

บทที่ 3

วิธีดำเนินการศึกษา

3.1 แหล่งที่มาของข้อมูล

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ เป็นข้อมูลจากระเบียนประจำตัวโคนม (พท.1) ซึ่งแสดงรายละเอียดและข้อมูลต่างๆ ที่เกี่ยวข้องกับประวัติของโคแต่ละตัว เช่น ประวัติการผสมเทียม ประวัติสุขภาพ การเลี้ยงและการจัดการโดยทั่วไปในฟาร์ม โคจะถูกเลี้ยงไว้ในโรงเรือนอย่างอิสระ และมีการให้อาหารหยاب และเสริมด้วยอาหารข้นภายในโรงเรือน รีดนมวันละ 2 ครั้งเช้าและเย็น ในโรงรีดนมด้วยเครื่องรีดอัตโนมัติ ข้อมูลปริมาณน้ำนมบันทึกโดยเกษตรกรเป็นรายวัน ข้อมูลเหล่านี้ได้จากการเก็บข้อมูลจากฟาร์มของเกษตรกรเป็นรายฟาร์มโดยตรง ในเขตสหกรณ์โคนมอำเภอไชยปราการ จังหวัดเชียงใหม่ โดยอาศัยการถ่ายเอกสารข้อมูลเพื่อป้องกันการสูญหายของระเบียนประจำตัวโค บันทึกข้อมูลที่เก็บรวบรวมได้เป็นฐานข้อมูลเพื่อใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูล

3.2 โครงสร้างของข้อมูล

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ เป็นข้อมูลที่เก็บรวบรวมจากประชากรโคนมลูกผสมพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเชียน ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2549 ถึง พ.ศ. 2552 ที่ถูกเลี้ยงโดยเกษตรกรรายย่อย ในเขตอำเภอไชยปราการ จังหวัดเชียงใหม่ ข้อมูลประกอบไปด้วย ชื่อเจ้าของฟาร์ม ชื่อโค หมายเลขโค วัน-เดือน-ปีที่เกิด ระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเชียน (เปอร์เซ็นต์) หมายเลขพ่อพันธุ์ หมายเลขแม่พันธุ์ หมายเลขตา หมายเลขขาย ลำดับการคลอดลูก วัน-เดือน-ปีที่ผสมครั้งแรก วัน-เดือน-ปีที่ผสมติด วัน-เดือน-ปีที่คลอด ลำดับการให้นม ปริมาณน้ำนมรวมเป็นรายตัวตลอดระยะเวลาการให้นม (กิโลกรัม) ปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน (กิโลกรัม) จำนวนวันให้นม (วัน) จำนวนครั้งการผสม อายุเมื่อคลอด (วัน) ช่วงห่างการให้ลูก (วัน) และจำนวนวันที่ท้องว่าง (วัน)

3.3 ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา

ข้อมูลที่ใช้ประกอบด้วยรายละเอียดต่างๆ สามารถแยกได้เป็น 2 แฟ้มข้อมูล ดังนี้

3.3.1 ข้อมูลเกี่ยวกับลักษณะต่างๆ (data file)

- หมายเลขประจำตัวโค
- ระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียน (แบ่งออกเป็น 5 กลุ่ม ดังนี้ กลุ่มที่ 1 (≤ 50 % HF) กลุ่มที่ 2 (50.01-75.00 % HF) กลุ่มที่ 3 (75.01-87.50 % HF) กลุ่มที่ 4 (87.51-93.75 % HF) และกลุ่มที่ 5 (93.76-100 % HF)
- วัน เดือน ปีเกิด
- วัน เดือน ปีที่คลอดลูก
- ลำดับการให้นม (ลำดับที่ 1-7)
- ข้อมูลลักษณะการผลิต
 - ปริมาณน้ำนมรวม (กิโลกรัม)
 - ปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน (กิโลกรัม)
 - จำนวนวันให้นม (วัน)
- ข้อมูลลักษณะการสืบพันธุ์
 - อายุเมื่อคลอด (วัน)
 - จำนวนวันที่ท้องว่าง (วัน)
 - ช่วงห่างของการให้ลูก (วัน)

3.3.2 ข้อมูลพันธุ์ประวัติ (pedigree file)

- หมายเลขประจำตัวโค
- หมายเลขพ่อพันธุ์โคนม
- ระดับสายเลือดพ่อพันธุ์
- หมายเลขแม่พันธุ์โคนม
- ระดับสายเลือดแม่พันธุ์

3.4 การจัดการข้อมูล

ข้อมูลที่ได้รับรวบรวมจากระเบียนประวัติโคนม ตั้งแต่ปีพ.ศ. 2549 ถึง พ.ศ. 2552 มีจำนวนทั้งหมด จำนวน 7,324 ข้อมูล จาก 184 ฟาร์ม แบ่งเป็น พ่อพันธุ์ 405 ตัว แม่พันธุ์ 4,470 ตัว แกะไข ข้อมูลที่ผิดพลาดและลบข้อมูลที่สูงหรือต่ำผิดปกติออกเพื่อให้ได้ข้อมูลที่ถูกต้องในการวิเคราะห์ ข้อมูล ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูปทางสถิติ โดยข้อมูลลักษณะการผลิต ได้แก่ ปริมาณน้ำนมรวม และ ปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน ทำการตัดข้อมูลที่นำมาใช้ในการวิเคราะห์ให้มีบันทึกอยู่ช่วงปริมาณ น้ำนม 1,133 ถึง 9,745 กิโลกรัม จำนวนวันให้นม มีจำนวนวันให้นมอยู่ในช่วง 180 ถึง 453 วัน จำนวนวันท้องว่าง อยู่ในช่วง 45 ถึง 240 วัน ช่วงห่างของการให้ลูกอยู่ในช่วง 318 ถึง 525 วัน หลังจากเลือกข้อมูลให้มีความถูกต้องเพิ่มขึ้นพบว่า ปริมาณน้ำนมรวม ปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน และ จำนวนวันให้นมมีจำนวน 1,676 บันทึก อายุเมื่อคลอด จำนวนวันท้องว่างจำนวน และช่วงห่าง การให้ลูกมีจำนวน 7,760 บันทึก

3.5 โมเดลที่ใช้ในการวิเคราะห์

3.5.1 โมเดลสำหรับการทดสอบหาปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะที่ศึกษา

โมเดลสำหรับวิเคราะห์ปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อลักษณะปริมาณน้ำนมรวม ปริมาณน้ำนมปรับ ที่ 305 วัน ช่วงห่างการให้ลูก และจำนวนวันท้องว่าง คือ

1) ลักษณะปริมาณน้ำนมรวม

ตารางที่ 6 โมเดลที่ใช้ในการทดสอบปัจจัยคงที่ และตัวแปรร่วมของลักษณะปริมาณน้ำนมรวม

ปัจจัย	โมเดล						
	1	2	3	4	5	6	7
<u>ปัจจัยคงที่</u>							
ฝูง	✓	✓	✓	-	-	-	-
ปีที่คลอด	✓	✓	-	-	-	-	✓
ฤดูกาลที่คลอด	✓	-	✓	-	-	-	-
ลำดับการให้นม	-	✓	-	✓	-	✓	✓
กลุ่มระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียน	-	-	✓	✓	✓	-	-
<u>ตัวแปรร่วม</u>							
จำนวนวันให้นม	-	-	-	✓	✓	-	-
จำนวนวันที่ว่าง	-	-	-	-	✓	✓	-
ช่วงห่างการให้ลูก	-	-	-	-	-	✓	✓

2) ลักษณะปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน

ตารางที่ 7 โมเดลที่ใช้ในการทดสอบปัจจัยคงที่ และตัวแปรร่วมของลักษณะปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน

ปัจจัย	โมเดล						
	1	2	3	4	5	6	7
<u>ปัจจัยคงที่</u>							
ฝูง	✓	✓	-	-	✓	-	-
ปีที่คลอด	✓	✓	-	✓	-	-	-
ฤดูกาลที่คลอด	✓	-	✓	-	-	✓	-
ลำดับการให้นม	-	-	✓	✓	-	-	✓
กลุ่มระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียน	-	✓	✓	✓	-	✓	-
<u>ตัวแปรร่วม</u>							
จำนวนวันที่ว่าง	-	-	-	-	✓	✓	✓
ช่วงห่างการให้ลูก	-	-	-	-	✓	-	✓

3) ลักษณะจำนวนวันที่ต้องว่าง

ตารางที่ 8 โมเดลที่ใช้ในการทดสอบปัจจัยคงที่ และตัวแปรร่วมของลักษณะจำนวนวันที่ต้องว่าง

ปัจจัย	โมเดล						
	1	2	3	4	5	6	7
<u>ปัจจัยคงที่</u>							
ฝูง	✓	✓	-	✓	-	-	-
ปีที่คลอด	✓	✓	✓	-	-	-	-
ฤดูกาลที่คลอด	✓	-	✓	-	✓	-	-
ลำดับการให้นม	-	✓	-	-	✓	-	✓
กลุ่มระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียน	-	-	✓	✓	-	✓	-
<u>ตัวแปรร่วม</u>							
อายุเมื่อคลอด	-	-	-	✓	-	✓	✓
ช่วงห่างการให้ลูก	-	-	-	-	✓	✓	✓

4) ลักษณะช่วงห่างการให้ลูก

ตารางที่ 9 โมเดลที่ใช้ในการทดสอบปัจจัยคงที่ และตัวแปรร่วมของลักษณะช่วงห่างการให้ลูก

ปัจจัย	โมเดล						
	1	2	3	4	5	6	7
<u>ปัจจัยคงที่</u>							
ฝูง	✓	✓	-	-	-	-	✓
ปีที่คลอด	✓	✓	-	-	✓	-	-
ฤดูกาลที่คลอด	✓	-	✓	-	-	✓	-
ลำดับการให้นม	-	✓	✓	-	✓	-	-
กลุ่มระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียน	-	-	✓	✓	-	✓	-
<u>ตัวแปรร่วม</u>							
อายุเมื่อคลอด	-	-	-	✓	-	✓	✓
ช่วงห่างการให้ลูก	-	-	-	✓	✓	-	✓

3.5.2 โมเดลสำหรับการวิเคราะห์ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

1) โมเดลสำหรับการวิเคราะห์ลักษณะปริมาณน้ำนมรวม

$$Y_{ijkl} = \mu + s_i + HFG_j + L_k + a_l + e_{ijkl}$$

Y_{ijkl}	=	ลักษณะปริมาณน้ำนมรวม
μ	=	ค่าเฉลี่ยของลักษณะปริมาณน้ำนมรวม
s_i	=	อิทธิพลคงที่ของฤดูกาลที่คลอด
HFG_j	=	อิทธิพลคงที่ของกลุ่มสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียนกลุ่มที่ 1 (≤ 50 % HF) กลุ่มที่ 2 (50.00-75.00 % HF) กลุ่มที่ 3 (75.01-87.50 % HF) กลุ่มที่ 4 (87.51-93.75 % HF) กลุ่มที่ 5 (93.76-100 % HF) ($j=1, \dots, 5$)
L_k	=	อิทธิพลคงที่ของระยะการให้นม ($k=1, \dots, 7$)
a_l	=	อิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ที่ 1
e_{ijkl}	=	อิทธิพลสุ่มอื่นๆ ที่ค่าสังเกตได้รับ

