

บทที่ 5

วิจารณ์ผลการทดลอง

5.1 การวิเคราะห์เบื้องต้น

5.1.1 ค่าเฉลี่ยของลักษณะที่ศึกษา

จากผลการวิเคราะห์หาค่าเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของปริมาณน้ำนมรวมปรับที่ 305 วัน และปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ พบว่ามีค่าเท่ากับ $2,752 \pm 709$ กิโลกรัม และ 10.14 ± 3.93 กิโลกรัม ตามลำดับ ซึ่งใกล้เคียงกับรายงานการศึกษาของ พัทธินทร์ และคณะ (2534), กัลยา และคณะ (2538), กรรณิกา และคณะ (2542) ที่รายงานว่าปริมาณน้ำนมรวมปรับที่ 305 วัน มีค่าเท่ากับ $2,646 \pm 777.90$ $2,864.78$ $2,874 \pm 702.11$ กิโลกรัม ตามลำดับ โดยปริมาณน้ำนมเฉลี่ยต่อวันจะมีค่าสูงสุดในช่วงวันให้นมที่ 40-60 หลังคลอด ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Pander และคณะ (1992) และ Swalve (1995) ได้รายงานว่าจุดสูงสุดของปริมาณน้ำนมจะอยู่ในช่วงวันที่ 40 หลังคลอด ส่วน Jamrozik และ Schaeffer (1997) รายงานว่าจุดสูงสุดของปริมาณน้ำนมจะอยู่ระหว่างวันให้นมที่ 35 ถึง 50 หลังคลอด

5.1.2 อิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะที่ศึกษา

จากการศึกษาอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะปริมาณน้ำนมรวมปรับที่ 305 วัน พบว่า อิทธิพลคงที่ที่มีผลกระทบต่อลักษณะดังกล่าว ได้แก่ อิทธิพลของ ฝูง-ปี-ฤดูการคลอด ระดับเลือด ระยะการให้นม และอายุของแม่โค ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ วิโรจน์ (2530); เทียมพบ (2541); Ptak และคณะ (1993) ส่วนอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อลักษณะปริมาณน้ำนมในวันทดสอบได้แก่ อิทธิพลของ ฝูง-วันทดสอบ ระดับเลือด จำนวนวันให้นม ระยะการให้นม และอายุของแม่โค ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของหลายรายงานที่ผ่านมา (Meyer et al., 1989; Pander et al., 1992; Ptak และ Schaeffer, 1993; Schaeffer และ Jamrozik, 1996; Jamrozik และ Schaeffer, 1997; Wiggan, 1998) แต่สำหรับอิทธิพลของระดับเลือดหรือกลุ่มพันธุ์ จากการศึกษานี้ของ อังคณา (2541) รายงานว่าไม่มีอิทธิพลต่อการให้ผลผลิตน้ำนมซึ่งแตกต่างจากการศึกษาของ Acosta และคณะ (1998) ซึ่งรายงานว่าอิทธิพลของกลุ่มพันธุ์หรือระดับเลือดของโคนมลูกผสมระดับสายเลือดต่างๆ กันจะมีผลต่อปริมาณน้ำนมตลอดระยะการให้นมอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง

5.2 การวิเคราะห์ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

5.2.1 ค่าอัตราพันธุกรรม

จากการวิเคราะห์ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำมันในวันทดสอบ และปริมาณน้ำมันรวมปรับที่ 305 วัน ภายใต้ตัวแบบ FRM RRM MTM และ 305DLM พบว่า ค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้มีความแตกต่างกันตามตัวแบบ และฟังก์ชันของวันให้นมที่ใช้ ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้ในแต่ละตัวแบบพบว่ามีค่าแตกต่างกันเนื่องจาก รูปแบบสมการของแต่ละตัวแบบแตกต่างกัน โดยตัวแบบ 305DLM จะได้ค่าอัตราพันธุกรรมใกล้เคียงกับตัวแบบ FRM ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้เป็นค่าอัตราพันธุกรรมรวมของลักษณะปริมาณน้ำมัน ซึ่งรูปแบบสมการของตัวแบบ 305DLM จะมีการปรับเฉพาะส่วนของอิทธิพลที่มีผลกระทบต่อปริมาณน้ำมันเท่านั้น โดยไม่มีการใส่ฟังก์ชันวันให้นมในสมการ จึงส่งผลให้ค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้มีค่าค่อนข้างสูง ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ จันทร และคณะ (2540); เทียบพบ (2541); สายันห์ (2543) ส่วนรูปแบบสมการของตัวแบบ FRM จะมีการใส่ฟังก์ชันวันให้นมในส่วนของอิทธิพลคงที่ ส่วนอิทธิพลสุ่มทางพันธุกรรม และสภาพแวดล้อมถาวร จะไม่มีการใส่ฟังก์ชันวันให้นมในสมการ เมื่อดูรูปแบบสมการพบว่ามีความคล้ายคลึงกับตัวแบบ 305DLM ดังนั้นค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้ในทั้งสองตัวแบบจึงมีค่าใกล้เคียงกัน แต่ค่าอัตราพันธุกรรมในตัวแบบ FRM จะมีค่าน้อยกว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากตัวแบบ 305DLM เล็กน้อย ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Keown และ Van Vleck (1970); Wilmink (1987); Meyer และคณะ (1989); Pander และคณะ (1992); Swalve (1995); Poso และคณะ (1996) อ้างโดย Swalve (1998); Gengler และคณะ (1999) ที่รายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จากตัวแบบในวันทดสอบ จะมีค่าน้อยกว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จากตัวแบบในระยะการให้นมที่ 305 วัน แต่จะแตกต่างจากการศึกษาของ Strabel และ Szwaczkowski (1997) ซึ่งรายงานว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จากตัวแบบในวันทดสอบจะสูงกว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากตัวแบบในระยะการให้นมที่ 305 วัน สำหรับรูปแบบสมการที่ได้จากตัวแบบ RRM สามารถแบ่งออกเป็น 2 ตัวแบบย่อยคือตัวแบบ RRM1 และ RRM2 ซึ่งจะมีความแตกต่างกัน กล่าวคือ ในตัวแบบ RRM1 จะใส่ฟังก์ชันวันให้นมในส่วนของอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมของตัวสัตว์ แต่ในส่วนของอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวรจะไม่ใส่ฟังก์ชันของวันให้นม ส่วนตัวแบบ RRM2 จะใส่ฟังก์ชันวันให้นมในส่วนของอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมของตัวสัตว์ และสภาพแวดล้อมถาวร จากความแตกต่างดังกล่าวจึงทำให้ค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้มีความแตกต่างกัน โดยค่าอัตราพันธุกรรมในตัวแบบ RRM1 จะมีค่าสูงกว่าค่าอัตราพันธุกรรมในตัวแบบ RRM2 เนื่องจากฟังก์ชันวันให้นมที่ใส่ในอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมของตัวสัตว์ และสภาพแวดล้อมถาวร จะทำการปรับค่าภายในอิทธิพลดังกล่าวทำให้ค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้มีความละเอียดถูกต้องมากยิ่งขึ้น ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้ในวันทดสอบแรกจะมีค่าสูง และจะลดลงในวันทดสอบถัดไป ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Jamrozik และ Schaeffer (1997); Kettunen และคณะ (1998); Vargas และคณะ (1998); Kettunen และคณะ (1999); Rekaya และคณะ (1999); Guo และคณะ (2002) ซึ่งสามารถอธิบายได้ว่าในช่วงแรกของการให้นมอิทธิพลทางพันธุกรรมจะมีบทบาทมากกว่าอิทธิพลทางด้านสภาพแวดล้อมจึงส่งผลให้ค่าอัตราพันธุกรรมในวันทดสอบแรกมีค่าค่อนข้างสูง แต่เมื่อโคให้นมมาถึงจุดสูงสุดจะพบว่าการจัดการและสภาพแวดล้อมจะมีบทบาทมากกว่าอิทธิพลทางพันธุกรรมจึงส่งผลให้ค่าอัตราพันธุกรรมในช่วงวันทดสอบต่อมามีค่าต่ำกว่าในวันทดสอบแรก และจากรูปแบบสมการของตัวแบบ RRM ที่มีการใส่ฟังก์ชันวันให้นมในอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมของตัวสัตว์ จึงทำให้ตัวแบบ RRM สามารถประมาณค่าอัตราพันธุกรรมได้ตลอดระยะการให้นมในสัตว์ทุกตัวได้ สำหรับรูปแบบสมการของตัวแบบ MTM พบว่าไม่มีการใส่ฟังก์ชันวันให้นมในส่วนของอิทธิพล

ต่าง ๆ แต่จะกำหนดให้แต่ละวันทดสอบเป็นลักษณะแล้วนำมาวิเคราะห์พร้อมกัน หรือเรียกว่าการวิเคราะห์หลายลักษณะ (multiple trait) ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้มีค่าค่อนข้างต่ำในช่วงแรกของการให้นมแล้วจะสูงขึ้นในช่วงปลายของการให้นม โดยตัวแบบ MTM สามารถประมาณค่าอัตราพันธุกรรมตลอดระยะเวลาการให้นมได้เช่นเดียวกับตัวแบบ RRM แต่จะต้องใช้ค่าพารามิเตอร์ในการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมค่อนข้างมาก อีกทั้งเป็นตัวแบบที่ยากในการนำไปใช้ ดังนั้น การใช้ตัวแบบ MTM ในการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมจึงทำได้ยากกว่าตัวแบบอื่น

ค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จากตัวแบบ RRM พบว่ามีค่าสูงกว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จากตัวแบบ FRM และ MTM เนื่องจากตัวแบบ RRM ประกอบด้วยอิทธิพลของ ฝูง-วันทดสอบ ซึ่งมีการรวมความเปลี่ยนแปลงของสภาพแวดล้อมที่มีผลกระทบต่อแต่ละวันทดสอบระหว่างการให้นมไว้ในตัวแบบดังกล่าวด้วย ดังนั้นจึงทำให้ความแปรปรวนของส่วนที่เหลือลดลง Jamrozik และ Schaeffer (1997); Jamrozik และคณะ (1997); Swalve (1998) และเมื่อพิจารณาค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้ พบว่าอยู่ในช่วงที่ได้จากการตรวจเอกสาร คือ ตัวแบบ FRM มีค่าอยู่ในช่วง 0.17-0.30 ตัวแบบ RRM มีค่าอยู่ในช่วง 0.20-0.67 และตัวแบบ MTM มีค่าอยู่ในช่วง 0.04-0.43 ตามลำดับ สำหรับค่าอัตราพันธุกรรมรวมที่ 305 วันในแต่ละตัวแบบพบว่า ในตัวแบบ 305DLM และ RRM2 สามารถประมาณค่าอัตราพันธุกรรมได้ใกล้เคียงกันโดยมีค่าเท่ากับ 0.33 และ 0.44 ตามลำดับ แต่ค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จากตัวแบบ RRM1 เปรียบเทียบกับค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จากตัวแบบ 305DLM พบว่ามีค่าแตกต่างกันมากเนื่องจากตัวแบบ RRM1 มีค่าอัตราพันธุกรรมรวมที่ 305 วัน สูงเกินความเป็นจริงเนื่องจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อมส่วนหนึ่งไปรวมกับอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรม ส่วนตัวแบบ MTM พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมมีค่าต่ำที่สุดในทุก ๆ ตัวแบบ โดยการปรับด้วยค่าความแปรปรวนของแต่ละลักษณะอาจส่งผลให้ค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมมีค่าต่ำลง เนื่องจากการไม่ใส่ฟังก์ชันวันให้นมในสมการจึงทำให้การแบ่งส่วนของความแปรปรวนทางพันธุกรรมไม่ถูกต้อง

5.2.3 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมในแต่ละวันทดสอบภายใต้ตัวแบบ RRM และ MTM พบว่า จะมีค่าสูงในช่วงต้นของการให้นมและมีแนวโน้มลดลงตามช่วงห่างระหว่างวันทดสอบที่เพิ่มขึ้นซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Meyer et al., (1989); Pander et al., (1992); Rekaya (1999) โดยในตัวแบบ MTM ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏจะมีค่าน้อยกว่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและในส่วนของค่าสหสัมพันธ์ภายใต้ตัวแบบ RRM1 และ RRM2 ที่มีฟังก์ชันวันให้นมที่แตกต่างกัน พบว่าค่าสหสัมพันธ์ที่ได้จะมีค่าสูงในช่วงต้นของการให้นมและจะลดลงตามวันให้นมที่เพิ่มมากขึ้น สอดคล้องกับการศึกษาของ Brotherstone et al., (2000) แต่จะแตกต่างจากการศึกษาของ Tijani และคณะ (1999) ได้รายงานว่าค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมในช่วงต้นและช่วงท้ายของวันทดสอบจะมีค่าสูงเสมอ

5.3 ความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของตัวแบบวันทดสอบและตัวแบบการให้นมที่ 305 วัน

ความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากแต่ละตัวแบบ สามารถหาได้โดยการวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ซึ่งมีอยู่ 2 วิธีคือ Pearson correlation และ Spearman rank correlation พบว่าตัวแบบ 305DLM มีความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์กับตัวแบบ FRM มากกว่า 0.91 ทั้งนี้เนื่องจากรูปแบบสมการมีความคล้ายคลึงกันแต่เมื่อพิจารณาค่า negative log likelihood (-2LogL) ร่วมด้วยพบว่าค่าการผสมพันธุ์ที่ประมาณได้จากตัวแบบ FRM ยังมีความไม่ถูกต้องเมื่อเปรียบเทียบกับตัวแบบ RRM ซึ่งมีค่าสหสัมพันธ์อยู่ในช่วง 0.64-0.77 และมีค่า (-2LogL) น้อยกว่าในตัวแบบ FRM แต่อย่างไรก็ตามค่าสหสัมพันธ์ที่ได้จากทั้ง 2 วิธีแสดงให้เห็นว่าค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้จากตัวแบบที่ใช้บันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบกับตัวแบบที่ใช้บันทึกปริมาณน้ำนมรวมปรับที่ 305 วัน มีความสัมพันธ์กัน และสามารถใช้ตัวแบบในวันทดสอบทดแทนการใช้ตัวแบบ 305DLM ซึ่งใช้ประมาณค่าการผสมพันธุ์ในปัจจุบันได้ โดยสอดคล้องกับการศึกษาของ Ptak และ Schaeffer (1993); Swalve (1995) นอกจากนั้นการประเมินค่าการผสมพันธุ์โดยใช้ตัวแบบ RRM ยังสามารถทราบค่าการผสมพันธุ์ของการให้นมในสัตว์ทุกตัวได้ตลอดระยะเวลาการให้นม ซึ่งตัวแบบอื่นไม่สามารถทำได้ จึงเป็นข้อดีอย่างหนึ่งในการใช้พิจารณาคัดเลือกสัตว์ได้โดยไม่ต้องรอให้สัตว์หยุดรีดนม (Sherchand et al., 1995) ส่วนค่าสหสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ภายใต้ตัวแบบ MTM เปรียบเทียบกับตัวแบบอื่น พบว่ามีค่าต่ำมากหรือมีความสัมพันธ์กันของค่าการผสมพันธุ์น้อย ซึ่งอาจมีสาเหตุมาจากรูปแบบสมการในการประมาณค่าการผสมพันธุ์ประกอบกับการปรับด้วยค่าความแปรปรวนร่วมเนื่องจากแต่ละลักษณะไม่เหมาะสมกับข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบจึงทำให้ค่าการผสมพันธุ์ที่ประมาณได้แตกต่างไปตัวแบบอื่น

อย่างไรก็ตามการเปรียบเทียบค่าการผสมพันธุ์ด้วยความสัมพันธ์ไม่ได้ชี้ว่าตัวแบบไหนดีกว่ากันหรือถูกต้องกว่า แต่จะแสดงให้เห็นว่ามีความแตกต่างกันระหว่างตัวแบบในวันทดสอบกับตัวแบบในระยะการให้นมที่ 305 วัน แต่สิ่งที่จะบอกว่าตัวแบบใดเหมาะสมและประเมินค่าการผสมพันธุ์ได้ถูกต้องมากกว่าคือค่า negative log likelihood ($-2\log\text{L}$) (Jamrozik และ Schaeffer, 2000) ซึ่งหากค่าดังกล่าวมีค่าต่ำกว่าตัวแบบอื่นจะแสดงให้เห็นว่าตัวแบบนั้นสามารถประมาณค่าพารามิเตอร์ได้ถูกต้องมากกว่าตัวแบบอื่น แต่จะไม่เปรียบเทียบค่า -2LogL ระหว่างตัวแบบในวันทดสอบกับตัวแบบในระยะการให้นมที่ 305 วัน เนื่องจากข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์แตกต่างกัน

