

การประเมินพันธุกรรมความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสม โฮลสไตน์-ฟรีเชียนที่ให้ลูกครั้งแรกโดยใช้โมเดลรีเกรชันสุ่ม

Genetic evaluation for persistency of lactation in primiparous crossbred Holstein-Friesian dairy cattle using random regression model

ภาคภูมิ เสาวกาศย์¹, มนต์ชัย ดวงจินดา^{1*}, พงษ์ชาญ ณ ลำปาง², ภคนิช กุปพิทยานันท์²
และ โชค บุญกุล³

Phakphume Saowaphak¹, Monchai Duangjinda^{1*}, Pongchan Na-Lampang²,
Pakanit Kuppitayanant² and Choak Bulakul³

บทคัดย่อ: การวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อ 1) ศึกษาจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Modified Normalized Legendre Polynomial (MNLP) ที่เหมาะสมสำหรับประกอบในโมเดลรีเกรชันสุ่ม (Random Regression Model, RRLP) และ 2) ศึกษาสมการทางคณิตศาสตร์ที่เหมาะสม สำหรับคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม (Persistency of Lactation, PL) โดยใช้โมเดลรีเกรชันสุ่ม 9 โมเดล ที่มีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ MNLP จำนวน 3 ถึง 5 สัมประสิทธิ์ ซ้อนอยู่ในอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม และทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร สำหรับวิเคราะห์ข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ จำนวน 25,845 บันทึก จากโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเชียนที่ให้ลูกครั้งแรกของฟาร์มโคนมโชคชัย ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2537 ถึง 2547 จำนวน 2,893 ตัว ประเมินค่าองค์ประกอบความแปรปรวนด้วยวิธี Average Information-Restricted Maximum Likelihood (AI-REML) และประมาณค่าการผสมพันธุ์ด้วยเทคนิค Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) จากการศึกษาเปรียบเทียบโมเดลทั้ง 9 โมเดล พบว่า โมเดล RRLP(3,4) มีความเหมาะสมที่สุดในการใช้ประเมินพันธุกรรมความคงทนของการให้น้ำนม โดยพิจารณาจากจำนวนพารามิเตอร์ที่ต้องทำการประมาณค่ามีจำนวนไม่มาก ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมในช่วงเริ่มต้น และ ณ วันที่ให้น้ำนมสูงสุดมีค่าไม่สูงเกินไป และค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างวันที่ให้น้ำนมมีค่าไม่ติดลบ นอกจากนี้เมื่อนำค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จาก RRLP(3,4) ไปใช้ในการศึกษาสมการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม 4 รูปแบบ (PL1-PL4) พบว่าสมการ PL3 เป็นสมการที่มีความเหมาะสมที่สุดสำหรับใช้ประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเชียนที่ให้ลูกครั้งแรกของประชากรโคนมฟาร์มโชคชัย เนื่องจาก PL3 ใช้สารสนเทศจากวันที่ให้น้ำนมตลอดการให้น้ำนม และมีค่าสหสัมพันธ์เชิงลำดับสเปียร์แมนเทียบกับค่าการผสมพันธุ์ 305 วัน เท่ากับ 0.04 นั้นหมายถึงการคัดเลือกโคนม

¹ ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น อ.เมือง จ.ขอนแก่น 40002

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

² สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี อ.เมือง จ.นครราชสีมา 30000

School of Animal Production Technology, Institute of Agricultural Technology, Suranaree University of Technology, Nakhonratchasima, 30000

³ ฟาร์มโชคชัย กม. 159-160 หมู่ 2 ถ.มิตรภาพ ต.หนองน้ำแดง อ.ปากช่อง จ.นครราชสีมา 30130

Farm Chokchai Km. 159-160 Moo 2 Friendship Highway, Tambon Nongnamdaeng, Amphoe Pakchong, Nakhonratchasima 30130

* Corresponding author: monchai@kku.ac.th

จากค่าประมาณการผสมพันธุ์การให้น้ำนม 305 วัน เป็นอิสระจากการคัดเลือกโคนมด้วยค่าความคงทนของการให้น้ำนม
คำสำคัญ: ความคงทนของการให้น้ำนม, การประเมินพันธุกรรม, โมเดลรีเกรชันสุ่ม, โคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียน
 ที่ให้ลูกครั้งแรก

ABSTRACT: The objectives of this study were to 1) determine the appropriate Covariance Function Coefficient (CFC) number of Modified Normalized Legendre Polynomial (MNLP) using in Random Regression Models (RRLP) and 2) mathematical equation for calculate Persistency of Lactation (PL) value. All 9 RRLPs with different 3 to 5 CFC number nested within additive genetics and permanent environmental random effects were used to analyze total 25,845 test-day milk yield records of primiparous crossbred Holstein-Friesian dairy cattle from Chokchai farm. Variance components were estimated by average information-restricted maximum likelihood algorithm and predicted random effects with best linear unbiased prediction method. The results found that RRLP using 3 and 4 CFC numbers nested within additive genetics and permanent environmental random effects (RRLP(3,4)), respectively, was the most appropriate for genetic evaluation of PL. RRLP(3,4) had less number of CFC number, no over-estimation of heritability at the beginning and peak of lactation, and no negative genetic correlation along days in milk. In addition, the estimated breeding value from RRLP(3,4) were used to calculate the appropriate mathematical equation for PL (PL1, PL2, PL3, PL4). The result showed that PL3 was the most appropriate equation to calculate PL in primiparous crossbred Holstein-Friesian dairy cattle of Chokchai farm because it used all days in milk information and the spearman's rank correlation between 305 days estimated breeding value and PL3 equal to 0.04, which implied the selection on 305 days estimated breeding value was independent from PL.

