

การพัฒนาและการประยุกต์ใช้โมเดลวันทดสอบบริกรชชั้นลุ่ม ในการประเมินพันธุกรรมโคนมของประเทศไทย

Development and Application of Random Regression Test-Day Model in Dairy Cattle Genetic Evaluation in Thailand

วุฒิไกร บุญคุ้ม^{1*}

Wuttigrai Boonkum^{1*}

บทนำ

ประเทศไทยมีการวิจัยเพื่อปรับปรุงพันธุกรรมโคนมในลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจต่างๆ อย่างต่อเนื่อง ตั้งแต่ ปี พ.ศ. 2528 โดยเริ่มจากกองผสมเทียมกรมปศุสัตว์ (สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ในปัจจุบัน) ได้ประเมินพันธุกรรมพ่อพันธุ์โดยใช้วิธีทดสอบความสามารถการให้ผลผลิตน้ำนมของลูกสาว (progeny test) เพื่อคัดเลือกพ่อพันธุ์ที่มีพันธุกรรมดีสำหรับผลิตน้ำเชื้อแช่แข็งเพื่อกระจายสู่เกษตรกร (จรีรัตน์ และคณะ, 2529) ต่อมาในปี พ.ศ. 2539 องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อสมท.) ได้เริ่มประเมินพันธุกรรมโคนมโดยมีเป้าหมายเพื่อยกระดับความสามารถทางพันธุกรรมให้ดียิ่งขึ้นในแต่ละชั่วรุ่น และหลังจากนั้นเป็นต้นมาการวิจัยโคนมของประเทศไทยได้ครอบคลุมในอีกหลายลักษณะสำคัญ ได้แก่ ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมและองค์ประกอบน้ำนม (สายพันธ์, 2543; วริษา, 2545; วรางคณา, 2545; วุฒิไกร, 2546; ปิยะนันท์, 2551; ภาคภูมิ, 2552) ลักษณะโครงร่างของร่างกาย (วิโรจ, 2550) ลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ (วิชัย, 2547; Boonkum et al., 2011b) และลักษณะการต้านทานโรคไข้หวัดและเต้านมอักเสบ (ดวงนา, 2547; จักริน,

2551; Duangjinda et al., 2009) เป็นต้น ขณะเดียวกันในฟาร์มโคนมขนาดใหญ่บางแห่งมีการประเมินพันธุกรรมเพื่อใช้คัดเลือกโคนมของตนเอง (มนต์ชัย และคณะ, 2543) ซึ่งผลที่กล่าวมาสามารถสะท้อนให้เห็นถึงความก้าวหน้าในด้านการปรับปรุงพันธุกรรมโคนมของประเทศไทยมาอย่างต่อเนื่อง

การปรับปรุงพันธุกรรมโคนมปัจจุบันนิยมใช้เทคนิค BLUP (best linear unbiased prediction) ภายใต้โมเดลตัวสัตว์ (animal model) (Henderson, 1973) สำหรับวิเคราะห์และประมาณค่าการผสมพันธุ์ (estimated breeding value; EBV) ซึ่งเป็นค่าที่แสดงความสามารถในการถ่ายทอดพันธุกรรมจากรุ่นพ่อแม่ไปสู่รุ่นลูก เพื่อใช้ในการพิจารณาคัดเลือก (selected or culled) นอกจากนี้เทคนิค BLUP ยังได้รับการยอมรับอย่างกว้างขวางว่ามีความถูกต้องและมีประสิทธิภาพในการประเมินพันธุกรรมสูง เนื่องจากสามารถปรับอิทธิพลของปัจจัยคงที่ และปัจจัยสุ่มได้พร้อมกัน (adjust fixed and random effects) ทั้งยังใช้ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์ (animal genetic relationship) เข้าร่วมในการประเมินจึงทำให้ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ประมาณได้มีความไม่อคติ (unbiased) และมีความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนในการประเมินต่ำ

¹ ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น จังหวัดขอนแก่น 40002

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

* Corresponding author: wuttigrai_b@yahoo.com

(minimum prediction error variances) ส่งผลให้ค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์มีความใกล้เคียงกับค่าพันธุกรรมที่แท้จริงของตัวสัตว์ (true genetic) (มนต์ชัย, 2548; Ptak and Schaeffer, 1993) สิ่งสำคัญอีกประการหนึ่งที่มีผลโดยตรงต่อความแม่นยำในการประเมินพันธุกรรมโคนมคือการเลือกโมเดลทางสถิติที่เหมาะสมสำหรับใช้ประเมินพันธุกรรมโมเดลทางสถิติที่ใช้ในปัจจุบันมีด้วยกันหลายโมเดลโดยมีหลักในการเลือกใช้ดังนี้ 1) ขึ้นอยู่กับวัตถุประสงค์ของการประเมินพันธุกรรม 2) ขึ้นอยู่กับลักษณะข้อมูลที่ต้องการประเมินและวิธีการเก็บบันทึกข้อมูล และ 3) ขึ้นอยู่กับความพร้อมขององค์ความรู้และเครื่องมือสำหรับใช้ประเมินพันธุกรรม หนึ่งในโมเดลที่มีความสำคัญและกำลังเป็นที่นิยมใช้ในขณะนี้คือโมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่ม ดังนั้นบทความฉบับนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อนำเสนอแนวทางการพัฒนาและการประยุกต์ใช้โมเดลดังกล่าวในการประเมินพันธุกรรมโคนมของประเทศไทยเพื่อให้สามารถใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่มได้อย่างถูกต้องและเกิดประโยชน์สูงสุด

โมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่ม

โมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่ม (random regression test-day model; RRTDM) ถูกพัฒนาโดย Schaeffer and Dekkers (1994) เพื่อช่วยแก้ปัญหาที่เกิดจากการประเมินพันธุกรรมโคนมภายใต้โมเดลระยะการให้นมที่ 305 วัน (305-day lactation model; 305DLM) ซึ่งเป็นโมเดลเริ่มต้น โดยทั่วไป RRTDM จะใช้ร่วมกับข้อมูลที่เก็บบันทึกต่อเนื่องหรือเรียกว่าบันทึกข้อมูลในวันทดสอบ (longitudinal data or test-day data) เช่น ผลผลิตน้ำนมรายเดือน โมเดลดังกล่าวจะพิจารณาข้อมูลในแต่ละวันทดสอบแยกเป็นแต่ละลักษณะทำให้การประเมินพันธุกรรมมีความแม่นยำสูงเนื่องจากมีจำนวนข้อมูลมากขึ้น ประกอบกับข้อมูลทั้งหมดเป็นข้อมูลปริมาณน้ำนมจริงของโคนมรายตัวจึงไม่ต้องใช้วิธีการทางสถิติใดๆ เพื่อปรับขยายข้อมูลในกรณีที่โคนมมีจำนวนวันให้น้ำนมแตกต่างกัน

หรือให้น้ำนมไม่ครบ 305 วันดังเช่น 305DLM (Jamrozik et al., 1997b; Mrode et al., 2002) อีกทั้ง RRTDM สามารถอธิบายการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมในแต่ละวันทดสอบซึ่งถูกกระทบด้วยสภาพแวดล้อมได้ดีกว่าการใช้ 305DLM โดยมีการพิจารณาปรับแยกอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมตามวันที่ทดสอบจึงส่งผลให้ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมมีความละเอียดและถูกต้องมากขึ้น (Jamrozik et al., 1997a; Schaeffer et al., 2000; Swalve, 2000) สอดคล้องกับการศึกษาของ Kistemaker (1997) ซึ่งพบว่าการใช้ RRTDM มีความแม่นยำมากกว่าการใช้ 305DLM โดยพิจารณาจากค่าสหสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์จริง (true breeding value) กับค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ (estimated breeding value) โดยมีค่าความแม่นยำเพิ่มขึ้น 2-3% สำหรับพ่อพันธุ์ และ 6-8% สำหรับแม่พันธุ์ในลักษณะปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมครั้งแรก นอกจากนั้น RRTDM ยังสามารถประเมินพันธุกรรมโคนมได้ตั้งแต่ระยะแรกของการให้น้ำนมซึ่งจะช่วยย่นระยะเวลาการคัดเลือกโคนมให้เร็วขึ้นโดยไม่ต้องรอให้แม่โคหยุดรีดนม ประกอบกับสามารถใช้ร่วมกับฟังก์ชันการให้น้ำนม (milk function or covariance function) ในการสร้างกราฟพันธุกรรมของการให้น้ำนมซึ่งจะช่วยเพิ่มแนวทางในการตัดสินใจคัดเลือกโคนมรายตัวตามความต้องการเพิ่มมากขึ้น เช่น สามารถคัดเลือกโคนมที่มีความคงทนของการให้น้ำนมสูง (persistency) หรือจะคัดเลือกโคนมที่ให้ผลผลิตสูงในระยะเวลาด้าน (peak) ทั้งยังเป็นข้อมูลเพื่อช่วยในการวางแผนด้านการจัดการต่างๆ ได้เป็นอย่างดี (วุฒิไกร และคณะ, 2549) ซึ่งรายละเอียดเพิ่มเติมแสดงใน (Table 1)

การใช้ RRTDM ได้แพร่หลายในหลายประเทศ เช่น ประเทศสหรัฐอเมริกา แคนาดา โปแลนด์ อิตาลี เดนมาร์ก สเปน ออสเตรเลีย นิวซีแลนด์ ฟินแลนด์ และ ญี่ปุ่น เป็นต้น (Interbull, 2010) สำหรับประเทศไทย มีการศึกษาวิจัยโดยใช้ RRTDM ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2543 (Figure 1) ซึ่งในอนาคตหากสามารถปรับเปลี่ยนจากการใช้ 305DLM มาเป็น RRTDM ครอบคลุมทั่ว

ทั้งประเทศจะช่วยให้การประเมินพันธุกรรมโคนมของประเทศไทยมีประสิทธิภาพและก้าวหน้ามากยิ่งขึ้น ในส่วนของรูปแบบสมการของ RRTDM พบว่าไม่ซับซ้อนและง่ายต่อการนำไปประยุกต์ใช้กับข้อมูลอื่นๆ ที่มีการเก็บบันทึกอย่างต่อเนื่องเช่นเดียวกับบันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ เช่น ผลผลิตไขมันรายเดือนของไก่ไข่ น้ำหนักตัวสุกรที่วัดรายเดือน ข้อมูลลักษณะโครงร่างของร่างกายในโคเนื้อ เป็นต้น จึงทำให้มีการใช้โมเดลดังกล่าวแพร่หลายโดยรายละเอียดของโมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่มมีดังนี้

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

เมื่อ
$$\text{var} \begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 & \cdot \\ 0 & P \otimes I & 0 \\ \cdot & 0 & R \end{bmatrix}$$

y = บันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ, b = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ซึ่งโดยทั่วไปประกอบด้วยอิทธิพลเนื่องจากฝูง-วันที่ทดสอบ (herd-test date), กลุ่มพันธุ์ (breed group), วันให้น้ำนม (days in milk), อายุเมื่อคลอดลูกครั้งแรก (age at first calving), ภูมิภาคหรือพื้นที่ (region or area) และสัมประสิทธิ์รีเกรสชันของอิทธิพลคงที่ (fixed regression coefficient), a และ p = สัมประสิทธิ์รีเกรสชันของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากยีนแบบบวกสะสมและสภาพแวดล้อมถาวร ตามลำดับ, e = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน, X, Z, W = เมทริกซ์ที่แสดงการปรากฏของอิทธิพล b, a และ p, G และ P = เมทริกซ์ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของสัมประสิทธิ์รีเกรสชันสุ่มของยีนแบบบวกสะสมและสภาพแวดล้อมถาวรในสัตว์แต่ละตัว, R = เมทริกซ์

ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน (diagonal matrix) ซึ่งอยู่ในรูปของ $I\sigma_e^2$, A = เมทริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ และ I = เมทริกซ์เอกลักษณ์

การพัฒนาการของโมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่ม

ระยะแรกของการใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่ม (RRTDM) เพื่อประเมินพันธุกรรมโคนมในประเทศไทยจะยึดรูปแบบสมการซึ่งประกอบด้วยปัจจัยคงที่และปัจจัยสุ่มตามที่ Schaeffer and Dekkers (1994) ได้นำเสนอเป็นครั้งแรก และแม้ว่าผลการประเมินพันธุกรรมภายใต้ RRTDM จะมีความเหมาะสมมากที่สุด (best fit) เมื่อเปรียบเทียบกับโมเดลอื่นๆ ที่มีการศึกษาร่วมกัน เช่น Fixed regression model และ Multiple trait model โดยใช้ข้อมูลปริมาณน้ำนมในโคนมบางฟาร์มของประเทศไทยเป็นข้อมูลพื้นฐานในการวิเคราะห์ (สายนธ์, 2543) อย่างไรก็ตามยังมีข้อสังเกตที่ว่า RRTDM สามารถใช้ได้ดีกับข้อมูลขนาดใหญ่หรือข้อมูลระดับชาติหรือไม่ เนื่องจากข้อมูลขนาดใหญ่ซึ่งรวบรวมมาจากหลายแหล่งย่อมมีปัจจัยที่มีผลต่อปริมาณน้ำนมแตกต่างกันมาก (Ugarte et al., 1992) อีกทั้งการใช้ RRTDM ในการศึกษาของสายนธ์ (2543) ได้ใช้ร่วมกับฟังก์ชันการให้น้ำนมของ Wilmlink (Wilmlink, 1987) เพียงฟังก์ชันเดียวเท่านั้นซึ่งมีความเป็นไปได้ที่อาจมีฟังก์ชันการให้น้ำนมอื่นที่เหมาะสมกับข้อมูลขนาดใหญ่หรือข้อมูลระดับชาติของประเทศไทยมากกว่า ดังนั้นจากข้อสังเกตดังกล่าวจึงได้มีการวิจัยในเชิงลึกเพื่อนำไปสู่การประยุกต์ใช้ RRTDM ได้อย่างถูกต้องดังแสดงใน (Figure 2)

Table 1 Comparison between 305-day lactation model and random regression test-day model.

305-day lactation model	Random regression test-day model
1. Adjust environmental effects by herd-year-season of calving	1. Adjust environmental effects by herd-test date of test day milk records
2. Analyze by 305d-milk records, therefore, incomplete records need to be adjusted to 305- day	2. Analyze by test-day milk records which more efficient and more closely defines the true biology of a dairy cows
3. Select animal from total milk EBV	3. Select animal from several strategies such as for peak, persistency or total milk EBV
4. 1 record per cows	4. 1 to 10 records per cows

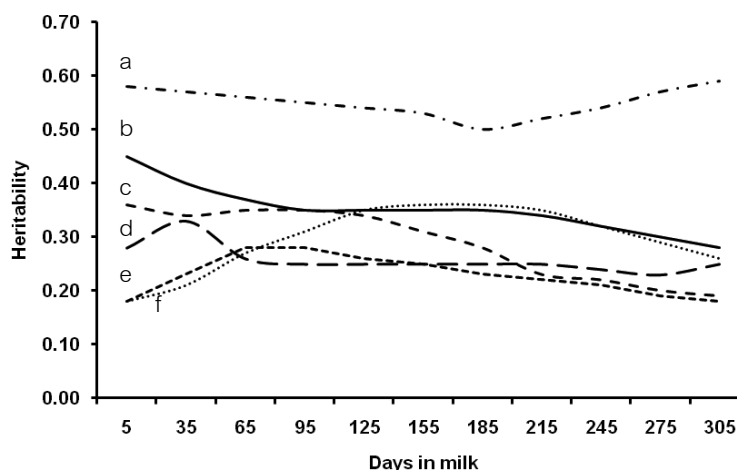


Figure 1 The estimated heritabilities for test-day milk yield along days in milk using random regression test-day model from several studies in Thailand; a = วิชชา (2545), b = วุฒิไกร (2546), c = สายัณห์ (2543), d = ภาคภูมิ (2552), e = วรางคณา (2545), f = ปิยะนันท์ (2551)

การวิจัยเชิงลึกของ RRTDM ได้เริ่มต้นโดยการศึกษาศักยภาพที่จำเป็นที่ต้องนำมาปรับเพื่อให้ได้ค่าประมาณพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและค่าการผสมพันธุ์ใกล้เคียงกับค่าที่แท้จริงของตัวสัตว์มากที่สุด ซึ่งการวิจัยดังกล่าวได้ถูกรายงานไว้ในงานวิจัยหลายฉบับ (สายัณห์, 2543; วุฒิไกร, 2546; ปิยะนันท์, 2551; Strabel and Szwaczkowski, 1995; Pool et al., 2000) ในขณะเดียวกันการวิจัยเพื่อหาฟังก์ชันการให้น้ำนมที่เหมาะสมได้เริ่มต้นขึ้นโดย วุฒิไกร (2546) พบว่าฟังก์ชันการให้น้ำนมของทั้ง Wilmink และ Legendre polynomials อาจเป็นฟังก์ชันที่เหมาะสมซึ่งผลการวิจัยสอดคล้องกับงานวิจัยของ ปิยะนันท์ (2551) และภาคภูมิ (2552) อย่างไรก็ตามเมื่อพิจารณาถึงความสามารถในการประเมินในข้อมูลขนาดใหญ่แล้วนั้นฟังก์ชันของ Legendre polynomials จะมีประสิทธิภาพดีกว่าฟังก์ชันของ Wilmink เนื่องจากโครงสร้างของฟังก์ชัน Legendre polynomials มีการแปลงให้อยู่ในรูป orthogonal polynomials ซึ่งจะไม่กระทบต่อรูปร่างของกราฟการให้น้ำนมและจะช่วยลดความอคติและมีความยืดหยุ่น (flexible) ของการวิเคราะห์โดยที่ยังคงไว้ซึ่งความแม่นยำของค่าประมาณทางพันธุกรรม (Kirkpatrick et al., 1990;

Pool and Meuwissen, 1999) นอกจากนี้โครงสร้างของความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม (variance and covariance structure) มีขนาดเล็กเนื่องจากการแปลงให้อยู่ในรูปค่ามาตรฐาน (standardized unit of time, from -1 to +1) ซึ่งจะลดปัญหาของระยะเวลาและความผิดพลาดของการวิเคราะห์ (rounding errors) (Schaeffer, 2004) อีกทั้งในการเพิ่มจำนวนพารามิเตอร์ในฟังก์ชันมักจะให้ผลดีในด้านความแม่นยำของค่าประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม (improved convergence in iterative algorithms) (Pool and Meuwissen, 1999) จากจุดเด่นของฟังก์ชัน Legendre polynomials ปัจจุบันงานวิจัยทั้งในประเทศและต่างประเทศจึงนิยมใช้ RRTDM ร่วมกับฟังก์ชัน Legendre polynomials มากที่สุด สำหรับประเทศไทย Duangjinda et al. (2007) ยังได้พัฒนาโปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 Dairy Pack เพื่อให้สะดวกต่อการใช้งานซึ่งจะช่วยลดขั้นตอนในการเตรียมข้อมูลและการวิเคราะห์ได้เป็นอย่างดี

การวิจัยระยะต่อมาได้ให้ความสนใจในด้านความเหมาะสมของการใช้ RRTDM ร่วมกับฟังก์ชัน Legendre polynomials โดยเฉพาะความเหมาะสมของจำนวนพารามิเตอร์ของฟังก์ชัน Legendre polynomials

(order of fit) ซึ่งจากงานวิจัยของ Saowaphak et al. (2010) ซึ่งให้เห็นว่าการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและค่าการผสมพันธุ์มีความแม่นยำสูงที่สุดหากใช้ RRTDM ร่วมกับฟังก์ชัน Legendre polynomials ซึ่งกำหนดให้มีจำนวนพารามิเตอร์ในส่วนของการแปรปรวนของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมถาวรมีจำนวนกำลังเท่ากับ 3 และ 5 ตามลำดับ ซึ่งสอดคล้องกับรายงานวิจัยหลายฉบับในต่างประเทศ (Rekaya et al., 2000; López-Romero and Carabaño, 2003) อย่างไรก็ตามฟังก์ชัน Legendre polynomials ยังมีข้อจำกัดด้านการคำนวณ โดยเฉพาะกับข้อมูลที่มีขนาดใหญ่ทำให้ต้องใช้เวลาในการคำนวณนาน ในทางตรงกันข้ามหากใช้ร่วมกับข้อมูลขนาดเล็กอาจทำให้ค่าประมาณต่างๆ ผิดพลาด ซึ่งเรียกว่า “artifact” ในขณะที่การแปลงค่าปริมาณน้ำนมให้อยู่ในรูป polynomial โดยไม่คำนึงถึงสภาพความเป็นจริงของการให้น้ำนมของโคนมแต่ละตัวนั้น อาจไม่ถูกต้อง (Misztal, 2006) ดังนั้น White et al. (1999) จึงได้พัฒนาฟังก์ชันวันให้น้ำนมขึ้นใหม่เรียกว่า spline function โดยฟังก์ชันดังกล่าวมีความยืดหยุ่นในการวิเคราะห์มากกว่าฟังก์ชัน Legendre polynomial อีกทั้ง spline ไม่ต้องการพารามิเตอร์จำนวนมาก ทำให้ลดระยะเวลาในการคำนวณ โดยเฉพาะกับข้อมูลขนาดใหญ่ สอดคล้องกับงานวิจัยในประเทศไทยของ Boonkum et al. (2010) ซึ่งเปรียบเทียบระหว่างการให้ฟังก์ชัน spline กับ Legendre polynomials พบว่าการใช้ฟังก์ชัน spline มีความแม่นยำในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมมากกว่าฟังก์ชัน Legendre polynomials โดยพิจารณาจากตัวสถิติต่างๆ ได้แก่ The values of deviance information criterion (DIC), percentage of squared bias (PSB), correlation between observed and predicted record (COR) and residual variance (RV) (Table 2) ปัจจุบันมีการพัฒนาฟังก์ชัน spline ในหลายรูปแบบ

เช่น B-splines (Torres and Quaas, 2001), linear spline (Misztal, 2006) เพื่อใช้ในการประเมินพันธุกรรมโคนมและสัตว์ชนิดอื่นๆ ด้วยเช่นกัน

การพัฒนา RRTDM ดังที่กล่าวมาข้างต้นพบว่า จะเน้นการประมาณในส่วนของการแปรปรวนเนื่องจากพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมถาวรเป็นหลัก ในขณะที่ความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อน (residual variance) ถูกกำหนดให้คงที่หรือกำหนดให้ถูกกระทบในปริมาณเท่ากันในสัตว์ทุกตัว (homogeneous residual variances) ทั้งนี้เนื่องจากยังขาดเครื่องมือที่ใช้วิเคราะห์และขาดองค์ความรู้ ทั้งที่ในความเป็นจริงโคนแต่ละตัวย่อมมีความคลาดเคลื่อนไม่เท่ากัน (not constant) และควรวิเคราะห์แบบ heterogeneous residual variances ซึ่งมีสาเหตุมาจากโคนแต่ละตัวที่นำเข้ามาประเมินพันธุกรรมมีความแตกต่างกันทั้งส่วนของระยะการให้น้ำนม (state of lactation) รวมทั้งปัจจัยอื่นๆ ที่ผู้ประเมินไม่ได้เก็บข้อมูลและไม่ได้นำมาพิจารณา เช่น จำนวนวันท้องว่าง (days open), สถานะของการตั้งท้อง (pregnancy status), รูปร่างของโค (body score) ซึ่งถือเป็นปัจจัยเนื่องจากสภาพแวดล้อมชั่วคราว (temporary environment) ทั้งสิ้นแต่กลับพบว่าปัจจัยดังกล่าวมีผลกระทบอย่างมากต่อการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและค่าการผสมพันธุ์ (under and/or over estimated) ซึ่งพบมากในช่วงต้นและช่วงปลายของระยะการให้น้ำนม โดยทั่วไปเรียกปรากฏการณ์นี้ว่า “the extremes of the lactation” (Olori et al. 1999; Rekaya et al. (2000) อย่างไรก็ตามปัจจุบันมีการพัฒนาวิธีการวิเคราะห์ค่าความคลาดเคลื่อนที่มีประสิทธิภาพหลายวิธีด้วยกัน เช่น วิธี Change-point technique (Rekaya et al., 2000), A continuous function of time (Jaffrezic et al., 2000; Druet et al., 2003), และ Classified by Days in milk intervals (Jamrozik and Schaeffer, 1997; Lopez-Romero et al., 2003)

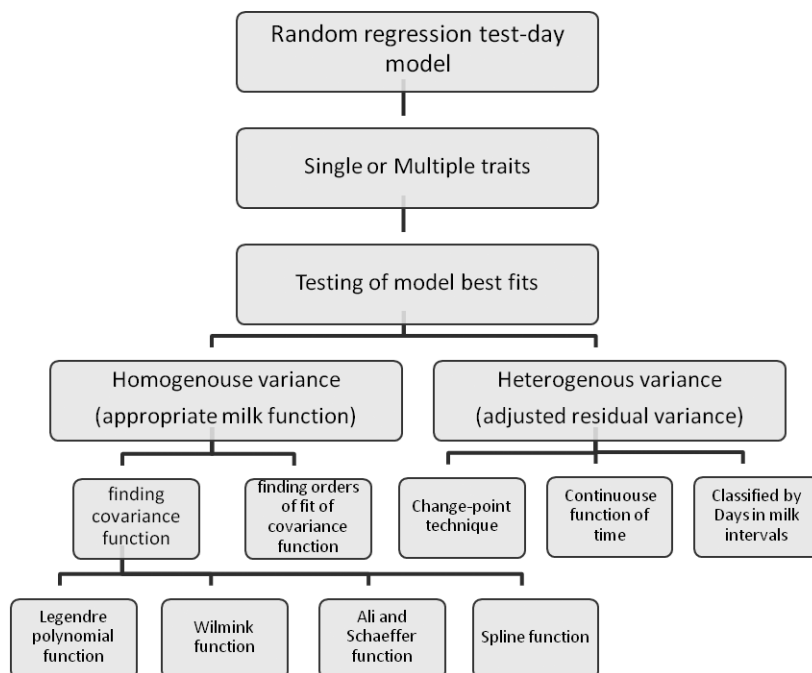


Figure 2 Diagram of the random regression test-day model development in dairy cattle

Table 2 The values of deviance information criterion (DIC), percentage of squared bias (PSB), correlation between observed and predicted record (COR) and residual variance (RV) from random regression model with Legendre polynomials 4 order (LEG) and linear splines with 4 to 7 knots (SPL4, SPL5, SPL6, SPL7).

Model	DIC	PSB	COR	RV
LEG	300,565	7.65	0.75	3.06
SPL4	300,791	7.78	0.70	3.12
SPL5	300,672	7.74	0.73	3.07
SPL6	300,546	7.64	0.76	3.05
SPL7	300,589	7.68	0.75	3.05

Source: Boonkum et al. (2010)

การประยุกต์ใช้โมเดลวันทดสอบการให้ผลผลิต

การประยุกต์ใช้กับลักษณะด้านการให้ผลผลิต

โมเดลวันทดสอบการให้ผลผลิตถูกนำมาใช้ในการประเมินพันธุกรรมโคนมของประเทศไทยตั้งแต่ฟาร์มขนาดปานกลาง ไปจนกระทั่งฟาร์มขนาดใหญ่ และปัจจุบันได้ถูกใช้ประเมินพันธุกรรมระดับชาติเป็นครั้งแรก (national genetic evaluation) ดังงานวิจัยของ จุรีรัตน์ และคณะ (2553) ซึ่งใช้โมเดลดังกล่าวประมาณ

ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและค่าการผสมพันธุ์แยกตามภูมิภาคของประเทศไทย ซึ่งผลการวิจัยชี้ให้เห็นว่าการเลือกใช้พ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ในแต่ละภูมิภาคมีความสำคัญต่อการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนม ดังนั้นการจับคู่ผสมพันธุ์ที่จำเพาะในแต่ละภูมิภาคจะส่งผลต่อความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (genetic progress) และได้ผลผลิตน้ำนมที่ดีกว่าการใช้แหล่งพันธุกรรมเพียงแหล่งเดียวหรือ

พ่อกันธุ์เพียงตัวเดียวกับทุกภูมิภาค ผลจากงานวิจัยครั้งนั้นได้ถูกต่อยอดโดยงานวิจัยของ Boonkum et al., (2011a, b) (Figure 3) โดยมีการประยุกต์ใช้ดัชนีอุณหภูมิความชื้นสัมพัทธ์ (temperature humidity index; THI) ร่วมกับข้อมูลผลผลิตเพื่อศึกษาถึงการเปลี่ยนแปลงของสภาพแวดล้อมในความหมายของความเครียดเนื่องจากความร้อน (heat stress) ที่กระทบต่อพันธุกรรมของลักษณะปริมาณผลผลิตน้ำนมและลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ในโคนม ผลจากงานวิจัยแสดงให้เห็นว่าโคนมลูกผสมโฮลส์ไตน์ของประเทศไทยจะแสดงการเกิดความเครียดเนื่องจากความร้อนเมื่อค่า THI เท่ากับหรือสูงกว่า 80 เป็นต้นไป ผลผลิตน้ำนมจะลดลงตามระดับของค่า THI ที่เพิ่มสูงขึ้น ประกอบกับโคที่มีสายเลือดโฮลส์ไตน์มากขึ้นย่อมส่งผลต่อการลดลงของผลผลิตน้ำนมเพิ่มมากขึ้น ผลดังกล่าวจะช่วยให้การวางแผนรับมือกับสภาพแวดล้อม การปรับรูปแบบการเลี้ยงโคนม รวมถึงการพัฒนาสายพันธุ์โคนมให้มีความทนทานต่อความเครียดเนื่องจากความร้อนต่อไปในอนาคต

การประยุกต์ใช้กับลักษณะด้านความสมบูรณ์พันธุ์

สำหรับการศึกษาในลักษณะด้านความสมบูรณ์พันธุ์ในประเทศไทยได้ถูกเสนอในวิจัยของ Boonkum et al., (2011a, b) (Figure 3) ซึ่งใช้ข้อมูลลักษณะจำนวนวันที่ท้องว่าง (days open) เป็นข้อมูลพื้นฐานในการวิเคราะห์พบว่าฤดูร้อนของประเทศไทยมีผลกระทบต่อจำนวนวันที่ท้องว่างมากที่สุดในขณะที่ฤดูหนาวกระทบน้อยที่สุด สำหรับผลกระทบต่อพันธุกรรมพบว่าในภาวะเครียดเนื่องจากความร้อนในโคนมจะมีความผันแปรทางพันธุกรรมมากกว่าในภาวะที่ไม่เกิดความเครียดเนื่องจากความร้อน อย่างไรก็ตามการนำผลไปประยุกต์ใช้คัดเลือกโคนมพบว่ามีความเป็นไปได้ในการที่จะคัดเลือกโคนมที่มีทั้งความสามารถทางพันธุกรรมของการให้ผลผลิตน้ำนมดี ความสมบูรณ์พันธุ์ดีรวมถึงมีความสามารถในการทนต่อความเครียดเนื่องจากความร้อนควบคู่กันไป ซึ่งผลที่ได้นำมา

ซึ่งความยั่งยืนของการปศุสัตว์โดยเฉพาะการเลี้ยงโคนมของประเทศไทยรวมทั้งประเทศอื่นในเขตที่มีอุณหภูมิและความชื้นสูงด้วยเช่นกัน สำหรับในต่างประเทศการประยุกต์ใช้ RRTDM กับลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ได้นำเสนอในหลายรูปแบบ เช่น การศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างอัตราการผลิตและปริมาณน้ำนมในรูปของ Longitudinal binary data random regression model (Averll et al., 2006), Threshold-Linear random regression model (Tsuruta et al., 2009)

การประยุกต์ใช้กับลักษณะอื่นที่สัมพันธ์กับลักษณะด้านการให้ผลผลิตและความสมบูรณ์พันธุ์

โมเดลวันทดสอบปริมาตรชิ้นส่วนนอกจากจะใช้ประเมินพันธุกรรมของลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจแล้วยังพบว่าถูกนำมาประยุกต์ใช้กับลักษณะอื่นที่สัมพันธ์กับลักษณะด้านการให้ผลผลิต เช่น ลักษณะคะแนนร่างกาย (body condition score) ซึ่งสัมพันธ์กับการรักษาสมดุลพลังงานในโคนมซึ่งจะช่วยอธิบายผลในลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ในโคนมได้ (Berry et al., 2003) หรือการประเมินลักษณะคะแนนเซลล์โซมาติก (somatic cell score) จะสัมพันธ์กับโรคเต้านมอักเสบ (Bohmanova et al., 2008) เป็นต้น นอกจากนี้ยังมีการประยุกต์ใช้โมเดลดังกล่าวกับลักษณะที่เกี่ยวข้องกับต้นทุนการผลิตซึ่งเรียกว่า functional trait เช่น ลักษณะปริมาณของน้ำอสุจิในพ่อกันธุ์ (volume of ejaculate) (Carabano et al., 2007) ลักษณะโครงร่างของร่างกายโคนม (conformation) (Coffey et al., 2003) และในปัจจุบันการประเมินพันธุกรรมภายใต้โมเดลวันทดสอบปริมาตรชิ้นส่วนได้ก้าวหน้าไปอีกขั้นหนึ่งนั่นคือมีการประยุกต์ใช้กับหลายลักษณะพร้อมกันเพื่อให้สามารถคัดเลือกโคนมได้ตรงกับความต้องการของผู้เกษตรกรมากที่สุด ซึ่งเรียกการประเมินพันธุกรรมในรูปแบบดังกล่าวว่า Multiple-trait random regression test-day model (Muir et al., 2007)

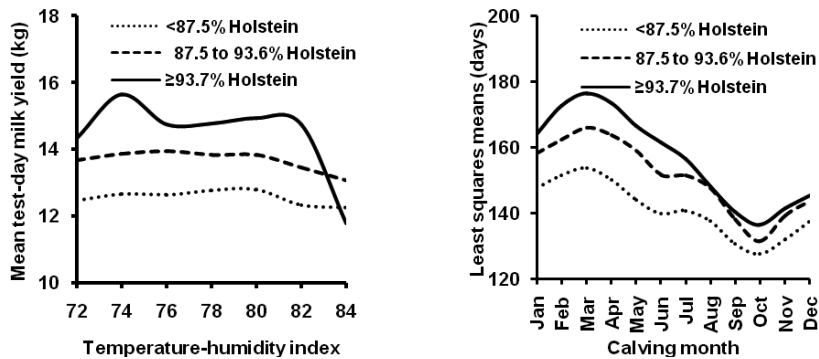


Figure 3 Mean test-day milk yield across a temperature-humidity index (a) and least squares means of days open across calving month (b) for Thai Holstein crossbreds by percentage of Holstein genetics

Source: Boonkum et al. (2011a, b)

สรุป

โมเดลวันทดสอบปริมาตรขั้นสูงมีประสิทธิภาพสูงสำหรับประเมินพันธุกรรมโคนมของประเทศไทยทั้งในด้านความแม่นยำของค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์และมีความยืดหยุ่นต่อการใช้งาน และยังช่วยในการวางแผนคัดเลือกและกำหนดทิศทางการปรับปรุงพันธุกรรมของประเทศได้เป็นอย่างดี ทั้งยังประยุกต์ใช้ได้กับข้อมูลอื่นที่มีการเก็บบันทึกอย่างต่อเนื่อง แต่เนื่องจากการพัฒนาโมเดลดังกล่าวมีอย่างต่อเนื่องเพื่อรองรับกับความต้องการของเกษตรกรในแต่ละประเทศหรือแต่ละพื้นที่ และเพื่อเพิ่มความแม่นยำและความถูกต้องของค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ให้มากขึ้น ดังนั้นการเลือกใช้โมเดลวันทดสอบปริมาตรขั้นสูงให้เหมาะสมสำหรับประเทศไทยจึงควรสอดคล้องกับเป้าหมายของการปรับปรุงพันธุกรรมโคนมของประเทศเป็นสำคัญ

คำขอบคุณ

ผู้เขียนขอขอบคุณ รศ.ดร.มนต์ชัย ดวงจินดา อาจารย์ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น และเป็นผู้เชี่ยวชาญทางด้านการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ที่ได้ให้คำแนะนำและช่วยตรวจอ่านบทความดังกล่าวจนสำเร็จลุล่วงไปด้วยดี

เอกสารอ้างอิง

- จักริน ศรีโรทัย. 2551. การตรวจหาความสัมพันธ์ของยีน BoLA-DRB3 กับการต้านทานเชื้อ *Anaplasma marginale* ในโคนม. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- จรัรัตน์ แสนโกชณ์, พรพนพิไล เสกสิทธิ์, ประเสริฐ คงสะเสน, สุรพงศ์ โชติกเสถียร, สัมพันธ์ สิงห์จันทร์ และวิโรจน์ ทองเหลือ. 2529. โครงการทดสอบพ่อพันธุ์และคุณภาพการผสมเทียม. 4. อัตราพันธุกรรมของพ่อพันธุ์และคุณภาพการผสมพันธุ์. น. 32-44 ในประมวลเรื่องการประชุมทางวิชาการปศุสัตว์ ครั้งที่ 5. 6-8 พฤษภาคม 2529.
- จรัรัตน์ แสนโกชณ์, สายัณห์ บัวบาน, มนต์ชัย ดวงจินดา และ วุฒิไกร บุญคุ้ม. 2553. การประเมินพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในโคนมลูกผสมไฮลส์ไดน์ ในแต่ละภูมิภาคของประเทศไทย โดยใช้โมเดลวันทดสอบปริมาตรขั้นสูง. แก่นเกษตร. 38:55-64.
- ดวงนา บัวใหญ่. 2547. การตรวจหาความสัมพันธ์ของอัลลีล BoLA-DRB3 กับการเกิดโรคเต้านมอักเสบแบบแสดงอาการในโคนม โดยวิธี PCR-RFLP และ Multi-primer PCR. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- ปิยะนันท์ นวลหนูปล้อง. 2551. การประมาณการพันธุกรรมการให้น้ำนมโดยโมเดลวันทดสอบปริมาตรขั้นสูงที่มีการปรับอิทธิพลของ heterogeneous variance ในโคนมลูกผสมไฮลส์ไดน์. วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- ภาควิชาสัตวศาสตร์. 2552. การศึกษาโมเดลปริมาตรขั้นสูงเพื่อประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมไฮลส์ไดน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรก

- วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี, นครราชสีมา.
- มนต์ชัย ดวงจินดา, มานิต ทรามาศ และวิษณุ รวมเจริญ. 2543. การประเมินแนวโน้มทางพันธุกรรมของการผลิตน้ำนมในโคนมด้วยเทคนิค BLUP. แก่นเกษตร. 28:187-194.
- มนต์ชัย ดวงจินดา. 2548. การประเมินพันธุกรรมสัตว์. ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น.
- วรางคณา กิจพิพิธ. 2545. การประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะความคงทนในการให้นมในโคนมลูกผสมโดยใช้โมเดลถดถอยเชิงสุ่ม. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, กรุงเทพฯ.
- วิรัช สีนทวิรกุล. 2545. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้นมของโคนมลูกผสมไฮลส์ไต้หวันฟรีเซียนโดยใช้ Multiple-trait model และ random regression test day model ด้วยวิธี restricted maximum likelihood (REML). วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรดุษฎีบัณฑิต สาขาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี, นครราชสีมา.
- วิโรจ สีนตะละ. 2550. การประมาณค่าทางพันธุกรรมและคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะโครงร่างในโคนมลูกผสมไฮลส์ไต้หวันฟรีเซียน. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- วิชัย ทิพย์วงศ์. 2547. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ในโคนมลูกผสมไฮลส์ไต้หวันฟรีเซียน. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- วุฒิไกร บุญคุ้ม. 2546. การประมาณกราฟการให้นมเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมในโคนมลูกผสมไฮลส์ไต้หวันโดยใช้ตัวแบบวันทดสอบรีเกรชันสุ่มและพหุตัวแปร. วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- วุฒิไกร บุญคุ้ม, มนต์ชัย ดวงจินดา, สุภร กตเวทิน, และ มานิต ทรามาศ. 2549. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและความคงทนของการให้นมในโคนมโดยใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรชันสุ่ม. แก่นเกษตร. 34:355-363.
- สายัณห์ บัวบาน. 2543. การประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในโคนมลูกผสมโดยใช้บันทึกผลผลิตในวันทดสอบ. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, กรุงเทพฯ.
- Averill, T., R. Rekaya, and K. Weigel. 2006. Random regression models for male and female fertility evaluation using longitudinal binary data. J. Dairy Sci. 89:3681-3689.
- Berry, D. P., F. Buckley, P. Dillon, R. D. Evans, M. Rath, and R. F. Veerkamp. 2003. Genetic parameters for body condition score, body weight, milk yield, and fertility estimated using random regression models. J. Dairy Sci. 86:3704-3717.
- Bohmanova, J., F. Miglior, J. Jamrozik, I. Misztal, and P. G. Sullivan. 2008. Comparison of random regression models with legendre polynomials and linear splines for production traits and somatic cell score of Canadian Holstein cows. J. Dairy Sci. 91:3627-3638.
- Boonkum, W., I. Misztal, M. Duangjinda, V. Pattarajinda, S. Tumwasorn, and J. Sanpote. 2011a. Genetic effects of heat stress on milk yield of Thai Holstein crossbreds. J. Dairy Sci. 94:487-492.
- Boonkum, W., I. Misztal, M. Duangjinda, V. Pattarajinda, S. Tumwasorn, and S. Buaban. 2011b. *Short communication*: Genetic effects of heat stress on days open for Thai Holstein crossbreds. J. Dairy Sci. 94:1592-1596.
- Boonkum, W., M. Duangjinda, S. Buaban, and J. Sanpote. 2010. Model comparison for genetic component estimation of test-day milk in Thai crossbred Holsteins. The 14th AAAP Animal Science Congress of the Asian-Australasian Association of Animal Production Societies. 23-27 August 2010. Pingtung, Taiwan, Republic of China.
- Carabano, M. J., C. Diaz, C. Ugarte, and M. Serrano. 2007. Exploring the use of random regression models with legendre polynomials to analyze measures of volume of ejaculate in Holstein bulls. J. Dairy Sci. 90:1044-1057.
- Coffey, M. P., G. Simm, W. G. Hill, and S. Brotherstone. 2003. Genetic evaluations of dairy bulls for daughter energy balance profiles using linear type scores and body conditioning score analyzed using random regression. J. Dairy Sci. 86:2205-2212.
- Druet, T., F. Jaffrezic, 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., D. Buayai, V. Pattarajinda, Y. Phasuk, S. Katawat, T. Vongpralub, and A. Chaiyotwittayakul. 2009. Detection of BoLA-DRB3 alleles as candidate markers for clinical mastitis resistance in Holstein x Zebu. J. Anim. Sci. 87:469-476.
- Duangjinda, M., I. Misztal, and S. Tsuruta. 2007. Dairy Pack 3.0.2: User's Manual. Khon Kaen University and The University of Georgia. Khon Kaen, Thailand.
- Henderson, C. R. 1973. Sire evaluation and genetic trends. P. 10-41 In Proc. Animal Breeding and Genetic Symposium in Honor of Dr. J. L. Lush. ASAS and ADSA, Illinois, USA.

- 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.
- Jaffrezic, F., I. M. S. White, R. Thompson, and W. G. Hill. 2000. A link function approach to model heterogeneity of residual variances over time in lactation curve analyses. *J. Dairy Sci.* 83:1089-1093.
- 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.
- Jamrozik, J., G. J. Kistemaker, J.C.M. Dekkers, and L. R. Schaeffer. 1997a. Comparison of Possible Covariates for Use in a Random Regression Model for Analyses of Test Day Yields. *J. Dairy Sci.* 80:2550-2556.
- Jamrozik, J., L. R. Schaeffer, and J. C. M. Dekkers. 1997b. Genetic Evaluation of Dairy Cattle Using Test Day Yields and Random Regression Model. *J. Dairy Sci.* 80:1217-1226.
- Kirkpatrick, M., D. Lofsvold, and M. Bulmer. 1990. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. *Genetics.* 124:979-993.
- Kistemaker, G. 1997. The comparison of random regression test day models and a 305-day model for evaluation of milk yield in dairy cattle. Ph.D. Thesis. University of Guelph, Canada.
- López-Romero, P, R. Rekaya, and M. J. Carabano. 2003. Assessment of homogeneity vs. heterogeneity of residual variance in random regression test-day models in a bayesian analysis. *J. Dairy Sci.* 86:3374-3385.
- López-Romero, P., and M. J. Carabaño. 2003. Comparing alternative random regression models to analyse first lactation daily milk yield data in Holstein-Friesian cattle. *Lives. Pro. Sci.* 82:81-96.
- Misztal, I. 2006. Properties of random regression models using linear splines. *J. Anim. Breed. Genet.* 123:74-80.
- Mrode, R. A., G. J. T. Swanson, and C. M. Lindberg. 2002. Efficiency of part lactation test day records for genetic evaluations using fixed and random regression models. *Animal Science.* 74:189-197.
- Muir, B. L., G. Kistemaker, J. Jamrozik, and F. Canavesi. 2007. Genetic parameters for a multiple-trait multiple-lactation random regression test-day model in Italian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 90:1564-1574.
- Olori, V. E., W. G. Hill, and S. Brotherstone. 1999. The structure of the residual error variance of test day milk yield in random regression models. *Interbull Bull.* 20:103-108.
- Pool, M. H., and T. H. E. Meuwissen. 1999. Prediction of daily milk yields from a limited number of test days using test day models. *J. Dairy Sci.* 82:1555-1564.
- 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.
- Ptak, E., and L. R. Schaeffer. 1993. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. *Livest. Prod. Sci.* 34:23-34.
- Rekaya, R., M. J. Carabaño, and M. A. Toro. 2000. Assessment of heterogeneity of residual variances using change point techniques. *Genet. Sel. Evol.* 32:383-394.
- Saowaphak, P., M. Duangjinda, S. Buaban, and J. Sanpote. 2010. The Appropriate Legendre Polynomial Function in Random Regression Model for Genetic Parameters Estimation of Test-Day Milk Yield of Primiparous Crossbred Holstein-Friesian Dairy Cattle in Thailand. P-506-510 in Proc. The 14th AAAP Animal Science Congress., Pingtung, Taiwan, ROC.
- Schaeffer, L. R. 2004. Application of random regression models in animal breeding. *Livest. Prod. Sci.*, 86:35-45.
- Schaeffer, L. R., J. Jamrozik, G. J. Kistemaker, and B. J. Van Doormaal. 2000. Experience with a Test-Day Model. *J. Dairy Sci.* 83:1135-1144.
- Scheaffer, 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, Canada.
- Strabel, T., and T. Szwaczkowski. 1995. Certain nongenetic effects on test-day milk yields in dairy cows. *Anim. Sci. Pap. Rep.* 13:55-64.
- Swalve, H. H. 2000. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. *J. Dairy Sci.* 83:1115-1124.
- Torres, R. A., and R. L. Quaas. 2001. Determination of covariance functions for lactation traits on dairy cattle using random-coefficient regressions on B-splines. *J. Anim. Sci.*, 79, Suppl. 1, 112. (Abstract).
- Tsuruta, S., I. Misztal, C. Huang, and T. J. Lawlor. 2009. Bivariate analysis of conception rates and test-day milk yields in Holsteins using a threshold-linear model with random regressions. *J. Dairy Sci.* 92:2922-2930.
- Ugarte, E., R. Alenda, and M. J. Carabaño. 1992. Fixed or random contemporary groups in genetic evaluations. *J. Dairy Sci.* 75:269-278.
- White, I. M. S., R. Thompson, and S. Brotherstone. 1999. Genetic and environmental smoothing of lactation curves with cubic splines. *J. Dairy Sci.* 82:632-638.
- Wilmink, J. B. M. 1987. Comparison of different methods of predicting 305-day milk yield using means calculated from within-herd lactation curves. *Livest. Prod. Sci.* 17:1-17.