การประเมินค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละตัวแบบพบว่าค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จะแตกต่างกัน ซึ่งในตัวแบบ 305DLM พบว่าไม่สามารถหาค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละวันของการให้นมได้ ดังนั้นจึงไม่สามารถคัดเลือกสัตว์ในช่วงการให้นมที่ต้องการได้ และไม่ทราบว่าอิทธิพลของสภาพแวดล้อมที่มีผลกระทบต่อปริมาณน้ำนมในแต่ละวันว่ามีค่าเท่าใด ซึ่งหากใช้ตัวแบบดังกล่าวในการประมาณค่าการผสมพันธุ์จำเป็นจะต้องรอจนสัตว์หยุดรีดนมซึ่งเป็นการเสียเวลา (Wayne et al., 1977) สำหรับการประเมินค่าการผสมพันธุ์โดยใช้ตัวแบบ FRM พบว่ามีรูปแบบสมการคล้ายคลึงกับตัวแบบ 305DLM แต่จะมีการใส่ฟังก์ชันวันให้นมเข้าไปปรับในส่วนของอิทธิพลคงที่ ซึ่งจะทำให้ค่าการผสมพันธุ์มีความถูกต้องมากยิ่งขึ้น แต่อย่างไรก็ตามตัวแบบ FRM ก็ยังไม่สามารถประมาณค่าการผสมพันธุ์ของการให้นมในแต่ละวันได้ ดังนั้น Schaeffer และ Dekkers (1994); Jamrozik และคณะ (1997) จึงได้สร้างตัวแบบ RRM ขึ้นโดยจะแตกต่างจากตัวแบบ FRM คือมีการใส่ฟังก์ชันวันให้นมในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรม ซึ่งส่งผลให้สามารถประมาณค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละวันตลอดระยะเวลาการให้นมได้ ส่วนตัวแบบ MTM ก็สามารถประมาณค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละวันได้เช่นเดียวกับตัวแบบ RRM แตกต่างที่ตัวแบบ MTM จะใช้ค่าความแปรปรวนร่วมเข้ามาปรับแทนการใส่ฟังก์ชันวันให้นม

แต่ค่าการผสมพันธุ์ที่ได้ค่อนข้างแปรปรวนมาก ดังนั้นการใช้ตัวแบบ MTM จึงต้องพิจารณาถึงความจำเป็นในการใช้ประโยชน์

ค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากตัวแบบ RRM เมื่อนำไปสร้างเป็นกราฟพบว่ารูปร่างของกราฟค่าการผสมพันธุ์ในสัตว์แต่ละตัวจะแตกต่างกัน จากความแตกต่างกันของเส้นกราฟจึงสามารถนำไปใช้ในการคัดเลือกสัตว์ได้โดยสามารถคัดเลือกสัตว์โดยดูจากความสูงของเส้นกราฟก็จะสามารถคัดเลือกสัตว์ที่มีลักษณะการให้นมสูงสุดได้ (peak) หรือสามารถคัดเลือกสัตว์ที่มีค่าความคงทนของการให้นมสูงเก็บไว้ได้ (persistency) อย่างไรก็ตามหากต้องการคัดเลือกสัตว์ที่มีลักษณะการให้นมที่ดีรวมกับการมีค่าความคงทนของการให้นมสูง จึงควรใช้ดัชนีในการคัดเลือก (selection index) เข้ามาช่วยจะทำให้ได้สัตว์ที่มีลักษณะตามที่ต้องการได้ ส่วนวิธีการคำนวณค่าความคงทนของการให้นมที่เสนอไว้ทั้ง 4 วิธี พบว่าวิธีที่ 4 มีความเหมาะสมในการนำไปใช้ หากต้องคัดเลือกสัตว์ที่มีลักษณะการให้นมที่ดีรวมกับการมีค่าความคงทนของการให้นมสูง