

## บทที่ 3

### วิธีดำเนินการวิจัย

3.1 ข้อมูลที่ใช้ในการวิจัย เป็นข้อมูลจากโครงการส่งเสริมการเลี้ยงโคนม ตามแผนการปรับโครงสร้างและระบบการผลิตการเกษตรปี 2537-2539 มีการติดตามข้อมูลผลการเลี้ยงของเกษตรกรในโครงการ โดย อ.ส.ค. เป็นผู้ติดตามซึ่งกำหนดให้ติดตามข้อมูลจากเกษตรกรจำนวน 15 เปรอร์เซ็นต์ของโคในโครงการแต่ละจังหวัดที่สามารถติดตามผลได้

จำนวนโคนมที่ติดตามทั้งหมด 3,667 ตัว ใน 19 จังหวัดของโครงการได้แก่ จังหวัดอ่างทอง ลพบุรี สิงห์บุรี จันทบุรี สระแก้ว ชัยนาท เชียงใหม่ อุทัยธานี สุโขทัย พิจิตร เพชรบุรี สุราษฎร์ธานี พัทลุง นครราชสีมา สุโขทัย ขอนแก่น อุดรธานี เลย และสกลนคร มีจำนวนโค 2,458 ตัวที่มีบันทึกผลผลิตปริมาณน้ำนม 100 วัน จังหวัดนครราชสีมามีจำนวนโคในโครงการที่ติดตามข้อมูลมากที่สุด 650 ตัว และจังหวัดอ่างทองมีจำนวนโคในโครงการที่ติดตามข้อมูลน้อยที่สุด 29 ตัวดังในตารางที่ 3.1 เกษตรกรเข้าร่วมโครงการต้องการโคนมที่มีคุณสมบัติเป็นพันธุ์โคนมลูกผสมภายในประเทศที่มีระดับสายเลือดโคยุโรป แต่โคนมลักษณะดังกล่าวมีปริมาณไม่เพียงพอ ดังนั้นจึงมีการนำเข้าโคนมลูกผสม 62.5 ถึง 75.0 เปรอร์เซ็นต์ ส่วนใหญ่จากประเทศออสเตรเลีย และนิวซีแลนด์ ซึ่งสามารถแบ่งกลุ่มพันธุ์ออกเป็น 12 กลุ่มตามวิธีของ Vinter (1974) โดยกลุ่มสายพันธุ์ที่ 7 ที่มีระดับสายเลือดโคยุโรป 62.5 เปรอร์เซ็นต์มีจำนวนโคมากที่สุด 1,314 ตัว รองลงไปถึงกลุ่มสายพันธุ์ที่ 5 ที่มีระดับสายเลือดโคยุโรป 75.0 เปรอร์เซ็นต์จำนวน 624 ตัวดังในตารางที่ 3.2

ลักษณะของข้อมูลที่ใช้ในการประเมินคุณค่าทางพันธุกรรมครั้งนี้ เป็นข้อมูลโคนมแต่ละตัวที่มีหมายเลขระบุ ( ID ) โดยแสดงรายละเอียดของผลผลิตและปัจจัยต่างๆที่นำมาศึกษาได้ดังนี้ ปริมาณผลผลิตน้ำนมได้จากการสูมตัวอย่างผลผลิตน้ำนมเดือนละ 1 ครั้ง ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาเป็นปริมาณน้ำนมจริงที่ 100 วัน ส่วนปัจจัยต่างๆได้แก่ สถานที่จัดเก็บ โดยจะให้แต่ละจังหวัดเป็น 1 ฝูง ( herd ) ของโคนม ที่มีช่วงการเริ่มให้ผลผลิตในระยะให้นมที่ 1 ( 1<sup>st</sup> lactation ) โดยแบ่งข้อมูลออกตามเดือนและปีที่เริ่มให้ผลผลิต พร้อมทั้ง Sire ID และ Dam ID ที่เป็นหมายเลขของพ่อและแม่ของโคนมที่ให้ผลผลิตแต่ละตัว ซึ่งสามารถแยกเป็นพ่อพันธุ์โคนมที่มีถิ่นกำเนิดในประเทศสหรัฐอเมริกา 76 ตัว ไทย 61 ตัว ออสเตรเลีย 38 ตัว แคนาดา 21 ตัว นิวซีแลนด์ 31 ตัว ญี่ปุ่น 5 ตัว อังกฤษ 4 ตัว เดนมาร์ก 1 ตัว และไม่สามารถระบุประเทศได้จำนวน 46 ตัว รวมเป็นพ่อพันธุ์ที่ใช้ทั้งหมด 283 ตัว

ตารางที่ 3.1 แสดงปริมาณผลผลิตน้ำนมเฉลี่ย 100 วันของเขตการส่งเสริมการเลี้ยงโคนมแยกตาม  
จังหวัดที่มีการติดตามข้อมูล

เขต	จังหวัด	จำนวนโคนม ที่มีการติดตามข้อมูล (ตัว)	จำนวนโคนม ที่มีผลผลิตน้ำนม (ตัว)	ค่าเฉลี่ย $\pm$ SD ของผล ผลิตน้ำนม 100 วัน (กก.)
1	อ่างทอง	29	20	1,329 $\pm$ 289
	ลพบุรี	59	19	1,083 $\pm$ 209
	สิงห์บุรี	92	14	1,245 $\pm$ 240
	จันทบุรี	188	173	989 $\pm$ 273
	สระแก้ว	361	339	1,071 $\pm$ 299
2	ชัยนาท	100	77	1,141 $\pm$ 286
	เชียงใหม่	397	356	852 $\pm$ 299
	อุทัยธานี	157	118	1,020 $\pm$ 301
	สุโขทัย	337	80	1,015 $\pm$ 261
	พิจิตร	49	8	1,008 $\pm$ 414
3	เพชรบุรี	253	107	1,030 $\pm$ 287
	สุราษฎร์ธานี	100	10	856 $\pm$ 212
	พัทลุง	69	19	812 $\pm$ 224
4	นครราชสีมา	650	532	1,046 $\pm$ 291
	บุรีรัมย์	195	162	857 $\pm$ 238
	ขอนแก่น	193	179	889 $\pm$ 285
	อุดรธานี	214	117	905 $\pm$ 327
	เลย	153	63	1,086 $\pm$ 239
	สกลนคร	71	65	956 $\pm$ 256
รวม 19 จังหวัด		3,667 ตัว	2,458 ตัว	987 $\pm$ 302

หมายเหตุ SD = ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน

ตารางที่ 3.2 แสดงปริมาณผลผลิตน้ำนมเฉลี่ย 100 วันตามกลุ่มสายพันธุ์โคนมที่มีระดับเปอร์เซ็นต์ของระดับเลือดโคยุโรป

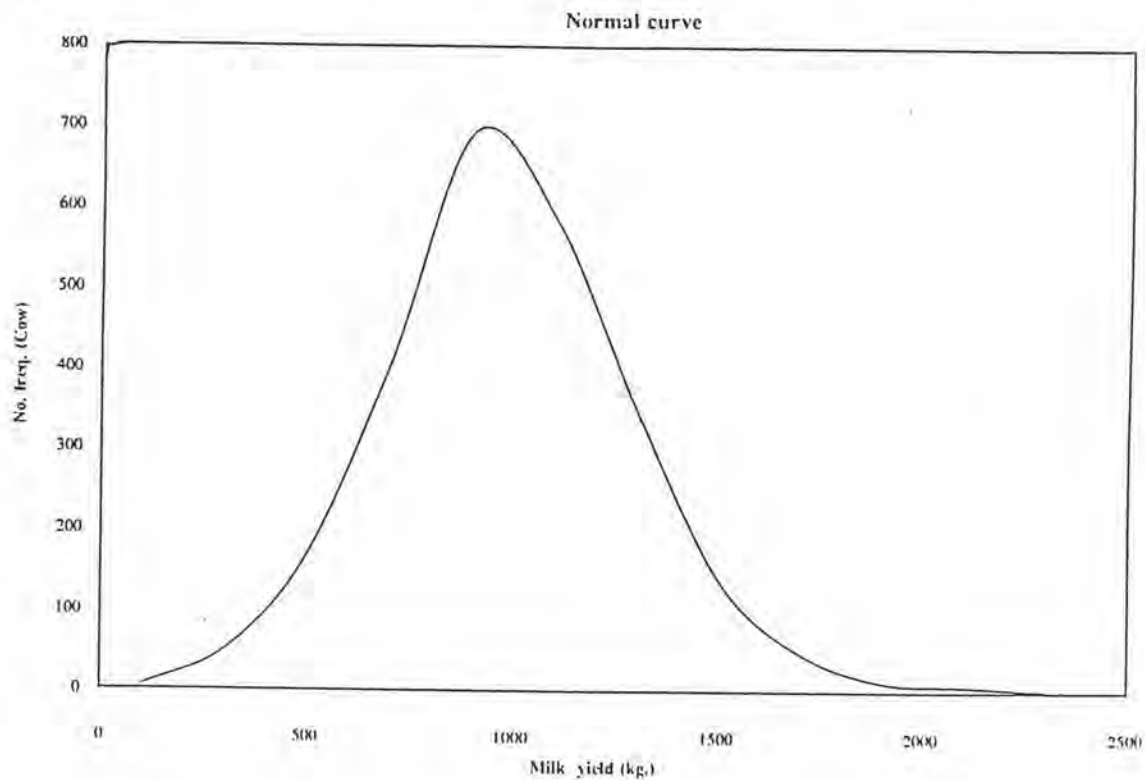
กลุ่มสายพันธุ์ที่	ช่วงเปอร์เซ็นต์ของระดับเลือดโคยุโรป	จำนวนโคนมในโครงการ (ตัว)	จำนวนโคนมที่มีผลผลิตน้ำนม (ตัว)	ค่าเฉลี่ย $\pm$ SD ของผลผลิตน้ำนม 100 วัน (กก.)
1	100%	3	2	1,407 $\pm$ 120
2	>87.5% - <100.0%	128	83	1,081 $\pm$ 320
3	87.5%	271	185	1,021 $\pm$ 278
4	>75.0% - <87.5%	91	53	1,067 $\pm$ 271
5	75.0%	624	481	999 $\pm$ 296
6	>62.5% - <75.0%	33	16	977 $\pm$ 236
7	62.5%	1,314	1,020	928 $\pm$ 296
8	>50.0% - <62.5%	1	1	623 $\pm$ -
9	50.0%	4	1	1,327 $\pm$ -
	รวม	2,501 ตัว	1,842 ตัว	968 $\pm$ 298

หมายเหตุ SD = ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน

3.2 การวิเคราะห์ทางสถิติ เนื่องจากข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาเป็นข้อมูลที่เก็บมาจากภาคสนาม (field data) ซึ่งปัจจัยต่างๆของสิ่งแวดล้อมและพันธุกรรมมีอิทธิพลต่อลักษณะปริมาณน้ำนม 100 วัน ที่ศึกษาลักษณะข้อมูลรวบรวมจากจังหวัดต่างๆที่มี ปี เดือน ที่โคนมให้ผลผลิตที่ แตกต่างกัน อีกทั้งจำนวนข้อมูลในแต่ละชั้นของปัจจัยต่างๆก็ไม่เท่ากัน การศึกษาครั้งนี้จึงวิเคราะห์ข้อมูลด้วยแบบหุ่นแบบผสมเชิงเส้นตรง ทำการวิเคราะห์หองค์ประกอบความแปรปรวนด้วยวิธี REML โดยโปรแกรมสำเร็จรูป Multiple Traits Derivative Free Restricted Maximum Likelihood หรือ MTDFREML ( Boldman และคณะ , 1993 ) และวิเคราะห์คุณค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี BLUP โดยโปรแกรมสำเร็จรูป PEST ( Groeneveld , 1990 ) และทำการเปรียบเทียบคุณค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ที่มีแหล่งกำเนิดต่างกัน หรือเปรียบเทียบคุณค่าการผสมของ โคนมที่ให้ผลผลิตที่มีกลุ่มสายพันธุ์ที่มีระดับสายโคยุโรปแตกต่างกัน โดยใช้วิธีนอนพารามตริกด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป SAS ( Statistical Analysis System , 1985 )

3.2.1 การตรวจสอบการกระจายของข้อมูล เนื่องจากการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนด้วยวิธี REML มีข้อกำหนดว่าข้อมูลที่นำมาวิเคราะห์ให้มีการกระจายปกติ ( normal distribution ) ดังนั้นก่อนทำการวิเคราะห์หาความแปรปรวน จึงทำการทดสอบการกระจายของข้อมูล โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป SAS ด้วยชุดคำสั่ง PROC UNIVARIATE พบว่าข้อมูลที่ใช้ในการศึกษามีการกระจายแบบปกติ ดังแสดงในรูปที่ 3.1

