว์แต่ละตัว+พ่อพันธุ์ที่กำหนดให้เป็นปัจจัยคงที่

5 = โมเดลของสัตว์แต่ละตัว + การทำนายในการถ่ายทอดพันธุกรรมของพ่อพันธุ์ (sire PTA)

a = ระยะเวลาให้นมที่ 1

b = ระยะเวลาให้นมที่ 2

c = ระยะเวลาให้นมที่ 3

d = ทุกระยะเวลาให้นม

I = Iowa State University

ประวัติผู้เขียน

นายสัตวแพทย์ ชาตรี คติวรเวช เกิดเมื่อวันที่ 12 มีนาคม พ.ศ. 2515 สำเร็จการศึกษาปริญญาตรีสัตวแพทยศาสตรบัณฑิต รุ่น 55 คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ปีการศึกษา 2539 และได้เข้ารับราชการในตำแหน่งอาจารย์ประจำภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ตั้งแต่วันที่ 22 พฤษภาคม พ.ศ. 2539 เป็นต้นมา หลังจากนั้น ได้ศึกษาต่อภายในประเทศ ในระดับปริญญาโทมหาบัณฑิต สาขาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ (animal breeding) ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ในปีการศึกษา 2541



สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย