

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมการให้น้ำนมในแพะลูกผสม โดยใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรซชันลุ่ม

Genetic parameters estimation of milk yield in crossbred dairy goat by random regression testday model

ธำรง ทองจัญญ์¹, มงคล เทพรัตน์², มนต์ชัย ดวงจินดา^{2*} และ สุวิทย์ อนโณทัยสินทวี³

Thumrong Thongchumroon¹, Mongkol Thepparat², Monchai Duangjinda^{2*}
and Suwit Anothaisinthawee³

บทคัดย่อ: การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมโดยใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรซชันลุ่มของลักษณะการให้น้ำนมในแพะลูกผสมระหว่างพันธุ์พื้นเมืองไทย กับ พันธุ์แองโกลนูเบียน, ทอกเกนเบิร์ก, ซาเนน และอัลไพน์ จากข้อมูลน้ำนมวันทดสอบจำนวน 1,438 บันทึก ระหว่างปี 2547-2549 ใช้ Legendre polynomial function อันดับสอง เป็นฟังก์ชันการให้นมที่ซ้อนอยู่ในตัวสัตว์ และสภาพแวดล้อมถาวร มีการปรับอิทธิพลความคลาดเคลื่อนลุ่มของการให้น้ำนมด้วยสมการเอ็กซ์โปเนนเชียล จากการศึกษาพบว่าค่าอัตราพันธุกรรม มีค่าสูงในช่วงแรกของการให้น้ำนม และมีค่าที่ลดลงเมื่อระยะเวลาในการให้น้ำนมเพิ่มขึ้น โดยมีค่าอยู่ในช่วง 0.088-0.535 และมีค่าเฉลี่ยตลอดระยะเวลาการให้นมเท่ากับ 0.238 กราฟพันธุกรรมที่ประเมินได้ในครั้งนี้ช่วยเพิ่มความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ และแนวทางในการคัดเลือกแพะนมให้กับประเทศไทยต่อไป

คำสำคัญ: แพะนมลูกผสม, ปริมาณน้ำนม, อัตราพันธุกรรม, โมเดลวันทดสอบรีเกรซชันลุ่ม

ABSTRACT: The objective of this study was to estimate genetic parameters in crossbred goat between Thai native with Anglo-Nubian (AN), Toggenburg (TG), Saanen (SA) and Alpine (AP), for milk yield base on random regression test day model (RRTDM). The data analysis was based on 1,438 test day milk records between 2004 and 2006. RRTDM based on second-order Legendre polynomial function for additive genetic and permanent environment effects. Residual variance was adjusted for heterogeneity using exponential function. Heritability estimates were 0.088-0.535 and decreased from the beginning to the end of lactation with average of 0.238. The genetic lactation curve obtained from this study is useful for increasing accuracy of breeding values and selection strategies for improving milk goat of Thailand.

Keywords: crossbred dairy goat, milk yield, heritability, random regression test day model

¹ สถานีวิจัยทดสอบพันธุ์สัตว์ปัตตานี หมู่ที่ 1 ต.ปอทอง อ.หนองจิก จ.ปัตตานี 94170

Pattani Livestock Research Station, Moo 1, Boa Thong sub district, Nong Chik district, Pattani province, 94170

² ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น จังหวัดขอนแก่น 40002

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

³ กองบำรุงพันธุ์สัตว์ กรมปศุสัตว์ ถนนพญาไท เขตราชเทวี กรุงเทพมหานคร 10400

Animal Breeding Division, Department of Livestock Development, Payathai, Ratchathevi, Bangkok

* Corresponding author: monchai@kku.ac.th

บทนำ

การเลี้ยงแพะนมในประเทศไทยมีแนวโน้มขยายตัวเพิ่มขึ้นจากในอดีตที่ผ่านมา (กรมปศุสัตว์, 2551) ทั้งนี้เนื่องจากแพะมีความต้องการพื้นที่ต่อตัวต่ำ เมื่อเปรียบเทียบกับสัตว์เคี้ยวเอื้องขนาดใหญ่ ขยายพันธุ์ได้รวดเร็ว อายุในการตั้งท้องสั้น และสามารถให้ลูกแฝด (Devendra, 2001) นอกจากนี้แพะยังมีองค์ประกอบที่เหมาะสมเพื่อการบริโภค เช่น มีกรดไขมันสายปานกลางในสัดส่วนที่สูงทำให้ย่อยได้ง่าย (Silanikove et al., 2010) รวมทั้งยังมีกรดอะมิโนที่จำเป็นบางชนิดในปริมาณสูงกว่านมโค เช่น taurine (Rutherford et al., 2008) จากเหตุผลดังกล่าวทำให้ผู้ประกอบการนิยมบริโภคนมแพะมากขึ้น รัฐบาลมีการส่งเสริมและพัฒนาการเลี้ยงแพะเนื้อและนมให้แก่เกษตรกรโดยเฉพาะในเขตพื้นที่หำจังหวัดชายแดนภาคใต้ โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อเป็นการสร้างอาชีพ สร้างงาน และสร้างรายได้ที่มั่นคง และแก้ไขปัญหาทางด้านเศรษฐกิจและสังคม โดยการยกระดับความเป็นอยู่ของเกษตรกรเพื่อให้ดีขึ้น อีกทั้งยังมีส่วนช่วยในการแก้ไขปัญหาความไม่สงบในพื้นที่จังหวัดชายแดนภาคใต้ในทางอ้อม (สำนักนโยบายและแผนศูนย์อำนวยการบริหารจังหวัดชายแดนภาคใต้, 2551) อย่างไรก็ตามเนื่องจากแพะของไทยเป็นสายพันธุ์แพะเนื้อ ดังนั้นกรมปศุสัตว์จึงมีการพัฒนาพันธุ์แพะนมสำหรับการเลี้ยงในประเทศ โดยนำพันธุ์แพะนมจากต่างประเทศเข้ามาผสมข้ามกับแพะพื้นเมือง เพื่อยกระดับสายเลือด (up grading) ให้เป็นแพะนมที่สามารถเลี้ยงและปรับตัวในประเทศไทย ซึ่งแพะนมที่นำเข้ามาผสมข้ามกับแพะพื้นเมืองไทย เช่น พันธุ์แองโกลนูเบียน (Anglo-nubian; AN), ทอกเกนเบิร์ก (Toggenburg; TG), ซาเนน (Saanen; SA) และอัลไพน์ (Alpine; AP)

ในการวางแผนปรับปรุงพันธุ์ ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมมีความสำคัญในการวางแผนการคัดเลือกและการจับคู่ผสมพันธุ์ ซึ่งผลผลิตน้ำนมเป็นลักษณะหนึ่งที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ เนื่องจากลักษณะดังกล่าวมีผลโดยตรงต่อรายได้ของผู้เลี้ยง การประเมิน

พันธุกรรมของลักษณะดังกล่าวในปัจจุบันจะใช้วิธีการประมาณโดยใช้โมเดลจากปริมาณน้ำนมรวมตลอดระยะเวลาให้นม (lactation model; LM) โดยการประเมินพันธุกรรมด้วยวิธีดังกล่าวมีข้อจำกัด คือ ในกรณีที่สัตว์ให้ผลผลิตน้ำนมไม่ครบระยะการให้นม จะต้องมีการประมาณผลผลิตน้ำนมในช่วงเวลาที่ขาดหายไปเพื่อให้สามารถเปรียบเทียบพันธุกรรมระหว่างสัตว์แต่ละตัวได้ ซึ่งอาจส่งผลให้ค่าที่ประมาณได้มีความคลาดเคลื่อนสูง นอกจากนี้วิธี LM จะพิจารณาอิทธิพลของสภาพแวดล้อมที่กระทบต่อการให้นมในแต่ละวันเท่ากันตลอดระยะการให้นม ซึ่งไม่สอดคล้องกับความเป็นจริง จากข้อจำกัดดังกล่าวปัจจุบันจึงมีการพัฒนาโมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่ม (random regression test-day model; RRTDM) เพื่อใช้ในการประเมินพันธุกรรมของข้อมูลที่มีการให้ผลผลิตอย่างต่อเนื่อง เช่น น้ำนม ไปตามระยะเวลาการให้ผลผลิตนั้น ซึ่งช่วยให้ไม่ต้องปรับข้อมูลในกรณีที่ให้ผลผลิตน้ำนมไม่ครบระยะการให้นม (Schaeffer, 2004) นอกจากนี้ยังสามารถปรับความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อนในลักษณะที่ไม่เท่ากันตลอดระยะการให้นม (heterogeneous variance) จึงช่วยให้เพิ่มความแม่นยำในการประเมินมากยิ่งขึ้น (Druet et al., 2003) ปัจจุบันการประเมินพันธุ์ด้วยโมเดลดังกล่าวได้ถูกนำมาใช้กับลักษณะการให้นมในโคนมในหลายประเทศ เช่น แคนาดา อิตาลี นิวซีแลนด์ และออสเตรเลีย (Jamrozik et al., 2002) จากข้อได้เปรียบของ RRTDM ในการประเมินพันธุกรรมของลักษณะการให้นม การศึกษาครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมของแพะ

วิธีการศึกษา

ข้อมูลปริมาณน้ำนม

ข้อมูลที่ใช้ครั้งนี้เป็นข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ (เก็บข้อมูลปริมาณการให้นมทุกวันทั้ง 10, 20 และ 30 ในแต่ละเดือน) ในระยะการให้นม 150 วัน จากแม่แพะ 112 ตัว จำนวน 1,451 บันทึก

ที่มีระยะการให้นมที่แตกต่างกัน (1-8) จากสถานีทดสอบพันธุ์สัตว์ปัดตานี กรมปศุสัตว์ ซึ่งตั้งอยู่ในเขตอำเภอหนองจิก จังหวัดปัตตานี ระหว่างปี พ.ศ. 2547-2549 โดยข้อมูลทั้งหมดได้จากแพะพันธุ์แท้ AN, TG, SA, AP และลูกผสมระหว่างพันธุ์ดังกล่าวกับแพะพื้นเมือง (TN) ที่ระดับเลือด 50, 75 และ 87.5% (AN, TG, SA, AP, 50%AN50%TN, 75%AN25%TN, 87.5%AN12.5%TN, 50%TG50%TN, 50%SA50%TN, 75%SA25%TN, 87.5%SA12.5%TN และ 50%AP50%TN) ในการเตรียมข้อมูลก่อนวิเคราะห์ กำหนดให้แพะแต่ละตัวต้องมีบันทึกการให้นมไม่น้อยกว่า บันทึก และมีปริมาณน้ำนมในวันทดสอบอยู่ในช่วง 0.25-2.25 กก. ทำให้มีจำนวนข้อมูลใช้ในการศึกษาครั้งนี้ จำนวน 1,438 บันทึก โดยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.90 กก. รายละเอียดโครงสร้างของข้อมูลดังแสดงใน Table 1

โมเดลในการวิเคราะห์

โมเดลวันทดสอบปริมาตรน้ำนมที่มีการปรับฟังก์ชันการให้นมในอิทธิพลสุ่มเนื่องจากพันธุกรรมโดยตรง (direct additive effects) และอิทธิพลสุ่มเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร (permanent environmental effects) ด้วย Legendre polynomial function second order ($L1 + L2 + L3$ เมื่อ $L1 = 1$, $L2 = \sqrt{3}L$,

$L3 = \sqrt{5/4}(3L^2 - 1)$ และ $L = (-1) + 2(t - \min)/(\max - \min)$ เมื่อ t = วันทดสอบการให้นม (days in milk; DIM), $\min$ = วันทดสอบการให้นมเริ่มต้น (5 วัน) และ $\max$ = วันทดสอบการให้นมสุดท้าย (150 วัน) (Gengler et al., 1999) ดังแสดงในสมการที่ 1

เมื่อ y_{ijkl} = บันทึกปริมาณน้ำนม ณ วันทดสอบ, $TDMY_i$ = อิทธิพลคงที่ของวันเดือนปีทดสอบ (106 ระดับ), BG_j = อิทธิพลคงที่เนื่องจากกลุ่มพันธุ์ (12 ระดับ), DG_k = อิทธิพลคงที่เนื่องจากวันให้นม (15 ระดับ), L_l = อิทธิพลเนื่องจากระยะการให้นม (1, 2 และ ≥ 3), α_m = ค่าสัมประสิทธิ์รีเกรชันสุ่มของฟังก์ชันการให้นมเนื่องจากอิทธิพลพันธุกรรมโดยตรง p_m = ค่าสัมประสิทธิ์รีเกรชันสุ่มของฟังก์ชันการให้นมเนื่องจากอิทธิพลสภาพแวดล้อมถาวร $Z_{m_{ijk}}$ = ฟังก์ชันการให้นมซึ่งซ่อนอยู่ในอิทธิพลสุ่มเนื่องจากพันธุกรรมและอิทธิพลสุ่มเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร และ e_{ijkl} = อิทธิพลเนื่องจากความคลาดเคลื่อนสุ่มของการให้ผลผลิตน้ำนมต่อวัน โดยในการศึกษาในครั้งนี้พิจารณาให้ความคลาดเคลื่อนสุ่มมีค่าไม่เท่ากันตลอดระยะการให้นม (heterogeneous variance) โดยใช้ฟังก์ชันตาม Druet et al. (2003) โดยมีโครงสร้างของความแปรปรวนดังนี้

$$y_{ijkl} = TDMY_i + DG_k \times BG_j + L_l + \sum_{m=1}^n \alpha_m Z_{m_{ijk}} + \sum_{m=1}^n p_m Z_{m_{ijk}} + e_{ijkl} \quad [1]$$

Table 1 Data structure for analysis.

Item	
No. of record	1,438
No. of animal with records	112
No. of animal in pedigree	193
Test day milk production (Kg; mean $\pm$ SD)	
0-30	1.10 $\pm$ 0.43
31-60	1.05 $\pm$ 0.41
61-90	0.89 $\pm$ 0.34
91-120	0.77 $\pm$ 0.30
120 -150	0.66 $\pm$ 0.25
Overall	0.90 $\pm$ 0.39

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

เมื่อ G = ความแปรปรวนของฟังก์ชันการให้น้ำนม เนื่องจากอิทธิพลของพันธุกรรมแบบบวกสะสม A = Numerator relationship ระหว่างตัวสัตว์ P = ความแปรปรวนของฟังก์ชันการให้น้ำนมเนื่องจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวร และ $R = \text{diag} [\sigma_{e_q}^2]$ เมื่อ $\sigma_{e_q}^2 = \exp(\alpha + bt_q + ct_q^2)$ โดยที่ $t_q = -1 + 2 \frac{(DIM-5)}{(150-5)} \sqrt{3}$

การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน

วิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม ((co)variance components) ด้วยวิธี Average Information Restricted Maximum Likelihood (AIREML) และประมาณค่าการผสมพันธุ์ (estimated breeding value; EBV) ด้วยวิธี Best Linear Unbiased Prediction โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BlupF90 PCPack 3.0.2 (Duangjinda et al., 2007)

ความแปรปรวนของอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมแบบบวกสะสม (direct additive genetic variances; σ_{gi}^2) สภาพแวดล้อมถาวร (permanent environmental variances; σ_{pi}^2) และ ความคลาดเคลื่อน (residual variances; σ_{ei}^2) ของบันทึกการให้น้ำนม ณ วันทดสอบที่ i คำนวณได้จากสมการ 2, 3 และ 4 ตามลำดับ

$$\sigma_{gi}^2 = \hat{z}_i \hat{G} \hat{z}_i \quad [2]$$

$$\sigma_{pi}^2 = \hat{z}_i \hat{P} \hat{z}_i \quad [3]$$

$$\sigma_{ei}^2 = \exp(\hat{\alpha} + \hat{b}t_q + \hat{c}t_q^2) \quad [4]$$

ความแปรปรวนของอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมแบบบวกสะสม และ สภาพแวดล้อมถาวร ของบันทึกการให้น้ำนม ณ วันทดสอบที่ i ถูกนำมาคำนวณค่าอัตราพันธุกรรมแบบบวกสะสม (h_a^2) และ ค่าอัตราซ้ำ (r) ตามสมการ ที่ 5 และ 6 ตามลำดับ

$$h_a^2 = \sigma_{gi}^2 / \sigma_{gi}^2 + \sigma_{pi}^2 + \sigma_{ei}^2 \quad [5]$$

$$r = \sigma_{gi}^2 + \sigma_{pi}^2 / \sigma_{gi}^2 + \sigma_{pi}^2 + \sigma_{ei}^2 \quad [6]$$

เมื่อ σ_{gi}^2 = ค่าประมาณความแปรปรวนของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากพันธุกรรมแบบบวกสะสม ณ วันทดสอบที่ i , σ_{pi}^2 = ค่าประมาณความแปรปรวนเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร ณ วันทดสอบที่ i และ σ_{ei}^2 = ค่าประมาณความแปรปรวนของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน ณ วันทดสอบที่ i

ผลการศึกษาและวิจารณ์

องค์ประกอบความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

จากการวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนของข้อมูลวันทดสอบโดยใช้ RRTDM ที่มีการปรับอิทธิพลของความคลาดเคลื่อนไม่เท่ากันตลอดระยะเวลาการให้นม (150 วัน) ด้วยวิธี AIREML พบว่า σ_{gi}^2 , σ_{pi}^2 และ σ_{ei}^2 มีค่าสูงในช่วงแรกของการให้น้ำนม และมีค่าลดลงเมื่อวันในการให้น้ำนมเพิ่มสูงขึ้น โดย σ_{gi}^2 , σ_{pi}^2 และ σ_{ei}^2 มีค่าระหว่าง 0.006-0.189, 0.055-0.169, 0.052-0.005 กก.² ตามลำดับ (Figure 1a) และเมื่อพิจารณาค่าเฉลี่ยตลอดระยะเวลาการให้นมพบว่า σ_{gi}^2 , σ_{pi}^2 และ σ_{ei}^2 ที่ประมาณได้ (0.043, 0.041 และ 0.077 ตามลำดับ) ซึ่งมีค่าใกล้เคียงกับพหุคูณของประเทศนอร์เวย์ที่ประเมินพันธุ์ด้วย RRTDM (0.044, 0.054 และ 0.069 ตามลำดับ; Andonov et al., 2007)

สำหรับค่าประมาณของอัตราพันธุกรรม ตลอดระยะเวลาการให้นมพบว่าการเปลี่ยนแปลงไปในทิศทางเดียวกับค่าประมาณขององค์ประกอบความแปรปรวนกล่าวคือ มีค่าสูงในช่วงแรกของการให้น้ำนม (วันให้นม 5-45 วัน) และมีแนวโน้มลดลงเมื่อวันให้นมเพิ่มขึ้น สำหรับค่าอัตราซ้ำ นั้นค่อนข้างที่จะคงที่ตลอดระยะเวลาการให้น้ำนม โดยค่าที่ประมาณได้อยู่ในช่วง 0.088-0.535 และ 0.844 -0.933 ตามลำดับ (Figure 1b) ผลดังกล่าว

ชี้ให้เห็นว่าในช่วงแรกของการให้น้ำนมในแพะประชากรกลุ่มนี้ พันธุกรรมมีบทบาทสำคัญต่อปริมาณน้ำนมที่ผลิตได้ค่อนข้างมาก ซึ่งสอดคล้องรายงานในโคนม (Jamrozik and Schaeffer, 1997; Strabel and Misztal, 1999) อย่างไรก็ตามสาเหตุที่อาจทำให้ในช่วงแรกของการให้น้ำนมมีค่าอัตราพันธุกรรมสูงอาจเกิดจากความไม่เพียงพอของจำนวนพารามิเตอร์ในฟังก์ชันของการให้น้ำนม (the degree of fit is not sufficient) เนื่องจากในช่วงต้นและช่วงปลายของการให้น้ำนมในสัตว์มักมีจำนวนข้อมูลน้อยกว่าช่วงกลางของระยะการให้น้ำนม (Misztal et al., 2000).

จากการศึกษาครั้งนี้กราฟพันธุกรรมของการให้น้ำนมที่ประมาณได้มีลักษณะเช่นเดียวกับในแพะนมลูกผสมของประเทศเยอรมัน ที่ประเมินลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมด้วย RRTDM ซึ่งพบว่าค่าอัตราพันธุกรรมสูงในช่วงแรกและลดลงในช่วงท้ายของระยะการให้น้ำนม (Zumbach et al., 2008) อย่างไรก็ตามค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้มีค่าอยู่ในช่วงที่แคบ (0.27-0.37) กว่าการศึกษาครั้งนี้ ดังนั้นในการคัดเลือกเพื่อเพิ่มความสามารถทางพันธุกรรมของการให้น้ำนมในแพะประชากรกลุ่มนี้การคัดเลือกในช่วงแรกของการให้น้ำมนน่าจะมีความเหมาะสมกว่าคัดเลือกในช่วงท้ายของการให้น้ำนมทั้งนี้เนื่องจากในช่วงดังกล่าวมีความแปรปรวนทางพันธุกรรมอยู่สูง สำหรับค่าอัตราพันธุกรรมตลอดระยะการให้นมพบว่าค่าอยู่ในช่วงปานกลาง (0.238) ซึ่งต่ำกว่ากับแพะ AP (0.34) และพันธุ์ SA (0.32) ของประเทศฝรั่งเศสที่ระยะการให้นม 250 วัน (Belichon et al., 1998) และมีค่าสูงกว่าแพะ SA (0.12) ของประเทศเม็กซิโกที่ระยะการให้นม 120 วัน (Valencia et al., 2007) และมีค่าใกล้เคียงกับแพะ

Zaraibi (0.260) ของประเทศอียิปต์ (Hamed et al., 2009)

ค่าการผสมพันธุ์

การใช้ RRTDM มีข้อได้เปรียบกว่าการใช้ LM เนื่องจากการประเมินค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธีดังกล่าวสามารถประมาณค่าการผสมพันธุ์ของแพะแต่ละตัวที่เข้ารับการประเมินได้ทุกวันตลอดระยะการให้นม ดังตัวอย่างใน Figure 2 ซึ่งแสดงค่า EBV ของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์จำนวน 5 ตัว ที่มีค่า EBV ของการให้น้ำนมที่ตลอดระยะการให้นมที่มีรูปแบบแตกต่างกัน ซึ่งจะเห็นได้ว่า EBV ของสัตว์แต่ละตัวมีความแตกต่างกันออกไปในแต่ละช่วงของการให้น้ำนม กล่าวคือ พ่อพันธุ์และแม่พันธุ์บางตัวมี EBV สูงกว่าสัตว์ตัวอื่นๆ ในช่วงแรก (หมายเลข 49/42 และ 7/43 ตามลำดับ) ขณะที่ในช่วงกลางถึงท้ายของการให้น้ำนมพบว่าค่าที่ต่ำกว่าแพะที่มี EBV ต่ำในช่วงแรก (หมายเลข 139/44 และ 4/44 สำหรับ พ่อพันธุ์ และแม่พันธุ์ ตามลำดับ) จากข้อมูลดังกล่าวจะเห็นได้ว่า การประเมินพันธุ์ด้วย RRTDM มีข้อได้เปรียบกว่า การประเมินพันธุ์โดย LM เนื่องจากการประเมินพันธุ์ด้วยวิธีดังกล่าวสามารถประมาณค่าอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรม และสภาพแวดล้อมที่มีผลกระทบต่อการแสดงออกของลักษณะในแต่ละวันของการให้น้ำนม (Wiggans and Goddard, 1997) ทำให้สามารถประมาณค่าการผสมพันธุ์ตลอดระยะการให้นม ซึ่งสามารถเพิ่มแนวทางในการคัดเลือกได้มากขึ้น เช่น สามารถคัดเลือกสัตว์ที่มีความคงทนการในการให้น้ำนมได้ (persistence) ซึ่งเป็นลักษณะที่มีความสำคัญลักษณะหนึ่งของสัตว์ให้นม (Pala and Savas, 2005)

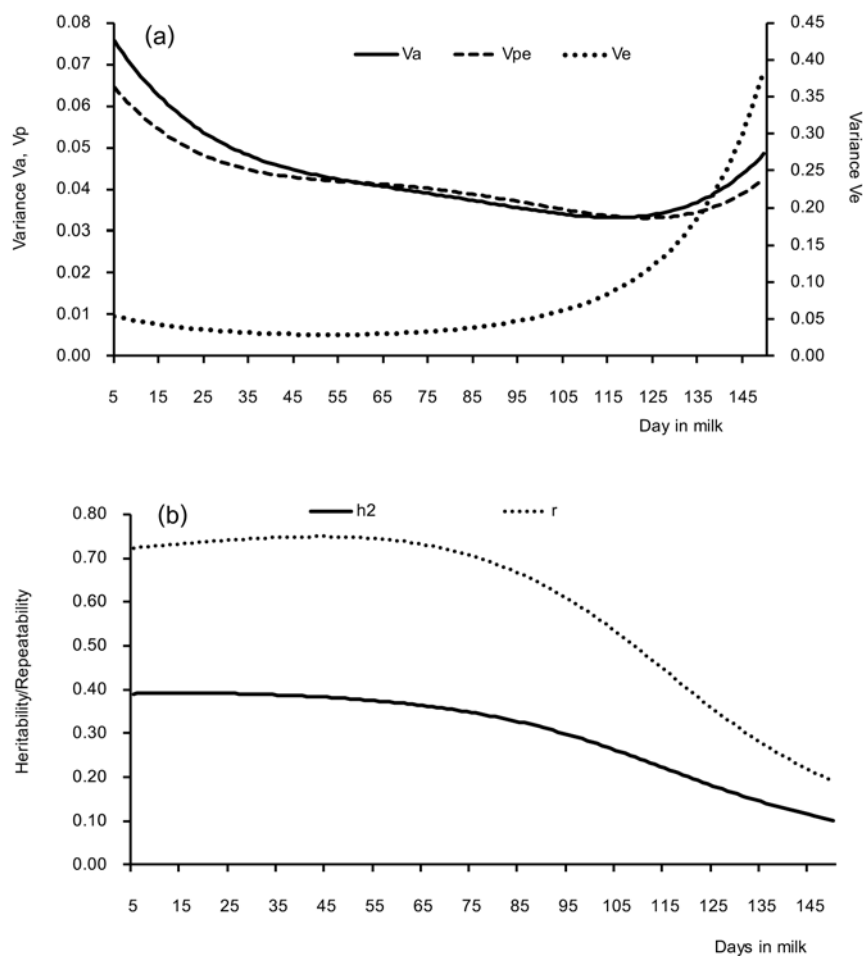


Figure 1 The estimates of additive genetic (V_a), permanent environmental (V_{pe}) and residual error (V_e) variances along days in milk (a). The estimate of heritability (h^2) and repeatability (r) along days in milk (b).

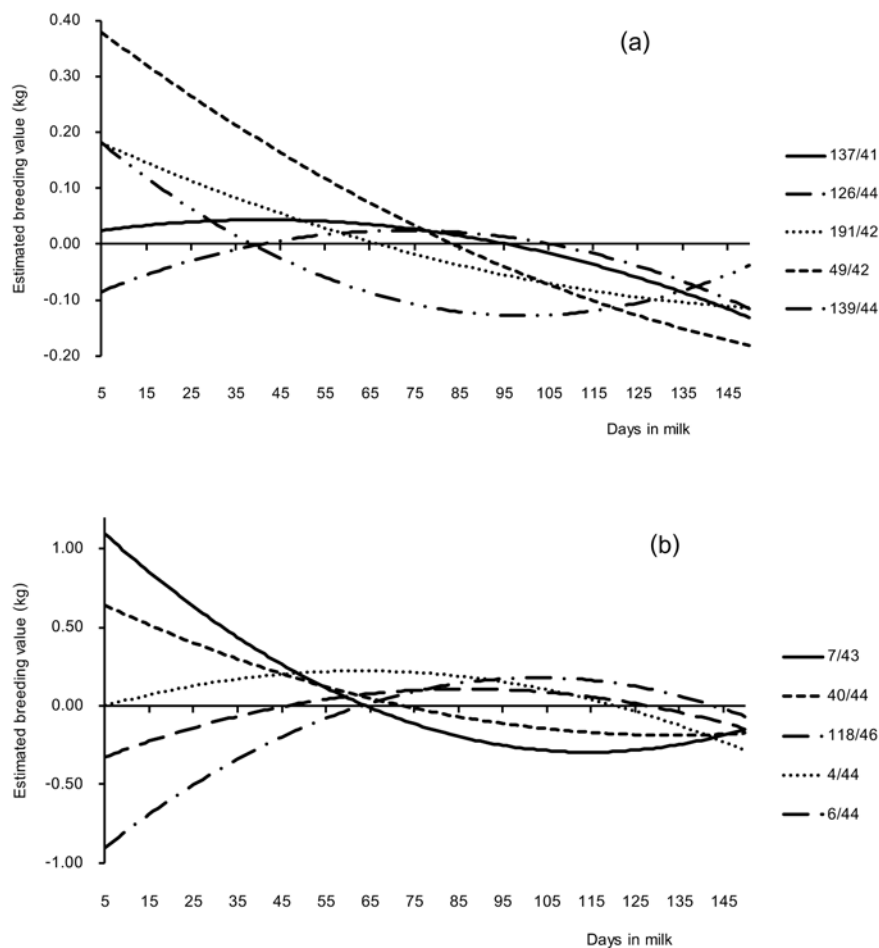


Figure 2 Different genetic lactation curves for five sires (a) and dams (b) using random regression testday model.

สรุป และข้อเสนอแนะ

จากค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะให้น้ำนมที่ประมาณมีค่าอยู่ในช่วง 0.088-0.535 โดยมีค่าสูงในช่วงแรกของการให้น้ำนม และมีค่าที่ลดลงเมื่อระยะเวลาในการให้น้ำนมเพิ่มขึ้น เมื่อคิดตลอดระยะเวลาการให้น้ำนมมีค่าอยู่ในช่วงปานกลาง (0.238) ซึ่งชี้ให้เห็นว่าการปรับปรุงพันธุ์โดยใช้การคัดเลือกสามารถที่จะเพิ่มความสามารถทางพันธุกรรมในลักษณะดังกล่าวได้ และโมเดล RRTDM มีประสิทธิภาพสำหรับ

ใช้ในการประเมินพันธุกรรมของลักษณะที่มีการให้ผลผลิตน้ำนมของแพะในประเทศไทยต่อไป

คำขอบคุณ

ผู้เขียนขอขอบคุณ ดร.วุฒิไกร บุญคุ้ม ที่ได้ให้คำแนะนำในการวิเคราะห์ข้อมูลและจัดเตรียมต้นฉบับในครั้งนี้ และเจ้าหน้าที่สถานีวิจัยทดสอบพันธุ์สัตว์ปัดตานี จ.ปัตตานี ที่ช่วยในการเก็บข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

- กรมปศุสัตว์. 2551. ประมวลสถิติประจำปี 2551. แหล่งข้อมูล: http://www.dld.go.th/ict/stat_web/yearly/yearly51/stat51/annex06.xls. ค้นเมื่อ 20 สิงหาคม 2553.
- สำนักงานนโยบายและแผนศูนย์อำนวยการบริหารจังหวัดชายแดนภาคใต้. 2551. แผนปฏิบัติการพัฒนาและแก้ไขปัญหาจังหวัดชายแดนภาคใต้ ประจำปีงบประมาณ พ.ศ. 2551 ของศูนย์อำนวยการบริหารจังหวัดชายแดนภาคใต้. แหล่งข้อมูล: http://www.sbpac.go.th/files/content/pdf/project_bd51.pdf. ค้นเมื่อ 20 สิงหาคม 2553.
- Andonov, S., J. Ødegård, I. A. Boman, M. Svendsen, I. J. Holme, T. Ådnøy, V. Vukovic, and G. Klemetsdal. 2007. Validation of test-day models for genetic evaluation of dairy goats in Norway. *J. Dairy Sci.* 90:4863-4871.
- Belichon, S., E. Manfred, and A. Piacere. 1998. Genetic parameters of dairy traits in the Alpine and Saanen goat breeds. *Genet. Sel. Evol.* 30:529-534.
- Devendra, C. 2001. Small Ruminants: Imperatives for productivity enhancement improved livelihoods and rural growth-A Review. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 14:1483-1496.
- Druet, T., F. Jaffrézic, D. Boichard, and V. Ducrocq. 2003. Modeling lactation curves and estimation of genetic parameters for first lactation test-day records of French Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 86, 2480-2490.
- Duangjinda, M., I. Misztal, and S. Tsuruta. 2007. BLUPF90-*DairyPak* version 3.0.2. Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University. แหล่งข้อมูล: <http://ags.kku.ac.th/monchai/BLUPF90>. ค้นเมื่อ 20 สิงหาคม 2553.
- Gengler, N., A. Tijani, G. R. Wiggans, C. P. Van Tassell, and J. C. Philpot. 1999. Estimation of (co) variances of test day yields for first lactation Holsteins in the United States. *J. Dairy Sci.* 82:225.
- Hamed, A., M. M. Mabrouk., I. Shaat, and S. BATA. 2009. Estimation of genetic parameters and some non genetic factors for litter size at birth and weaning and milk yield traits in Zaraibi goat. *Egyptian Journal of Sheep & Goat Sciences.* 4:55-64
- Jamrozik, J., L. R. Schaeffer, and K. A. Weigel. 2002. Genetic evaluation of bulls and cows with single- and multiple-country test-day models. *J. Dairy Sci.* 85:1617-1622.
- Jamrozik, J., L. R. Schaeffer, and J. C. M. Dekkers. 1997. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression models. *J. Dairy Sci.* 80:1217-1226.
- Misztal, I., T. Strabel, J. Jamrozik, E. A. Mantysaari, and T. H. E. Meuwissen. 2000. Strategies for estimating the parameters needed for different TD models. *J Dairy Sci.*, 83:1125-1134.
- Pala, A., and T. Savas. 2005. Persistency within and between lactations in morning, evening and daily test day milk in dairy goat (short communication). *Arch. Tierz. Dummerstorf.* 4:396-403.
- Rutherford, S. M., P. J. Moughan, D. Lowry, and C. G. Prosser. 2008. Amino acid composition determined using multiple hydrolysis times for three goat milk formulations. *Int. J. Food Sci. Nutr.* 59:679-690.
- Schaeffer, L. R. 2004. Application of random regression models in animal breeding. *Livest. Prod. Sci.* 86: 35-45.
- Silanikove, N., G. Leitner, U. Merin, and C. G. Prosser. 2010. Recent advances in exploiting goat's milk: Quality, safety and production aspects. *Small Rumin. Res.* 89:110-124.
- 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.
- Valencia, M., J. Dobler, and H. H. Montaldo. 2007. Genetic and phenotypic parameters for lactation traits in a flock of Saanen goats in Mexico. *Small Rumin. Res.* 68:318-322.
- Wiggans, G. R., and M. E. Goddard. 1997. A computationally feasible test day model for genetic evaluation of yield traits in the United stat. *J. Dairy Sci.* 80:1795-1800.
- Zumbach, B., S. Tsuruta, I. Misztal, and K. J. Peters. 2008. Use of a test day model for dairy goat milk yield across lactations in Germany. *J. Anim. Breed. Genet.* 125:160-167.