2) โมเดลสำหรับการวิเคราะห์ลักษณะปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน

$$Y_{ijkl} = \mu + s_i + HFG_j + b_1(do)_{ijkl} + a_k + e_{ijkl}$$

Y_{ijkl}	=	ปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน
μ	=	ค่าเฉลี่ยของลักษณะปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน
s_i	=	อิทธิพลคงที่ของฤดูกาลที่คลอด
HFG_j	=	อิทธิพลคงที่ของกลุ่มสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียนกลุ่มที่ 1 (≤ 50 % HF) กลุ่มที่ 2 (50.00-75.00 % HF) กลุ่มที่ 3 (75.01-87.50 % HF) กลุ่มที่ 4 (87.51-93.75 % HF) กลุ่มที่ 5 (93.76-100 % HF) ($j=1, \dots, 5$)
$b_1(do)_{ijkl}$	=	สัมประสิทธิ์การถดถอยเชิงเส้นของสมการเส้นตรงของจำนวนวันท้องว่าง
a_l	=	อิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ที่ 1
e_{ijkl}	=	อิทธิพลสุ่มอื่นๆ ที่ค่าสังเกตได้รับ

3) โมเดลสำหรับการวิเคราะห์ลักษณะช่วงห่างการให้ลูก

$$Y_{ijklm} = \mu + h_i + y_j + HFG_k + b_2(ac)_{ijklm} + a_l + e_{ijklm}$$

Y_{ijklm}	=	ลักษณะช่วงห่างการให้ลูก
μ	=	ค่าเฉลี่ยของลักษณะช่วงห่างการให้ลูก
h_i	=	อิทธิพลคงที่ของฝูง
y_j	=	อิทธิพลคงที่ของปีที่คลอด
HFG_k	=	อิทธิพลคงที่ของกลุ่มสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียนกลุ่มที่ 1 (≤ 50 % HF) กลุ่มที่ 2 (50.00-75.00 % HF) กลุ่มที่ 3 (75.01-87.50 % HF) กลุ่มที่ 4 (87.51-93.75 % HF) กลุ่มที่ 5 (93.76-100 % HF) ($k=1, \dots, 5$)
$b_2(ac)_{ijklm}$	=	สัมประสิทธิ์การถดถอยเชิงเส้นของสมการเส้นตรงของอายุเมื่อคลอด
a_l	=	อิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ที่ 1
e_{ijklm}	=	อิทธิพลสุ่มอื่นๆ ที่ค่าสังเกตได้รับ

4) โมเดลสำหรับการวิเคราะห์ลักษณะจำนวนวันท้องว่าง

$$Y_{ijklm} = \mu + h_i + y_j + s_k + HFG_l + a_m + e_{ijklm}$$

โดยที่

Y_{ijklm}	=	ลักษณะจำนวนวันท้องว่าง
μ	=	ค่าเฉลี่ยของลักษณะจำนวนวันท้องว่าง
h_i	=	อิทธิพลคงที่ของฝูง
y_j	=	อิทธิพลคงที่ของปีที่คลอด
s_k	=	อิทธิพลคงที่ของฤดูกาลที่คลอด
HFG_l	=	อิทธิพลคงที่ของกลุ่มสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียนกลุ่มที่ 1 (≤ 50 % HF) กลุ่มที่ 2 (50.00-75.00 % HF) กลุ่มที่ 3 (75.01-87.50 % HF) กลุ่มที่ 4 (87.51-93.75 % HF) กลุ่มที่ 5 (93.76-100 % HF) ($l=1, \dots, 5$)
a_m	=	อิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์

e_{ijklm} = อิทธิพลอื่นๆ ที่ค่าสังเกตได้รับ

3.6 วิธีการวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติ

3.6.1 วิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้น

วิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้นของลักษณะด้วยโปรแกรมสำเร็จรูปทางสถิติ ได้แก่ ค่าเฉลี่ย (mean) ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation) ค่าสูงสุด (maximum) และค่าต่ำสุด (minimum) ของลักษณะจำนวนครั้งต่อการผสมติด

3.6.2 ทดสอบปัจจัยที่มีผลต่อลักษณะที่ต้องการศึกษา

วิเคราะห์หาอิทธิพลของปัจจัยคงที่ (fixed effects) ที่มีผลต่อลักษณะปริมาณน้ำนมรวม ลักษณะปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน ลักษณะช่วงห่างการให้ลูก ลักษณะจำนวนวันที่ท้องว่าง ด้วยวิธีการ General Linear Model (GLM) แบบ univariate analysis ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูปทางสถิติ

3.7 การวิเคราะห์ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

3.7.1 การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และความแปรปรวนร่วม

ประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะที่ทำการศึกษาเพื่อจะนำค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่ได้ไปใช้ในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม โดยวิเคราะห์หาองค์ประกอบความแปรปรวน ด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) แบบ Animal model ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป VCE 4.2.5 (Groeneveld, 1998) ซึ่งเป็นการวิเคราะห์ที่ละลักษณะ (univariate analysis)

3.7.2 การประมาณค่าอัตราพันธุกรรม

ประมาณค่าอัตราพันธุกรรมด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) แบบ Animal model ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป VCE 4.2.5 (Groeneveld, 1998) จากค่าความแปรปรวนของ

อำนาจยีนแบบบวกสะสม (additive genetic variance: σ_a^2) และความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อน (residual error variance: σ_e^2) ค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้เรียกว่าอัตราพันธุกรรมอย่างแคบ จากค่าองค์ประกอบความแปรปรวนข้างต้นสามารถหาค่าอัตราพันธุกรรมได้จากสูตรการคำนวณดังนี้

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

เมื่อ h^2 = อัตราพันธุกรรม
 σ_a^2 = ความแปรปรวนของยีนแบบบวกสะสม
 σ_e^2 = ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน

3.7.3 การประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และลักษณะปรากฏ

ประมาณค่าสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏระหว่างลักษณะต่างๆ ได้แก่ ลักษณะปริมาณนมรวม ปริมาณนมปรับที่ 305 วัน ช่วงห่างการให้ลูก และจำนวนวันที่ท้องว่าง ด้วยวิธี Correlation (ณัฐพล, 2548) จากโปรแกรมสำเร็จรูป SAS for windows version 8.1 (SAS, 1990)

วิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะต่างๆ ได้แก่ ลักษณะปริมาณน้ำนมรวม ปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน ช่วงห่างการให้ลูก และจำนวนวันที่ท้องว่าง ภายใต้ Animal model ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป VCE 4.2.5 (Groeneveld, 1998) ซึ่งเป็นการวิเคราะห์ร่วมสองลักษณะ (bivariate analysis)

3.8 การประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์

จากค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของอำนาจยีนแบบบวกสะสม และองค์ประกอบความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน ค่าความแปรปรวนที่ได้จะนำมาใช้ในการคำนวณหาค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ด้วยแบบหุ่นตัวสัตว์ (Animal model) จากโปรแกรมสำเร็จรูป VCE 4.2.5 (Groeneveld, 1998) ซึ่งผลลัพธ์ของคุณค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์

ช่วยให้สามารถจัดเรียงลำดับสัตว์ (rank) เพื่อใช้เป็นเกณฑ์ในการตัดสินใจเลือกสัตว์ไว้ผสมพันธุ์ตามความดีเด่นทางพันธุกรรม โดยมีแบบหุ่นจำลองเชิงเส้นผสม (Mixed model) ดังนี้

$$Y = Xb + Za + e$$

โดยมีข้อกำหนดว่า

$$\begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} \sim NID(0, V) \quad V = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

- y = เวกเตอร์ของค่าสังเกต (ขนาด $n \times 1$)
- b = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ที่ไม่ทราบค่า (ขนาด $p \times 1$)
- a = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ (ขนาด $q \times 1$)
- e = เวกเตอร์อิทธิพลของความคลาดเคลื่อน (error) (ขนาด $n \times 1$)
- X = เมตริกซ์ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับอิทธิพลคงที่ (ขนาด $n \times p$)
- Z = เมตริกซ์ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับอิทธิพลสุ่ม (ขนาด $n \times q$)

สามารถเขียนอยู่ในรูป MME (mix model equation) ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'Y \\ Z'Y \end{bmatrix}$$