รูปที่ 3.1 กราฟแสดงการกระจายข้อมูลของลักษณะปริมาณน้ำนมที่ผลผลิต 100 วัน ที่มีการกระจายแบบปกติ



3.2.2 แบบหุ่น Animal Model การวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะปริมาณผลผลิตน้ำนมที่ทำการศึกษา เพื่อจะนำไปใช้ในการประมาณคุณค่าการผสมพันธุ์ ได้ทำการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนด้วยวิธี REML เป็นการวิเคราะห์คร่าวละลักษณะ สามารถจำแนกออกเป็นปัจจัยคงที่และปัจจัยสุ่ม ดังมีแบบหุ่นทางสถิติ ( Statistical Model ) ดังนี้

$$Y_{ijk} = \mu + HYS_i + BG_j + A_{ijk} + e_{ijk} \dots\dots\dots ( 10 )$$

เมื่อ	$Y_{ijk}$	=	ลักษณะปริมาณน้ำนมที่แจกแจงตาม HYS ที่ $i$ ระดับเปอร์เซ็นต์สายเลือด BG ที่ $j$ ของโคนมตัวที่ $k$
	$\mu$	=	ค่าเฉลี่ยของลักษณะปริมาณน้ำเป็นอิทธิพลร่วมที่ค่าสังเกตทุกค่าได้รับ
	$HYS_i$	=	อิทธิพลคงที่ของจังหวัด-ปี-ฤดูกาล ที่ให้ผลผลิตที่ $i$ , $i = 1, 2, \dots, 684$
	$BG_j$	=	อิทธิพลคงที่ของระดับเปอร์เซ็นต์สายเลือดของโคยุโรปที่ $j$ , $j = 1, 2, \dots, 12$
	$A_{ijk}$	=	อิทธิพลสุ่มเนื่องจากโคนมตัวที่ $k$ ใน จังหวัด-ปี-ฤดูกาล ที่ให้ผลผลิตที่ $i$ มีระดับเปอร์เซ็นต์สายเลือดที่ $j$ , $k = 1, 2, \dots, 3667$ โดยที่ $A_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma_a^2)$
	$e_{ijk}$	=	อิทธิพลสุ่มอื่นๆที่ค่าสังเกตแต่ละค่าได้รับ โดยที่ $e_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$

3.2.3 การหาองค์ประกอบความแปรปรวนของตัวสัตว์ (variance of animal =  $\sigma_a^2$ ) และองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน (variance of error =  $\sigma_e^2$ ) ค่าความแปรปรวนที่ได้จะนำมาใช้ในการคำนวณหาคุณค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี Best Linear Unbiased Prediction แบ่งการคำนวณเป็น 3 ขั้นตอนคือ

ก. จากข้อมูลสร้างเมตริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ พร้อมกับการทำอินเวอร์สเมตริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ ( $A^{-1}$ )

ข. เตรียมข้อมูล จากแบบหุ้न Animal model สำหรับการคำนวณและใช้สร้างแบบหุ้นแบบผสมที่มีแบบหุ้นทั่วไป (general model) ดังนี้

$$\underline{y} = \underline{X}\underline{\beta} + \underline{Z}\underline{u} + \underline{e} \quad \dots\dots\dots (11)$$

โดยที่  $\underline{y}$  = เวกเตอร์ (vector) ของลักษณะปริมาณน้ำนม  
 $\underline{X}$  = เมตริกซ์ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับปัจจัยคงที่ ที่ประกอบด้วยค่าเฉลี่ยของอิทธิพลร่วม 1 ระดับ อิทธิพลของจังหวัด-ปี-ฤดูกาล 684 ระดับและอิทธิพลของระดับ เปอร์เซ็นต์สายเลือดโคยุโรป 12 ระดับ (incident matrix) มีขนาด 3667 x 697

- $\beta$  = เวกเตอร์ของปัจจัยคงที่ ที่ไม่ทราบค่า มีขนาด  $697 \times 1$   
 $Z$  = เมตริกที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับปัจจัยสุ่ม ซึ่งเป็นปัจจัย  
 เนื่องจากอิทธิพลของตัวโคมี 3667 ระดับ ( incident matrix ) มีขนาด  
 $3667 \times 3667$   
 $u$  = เวกเตอร์ของค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์แต่ละตัว มีขนาด  $3667 \times 1$   
 โดยที่  $u \sim \text{IID} ( 0 , A\sigma_u^2 )$   
 $\varepsilon$  = เวกเตอร์ของความคลาดเคลื่อน ( error ) โดยที่  $\varepsilon \sim \text{IID} ( 0 , I\sigma_e^2 )$

เมื่อผลลัพธ์ที่ได้จากการวิเคราะห์จะให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ( standard deviation หรือ SD ) ของข้อมูลในแต่ละลักษณะที่ทำการศึกษา ซึ่งค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานยกกำลังสองเท่ากับค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ  $( SD )^2 = \sigma_p^2$

ค. คำนวณองค์ประกอบความแปรปรวน เพื่อหาค่าสูงสุด ในขั้นตอนนีโปรแกรมต้องการค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมหรือค่าความแปรปรวนของตัวสัตว์ ( variance of animal ,  $\sigma_a^2$  ) สำหรับเริ่มต้น การคำนวณครั้งนี้ใช้ค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการทบทวนเอกสาร คือ ลักษณะปริมาณผลผลิตน้ำนมมีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.25 ( Wilcox , 1992 ) เป็นค่าเริ่มต้น โดยคำนวณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรม เพื่อใช้ในการเริ่มต้นคำนวณ จากสูตรการคำนวณค่าอัตราพันธุกรรมของ Falconer และ Mackay ( 1996 ) ดังนี้

$$h^2 = \sigma_a^2 / \sigma_p^2 \quad \text{จะได้} \quad \sigma_a^2 = h^2 \sigma_p^2 \dots\dots\dots ( 12 )$$

แล้วนำค่า  $\sigma_a^2$  ที่คำนวณได้เป็นค่าเริ่มต้น และกำหนดให้โปรแกรมหยุดการคำนวณเมื่อค่าความแปรปรวนที่ได้จากการคำนวณแต่ละซ้ำ ( iteration ) มีจำนวนรอบเท่ากับ 1000 รอบ หรือมีค่าความแปรปรวนที่ได้ variance simplex มีค่าเท่ากับ  $10^{-9}$  เพื่อจะได้ประหยัดเวลาในการคำนวณและให้ค่าผลลัพธ์ขององค์ประกอบความแปรปรวนของตัวสัตว์และความคลาดเคลื่อนที่ได้มีค่าน่าเชื่อถือ

3.2.4 การประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ สามารถทำได้พร้อมกับการวิเคราะห์อิทธิพลของปัจจัยคงที่ โดยใช้วิธี BLUP ซึ่งคำนวณหาผลลัพธ์ของแบบหุ่นแบบผสม โดยใช้วิธี Gauss-Seidel iteration ในการคำนวณครั้งนี้ใช้ค่าความแปรปรวนที่คำนวณได้จากโปรแกรมสำเร็จรูป MTDFREML ทำการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ โดยใช้แบบหุ่น Animal model สำหรับลักษณะปริมาณผลผลิตน้ำนมที่

100 วัน โดยกำหนดให้โปรแกรมหยุดการคำนวณเมื่อผลลัพธ์ในแต่ละรอบของการคำนวณที่ติดกันมีค่าต่างกันไม่เกิน  $0.001$  หรือ  $1 \times 10^{-3}$  ( Schaffer , 1992 )

3.2.5 การเปรียบเทียบคุณค่าการผสมพันธุ์ คุณค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์โคนมที่ใช้ในโครงการที่ผลิตขึ้นในประเทศไทย เปรียบเทียบกับพ่อพันธุ์ที่มีแหล่งกำเนิดจากต่างประเทศ หรือโคนมที่ให้ผลผลิตมีเปอร์เซ็นต์ระดับสายเลือดโคยุโรปต่างๆกัน มีค่าเฉลี่ยของค่าคุณค่าการผสมพันธุ์แตกต่างกันหรือไม่ โดยใช้วิธีวิเคราะห์แบบนอนพารามตริก โดยวิธีของคริสครัล-วอลลิส ซึ่งเป็นวิธีวิเคราะห์ความแปรปรวน โดยมีหลักเกณฑ์ว่า

ก. คุณค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ของแต่ละประเทศ หรือโคนมแต่ละกลุ่มที่มีเปอร์เซ็นต์ระดับสายเลือดโคยุโรปต่างกัน สามารถจัดให้อยู่ในรูปของลำดับที่ได้

ข. ค่าคุณค่าการผสมพันธุ์มีลักษณะข้อมูลเป็นตัวแปรต่อเนื่อง แต่มีการกระจายแบบไม่เป็นปกติ

ค. ค่าคุณค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์แต่ละประเทศ หรือแม่โคนมที่ให้ผลผลิตแต่ละกลุ่มที่มีเปอร์เซ็นต์ระดับสายเลือดโคยุโรปต่างกัน เป็นกลุ่มตัวอย่างที่มีอิสระจากกัน ( จรัญ จันทลักษณ์ และอนันต์ เขื่อนธรรม , 2529 ) ซึ่งมีสมมุติฐานในการพิสูจน์ดังนี้

$H_0$  : พ่อพันธุ์ของโคนมที่ใช้ในโครงการมีแหล่งกำเนิดจาก 5 ประเทศ มีค่าเฉลี่ยของอันดับค่าคุณค่าการผสมพันธุ์แต่ละประเทศเท่ากัน หรือแม่โคนมที่ให้ผลผลิตในโครงการที่มีระดับเลือดโคยุโรปแตกต่างกัน มีค่าเฉลี่ยของอันดับค่าคุณค่าการผสมพันธุ์แต่ละกลุ่มสายพันธุ์เท่ากัน

$H_1$  : พ่อพันธุ์ของโคนมที่ใช้ในโครงการที่มีแหล่งกำเนิดต่างกัน มีค่าเฉลี่ยของอันดับค่าคุณค่าการผสมพันธุ์ไม่เท่ากัน หรือแม่โคนมที่ให้ผลผลิตมีกลุ่มสายพันธุ์ที่แตกต่างกัน มีค่าเฉลี่ยของอันดับค่าคุณค่าการผสมพันธุ์ไม่เท่ากัน

สูตรที่ใช้ในการทดสอบ

$$H = \frac{12}{n(n+1)} \sum_{j=1}^k R_j^2 / n_j - 3(n+1) \dots\dots\dots ( 13 )$$

เมื่อ  $H$  = เป็นพ่อพันธุ์ของแต่ละประเทศ หรือกลุ่มเปอร์เซ็นต์ระดับสายเลือดโคยุโรปที่ต่างกัน ที่มีค่าเฉลี่ยของอันดับเท่ากันหรือไม่

$k$  = เป็นพ่อพันธุ์แต่ละประเทศ หรือจำนวนกลุ่มเปอร์เซ็นต์ระดับสายเลือดโคยุโรปที่ต่างกัน

- $n$  = เป็นจำนวนข้อมูลรวมของทุกกลุ่ม
- $R_j$  = เป็นผลบวกของอันดับคุณค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์แต่ละประเทศ หรือเป็นผลบวกของอันดับคุณค่าการผสมพันธุ์โคนมแต่ละกลุ่มสายพันธุ์ที่มีเปอร์เซ็นต์ระดับสายเลือดโคยุโรปที่ต่างกัน
- $n_i$  = เป็นจำนวนข้อมูลของพ่อพันธุ์แต่ละประเทศ หรือจำนวนข้อมูลในแต่ละกลุ่มเปอร์เซ็นต์ระดับสายเลือดโคยุโรปที่ต่างกัน

กลุ่มตัวอย่างมีขนาดใหญ่ ก็จะมีการกระจายเป็นแบบไคสแควร์ ( $\chi^2$  distribution) โดยประมาณ ถ้าค่าเฉลี่ยของอันดับของคุณค่าการผสมพันธุ์ไม่เท่ากันของพ่อพันธุ์แต่ละประเทศ หรือแต่ละกลุ่มเปอร์เซ็นต์ระดับสายเลือดโคยุโรป เมื่อนั้นจะไม่ยอมรับ  $H_0$  โดยค่า  $H$  ที่ได้มีค่ามากกว่าไคสแควร์ จากตารางที่  $df = k-1$  ตามระดับนัยสำคัญที่กำหนด ( อำนวย เลิศขันธ์ , 2539 )