

การประเมินพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในโคนม ลูกผสมโฮลสไตน์ ในแต่ละภูมิภาคของประเทศไทย โดยใช้โมเดลวัน ทดสอบรีเกรซชันสุ่ม

Genetic evaluation for milk production trait in crossbred Holstein dairy cattle separated by region of Thailand using Random regression test-day model

จूरีรัตน์ แสนโกชน¹, สายัณห์ บัวบาน¹, มนต์ชัย ดวงจินดา² และ วุฒิไกร บุญคุ้ม^{2*}

Jureeratn Sanpote¹, Sayan Buaban¹, Monchai Duangjinda² and Wuttigrai Boonkum^{2*}

บทคัดย่อ: วัตถุประสงค์ของการศึกษาค้นคว้าครั้งนี้เพื่อประเมินพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ โดยแยกตามภูมิภาคต่างๆของประเทศไทย การศึกษาค้นคว้านี้ใช้ข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบจำนวน 140,452 บันทึกในระยะเวลาให้น้ำนมครั้งแรกจากโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ จำนวน 16,175 ตัว บันทึกน้ำนมในวันทดสอบถูกรวบรวมไว้ในระบบฐานข้อมูลของสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ภายใต้โครงการ Master Bull ในระหว่างปี พ.ศ. 2534 ถึง พ.ศ. 2551 เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและกราฟพันธุกรรมการให้น้ำนมด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) ภายใต้โมเดลวันทดสอบรีเกรซชันสุ่ม ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมรวมข้อมูลทุกภูมิภาคมีค่าเท่ากับ 0.24 เมื่อพิจารณาแยกตามภูมิภาคพบว่าค่าประมาณอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.16 ถึง 0.23 ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมตลอดระยะเวลาให้น้ำนมในแต่ละภูมิภาคมีความแตกต่างกัน แสดงถึงความแตกต่างของผลผลิตน้ำนมในแต่ละภูมิภาคส่วนหนึ่งเป็นผลจากการแสดงออกของพันธุกรรมที่ต่างกัน สำหรับค่าอัตราส่วนความแปรปรวนของสภาพแวดล้อมถาวรในทุกภูมิภาคมีค่าอยู่ในช่วง 0.54 ถึง 0.65 ผลดังกล่าวชี้ให้เห็นว่าสภาพแวดล้อมถาวรมีอิทธิพลต่อความผันแปรของปริมาณน้ำนมสูงกว่าอิทธิพลทางพันธุกรรม สำหรับกราฟพันธุกรรมการให้น้ำนมทั้งในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์มีความแตกต่างกันในแต่ละภูมิภาคดังนั้นการคัดเลือกพ่อพันธุ์ และการจับคู่ผสมพันธุ์ระหว่างพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ควรมีความจำเพาะในแต่ละภูมิภาค

คำสำคัญ: การประเมินพันธุกรรม, โมเดลวันทดสอบรีเกรซชันสุ่ม, โคนมลูกผสมโฮลสไตน์

ABSTRACT: The objective of this study was to genetic evaluation for milk production in crossbred Holstein dairy cattle in different regions of Thailand. Data included 140,452 test-day milk yield records from 16,175 first parity Holstein crossbreds in Thailand. Test-day milk records were obtained from the Bureau of Biotechnology in Livestock Production, Department of Livestock Development under the Master Bull project during 1991 to 2008. Restricted Maximum Likelihood (REML) was used to estimate genetic parameters and genetic lactation curves under Random regression test-day model. The estimated heritability using combined data from all regions was 0.24.

¹ สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ปทุมธานี 12000

Bureau of Biotechnology in Livestock Production, Department of Livestock Development, Pathumthani, 12000

² ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น จังหวัดขอนแก่น 40002

Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University, Khon Kaen, 40002

* Corresponding author: wuttigrai_b@yahoo.com

The estimated heritability from different regions ranged from 0.16 to 0.23. The estimated heritability over lactation for each region was different. These results showed that the variation of milk production for each region partly depended on gene expression was different. Permanent environmental variance ratios for each region ranged from 0.54 to 0.65. These results indicated that the variation of milk yield depended more on the effects of environment than the effects of genetic. Genetic lactation curve for each region were also different in both sires and dams. Consequently, the selection of sires should be specific for each region and selective mating should be recommended.

Keywords: genetic evaluation, random regression test-day model, crossbred Holstein-Friesian

บทนำ

ปริมาณผลผลิตน้ำนมเป็นลักษณะที่มีความสำคัญยิ่งทางเศรษฐกิจ ดังนั้นจึงเป็นลักษณะที่นิยมใช้ศึกษาทางด้านพันธุศาสตร์เพื่อปรับปรุงพันธุ์กรรมในโคนมในหลายประเทศทั่วโลก (Interbull, 2010) มีรายงานการศึกษาทางพันธุกรรมของลักษณะดังกล่าวในประเทศไทยหลายฉบับซึ่งส่วนใหญ่ล้วนใช้ข้อมูลผลผลิตน้ำนมรวม ณ 305 วัน จากการเก็บรวบรวมข้อมูลเพียงฟาร์มใดฟาร์มหนึ่งเท่านั้น (มนต์ชัยและคณะ, 2543; วิสุทธิ์ และคณะ, 2543; ศักดิ์ชัยและคณะ, 2543) ซึ่งผลจากการศึกษาดังกล่าวสามารถใช้ประโยชน์ได้เฉพาะในกลุ่มประชากรที่ศึกษาซึ่งเป็นประชากรเฉพาะท้องถิ่นเท่านั้น ทำให้ไม่อาจทราบถึงพันธุกรรมโดยรวมทั้งประเทศ ผลที่ตามมาคือการพัฒนาด้านการปรับปรุงพันธุ์กรรมโคนมระดับชาติ (national genetic improvement) เป็นไปอย่างล่าช้า และจากปัญหาดังกล่าวการค้นหาและตรวจสอบแหล่งพันธุกรรมโคนมทั่วประเทศในภูมิภาคต่างๆ จึงมีความสำคัญยิ่ง เพื่อนำไปสู่การคัดเลือกโคนมที่มีพันธุกรรมชั้นเลิศของประเทศสำหรับการพัฒนาสายพันธุ์โคนมที่เหมาะสมเพื่อใช้ภายในประเทศและเพื่อการส่งออกต่อไปในอนาคต

การประเมินพันธุกรรม (genetic evaluation) เป็นวิธีการหนึ่งที่มีประสิทธิภาพสูงและเป็นที่ยอมรับในระดับสากลสำหรับศึกษาพันธุกรรมในลักษณะต่างๆ ในประชากรโคนมขนาดใหญ่ ปัจจุบันการประเมินพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมมีการพัฒนาอย่างต่อเนื่องทั้งในส่วนของ การใช้บันทึกข้อมูลในวันที่สุ่มเก็บตัวอย่างน้ำนมซึ่งเรียกว่า “บันทึกน้ำนมในวันที่ทดสอบ” (test-day milk record) แทนการใช้

ข้อมูลผลผลิตน้ำนมรวม ณ 305 วัน (Schaeffer et al., 2000) ซึ่งหลายฟาร์มในประเทศไทยมีการปรับเปลี่ยนมาเก็บบันทึกข้อมูลในรูปแบบของวันทดสอบมากขึ้น ดังนั้นในการประเมินพันธุกรรมทั้งประเทศจึงสามารถทำได้รวดเร็วและมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น โดยพบว่าการใช้ข้อมูลดังกล่าวช่วยให้สามารถประเมินพันธุกรรมโคนมรายตัวในทุกช่วงของการให้นมโดยไม่ต้องรอจนกระทั่งโคนมหยุดรีดนม (dry period) อีกทั้งไม่จำเป็นต้องคำนวณเพื่อปรับขยายผลผลิตน้ำนมไปยังวันให้นมที่ 305 วัน โดยเฉพาะในกรณีที่โคนมให้ผลผลิตน้ำนมไม่ถึง 305 วัน ซึ่งอาจเกิดความคลาดเคลื่อนได้ง่ายตามวิธีการหรือสมการในการคำนวณ นอกจากนี้จำนวนบันทึกยังมีมากกว่าและในการประเมินพันธุกรรมยังสามารถปรับอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมที่กระทบต่อการให้ผลผลิตน้ำนมได้ดีกว่าการใช้ข้อมูลผลผลิตน้ำนมรวม ณ 305 วันจึงส่งผลให้ค่าพันธุกรรมที่ประมาณได้มีความแม่นยำและถูกต้องมากยิ่งขึ้น (ส่ายันห์, 2546; Jensen, 2001) ในส่วนของเทคนิคและโมเดลทางสถิติพบว่าเทคนิค BLUP (best linear unbiased prediction)(Henderson, 1984) และโมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่ม (random regression test-day model; RRTDM)(Schaeffer and Dekkers, 1994) เป็นเทคนิคและโมเดลทางสถิติที่มีความแม่นยำและนิยมใช้ในการประเมินพันธุกรรมและมีการใช้อย่างแพร่หลาย (Interbull, 2010) อีกทั้งยังสามารถใช้ร่วมกับบันทึกในวันทดสอบได้เป็นอย่างดี ประกอบกับความพร้อมของข้อมูลที่มีในทุกภูมิภาคของประเทศไทยจากฐานข้อมูลโคนม โดยสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ทำให้การศึกษากการประเมินพันธุกรรมโคนมในระดับประเทศและระดับภูมิภาค มีความน่าเชื่อถือ ซึ่งจะเป็นประโยชน์ในการวางแผนและ

การกำหนดเป้าหมายของการคัดเลือกสำหรับปรับปรุงพันธุ์โคนมในระดับประเทศ ดังนั้นวัตถุประสงค์ของการวิจัยครั้งนี้จึงเพื่อประเมินพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในโคนมลูกผสมโฮลส์ไตน์ในแต่ละภูมิภาคของประเทศไทยโดยใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่ม

วิธีการศึกษา

ข้อมูลในการศึกษา

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาเป็นข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมรายตัวในระยะเวลาให้นมครั้งแรก (first lactation) ของโคนมลูกผสมโฮลส์ไตน์ จำนวน 16,175 ตัว 140,452 บันทึก ระหว่างปี พ.ศ. 2534-2551 ซึ่งรวบรวมไว้ในระบบฐานข้อมูลโคนม ของสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ภายใต้โครงการ Master Bull โดยพิจารณาใช้เฉพาะข้อมูลโคนมที่ให้น้ำนมไม่น้อยกว่า 150 วัน มีบันทึกผลผลิตน้ำนมอยู่ในช่วงวันให้นมที่ 5 ถึง 305 วัน และมีอายุเมื่อคลอดลูกครั้งแรกอยู่ในช่วง 17 ถึง 48 เดือน การจำแนกกลุ่มพันธุ์โคนมลูกผสมโฮลส์ไตน์จำแนกตามระดับเปอร์เซ็นต์สายเลือดของโคนมพันธุ์โฮลส์ไตน์ ซึ่งจำแนกได้ 5 กลุ่ม ดังนี้ <75.0, 75.0 ถึง 87.4, 87.5 ถึง 93.6, 93.7 ถึง 97.9 และ ≥98.0 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ข้อมูลถูกจำแนกออกเป็น 6 ชุดข้อมูล ดังนี้ ข้อมูลชุดที่ 1: ข้อมูลทั้งหมดทุกภูมิภาคของประเทศไทย, ข้อมูลชุดที่ 2: ข้อมูลในภาคเหนือ (เชียงใหม่ ลำพูน แพร่), ข้อมูลชุดที่ 3: ข้อมูลในภาคกลาง (ลพบุรี ชัยนาท สระบุรี นครสวรรค์ สุโขทัย พิษณุโลก เพชรบูรณ์ สุพรรณบุรี นครปฐม), ข้อมูลชุดที่ 4: ข้อมูลในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ (นครราชสีมาบุรีรัมย์ ชัยภูมิ ขอนแก่น อุดรธานี เลย), ข้อมูลชุดที่ 5: ข้อมูลในภาคตะวันออก (สระแก้ว ตราด ชลบุรี จันทบุรี), ข้อมูลชุดที่ 6: ข้อมูลในภาคตะวันตก (กาญจนบุรี เพชรบุรี ราชบุรี ประจวบคีรีขันธ์) ในขณะที่ภาคใต้มีจำนวนข้อมูลน้อยมากจึงไม่นำมาวิเคราะห์ในการศึกษารั้งนี้ (Table 1)

วิธีการวิเคราะห์และโมเดลที่ใช้ศึกษา

ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมถูกวิเคราะห์ด้วยวิธี restricted maximum likelihood (REML) (Patterson and Thompson, 1971) เพื่อใช้สำหรับคำนวณค่าประมาณอัตราพันธุกรรมและประมาณค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี best linear unbiased prediction (BLUP) (Henderson, 1984) โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 Dairy Pack 3.0.2 (Duangjinda et al., 2007) การศึกษารั้งนี้ใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่ม (random regression test-day model; RRTDM) (Schaeffer and Dekkers, 1994) และฟังก์ชันวันให้นม (days in milk function) ของ Legendre polynomials (Kirkpatrick et al., 1990) เพื่อศึกษาการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมตลอดระยะเวลาให้น้ำนมในโคนมรายตัวโดยมีรายละเอียดโมเดลดังนี้

$$Y_{ijklmnop} = HMY_i + BGDIM_j + AFC_k + R_l + \sum_{o=1}^s b_{mo} Z_{nop} + \sum_{o=1}^s a_{no} Z_{nop} + \sum_{o=1}^s p_{no} Z_{nop} + e_{ijklmnop}$$

เมื่อ $Y_{ijklmnop}$ = บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบที่ p ในสัตว์ตัวที่ n ซึ่งได้รับอิทธิพลจากฝูง-เดือนทดสอบ-ปีทดสอบที่ i อิทธิพลร่วมระหว่างกลุ่มพันธุ์กับกลุ่มของวันที่ให้นมที่ j อายุเมื่อคลอดลูกครั้งที่ k ภูมิภาคที่ l และสัมประสิทธิ์ของอิทธิพลคงที่ที่ m, HMY_i = อิทธิพลคงที่เนื่องจากฝูง-เดือนทดสอบ-ปีทดสอบ, $BGDIM_j$ = อิทธิพลคงที่เนื่องจากกลุ่มพันธุ์ร่วมกับวันที่ให้นมซึ่งกำหนดเป็นกลุ่มโดยในแต่ละกลุ่มมีระยะห่างของวันให้นมเท่ากับ 30 วัน, AFC_k = อิทธิพลคงที่เนื่องจากอายุเมื่อคลอดลูกครั้งแรก, R_l = อิทธิพลคงที่เนื่องจากภูมิภาค (หมายเหตุ: อิทธิพลนี้จะใช้ในการวิเคราะห์รวมทุกภูมิภาค ในขณะที่การวิเคราะห์แยกแต่ละภูมิภาคจะไม่ปรากฏอิทธิพลนี้ในโมเดล), b_{mo} = สัมประสิทธิ์รีเกรสชันของอิทธิพลคงที่, a_{no} และ p_{no} = สัมประสิทธิ์รีเกรสชันของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากยีนแบบบวกลบสะสม

และสภาพแวดล้อมถาวร ตามลำดับ, $e_{ijklmnop}$ = อิทธิพล
 สุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน และ Z_{nop} = เมทริกซ์
 ความสัมพันธ์กับฟังก์ชันวันให้นม ($f(DIM)$) ซึ่งซ่อน
 อยู่ในอิทธิพลคงที่และอิทธิพลสุ่มเนื่องจากยีนแบบบวก
 สะสมและสภาพแวดล้อมถาวร โดนฟังก์ชันวันให้นม
 ที่ใช้คือ the second orders of Legendre polynomial
 เมื่อ 0 คืออันดับ (order) ของฟังก์ชันดังกล่าวซึ่งมีรูป
 ฟังก์ชันดังนี้

$$f(DIM) = L_{o1} + L_{o2} + L_{o3}$$

เมื่อ $L_{o1} = I$

$$L_{o2} = \sqrt{3}L ; L = (-1 + 2*(DIM - 5)/(305 - 5))$$

$$L_{o3} = \sqrt{5/4}(3L^2 - 1)$$

จากโมเดลวันทดสอบปริมาตรขั้นสูงข้างต้นสามารถ
 เขียนในรูปของเมทริกซ์ได้ดังนี้

$$Var \begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & P \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

เมื่อ G และ P = เมทริกซ์ความแปรปรวนและความ
 แปรปรวนร่วมของสัมประสิทธิ์เรกเรชันสุ่มของยีนแบบ
 บวกสะสมและสภาพแวดล้อมถาวรในสัตว์แต่ละตัว,
 R = เมทริกซ์ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน
 (diagonal matrix) ซึ่งอยู่ในรูปของ $I\sigma_e^2$, A = เมทริกซ์
 ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ และ I = Identity matrix

ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและกราฟ
 พันธุกรรมของการให้นมในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์
 ประมาณได้จากโมเดล RRTDM ณ วันให้นมที่ 5, 35,
 ... ,305 แยกตามภูมิภาคต่างๆของประเทศไทย โดยใช้
 วิธีการวิเคราะห์ของ Jamrozik and Schaeffer (1997) ดังนี้
 กำหนดให้ฟังก์ชันวันให้นมของ Legendre polynomials
 เท่ากับ $Z'_t = [L_{o1} \ L_{o2} \ L_{o3}]$

1. ค่าประมาณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรม
 ในวันให้นมที่ t วิเคราะห์ได้จาก $\hat{\sigma}_{g,t}^2 = Z'_t \hat{G} Z_t$