เมื่อ $\alpha = \sigma_e^2 / \sigma_a^2$, A^{-1} = เมตริกซ์ผกผันแสดงความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์

3.9 ประเมินผลตอบแทนของแผนการผสมพันธุ์

การประเมินผลตอบแทนของแผนการผสมพันธุ์ ซึ่งในแผนการผสมพันธุ์จะแบ่งตามการคัดเลือกสัตว์เพื่อผสมพันธุ์ออกเป็น 5 สาย ประกอบด้วย พ่อของพ่อพันธุ์ (bull sires) พ่อของแม่พันธุ์ (cow sires) แม่ของพ่อพันธุ์ (bull dams) แม่ของแม่พันธุ์ (cow dams) และ โคพ่อพันธุ์ทดสอบ

(testing bulls) โดยที่ผลตอบแทนการคัดเลือกจากแต่ละสายสามารถหาได้จากการหาสัดส่วนของการคัดเลือกสัตว์ในแผนการผสมพันธุ์ จากนั้นนำค่าที่ได้ไป เปิดหาค่า selection intensity จากตาราง Appendix Table A ของ Falconer (1986) นำค่า selection intensity ที่ได้ มาวิเคราะห์ร่วมกับค่าอัตราพันธุกรรมและค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะที่ต้องการศึกษา ส่วนจำนวนปีที่ใช้งาน (generation interval: L) ศึกษาจากโครงสร้างอายุของสัตว์แต่ละประเภทที่ใช้งานในแผนการผสมพันธุ์ และคำนวณค่าต่างๆตาม Chongkasikit (2002) โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป Mathcad 8 (Mathsoft, 1998) มีรูปสมการดังนี้

$$\Delta G = \frac{I_{BS} + k * I_{CS} + (1 - k) * I_{TB} + I_{CD} + I_{BD}}{L_{BS} + k * L_{CS} + (1 - k) * L_{TB} + L_{CD} + L_{BD}}$$

เมื่อ ΔG = ผลตอบแทนของลักษณะที่ต้องการศึกษาในแผนการผสมพันธุ์

I_{BS} = $i * h^2 * \sigma_p$ ของพ่อของพ่อพันธุ์

I_{CS} = $i * h^2 * \sigma_p$ ของพ่อของแม่พันธุ์

I_{TB} = $i * h^2 * \sigma_p$ ของพ่อพันธุ์ทดสอบ

I_{CD} = $i * h^2 * \sigma_p$ ของแม่ของแม่พันธุ์

I_{BD} = $i * h^2 * \sigma_p$ ของแม่ของพ่อพันธุ์

L_{BS} = จำนวนปีที่ใช้งาน ของพ่อของพ่อพันธุ์

L_{CS} = จำนวนปีที่ใช้งาน ของพ่อของแม่พันธุ์

L_{TB} = จำนวนปีที่ใช้งาน ของพ่อพันธุ์ทดสอบ

L_{CD} = จำนวนปีที่ใช้งาน ของแม่ของแม่พันธุ์

L_{BD} = จำนวนปีที่ใช้งาน ของแม่ของพ่อพันธุ์

k = สัดส่วนของแม่โคที่ถูกผสมด้วยพ่อพันธุ์ผ่านการทดสอบ

i = ความเข้มข้นของการคัดเลือก

h^2 = อัตราพันธุกรรม

σ_p = ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะปรากฏ

3.10 สถานที่ดำเนินงานวิจัย

ฟาร์มเกษตรกรรายย่อย จำนวน 184 ฟาร์มในอำเภอไชยปราการ จังหวัดเชียงใหม่

3.11 ระยะเวลาที่ดำเนินงานวิจัย

เริ่มดำเนินงานวิจัยตั้งแต่เดือนมิถุนายน พ.ศ. 2550 และสิ้นสุดการดำเนินงานวิจัย เดือนมิถุนายน พ.ศ. 2552 รวมระยะเวลาที่ใช้ในการวิจัยประมาณ 24 เดือน



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved