

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้เป็นข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบรวม 113,261 บันทึก ประกอบด้วยระยะการให้นมที่ 1, 2 และ 3 จำนวน 42,245, 38,830 และ 32,186 บันทึก ตามลำดับ ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2538-2548 ถูกนำมาใช้ในการวิเคราะห์ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนโดยวิธี restricted maximum likelihood (REML) จากนั้นนำค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่ประมาณได้มาประเมินค่าการผสมพันธุ์ ด้วยเทคนิค best linear unbiased prediction (BLUP) การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อ เปรียบเทียบค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนม โดยใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรซชันร่วมกับฟังก์ชันการให้นม 3 รูปแบบ ได้แก่ Wilmink function, Wood function และ LeGendre function และเปรียบเทียบค่าการผสมพันธุ์ในระยะการให้นมที่ 1 กับการให้น้ำนมรวม 3 ระยะการให้นม และเลือกโมเดลที่เหมาะสมที่สุดไปวิเคราะห์ความจำเป็นของการปรับค่า heterogeneous variance ในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ ซึ่งพบว่า การใช้โมเดลวันทดสอบ รีเกรซชันร่วมกับฟังก์ชันการให้นมแบบ LeGendre function มีความเหมาะสมที่สุด โดยพิจารณาจากค่า R^2 และ $-2\log L$ เมื่อเปรียบเทียบค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากระยะการให้นมที่ 1 กับการให้น้ำนมรวม 3 ระยะการให้นม พบว่าสามารถใช้ข้อมูลการให้น้ำนมในระยะการให้นมที่ 1 ในการประมาณค่าการผสมพันธุ์ โดยพิจารณาจากค่า Pearson correlation และ Spearman rank correlation โดยในพ่อพันธุ์มีค่าอยู่ในช่วง 0.860-0.936 และ 0.827-0.913 ตามลำดับ ในแม่พันธุ์มีค่าอยู่ในช่วง 0.645-0.762 และ 0.495-0.703 ตามลำดับ จากการคัดเลือกโมเดลวันทดสอบรีเกรซชันร่วมกับฟังก์ชันการให้นม LeGendre function ในระยะการให้นมที่ 1 เพื่อนำไปปรับค่า heterogeneous variance โดยทำการจัดข้อมูลตามช่วงการให้นม (RRMHE1 และ RRMHE2), ตามการจัดการการให้อาหาร โคนม (RRMHE3) และตามวันทดสอบ (RRMHE4) และเปรียบเทียบกับ โมเดลวันทดสอบรีเกรซชันร่วมกับฟังก์ชันการให้นม LeGendre function (RRMLG1) พบว่ามีค่า R^2 สูงใกล้เคียงกัน, และค่า Pearson correlation และ Spearman rank correlation ของแม่พันธุ์ระหว่าง RRMLG1 กับ RRMHE1, RRMHE2 และ RRMHE3 มีค่าอยู่ในช่วง 0.644-0.716 และ 0.598-0.667 ตามลำดับ ดังนั้นการประมาณกราฟพันธุกรรมการให้น้ำนมจำเป็นต้องปรับ heterogeneous variance

A total of 113,261 test day records during 1995-2005 used in this study consisted of first, second, and third lactation of 42,245, 38,830 and 32,186 test day records, respectively. The variance components were estimated by restricted maximum likelihood (REML) and breeding values were predicted by best linear unbiased prediction (BLUP). The objectives of this study were to compare genetic parameters of milk production using Random Regression Test Day Model with three types of day in milk functions, which were Wilmink function, Wood function and LeGendre function. In addition, breeding values between first lactation and first three lactations were compared. The most appropriate model then will be tested for the necessary of adjusting for heterogeneous variance. It was found that Random Regression Test Day Model with LeGendre function was the most appropriate model based on R^2 and $-2\log L$. Comparison of breeding value between first lactation and first three lactation found that the Pearson and Spearman rank correlation in sire was in range of 0.860-0.936 and 0.827-0.913, respectively, and dam was in range of 0.645-0.762 and 0.495-0.703, respectively. R^2 from Random Regression Test Day Model with LeGendre function in first lactation adjusted for heterogeneous variance follow by stage of lactation (RRMHE1 and RRMHE2), stage of feed management (RRMHE3) and test day (RRMHE4) were highly, Pearson correlation and Spearman rank correlation in dam between RRMLG1 and RRMHE1, RRMHE2, RRMHE3 were 0.644-0.716 and 0.598-0.667 respectively. Consequently, the result for this study implied that it necessary to adjust heterogeneous variance for estimation genetic curve of milk production trait.