2. ค่าประมาณค่าความแปรปรวนร่วมทาง
 พันธุกรรมระหว่างวันให้นมที่ t และวันให้นมที่ s
 วิเคราะห์ได้จาก $\hat{\sigma}_{g_{ts}} = Z'_t \hat{G} Z_s$

สำหรับการวิเคราะห์ค่าประมาณค่าความแปรปรวน
 ทางพันธุกรรมของการให้นมวันรวมที่ 305 วันสามารถ
 ใช้สมการวิเคราะห์เดียวกันกับสมการวิเคราะห์ค่าความ
 แปรปรวนในแต่ละวันให้นมโดยมีรูปแบบสมการดังนี้
 กำหนดให้ $Z_{305} = \sum_{t=5}^{305} Z_t$ ดังนั้นสมการวิเคราะห์ค่าประมาณ
 ค่าความแปรปรวนของวันรวมที่ 305 วันมีรูปแบบ
 ดังนี้ $\hat{\sigma}_{g_{305}}^2 = Z'_{305} \hat{G} Z_{305}$

$$u_n(t) = Z'_t \hat{a}_n$$

เมื่อ $u_n(t)$ เป็นค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ตัวที่ n
 ณ วันให้นมที่ t , Z'_t เป็นเวกเตอร์ฟังก์ชันวันให้นม และ
 $\hat{a}_n$ สัมประสิทธิ์เรกเรชันสุ่มที่ประเมินได้ตามฟังก์ชัน
 วันให้นมของสัตว์ตัวที่ n

ผลการศึกษาและวิจารณ์

ผลผลิตน้ำนมแยกตามภูมิภาค

ผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบเฉลี่ยแต่ละภูมิภาค
 ของประเทศไทย (Table 1) พบว่าภาคเหนือและภาค
 ตะวันออกเฉียงเหนือมีปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ
 เฉลี่ยสูงสุด (13.6 กก.) เมื่อเปรียบเทียบกับภูมิภาคอื่น
 ในขณะที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีปริมาณน้ำนมต่ำที่สุด
 (11.3 กก.) ซึ่งความแตกต่างดังกล่าวอาจมีสาเหตุจาก
 สภาพภูมิอากาศ ความสมบูรณ์ของแหล่งอาหารหญ้า
 และการจัดการที่แตกต่างกัน อย่างไรก็ตามในภาพ
 รวมทั้งประเทศพบว่าค่าเฉลี่ยผลผลิตน้ำนมวันทดสอบ
 มีค่าเท่ากับ 12.8 กก. และมีวันให้นมเฉลี่ย 236 วัน ซึ่ง
 สอดคล้องกับการศึกษาของสายัณห์ (2543), วริษา
 (2545) และวุฒิไกร (2546) ซึ่งศึกษาโดยใช้ข้อมูลผลผลิต
 น้ำนมในวันทดสอบเช่นเดียวกัน

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

เมื่อพิจารณาค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของ
 ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม (Table 2) แสดงให้เห็น
 ว่าภาพรวมทุกภูมิภาคมีค่าประมาณอัตราพันธุกรรม
 ของลักษณะดังกล่าวเท่ากับ 0.24 ซึ่งสอดคล้องกับ

รายงานหลายฉบับทั้งในประเทศไทยและต่างประเทศ ซึ่งใช้โมเดลและฟังก์ชันวันให้นมรูปแบบเดียวกัน (วุฒิไกร, 2546; ปิยะนันท์, 2551; Strabel and Misztal, 1999; Gengler et al., 1999) เมื่อพิจารณาแยกตาม ภูมิภาคจะเห็นว่าภาคตะวันออกเฉียงเหนือและภาคเหนือมีค่าประมาณอัตราพันธุกรรมใกล้เคียงกับค่าประมาณอัตราพันธุกรรมรวมทุกภูมิภาคมากที่สุด (0.23 และ 0.24) ในทางตรงกันข้ามภาคตะวันออกมีค่าประมาณอัตราพันธุกรรมต่ำที่สุด (0.16) ผลดังกล่าวชี้ว่าภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือเป็นภูมิภาคที่มีความผันแปรทางพันธุกรรม (genetic variation) ของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมสูงกว่าภูมิภาคอื่น ซึ่งข้อดีของความผันแปรดังกล่าวจะช่วยให้การปรับปรุงพันธุกรรมมีความก้าวหน้าทางพันธุกรรมเร็วขึ้น (genetic progress หรือ genetic response) เนื่องจากมีโอกาสสูงที่จะพบและสามารถคัดเลือกโคนมทั้งพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ที่มีความสามารถทางพันธุกรรมที่ดีของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในภูมิภาคนี้ สำหรับอัตราส่วนความแปรปรวนสภาพแวดล้อมถาวร (permanent environmental variance ratio) ในทุกภูมิภาคมีค่าใกล้เคียงกันโดยอยู่ในช่วง 0.54 ถึง 0.65 ซึ่งค่าดังกล่าวแสดงให้เห็นว่าสภาพแวดล้อมถาวรมีอิทธิพลต่อปริมาณผลผลิตน้ำนมมากกว่าอิทธิพลทางพันธุกรรม โดยพบว่าภาคเหนือมีค่าสัดส่วนดังกล่าวต่ำที่สุด ซึ่งแสดงให้เห็นว่าการจัดการในภูมิภาคนี้มีความสม่ำเสมอมากกว่าภูมิภาคอื่นๆ ดังนั้นการจัดการสภาพแวดล้อมที่ดีและเหมาะสมควบคู่กับการประเมินพันธุกรรมน่าจะช่วยให้ปริมาณผลผลิตน้ำนมของโคนมในรุ่นต่อไปสูงขึ้นได้

Figure 1 แสดงค่าประมาณอัตราพันธุกรรมในแต่ละภูมิภาคของประเทศไทยตลอดช่วงการให้นม (5 ถึง 305 วัน) โดยพบว่าค่าประมาณอัตราพันธุกรรมมีความแตกต่างกันในแต่ละภูมิภาค ซึ่งขึ้นอยู่กับลักษณะของประชากร และสภาพการจัดการ โดยผลดังกล่าวจะเป็นประโยชน์ต่อเกษตรกรเพื่อที่จะสามารถวางแผนการจัดการฟาร์มได้อย่างมีประสิทธิภาพมาก

ยิ่งขึ้นกล่าวคือในช่วงแรกและช่วงท้ายของการให้น้ำนม (early and late of lactation) โคนมในหลายภูมิภาคมีค่าประมาณอัตราพันธุกรรมต่ำกว่าช่วงการให้น้ำนมอื่นๆ ดังนั้นการจัดการทั้งด้านอาหาร และสภาพแวดล้อมจึงมีความสำคัญต่อปริมาณผลผลิตน้ำนมเป็นอย่างมาก (วิโรจน์, 2546; ปิยะนันท์, 2551) ในขณะที่ในช่วงการให้ผลผลิตน้ำนมประมาณ 60 วันหลังคลอด (peak period) จนกระทั่งถึงประมาณ 200 วัน (mid and maintain period) พบว่าการแสดงออกของพันธุกรรมมีบทบาทมากกว่าในช่วงแรกและช่วงท้ายของการให้น้ำนม ดังนั้นการจัดการที่ดีในช่วงนี้จะยังผลให้ได้ผลผลิตน้ำนมสูงสุด หรือในกรณีที่บางฟาร์มมีข้อจำกัดด้านงบประมาณก็สามารถปรับลดความเข้มข้นของการจัดการ เช่น ด้านการจัดการอาหาร ในช่วงดังกล่าวลงได้โดยอาจกระทบต่อปริมาณผลผลิตน้ำนมเพียงเล็กน้อย

การประมาณกราฟพันธุกรรมการให้น้ำนม

Figure 2 และ 3 แสดงค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ของการให้ผลผลิตน้ำนมตลอดระยะการให้น้ำนมสูงสุด 5 อันดับแรกในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์แยกตามภูมิภาคโดยพบว่า พ่อพันธุ์และแม่พันธุ์มีความสามารถทางพันธุกรรมของการให้ผลผลิตน้ำนมแตกต่างกันตามภูมิภาค ผลดังกล่าวชี้ให้เห็นว่าการคัดเลือกพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์เพื่อใช้ปรับปรุงพันธุกรรมในแต่ละภูมิภาคต้องมีความจำเพาะเนื่องจากพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ที่ดีในแต่ละภูมิภาคเมื่อนำไปใช้ในภูมิภาคอื่นอาจให้ผลลัพธ์ไม่ดีเท่าที่ควรซึ่งอาจเกิดจากการมีอิทธิพลร่วมกันระหว่างพันธุกรรมกับสภาพแวดล้อม (genetic by environmental effect; GxE) โดยเฉพาะการเลือกใช้พ่อพันธุ์ซึ่งมีโอกาสกระจายพันธุกรรมไปได้ไกลและสะดวกกว่าในแม่พันธุ์ในรูปของน้ำเชื้อต้องให้ความสำคัญเป็นพิเศษ ซึ่งหากคัดเลือกพ่อพันธุ์ไม่เหมาะสมจะส่งผลกระทบต่อความก้าวหน้าทางพันธุกรรม รวมถึงผลผลิตน้ำนมที่ผลิตได้

นอกจากนี้การสร้างกราฟพันธุกรรมการให้น้ำนม ยังช่วยในการจับคู่ผสมพันธุ์ที่เหมาะสมในแต่ละภูมิภาค ซึ่งจะส่งผลต่อการให้ผลผลิตน้ำนมทั้งในช่วงให้นมสูงสุดและความคงทนของการให้นม (peak and persistency of milk production) รวมทั้งการพัฒนาทางด้านพันธุกรรมของโคนมรุ่นต่อไป (วุฒิไกร และคณะ, 2547, 2549) เช่น การจับคู่ผสมพันธุ์ระหว่างพ่อพันธุ์ 73HO1082 กับแม่พันธุ์ 70404939

มีโอกาสสูงที่จะได้ปริมาณน้ำนมรวมในรุ่นลูกดีขึ้น เมื่อพิจารณาโดยใช้ข้อมูลรวมทุกภูมิภาค สำหรับความแตกต่างกันในรูปร่างของกราฟพันธุกรรมการให้น้ำนมในแต่ละภูมิภาคขึ้นกับปัจจัยหลายประการ เช่น การแสดงออกของยีน สภาพแวดล้อมรวมถึงสภาพการจัดการ และจำนวนบันทึกข้อมูลน้ำนมซึ่งใช้ในการวิเคราะห์ เป็นต้น

Table 1 Data structure for the analysis.

Categories	All regions	North	Central	North-East	East	West
Herd-test month-test year, n	7,613	1,210	2,718	1,392	1,122	1,171
Animal with records, n	16,175	2,827	4,898	3,606	2,451	2,393
Animal with pedigrees, n	26,961	4,531	8,021	5,860	4,219	4,330
Test-days records, n	140,452	24,522	43,009	31,476	20,742	20,703
Average 305-d milk yield, kg	3,654	3,948	3,581	3,912	3,182	3,646
Average Test-day milk yield, kg	12.8	13.6	12.5	13.6	11.3	12.7
Average days in milk, d	236	250	208	216	247	259
Average air temperature, °C	29	27	30	30	28	30
Average relative humidity, %	75	77	75	73	76	73

Table 2 Estimates of variance component and genetic parameter for 305 day cumulative milk yield in crossbred Holstein-Friesian dairy cattle separated by region in Thailand.

Parameters	All regions	North	Central	North-East	East	West
Additive genetic variance, kg ²	231,262	193,953	198,069	210,466	129,337	152,277
Permanent environmental variance, kg ²	539,573	454,572	566,518	523,306	450,220	537,874
Error variance, kg ²	209,585	194,236	169,393	136,728	229,307	137,398
Total variance, kg ²	980,420	842,761	933,980	936,500	808,864	827,549
Heritability	0.24	0.23	0.21	0.23	0.16	0.18
Permanent environmental variance ratio	0.55	0.54	0.61	0.60	0.56	0.65

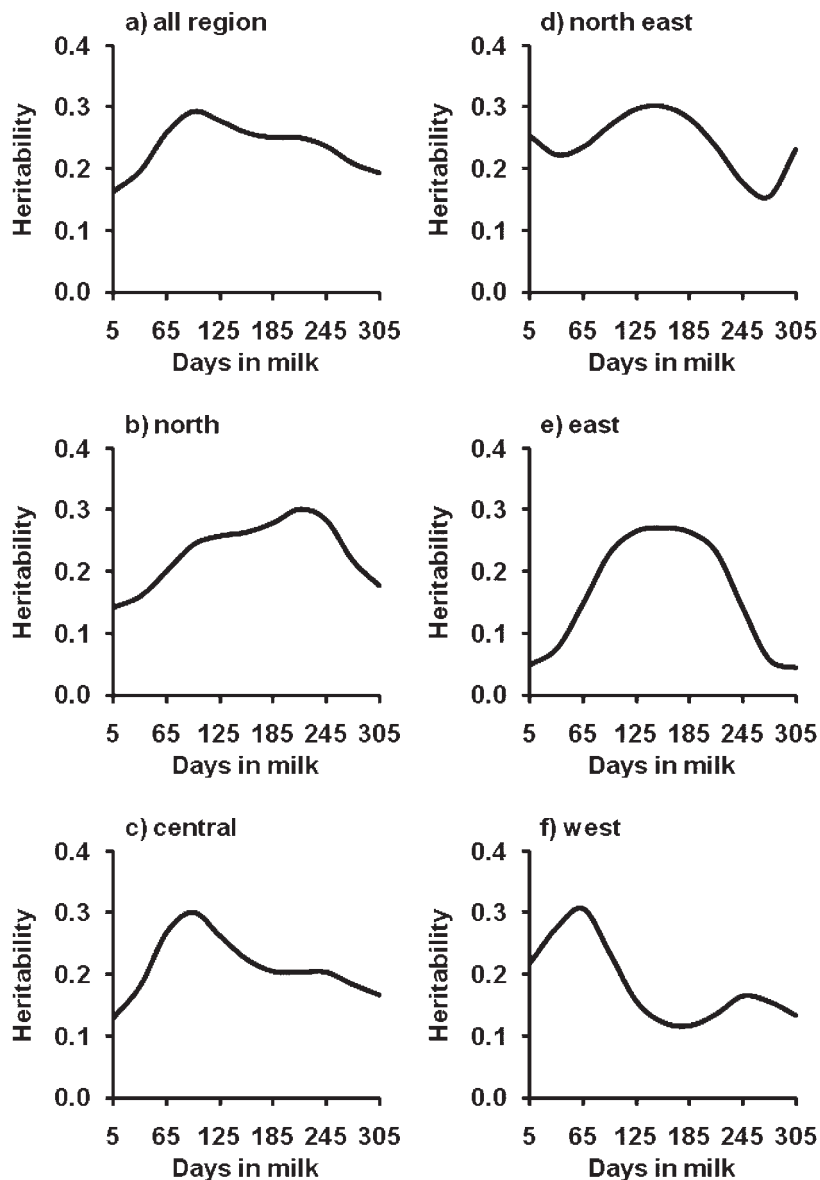


Figure 1 Estimates of heritability for test-day milk across days in milk separated by region in Thailand, all region (a), north (b), central (c), north east (d), east (e), and west (f).

สรุป

การประเมินพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในโคนมลูกผสมไฮลัสไดน์พบว่ามีความแตกต่างกันทั้งค่าพารามิเตอร์และค่าการผสมพันธุ์ในแต่ละภูมิภาคของประเทศไทย การเลือกใช้พ่อพันธุ์และแม่

พันธุ์ในแต่ละภูมิภาคมีความสำคัญต่อการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนม ดังนั้นการจับคู่ผสมพันธุ์ที่จำเพาะในแต่ละภูมิกษณาค่น่าจะส่งผลต่อความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (genetic progress) และได้ผลผลิตน้ำนมที่ดีกว่าการใช้แหล่งพันธุกรรมเพียงแหล่งเดียวหรือพ่อพันธุ์ตัวเดียวกับทุกภูมิภาค

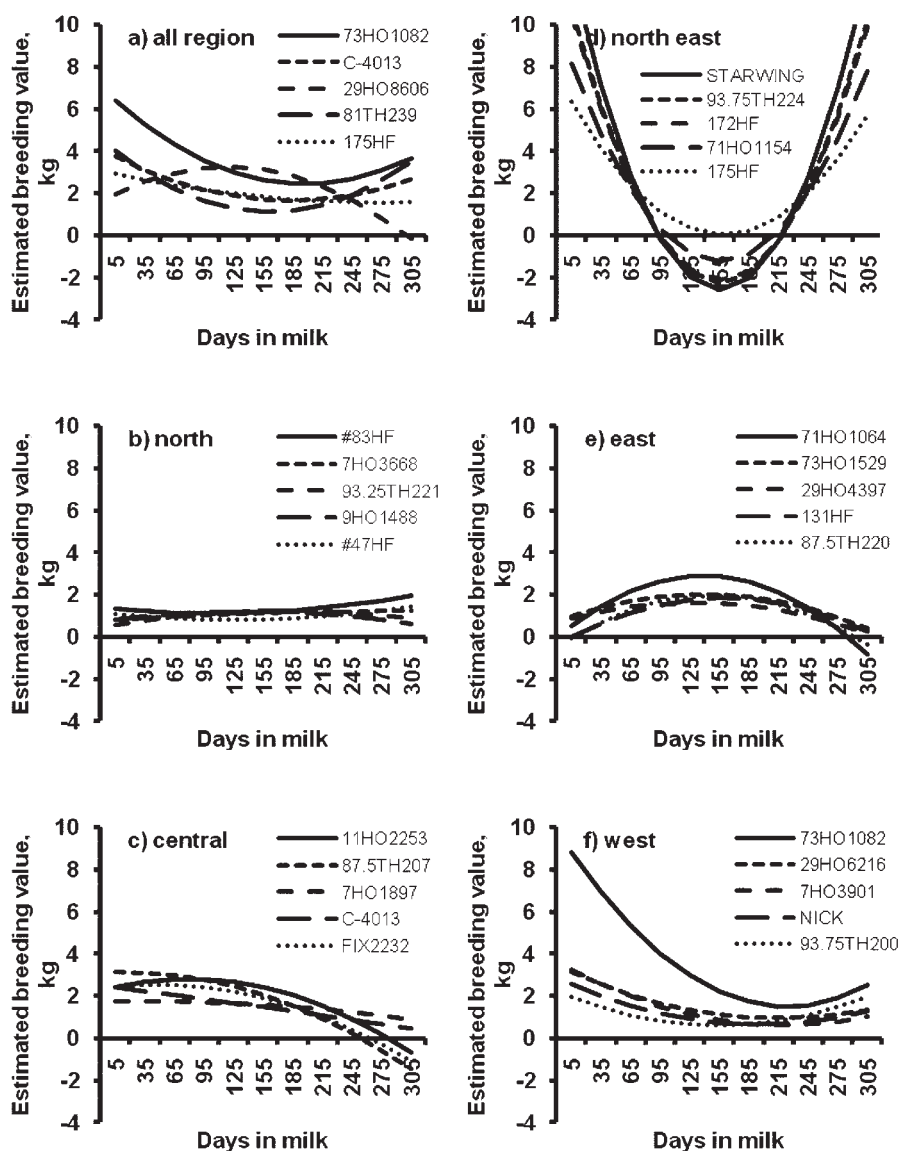


Figure 2 Genetic lactation curve of top 5 sires separated by region in Thailand; all region (a), north (b), central (c), north east (d), east (e), and west (f).

อย่างไรก็ตามการพิจารณาว่าพ่อพันธุ์ใดเหมาะสมกับภูมิภาคใดมากที่สุดต้องพิจารณาค่าความถูกต้องของค่าการผสมพันธุ์ (accuracy of estimated breeding value) ของพ่อพันธุ์นั้นๆร่วมด้วย

ข้อเสนอแนะ

กรมปศุสัตว์โดยสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ ควรมีการประเมินพันธุ์กรรมโคนมในระดับภูมิภาค เพิ่มเติมจากการประเมินพันธุ์กรรมในระดับประเทศซึ่งปฏิบัติเป็นกิจวัตรทุกปี และควรพัฒนา

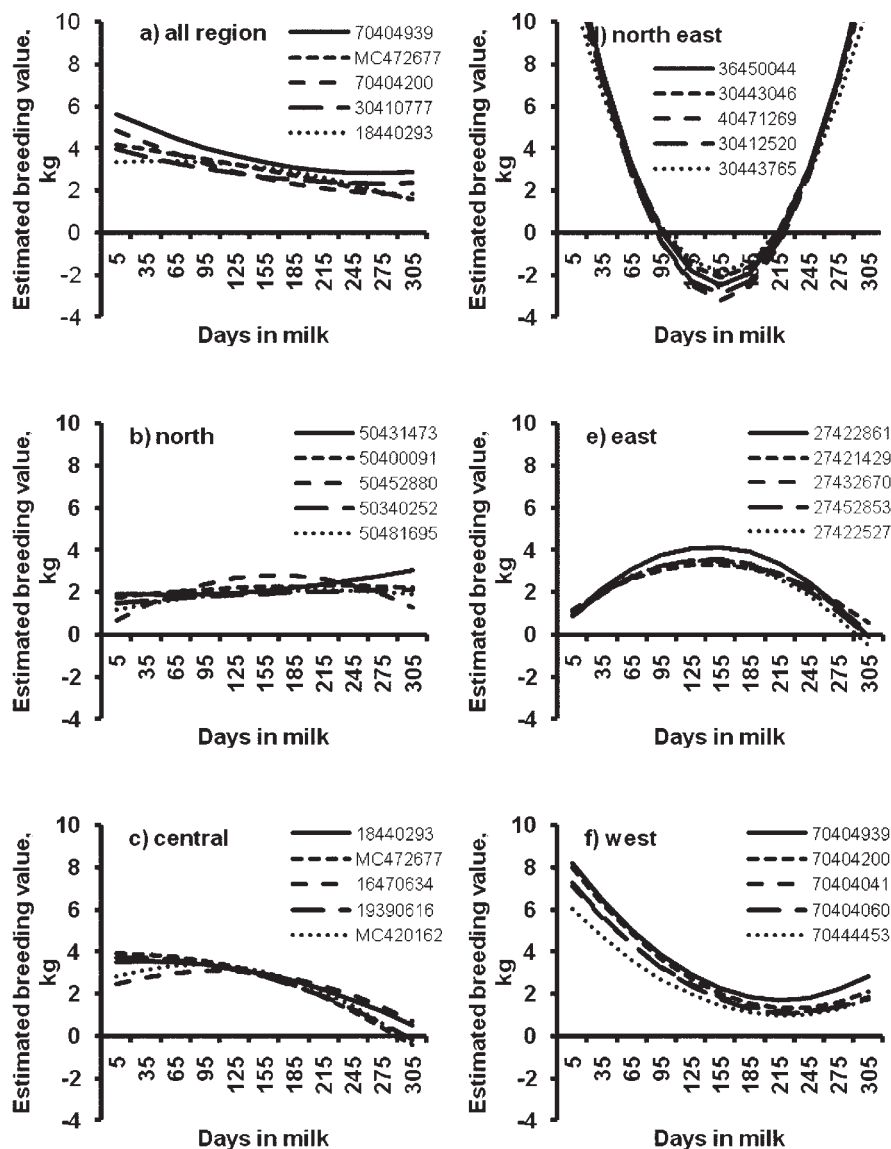


Figure 3 Genetic lactation curve of top 5 dams separated by region in Thailand; all region (a), north (b), central (c), north east (d), east (e), and west (f).

โปรแกรมออนไลน์เพื่อการใช้ประโยชน์ข้อมูลพันธุกรรมให้เกษตรกรหรือเจ้าหน้าที่ผสมเทียมเข้าถึงและสามารถดำเนินการเลือกคู่ผสมเพื่อให้เกิดความก้าวหน้าในการปรับปรุงพันธุ์สูงสุด ทั้งนี้การจ่ายน้ำเชื้อพ่อพันธุ์เพื่อใช้ผสมเทียมในพื้นที่ต่างๆควรมีความเฉพาะเจาะจงตามผลการประเมินพันธุกรรมที่ประเมินได้ในทุกรอบปี

เอกสารอ้างอิง

ปิยะนันท์ นวลหนูปล้อง. 2551. การประมาณกราฟพันธุกรรม การให้น้ำนมโดยโมเดลวันทดสอบปริมาตรขั้นสูงที่มีการปรับอิทธิพลของ heterogeneous variance ในโคนมลูกผสมไฮลส์ไดน์. วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.

- มนต์ชัย ดวงจินดา, มานิต ทรามาศ และวิษณุ รวมเจริญ. 2543. การประเมินแนวโน้มทางพันธุกรรมของการผลิตน้ำนมในโคนมด้วยเทคนิค BLUP. แก่นเกษตร. 28:187-194.
- วิรัช สันทวีวรกุล. 2545. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนมของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ ฟรีเซียนโดยใช้ Multiple-trait model และ random regression test day model ด้วยวิธี restricted maximum likelihood (REML). วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีการเกษตร วรณารัตน์, นครราชสีมา.
- วิโรจน์ ภัทรจินดา. 2546. โคนม. ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น.
- วิสุทธิ หิมารัตน์, วรณารัตน์, มานิต ทรามาศ และพีระพันธ์ ทองก้อน. 2543. ระบบการผลิตและการประเมินคุณค่าทางพันธุกรรมของโคนมไทยภายใต้แผนการผสมพันธุ์แบบยกระดับสายเลือด รายงานผลการวิจัยสำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย, กรุงเทพฯ.
- วุฒิไกร บุญคุ้ม, มนต์ชัย ดวงจินดา, สุภา กตเวทิน และมานิต ทรามาศ. 2549. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมโดยใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่ม. แก่นเกษตร. 34:355-363.
- วุฒิไกร บุญคุ้ม, มนต์ชัย ดวงจินดา, สุภา กตเวทิน และวิโรจน์ ภัทรจินดา. 2547. การประมาณกราฟการให้น้ำนมเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมในโคนมโดยใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่ม. น.152-160 ในการประชุมสัมมนาวิชาการเกษตรแห่งชาติ ประจำปี 2547. 27-28 มกราคม 2547 มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- วุฒิไกร บุญคุ้ม. 2546. การประมาณกราฟการให้น้ำนมเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์โดยใช้ตัวแบบวันทดสอบรีเกรสชันสุ่มและพหุตัวแปร. วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- ศักดิ์ชัย ไชยธำมาธร, วิสุทธิ หิมารัตน์, ไพบุลย์ ใจเด็ด, สมชาย จันทร์ผ่องแสง และสุพัทธ์ ฟารุ่สง. 2543. การประเมินประสิทธิภาพการผลิตและพันธุกรรมโคนมของสหกรณ์โคนม รายงานผลการวิจัยสำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย, กรุงเทพฯ.
- สายันท์ บัวบาน. 2543. การประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในโคนมลูกผสมโดยใช้บันทึกผลผลิตในวันทดสอบ. วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, กรุงเทพฯ.
- สายันท์ บัวบาน. 2546. การประยุกต์ใช้โมเดลวันทดสอบสำหรับการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ของโคนม. น.136-145 ในเอกสารประกอบการประชุมวิชาการโคนมน้ำนมโคคุณภาพสู่ผู้บริโภค. กรมปศุสัตว์, กรุงเทพฯ.
- Duangjinda, M., I. Misztal, and S. Tsuruta. 2007. BLUPF90 Dairy Pack 3.0.2: User's Manual. The University of Georgia and Khon Kaen University.
- Gengler, N., A. Tijani, G. R. Wiggans, C. P. Van Tassell, and J. C. Philpot. 1999. Estimation of (co) variance of test day yields for first lactation Holsteins in United States. J. Dairy Sci. 82:225.
- Henderson, C. R. 1984. Applications of Linear Models in Animal Breeding. University of Guelph.
- Interbull. 2010. Interbull routine genetic evaluation for dairy production traits, April 2010. Available <http://www-interbull.slu.se/eval/framesida-prod.htm> Accessed May. 15, 2010.
- Jamrozik, J., and L. R. Schaeffer. 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. J. Dairy Sci. 80:762-770.
- Jensen, J. 2001. Genetic evaluation of dairy cattle using test-day models. J. Dairy Sci. 84:2803-2812.
- Kirkpatrick, M., D. Lofsvold, and M. Bulmer. 1990. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. Genetics. 124:979-993.
- Patterson, H. D., and R. Thompson. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. Biometrika. 58:545-554.
- Schaeffer, L. R., J. Jamrozik, G. J. Kistemaker, and J. Van Doormaal. 2000. Experience with a Test-Day Model. J. Dairy Sci. 83:1135-1144.
- Schaeffer, L. R., and J. C. M. Dekkers. 1994. Random regression in animal models for test-day production in dairy cattle. Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Guelph.
- Strabel T., and I. Misztal. 1999. Genetic Parameters for First and Second Lactation Milk Yields of Polish Black and White Cattle with Random Regression Test-Day Models. J. Dairy Sci. 82:2805-2810.