Keywords: Persistency of lactation, Genetic evaluation, Random regression model, primiparous crossbred Holstein-Friesian dairy cattle

บทนำ

ความคงทนของการให้น้ำนม (persistency of lactation) เป็นลักษณะประจำตัวของแม่โคนมแต่ละตัวที่บ่งบอกถึงความสามารถในการรักษาระดับปริมาณน้ำนมภายหลังวันให้น้ำนมสูงสุด (peak period) แม่โคนมที่มีอัตราการลดลงของปริมาณน้ำนมหลังวันให้น้ำนมสูงสุดต่ำกว่าค่าเฉลี่ยประชากรจะถูกพิจารณาว่าเป็นแม่โคนมที่มีความคงทนของการให้น้ำนมสูง (Togashi and Lin, 2004) โดยแม่โคนมต้องไม่มีปัญหาการผสมติดและปัญหาการจัดการไม่เหมาะสม (วรางคณา, 2545) และพบว่าแม่โคนมที่มีความคงทนของการให้น้ำนมสูง สามารถสร้างผลกำไรให้กับผู้ผลิตโคนมได้มาก (Dekkers et al., 1998) เพราะแม่โคนมสามารถใช้ประโยชน์จากอาหารที่มีสัดส่วนของอาหารหยาบ (roughage) เพิ่มมากขึ้น (Sölkner and Fuchs, 1987) มีปัญหาความเครียดทางสรีรวิทยา (physiological stress) น้อย เนื่องจากสามารถปรับสมดุลพลังงานช่วงแรกของการให้น้ำนมหลังคลอดได้เร็ว ลดความเสี่ยงต่อการเป็นโรค (Capuco et al., 2003) ส่งผลให้แม่โคนมที่มีคุณสมบัติข้างต้นเป็นที่

ต้องการทั้งด้านสรีรวิทยา และเศรษฐกิจ (Jakobsen et al., 2002)

การประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนม พบว่ามีค่าประมาณอัตราพันธุกรรม (estimated heritability, $\hat{h}^2$) แตกต่างกันทั้งนี้ขึ้นอยู่กับโครงสร้างข้อมูล, โมเดลทางสถิติ, เทคนิคการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และสมการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม เป็นต้น ความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมที่ให้ลูกครั้งแรก (primiparous dairy cattle) มี $\hat{h}^2$ ซึ่งประมาณด้วยวิธี EM-REML และ Bayesian อยู่ในช่วงระหว่าง 0.1 ถึง 0.24 (Gengler et al., 1995; Jakobsen et al., 2002; Muir et al., 2004) และจากการตรวจเอกสารพบว่าสมการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนมแบ่งเป็นสองกลุ่มคร่าวๆ ได้แก่ 1) สมการที่อยู่ในรูปผลต่างระหว่างปริมาณน้ำนมวันทดสอบ (difference between Test-Days Milk Yield (TDMY)) และ 2) สมการที่อยู่ในรูปสัดส่วนของปริมาณน้ำนมวันทดสอบ อย่างไรก็ตามยังไม่เป็นที่แน่ชัดว่าประชากรโคนมที่ศึกษา ณ ปัจจุบันควรใช้สมการรูปแบบใด

ปัจจุบันการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม พบว่านิยมใช้ค่าการผสมพันธุ์ (Estimated Breeding Value, EBV) ที่ประมาณค่าจากโมเดลรีเกรสชันสุ่ม (Random Regression Model, RRM) ด้วยเหตุผลที่ RRM เป็นโมเดลที่พิจารณาอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมที่กระทบโดยตรงต่อปริมาณน้ำนมวันทดสอบ ส่งผลให้การประเมินพันธุกรรมลักษณะ TDMY มีความถูกต้องสมเหตุสมผลมากขึ้น (Jamrozik et al., 1997; วุฒิไกร และคณะ 2549) และอีกเหตุผลสำคัญ ได้แก่ โมเดลรีเกรสชันสุ่มสามารถประมาณ EBV ได้ตลอดช่วงการให้น้ำนม 305 วัน สามารถนำ EBV มาสร้างเป็นกราฟพันธุกรรมการให้น้ำนม และนำ EBV ไปคำนวณเป็นค่าความคงทนของการให้น้ำนมของโคนมในประชากรแบบรายตัว ซึ่งโมเดลชนิดอื่นๆไม่สามารถทำได้ อย่างไรก็ตามการใช้ RRM มีข้อควรระวังในการใช้งานด้านการประเมินพันธุกรรมโดยเฉพาะอย่างยิ่งเมื่อ RRM มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ Modified Normalized Legendre Polynomials (MNLP) ประกอบเป็นโมเดลย่อย (Submodel) เนื่องจากเมื่อจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชัน MNLP มีจำนวนมากขึ้นทำให้ RRM มีความซับซ้อน (complexity) สิ้นเปลืองเวลาคำนวณ (Misztal et al., 2000) และให้ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างวันให้น้ำนมมีค่าต่ำจนไม่มีความสมเหตุสมผล (Ødegard et al., 2003) เมื่อพิจารณาจากมุมมองทางด้านพันธุศาสตร์เชิงปริมาณ

ดังนั้นการวิจัยครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อ 1) ศึกษาเปรียบเทียบโมเดลรีเกรสชันสุ่มที่มีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชัน Modified Legendre Normalized Polynomial ที่เหมาะสมประกอบในโมเดล และ 2) วิเคราะห์หาสมการทางคณิตศาสตร์สำหรับคัดเลือกโคนมตามความสามารถทางพันธุกรรมความคงทนของการให้น้ำนมในประชากรโคนมของฟาร์มโชคชัยให้มีความถูกต้องแม่นยำต่อไป

วิธีการศึกษา

ข้อมูล (Data)

ข้อมูลสำหรับการศึกษานี้ได้รับความอนุเคราะห์จากฟาร์มโชคชัย ตำบลหนองน้ำแดง อำเภอปากช่อง จังหวัดนครราชสีมา หลังจากการตรวจสอบการแจกแจงของข้อมูลเพื่อตัดข้อมูลสูง-ต่ำผิดปกติ (outlier) นอกเขตการกระจาย ± 3 ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน และพล็อต quantile-quantile ของค่าความคลาดเคลื่อนด้วยคำสั่งโปรแกรม SAS (มนต์ชัย, 2544) เพื่อให้ค่าความคลาดเคลื่อนมีการแจกแจงใกล้เคียงการแจกแจงแบบปกติมากที่สุด ข้อมูลหลังตรวจสอบประกอบด้วยบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบจำนวน 25,845 บันทึก ซึ่งเป็นตัวแทนโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรกของฟาร์มโชคชัย ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2537 ถึง พ.ศ. 2547 จำนวนทั้งสิ้น 2,893 ตัว การเตรียมข้อมูลสำหรับการวิเคราะห์เป็นดังนี้ a) แฟ้มข้อมูล (data file) ประกอบด้วย 1) หมายเลขประจำตัวโคนม (dairy cattle Identification Number; ID), 2) เดือนทดสอบ (Test Month), 3) ปีทดสอบ (Test Year; TY) 4) กลุ่มระดับสายเลือดโคนมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเซียน (Holstein-Friesian's Fraction Group; HFG) แบ่งเป็น 4 กลุ่ม ได้แก่ HFG1 = ≥ 75 และ $< 87.5\%$, HFG2 = ≥ 87.5 และ $< 93.75\%$, HFG3 = ≥ 93.75 และ $< 96.875\%$, HFG4 = $\geq 96.875\%$, 5) เดือนให้น้ำนม (Milk In Month; MIM) ประกอบด้วย 10 ระดับ (1, 2, 3, ..., 10), 6) กลุ่มอายุเมื่อให้ลูกครั้งแรก (Age at First Calve; AFC) แบ่งออกเป็น 4 กลุ่ม คือ AFC1 = 18 ถึง 24 เดือน, AFC2 = 25 ถึง 29 เดือน, AFC3 = 30 ถึง 35 เดือน, AFC4 = 36 ถึง 48 เดือน, 7) วันให้น้ำนม (Day In Milk; DIM) (วันให้น้ำนม ตั้งแต่วันที่ 5 ถึง 305 วัน), และ 8) ปริมาณน้ำนมวันทดสอบ (Test Day Milk Yield; TDMY), b) แฟ้มพันธุ์ประวัติ (pedigree file) ประกอบด้วย 1) หมายเลขประจำตัวโคนม (dairy cattle Identification number; ID), 2) หมายเลขพ่อพันธุ์ (Sire's ID), 3) หมายเลขแม่พันธุ์ (Dam's ID), และ 4) ปีเกิด (Year of Birth; YB) มีรายละเอียดของโครงสร้างข้อมูลดังแสดงใน Table 1

Table 1 Test-day milk yields data structure of primiparous crossbred cows of Chokchai farm.

Type	Before data edited	After data edited
Data file		
Number of cow with record (N_D ; heads)	5,556	2,893
Total number of test-day milk yield records (N ; records)	56,757	25,845
Holstein-Friesian's Fraction (%)	50-100	75-100
Age at first calving (months)	15-86	18-48
Days in milk (days)	1-916	5-305
Pedigree file		
Total number of animals (N_A ; heads)	14,311	4,898
Number of sire (heads)	184	63
Number of dam (heads)	6,348	4,835
Year of birth	2511-2548	2537-2547

โมเดล (Model)

การศึกษาวิจัยครั้งนี้ทำการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ ตลอดจนประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม โดยใช้โมเดลรีเกรชันสุ่ม (RRM) ซึ่งเสนอใน ภาคภูมิ (2552) มีรูปแบบทั่วไปดังแสดงในสมการ

$$y_{ijklmn} = TMTY_i + HFGMIM_j + AFCG_k + \sum_{m=0}^{k_\alpha-1} \alpha_{lm} \phi_m^*(t_n) + \sum_{m=0}^{k_\gamma-1} \gamma_{lm} \phi_m^*(t_n) + \varepsilon_{ijklmn} \quad [1]$$

เมื่อ y_{ijklmn} เป็นบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบ n th ของแม่โคนม l th, $TMTY_i$ เป็นอิทธิพลคงที่กลุ่มการจัดการชั่วคราวระหว่าง เดือน-ปีทดสอบ (Test Month-Test Year) ($i = 1, 2, 3, \dots, 129$), $HFGMIM_j$ เป็นอิทธิพลคงที่ระหว่างระดับสายเลือดโคนมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนกับเดือนให้น้ำนม ($j = 1, 2, 3, \dots, 40$), $AFCG_k$ เป็นอิทธิพลคงที่ของกลุ่มอายุให้ลูกครั้งแรก ($k = 1, 2, 3$, และ 4), α_{lm} และ γ_{lm} เป็นสัมประสิทธิ์รีเกรชันสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกลบและทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรลำดับ m th ของแม่โคนม l th ตามลำดับ, $\phi_m^*(t_n)$ เป็นฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial, MNLP (Gengler et al., 1999) (รายละเอียดการได้มาของฟังก์ชันความแปรปรวนรูปแบบ MNLP ศึกษา

ได้จากภาคผนวก ง ของ ภาคภูมิ (2552)) ลำดับ m th ณ วันให้น้ำนม t_n โดยที่ค่า t คำนวณจากสมการที่ 2 และ ε_{ijklmn} เป็นค่าความคลาดเคลื่อนสุ่ม

$$t = -1 + 2 \left(\frac{DIM_i - DIM_{\min}}{DIM_{\max} - DIM_{\min}} \right);$$

$$\text{เมื่อ } DIM_{\min} = 5, DIM_{\max} = 305 \quad [2]$$

source : Schaeffer (2004)

อย่างไรก็ตาม RRM ในสมการที่ [1] จะมีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ MNLP ที่ใช้ขึ้นอยู่กับอิทธิพลสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกลบ (k_α) และทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (k_γ) แตกต่างกันระหว่าง 3 ถึง 5 สัมประสิทธิ์ ดังนั้นในการศึกษาจะมี RRM แตกต่างกันทั้งหมด 9 โมเดล ได้แก่ $RRLP(k_\alpha, k_\gamma) = RRLP(3,3), RRLP(3,4), RRLP(3,5), RRLP(4,3), RRLP(4,4), RRLP(4,5), RRLP(5,3), RRLP(5,4)$, และ $RRLP(5,5)$ (อาทิเช่น $RRLP(3,3)$ เป็นโมเดลที่มี $k_\alpha = 3$ ซ้อนอยู่ในอิทธิพลสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกลบ และมี $k_\gamma = 3$ ซ้อนอยู่ในอิทธิพลสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร เป็นต้น เช่นเดียวกับอีก 8 โมเดลที่เหลือ) โดยทั้ง 9 โมเดลมีปัจจัยคงที่ต่างๆเหมือนกันทุกโมเดล เพื่อการศึกษาเปรียบเทียบหา RRM ที่เหมาะสมสำหรับการประเมินพันธุกรรมความคงทนของการให้น้ำนมด้วยสมการทางคณิตศาสตร์ที่แตกต่างกัน

สมการ 1 สามารถแสดงให้อยู่ในรูปเมทริกซ์ดังแสดง

$$y = X\beta + Z\alpha + W\gamma + \varepsilon \quad [3]$$

เมื่อ y เป็นเวกเตอร์ค่าสังเกต, X เป็นเมทริกซ์แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับอิทธิพลคงที่, β เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่, Z เป็นเมทริกซ์แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกต กับอิทธิพลสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม, α เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่ม หรือสัมประสิทธิ์รีเกรชันสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม, W เป็นเมทริกซ์แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับอิทธิพลสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร, γ เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่ม หรือสัมประสิทธิ์รีเกรชันสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร, ε เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลความคลาดเคลื่อนสุ่ม

linear Mixed Model Equation (MME) ของโมเดลที่ศึกษาแสดงด้วยสมการที่ 4

ข้อตกลงเบื้องต้นของสมการที่ 4 ได้แก่ ความคลาดเคลื่อนสุ่มมีการแจกแจงแบบปกติ มีค่าเฉลี่ยเท่ากับศูนย์ และมีความแปรปรวนเท่ากัน (homogeneity of residual variance)

การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน ความแปรปรวนร่วม และอัตราพันธุกรรม

การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน ความแปรปรวนร่วม และอัตราพันธุกรรมในครั้งนี้ใช้วิธี Average Information-Restricted Maximum Likelihood (AI-REML) ตามเอกสารงานวิจัยของ Fischer et al. (2004) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90

DairyPak version 3.0.2 (Duanjinda, Misztal, and Tsuruta, 2007) โดยค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับลักษณะความคงทนใดๆ คำนวณจากสมการที่ 6 ดังแสดงถัดไป

เมื่อ k_a เป็นเมทริกซ์ความแปรปรวน-ความแปรปรวนร่วมของสัมประสิทธิ์รีเกรชันสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม, k_y เป็นเมทริกซ์ความแปรปรวน-ความแปรปรวนร่วมของสัมประสิทธิ์รีเกรชันสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร, c เป็นค่าคงที่ซึ่งประยุกต์จากงานวิจัยของ Jakobsen et al., (2002), และ R เป็นความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนสุ่ม

เกณฑ์พิจารณาเปรียบเทียบโมเดล

การเปรียบเทียบโมเดลรีเกรชันสุ่มที่แตกต่างกันทั้งหมด 9 โมเดล การศึกษาเบื้องต้นของ ภาคภูมิ (2552) พบว่าเกณฑ์วัดความเหมาะสม (Goodness of Fit) ได้แก่ -2LogL ERV (Estimated Residual Variance) AIC (Akaike's Information Criterion) และ BIC (Bayesian Information Criterion) ให้ผลการวิเคราะห์ที่ขัดแย้งกัน กล่าวคือ -2LogL เลือก RRLP (5,5) และ RV เลือก RRLP(3,5) ส่วน AIC และ BIC เลือก RRLP(3,3) (รายละเอียดเพิ่มเติมดูได้ใน ภาคภูมิ (2552)) ดังนั้นการศึกษาค้างนี้จึงพิจารณาเปรียบเทียบโมเดลต่างๆ ด้วยค่าอัตราพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างวันให้นมที่วิเคราะห์ได้จากแต่ละโมเดลเป็นสำคัญ เนื่องจากเป็นแนวคิดที่อาศัยมุมมองทางด้านพันธุศาสตร์เชิงปริมาณเข้าร่วมประกอบการพิจารณา (Ødegard et al., 2003)

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z & X'R^{-1}W \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + A^{-1} \otimes K_\alpha^{-1} & Z'R^{-1}W \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}Z & W'R^{-1}W + I \otimes K_\gamma^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ \alpha \\ \gamma \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \\ W'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad [4]$$

$$\begin{bmatrix} \alpha \\ \gamma \\ \varepsilon \end{bmatrix} \sim NID(0, V); \quad V \begin{bmatrix} \alpha \\ \gamma \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A^{-1} \otimes K_\alpha^{-1} & 0 & 0 \\ 0 & I \otimes K_\gamma & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix} \quad [5]$$

$$\hat{h}^2 = \frac{\phi_m^{*T}(t_n) K_\alpha \phi_m^*(t_n)}{\phi_m^{*T}(t_n) K_\alpha \phi_m^*(t_n) + \phi_m^{*T}(t_n) K_\gamma \phi_m^*(t_n) + (c_i \times R)} \quad [6]$$

การประเมินพันธุกรรม

ค่าการผสมพันธุ์ การประมาณ EBV ของโคนมตัวที่ i ณ วันให้น้ำนม t_n จากผลการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่เหมาะสมสำหรับการประเมินพันธุกรรมความคงทนของการให้น้ำนม เป็นดังแสดง

$$EBV(t_n)_i = \sum_{m=0}^{k_a-1} \alpha_{lm} \phi_m^*(t_n) \quad [8]$$

การคำนวณความคงทนของการให้น้ำนม

สมการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนมในการศึกษาครั้งนี้ แบ่งเป็นสองกลุ่ม ได้แก่ 1) สมการที่อยู่ในรูปผลต่างระหว่างปริมาณน้ำนมวันทดสอบ และ 2) สมการที่อยู่ในรูปสัดส่วนของปริมาณน้ำนมวันทดสอบ และเพื่อหลีกเลี่ยงความสับสนจึงพิจารณาใช้ Figure 1 ประกอบการอธิบายนิยามและวิธีการคำนวณดังต่อไปนี้

สมการ PL1 หมายถึง ความแตกต่างระหว่าง EBV ณ วันให้น้ำนม 280 กับ 60 หรือ ผลต่างในแนวตั้งระหว่างจุด c กับ f (เส้นประ c-e) หาก PL1 ที่คำนวณได้มีความแตกต่างกันไม่มากแสดงว่าโคนมมีความคงทนของการให้น้ำนมสูง ใช้สมการคำนวณดังแสดง

$$PL1 = EBV_{280} - EBV_{60} \quad [9]$$

เมื่อ EBV_{60} และ EBV_{280} เป็น EBV ณ วันให้น้ำนมที่ 60 และ 280 ตามลำดับ

สมการ PL2 หมายถึง สัดส่วนของ EBV ณ วันให้น้ำนม 280 กับ 60 หรือผลหารของจุด f หารด้วยจุด c หาก PL2 ที่คำนวณได้มีค่ามากแสดงว่าโคนมมีความคงทนของการให้น้ำนมสูง ใช้สมการ [10]

$$PL2 = \frac{EBV_{280}}{EBV_{60}} \quad [10]$$

สมการ PL3 หมายถึง สัดส่วนของผลรวม EBV ตั้งแต่วันให้น้ำนม 60 ถึง 280 กับ ผลรวม EBV ตั้งแต่วันให้น้ำนม 5 ถึง 59 หรือหมายถึง ผลหารของพื้นที่ใต้กราฟ c-f-b-a หารด้วยพื้นที่ใต้กราฟ m-c-a-n หาก PL3 ที่คำนวณได้มีค่ามากแสดงว่าโคนมมีความคงทนของการให้น้ำนมสูง ใช้สมการ [11] คำนวณ

$$PL3 = \frac{\sum_{i=60}^{280} EBV_i}{\sum_{i=5}^{59} EBV_i} \quad [11]$$

สมการ PL4 หมายถึง ความแตกต่างระหว่าง EBV ตั้งแต่วันให้น้ำนมที่ 60 ถึง 279 ซึ่งเบี่ยงเบนไปจาก EBV ณ วันให้น้ำนม 280 หาก PL4 ที่คำนวณได้มีค่ามากแสดงว่าโคนมมีความคงทนของการให้น้ำนมสูง ใช้สมการคำนวณดังแสดง

$$PL4 = 220EBV_{280} - \sum_{i=60} EBV_i \quad [12]$$

ค่าประมาณสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์เชิงลำดับของสเปียร์แมน (Spearman's rank correlation coefficient)

$$\rho_s = 1 - \left(\frac{6 \sum_{i=1}^n d^2}{n(n^2 - 1)} \right) \quad [13]$$

source : Sokal and Rohlf, (1981)

เมื่อ ρ_s เป็นสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์เชิงลำดับของสเปียร์แมน มีค่าอยู่ในช่วง -1 ถึง 1, d เป็นความแตกต่างระหว่าง EBV ในแต่ละลำดับของการเปรียบเทียบ, n จำนวนลำดับที่ทำการเปรียบเทียบ

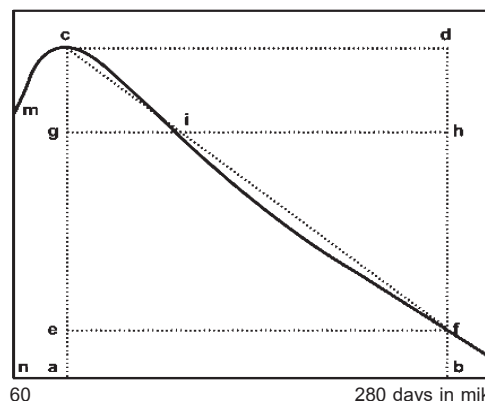


Figure 1 General phenotypic lactation curve in dairy cattle.

source : Togashi and Lin, 2003

ผลการศึกษาและวิจารณ์

การเปรียบเทียบจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ MNLP

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม ($\hat{h}^2$)

ผลการวิเคราะห์ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมด้วย RRLP(k_α, k_γ) ทั้ง 9 โมเดล พบว่ามีความแตกต่างกันไป ขึ้นอยู่กับวันให้น้ำนม และจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม MNLP ที่ใช้ประกอบในโมเดล รีเกรซชันสุ่ม และพบว่าค่าประมาณอัตราพันธุกรรมจากทุกโมเดล มีการเปลี่ยนขึ้นลงไปตามตลอดการให้น้ำนมดังแสดงใน Figure 2

แนวโน้มการเปลี่ยนแปลงของค่าประมาณอัตราพันธุกรรม ที่พบในการศึกษาครั้งคล้ายคลึงกับรายงานวิจัยของ Olori et al. (1999b) โดยความผันผวนของค่าประมาณอัตราพันธุกรรม จะเห็นได้อย่างชัดเจนเมื่อโมเดลรีเกรซชันสุ่มมี k_α สูงกว่า k_γ และจะยิ่งผันผวนมากถ้าผลต่างระหว่าง k_α กับ k_γ มีค่ามากขึ้น ดังเช่นที่พบในกรณี RRLP(5,3)

นอกจากนี้หากกำหนดให้ RRLP(k_α, k_γ) มี k_α มีค่าคงที่ พบว่าเมื่อ k_γ เพิ่มมากขึ้นจะส่งผลให้ค่าอัตราพันธุกรรมมีความผันผวนลดลง โดย Meyer (1999) อธิบายสาเหตุความผันผวน (oscillation) ของค่าประมาณอัตราพันธุกรรม ดังเช่นที่พบในการประมาณค่าอัตราพันธุกรรมในช่วงเริ่มต้น และช่วงสุดท้ายของการให้น้ำนมในการศึกษาครั้งนี้ว่าเป็นผลเนื่องมาจากจำนวนของฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ MNLP ที่ใช้เป็นโมเดลย่อยในส่วนของพันธุกรรมแบบบวกสะสม หากจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมสูงมากขึ้นจะเป็นผลทำให้กราฟค่าประมาณอัตราพันธุกรรมในช่วงเริ่มต้นของการให้น้ำนม มีรูปร่างผิดรูปไป (distorted) ดังนั้น Meyer (1999) จึงแนะนำว่าควรหลีกเลี่ยงการใช้จำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมมาก ซึ่งจะทำให้กราฟการให้น้ำนมทางพันธุกรรมมีรูปร่างสอดคล้องกับงานวิจัยด้านประเมินพันธุกรรมโดยโมเดลรีเกรซชันสุ่มทั่วไป (López-Romero and Carabaño, 2003)

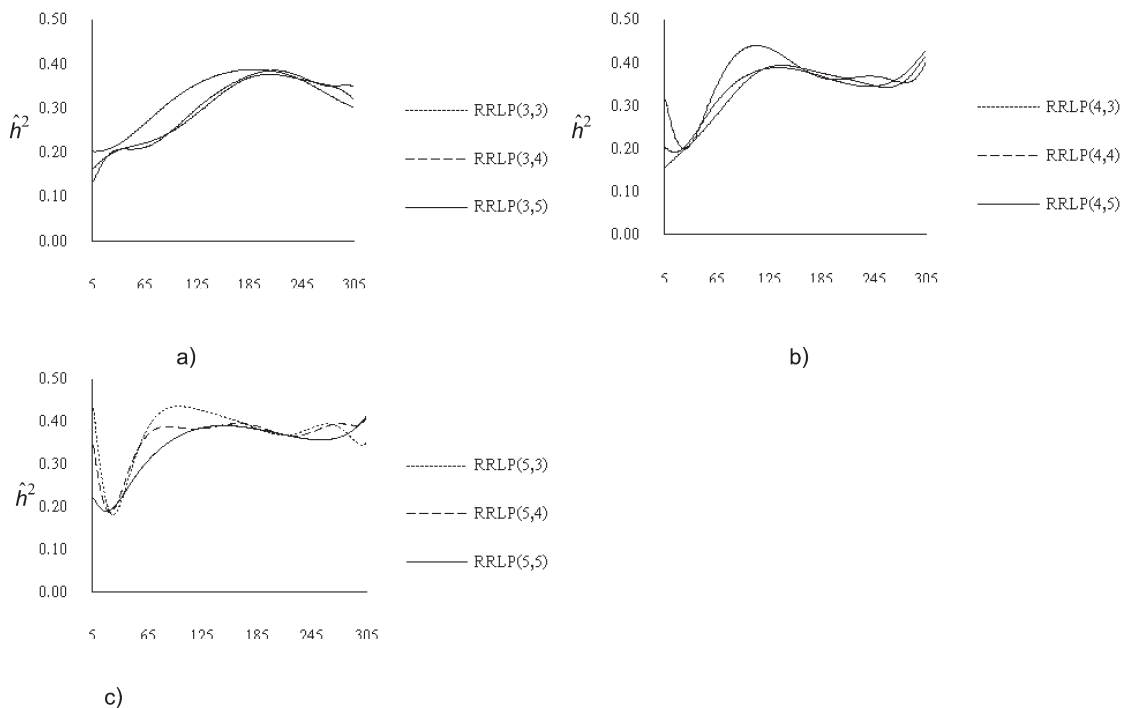


Figure 2 Estimated heritability ($\hat{h}^2$) along days in milk for 9 random regression models fitting by Modified Normalized Legendre Polynomials (MNLP)

ดังนั้นหากพิจารณาประเด็นการศึกษาโมเดลรีเกรชันกลุ่มที่มีความเหมาะสมสำหรับการประมาณค่าอัตราพันธุกรรม Pool et al. (2000) อธิบายว่าสิ่งสำคัญที่จำเป็นต้องพิจารณาได้แก่ โมเดลต้องไม่มีจำนวนพารามิเตอร์มากเกินไป (overparameterization) หรืออาจกล่าวได้ว่าโมเดลที่เหมาะสมต้องมีความซับซ้อนน้อย หรือมีความเรียบง่าย (simple model) เนื่องจากสิ้นเปลืองเวลาและต้นทุนทางการคำนวณต่ำกว่า (low computational cost) ซึ่งผลจากการวิเคราะห์ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมครั้งนี้บ่งชี้ว่าโมเดลรีเกรชันกลุ่มรูปแบบ RRLP(3,4) เหมาะสมสำหรับประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมตลอดจนประเมินพันธุกรรมโคนมในประชากรเป้าหมาย เนื่องจากมีจำนวนพารามิเตอร์ไม่มากเกินไป ($n = 16$) และมีค่า k_α มากกว่าค่า k_γ ส่งผลให้สามารถช่วยลดค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่สูงเกินจริงในช่วงให้น้ำนมสูงสุดได้ (Jamrozik and Schaeffer, 1997)

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

ผลการวิเคราะห์ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างวันให้น้ำนมภายในการให้น้ำนมครั้งแรกของการศึกษาครั้งนี้ให้ผลที่น่าสนใจ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในประเด็นการพิจารณาใช้ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่มีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม MNLP ประกอบเป็นโมเดลย่อยหรือใช้ข้อมูลภายในอิทธิพลกลุ่มต่างๆ ของโมเดลรีเกรชันกลุ่มแตกต่างกัน ($k_\alpha \neq k_\gamma$) จะต้องมีความระมัดระวังเป็นอย่างมาก

เนื่องจากผลการวิเคราะห์ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแสดงให้เห็นว่าการเพิ่มจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมรูปแบบ modified normalized Legendre polynomial ของโมเดลรีเกรชันกลุ่มส่งผลให้ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างวันให้น้ำนมที่อยู่ห่างออกไป

มีค่าลดต่ำลงอย่างเห็นได้ชัด โดยเฉพาะอย่างยิ่งในกรณีของการกำหนดจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมที่ซ้อนอยู่ในส่วนอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบบวกละสมมากกว่าที่ใช้ซ้อนในอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวรของโมเดล RRLP(5,3) ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจะเริ่มติดลบตั้งแต่วันให้น้ำนม 50 ถึง 140 วัน ดังแสดงค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมช่วงห่าง 15 วัน ด้วยกราฟสามมิติใน Figure 3a

สำหรับเหตุผลของเหตุการณ์ดังกล่าวข้างต้นเป็นผลเนื่องมาจากค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกละสมวันเริ่มต้นของการให้น้ำนม (ดู Figure 3a ประกอบ) มีค่าสูงมาก (inflate) มีทิศทางการเปลี่ยนแปลงไปในทางตรงกันข้ามกับค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกละสมของวันที่อยู่ห่างออกไป จนเมื่อคำนวณค่าความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมแบบบวกละสมระหว่างเริ่มต้นให้น้ำนมกับวันให้น้ำนมที่อยู่ห่างกันจะทำให้ค่าประมาณความแปรปรวนร่วมมีค่าเป็นลบ ส่งผลให้ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมติดลบเช่นเดียวกันโดย Odegard et al., (2003) อธิบายว่าการประเมินพันธุกรรมลักษณะใดลักษณะหนึ่ง อิทธิพลทางพันธุกรรม หรือยีนที่ควบคุมการแสดงออกควรเป็นยีนกลุ่มเดียวกัน เพราะฉะนั้นค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างวันให้น้ำนมของประชากรโคนมที่ได้ไม่ควรมีค่าติดลบหรือต่ำเกินไป

เพราะฉะนั้นในประเด็นของค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแบบบวกละสม บ่งชี้ว่าโมเดลรีเกรชันกลุ่มที่เหมาะสมสำหรับใช้ในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน ควรเป็นโมเดลที่มีจำนวน k_α มากกว่า k_γ เนื่องจากเมื่อทำการวิเคราะห์แล้วให้ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่สมเหตุสมผลไม่เกิดการติดลบ ดังที่พบกรณี RRLP(3,4) แสดงด้วย Figure 3b

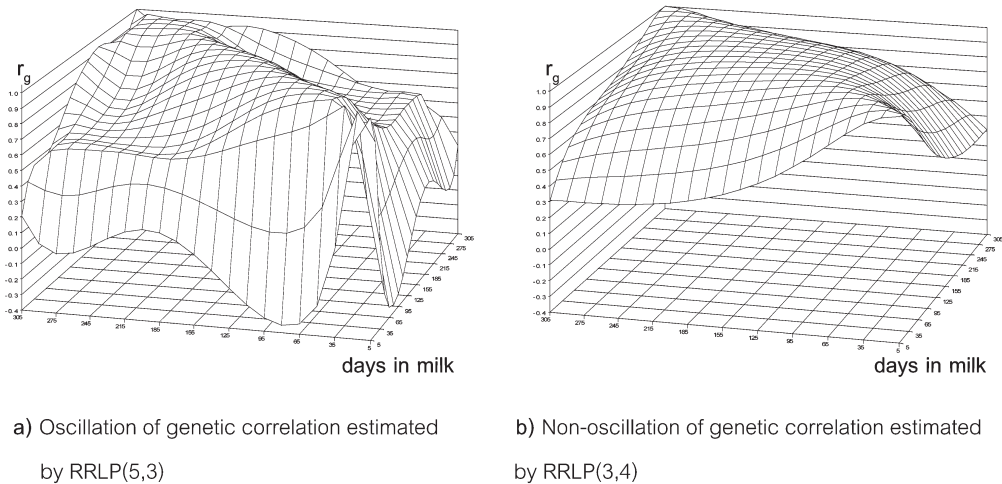


Figure 3 Estimated genetic correlation between days in milk obtained with RRLP(5,3) and RRLP(3,3)

ความคงทนของการให้น้ำนม

การใช้สารสนเทศในการวิเคราะห์ความคงทนของการให้น้ำนม

ผลการวิเคราะห์ค่าความคงทนของการให้น้ำนมด้วยสมการ PL1, PL2, PL3 และ PL4 ในการศึกษาครั้งนี้ เมื่อพิจารณาประเด็นของการใช้ประโยชน์จากสารสนเทศ (information) ซึ่งเป็น EBV ที่ได้จากการวิเคราะห์ข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบของประชากรเป้าหมายด้วยโมเดลรีเกรชันสูตรแบบ RRLP(3,4) พบว่าสมการที่ใช้ประโยชน์จากสารสนเทศดังกล่าวข้างต้นเรียงลำดับจากมากไปหาน้อย ได้แก่ PL3 ใช้ EBV ตั้งแต่วันให้น้ำนมที่ 5 ถึง 280, PL4 ใช้ EBV ตั้งแต่วันให้น้ำนมที่ 60 ถึง 280, PL3 และ

PL4 ใช้ EBV เท่ากันคือ วันให้น้ำนมที่ 60 กับ 280 เพียงสองค่า

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของความคงทนของการให้น้ำนม

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมจากสมการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม PL1, PL2, PL3 และ PL4 ทั้งหมดมีค่าประมาณอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วงต่ำ ดังแสดงใน Table 2 และเพื่อที่จะให้ประชากรโคนมฟาร์มโชคชัย มีการตอบสนองต่อการคัดเลือกตามความสามารถทางพันธุกรรมของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนม พบว่าสมการ PL3 และ PL4 เหมาะสมสำหรับใช้เป็นสมการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนมมากกว่าสมการ PL1 และ PL2

Table 2 estimated heritabilities ($\hat{h}^2$) and spearman's rank correlation (ρ_s) for four persistency measures (PL1, PL2, PL3, and PL4) and 305 days estimated breeding value for RRLP(3,4).

Model	Equation	$\hat{h}^2$	ρ_s, EBV_{305}
RRLP(3,4)	PL1	0.16	0.35 ($P^{1/} = 0.01$)
	PL2	0.13	-0.46 ($P^{1/} = 0.0009$)
	PL3	0.16	0.04 ($P^{1/} = 0.76$)
	PL4	0.14	0.90 ($P^{1/} = 0.0001$)

^{1/} P = Probability of type I error

โดยค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้มีค่าใกล้เคียงกับที่ได้เคยมีการรายงานไว้ก่อนหน้านี้ ตัวอย่างเช่น วรวงศ์นา (2545) ประมาณค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในประชากรโคนมลูกผสมพันธุ์โฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรกของฟาร์มเอกชนแห่งหนึ่งในประเทศไทย โดยใช้สมการ PL1 ได้ค่า ประมาณอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.14 เช่นเดียวกันกับ Jakobsen et al. (2002) ทำการศึกษาในประชากรโคนมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรกได้ค่าประมาณอัตราพันธุกรรม 0.14 นอกจากนี้ Gengler et al. (1995) ได้รายงานค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่ประมาณค่าจากสมการของสมการ PL3 และ PL4 พบว่ามีค่าอยู่ในช่วง 0.11 ถึง 0.12

การเลือกสมการการประเมินพันธุกรรมความคงทนของการให้น้ำนม

จากการศึกษาพบว่าสมการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม PL3 น่าจะมีความเหมาะสมสำหรับการประเมินพันธุกรรมความคงทนของการให้น้ำนมในประชากรโคนมฟาร์มโชคชัย โดยพิจารณาจาก 1) การใช้สารสนเทศจากวันให้น้ำนมตลอดการให้น้ำนม 305 วัน 2) ค่าความคงทนของการให้น้ำนมที่คำนวณจากสมการ PL3 ไม่มีความสัมพันธ์กับ EBV 305 วัน ทำให้สามารถทำการคัดเลือกลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมได้โดยไม่ต้องนำคิดเป็นดัชนีคัดเลือกร่วมกับลักษณะปริมาณน้ำนม 305 วัน ซึ่งง่ายต่อการใช้งานในทางปฏิบัติ 3) สมการ PL2 ไม่เหมาะสมสำหรับการประเมินพันธุกรรมความคงทนของการให้น้ำนม เนื่องจากมีสหสัมพันธ์เชิงลบกับ EBV 305 วัน ซึ่งหากนำมาทำการคัดเลือกโคนมที่มีความคงทนของการให้น้ำนมสูง จะได้โคนมที่มีความสามารถทางพันธุกรรมของปริมาณน้ำนม 305 วันต่ำตามไปด้วย ดังนั้นหากต้องทำการเลือกสมการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนมในครั้งนี้ เพื่อให้การตอบสนองต่อการคัดเลือกโคนมจากลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในประชากรโคนมฟาร์ม

โชคชัยมีค่าสูงสุด และใช้ประโยชน์จากสารสนเทศที่วิเคราะห์ได้จากข้อมูลในครั้งนี้จะเลือกสมการคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม PL3

สรุป

ผลการศึกษาศึกษาเปรียบเทียบโมเดลรีเกรสชันสุ่มที่มีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชัน Modified Legendre Normalized Polynomial ที่เหมาะสมประกอบในโมเดล พบว่า RRLP(3,4) มีความเหมาะสมที่สุดเนื่องจากมีจำนวนพารามิเตอร์ที่ต้องทำการประมาณค่าไม่มากเกินไป ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่ได้จาก RRLP(3,4) ในช่วงเริ่มต้น และวันให้น้ำนมสูงสุด มีค่าไม่สูงเกินจริง เมื่อพิจารณาค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ประมาณได้จาก RRLP(3,4) มีความสมเหตุสมผล ไม่ต่ำหรือมีค่าติดลบดังที่พบในโมเดลที่มีจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม MNLP ที่ใช้ข้อในส่วนของอิทธิพลทางพันธุกรรมมากกว่าอิทธิพลทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร นอกจากนี้ผลการศึกษาคำนวณค่าความคงทนของการให้น้ำนม PL1, PL2, PL3 และ PL4 สรุปได้ว่าสมการ PL3 เป็นสมการที่มีความเหมาะสมที่สุดสำหรับใช้ประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรกของประชากรโคนมฟาร์มโชคชัย เนื่องจากพิจารณาใช้สารสนเทศจากวันให้น้ำนมตลอดการให้น้ำนม และให้ค่าสหสัมพันธ์เชิงลำดับของสเปียร์แมนเมื่อเปรียบเทียบกับค่าประมาณการผสมพันธุ์รวม 305 วัน เท่ากับ 0.04 นั้นหมายถึงว่าการคัดเลือกโคนมจากค่าประมาณการผสมพันธุ์การให้น้ำนม 305 วัน เป็นอิสระจากการคัดเลือกโคนมด้วยค่าความคงทนของการให้น้ำนม

คำขอบคุณ

คณะผู้วิจัยขอขอบพระคุณฟาร์มโชคชัยในความเอื้อเฟื้อให้ข้อมูลวิจัย ขอบคุณห้องปฏิบัติการพันธุศาสตร์และเทคโนโลยีชีวภาพทางสัตว์ ภาควิชา

สัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น
สำหรับสถานที่ทำวิจัยครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

- ภาควิชา สหวิทยาเขต. 2552. การศึกษาโมเดลรีเกรชันสำหรับประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมไฮลัสไต้หวัน-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรก. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ สำนักวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี. นครราชสีมา.
- มนต์ชัย ดวงจินดา. 2544. การใช้โปรแกรม SAS เพื่อวิเคราะห์งานวิจัยทางสถิติ (ฉบับปรับปรุงครั้งที่ 2). คลังนันทวิทยา. ขอนแก่น.
- วุฒิกโร บุญคุ้ม, มนต์ชัย ดวงจินดา, สุภร กตเวทิน, และมานิต ทรามาศ. 2549. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมโดยใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรชัน. แก่นเกษตร 34: 355-363.
- วรางคณา กิจพิพิธ. 2545. การประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะความคงทนในการให้น้ำนม ในโคนมลูกผสมโดยใช้โมเดลถดถอยเชิงเส้น. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท สาขาวิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย. กรุงเทพฯ.
- Capuco, A. V., S. E. Ellis, S. A. Hale, E. Long, R. A. Erdman, X. Zhao, and M. J. Paafe. 2003. Lactation persistency: Insights from mammary cell proliferation studies. J. Anim. Sci. 81(Suppl. 3):18-31.
- Dekkers, J. C. M., J. H. Ten, and A. Hagand Weersink. 1998. Economic aspects of persistency of lactation in dairy cattle. Livest. Prod. Sci. 53:237-252.
- Duangjinda, M., I. Misztal, and S. Tsuruta. 2007. BLUPF90-DairyPak (version 3.0) [Computer program]. KhonKaen, the Thailand: Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University
- Fischer, T. M., A. R. Gilmour, and J. H. J. Van der werf. 2004. Computing approximate standard errors for genetic parameters derived from random regression models fitted by average information REML. Genet. Sel. Evol. 36:363-369.
- Gengler, N., J. F. Keown, and L. D. Van Vleck. 1995. Various persistency measures and relationships with total, partial and peak milk yields. Available from: <http://web2.sbg.org.br/gmb/edicoesanteriores/v18n2/pdf/a13v18n2.pdf>. Accessed 7. July. 2010.
- Gengler, N., A. Tijani, G. R. Wiggins, and I. Misztal. 1999. Estimation of (co)variance function coefficients for test day yields with a Expectation-Maximization restricted maximum likelihood algorithm. J. Dairy Sci. Available from: <http://jds.fass.org/cgi/data/82/8/1849/DC1/1>. Accessed 12. June. 2010.
- Jakobsen, J. H., P. Madsen, J. Jensen, J. Pedersen, L. G. Christensen, and D. A. Sorensen. 2002. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimated in random regression models using REML. J. Dairy Sci. 85:1607-1616.
- Jamrozik, J., L. R. Schaeffer, and J. C. M. Dekkers. 1997. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. J. Dairy Sci. 80:1217-1226.
- 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.
- López-Romero, P., and M. J. Carabaño. 2003. Comparing alternative random regression models to analyses first lactation daily milk yield data in Holstein-Friesian cattle. Livest. Prod. Sci. 82:81-96.
- Meyer, K. 1999. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cows. J. Anim. Breed Genet. 116:181-205.
- Misztal, I., T. Strabel, J. Jamrozik, E. A. Mäntysaari, and T. H. E. Meuwissen. 2000. Strategies for estimating the parameters needed for different test-day models. J. Dairy Sci. 83:1125-1134.
- Muir, B. L., J. Fatehi, and L. R. Schaeffer. 2004. Genetic relationships between persistency and reproductive performance in first-lactation Canadian Holsteins. J. Dairy Sci. 87:3029-3037.
- Ødegard, J., J. Jensen, G. Klemetsdal, P. Madsen, and B. Heringstad. 2003. Genetic analysis of somatic cell score in Norwegian cattle using random regression test-day models. J. Dairy Sci. 86:4103-4114.
- Pool, M. H., L. L. G. Janss, and T. H. E. Meuwissen. 2000. Genetic parameters of Legendre polynomials for first parity lactation curves. J. Dairy Sci. 83:2640-2649.
- Schaeffer, L.R. 2004. Application of random regression models in animal breeding. Livest. Prod. Sci. 86:35-45.
- Sokal, R. R., and F. J. Rohlf. 1981. Biometry. Freeman, NY.

- Sölkner, J., and W. Fuchs. 1987. A comparison of different measures of persistency with special respect to variation of test-day milk yields. *Livest. Prod. Sci.* 16:305-319.
- Togashi, K., and C. Y. Lin. 2004. Efficiency of different selection criteria for persistency and lactation milk yield. *J. Dairy Sci.* 87:1528-1535.