

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและ ความคงทนของการให้นมในโคนมโดยใช้โมเดล วันทดสอบบรีเกสชัน

Estimation of Genetic Parameters and Persistency in Dairy Cattle by Using Random Regression Test Day Model

วุฒิไกร บุญคุ้ม¹, มนต์ชัย ดวงจินดา¹, สุพร กตเวทิน¹ และ มานิต ทรามาต²

Wuttigrai Boonkum¹, Monchai Duangjinda¹, Suporn Katawatin¹ and Manit Tramas²

Abstract

The objectives of this study were to estimate genetic parameters of milk production and compare persistency equation to plot lactation curve due to genetic effect in crossbred Holstein friesian for selection. 13,533 test day milk records during 1994–2003 were analyzed using animal model with 3,705 animals in pedigree. Restricted maximum likelihood (REML) and Best linear unbiased prediction (BLUP) were used to estimate variance components and breeding values respectively, Under random regression test day model (RRM). Five equation of persistency for milk yield (equation 1 to equation 5) were used in this study. The result showed that heritabilities and repeatabilities estimation from RRM were between 0.28–0.42 and 0.28–0.35 respectively and fifth equation of persistency for milk yield in both sire and dam were between 0.95 and 0.96 respectively Thus, usage RRM and fifth equation of persistency for milk yield is most appropriate for estimating genetic parameters of milk production for selection and increase effectiveness of breeding plan.

Keywords : Breeding Values, Dairy Cattle, Persistency, Random Regression Test Day Model

¹ ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ขอนแก่น 40002

¹ Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University, Khon Kaen 40002

² บริษัทฟาร์มโคนมโชคชัย จำกัด จ.นครราชสีมา

² Chok Chai Dairy Farm Company, Nakhon Ratchasima

บทคัดย่อ

การศึกษาในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของการให้นมและเปรียบเทียบสมการความคงทนของการให้นมเพื่อนำไปสร้างกราฟพันธุกรรมของการให้นมในโคนมพันธุ์ลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียนสำหรับการคัดเลือกข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบจำนวน 13,533 บันทึก ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2537 ถึง 2546 ถูกนำมาวิเคราะห์ด้วยโมเดลตัวสัตว์ (animal model) โดยใช้สัตว์ทั้งหมด 3,705 ตัวที่มีพันธุ์ประวัติ การประมาณองค์ประกอบความแปรปรวนและค่าการผสมพันธุ์ใช้วิธี restricted maximum likelihood (REML) และ best linear unbiased prediction (BLUP) ตามลำดับ ภายใต้โมเดลวันทดสอบรีเกรชันซุ่ม (RRM) การวิเคราะห์ความคงทนของการให้นมใช้สมการ 5 สมการ (equation 1-equation 5) ผลการศึกษาพบว่าค่าอัตราพันธุกรรมและอัตราซ้ำมีค่าอยู่ในช่วง 0.28-0.42 และ 0.28-0.35 ตามลำดับ สำหรับสมการความคงทนของการให้นมสมการที่ 5 (equation 5) ทั้งในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์โคนม พบว่ามีความเหมาะสมมากที่สุดเมื่อพิจารณาจากสหสัมพันธ์เชิงลำดับซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.95 และ 0.96 ตามลำดับ ดังนั้นการใช้ โมเดลวันทดสอบรีเกรชันซุ่มร่วมกับสมการความคงทนของการให้นมสมการที่ 5 จึงมีความเหมาะสมที่สุดสำหรับนำไปประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของการให้นมสำหรับการคัดเลือก และช่วยในการวางแผนการผสมพันธุ์ในโคนมได้อย่างมีประสิทธิภาพ

คำสำคัญ : ความคงทนของการให้นม ค่าการผสมพันธุ์ โคนม โมเดลวันทดสอบรีเกรชันซุ่ม

บทนำ

การประเมินพันธุกรรมของโคนม (genetic evaluation) พบว่าลักษณะปริมาณน้ำนม (milk yield) และความคงทนของการให้นม (persistence) เนื่องจากเป็นลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ ซึ่งหากสามารถคัดเลือกโคนมที่มีพันธุกรรมของลักษณะทั้งสองให้อยู่ภายในตัวเดียวกันได้ จะช่วยให้โคนมมีปริมาณน้ำนมรวมสูงขึ้นและสามารถให้นมได้คงทนยิ่งขึ้น การเก็บข้อมูลสำหรับใช้ประเมินพันธุกรรมของโคนมในปัจจุบันได้ใช้ข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ (test day records) หรือวันที่สุ่มเก็บตัวอย่างน้ำนมเป็นข้อมูลพื้นฐานในการวิเคราะห์ ซึ่งข้อมูลดังกล่าวจะช่วยให้ทราบถึงแนวโน้มของลักษณะการให้นมโดยเป็นผลมาจากอิทธิพลทางพันธุกรรม นอกจากนั้นข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบยังสามารถเปรียบเทียบผลผลิตน้ำนมเป็นรายตัวได้เมื่อแม่โคอยู่ในวันทดสอบเดียวกันและมีสภาพแวดล้อมเหมือนกัน อีกทั้งสามารถประเมินพันธุกรรมโคนมได้โดยไม่ต้องรอให้

แม่โคหยุดรีดนม (Jensen, 2001) ซึ่งจะแสดงผลออกมาในรูปของกราฟพันธุกรรมของการให้นม (genetic lactation curve) จากกราฟที่ได้สามารถใช้พิจารณาคัดเลือกโคนมที่มีผลผลิตน้ำนมที่สูงร่วมกับมีความคงทนของการให้นมที่ดี โมเดลที่ใช้ในการประเมินพันธุกรรมคือ random regression test day model (RRM) โดย Schaeffer and Dekkers (1994) เป็นผู้พัฒนา ซึ่งโมเดลดังกล่าวสามารถประมาณค่าการผสมพันธุ์ (estimated breeding value; EBV) ของสัตว์ได้ตลอดระยะเวลาการให้นมและยังสามารถปรับอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมที่มีผลต่อการเปลี่ยนแปลงของปริมาณน้ำนมในวันทดสอบได้ถูกต้องและแม่นยำมากกว่าโมเดลอื่น

การประเมินพันธุกรรมโคนม มีวัตถุประสงค์หลักเพื่อใช้คัดเลือกโคนมที่มีพันธุกรรมที่ดีเก็บไว้ขยายพันธุ์ต่อไปในอนาคต ซึ่งนอกจากจะคัดเลือกจากรูปร่างลักษณะภายนอกแล้ว ยังมีการคัดเลือกจากพันธุกรรมของตัวสัตว์ด้วย เพื่อให้พันธุกรรมของสัตว์มีการปรับปรุงไปในแต่ละรุ่น โดยทั่วไปแล้ว

การคัดเลือกสัตว์โดยใช้ข้อมูลการผลิต (phenotypic selection) จะมีประสิทธิภาพน้อยกว่าการคัดเลือกจากพันธุกรรมของสัตว์โดยตรง (genotypic selection) ทั้งนี้เนื่องจากค่าสังเกตการผลิตของสัตว์นั้นจะรวมอิทธิพลของสภาพแวดล้อมและการจัดการไว้ด้วย ดังนั้นการคัดเลือกจากลักษณะปรากฏจึงไม่ได้เป็นการคัดเลือกจากพันธุกรรมของสัตว์อย่างแท้จริง อย่างไรก็ตามการประเมินพันธุกรรมสัตว์ทำได้ค่อนข้างยาก โดยเฉพาะอย่างยิ่งลักษณะที่ถูกควบคุมด้วยยีนหลายคู่ จึงต้องใช้ทฤษฎีทางคณิตศาสตร์และสถิติเข้ามาช่วยในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม โดยสัตว์แต่ละตัวจะมีค่าดังกล่าวแตกต่างกันไปซึ่งเรียกว่า “ค่าการผสมพันธุ์” (breeding value; BV)

ค่าการผสมพันธุ์เป็นอิทธิพลเนื่องจากยีนแบบบวกสะสม (additive gene effects) โดยเป็นอิทธิพลที่สามารถถ่ายทอดจากชั่วรุ่นหนึ่งไปยังอีกชั่วรุ่นหนึ่งได้ (สมชัย, 2530) ดังนั้นหากต้องการให้โคนมมีความสามารถในการให้ผลผลิตน้ำนมสูงและให้นมได้คงทน จึงต้องปรับปรุงให้สัตว์มียีนแบบบวกสะสมสูงขึ้น

จากความสำคัญของการใช้ข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบภายใต้ random regression test day model อีกทั้งต้องการคัดเลือกสัตว์ที่มีลักษณะทางพันธุกรรมของการให้นมที่ดีร่วมกับมีความคงทน

ของการให้นมสูง ดังนั้นการศึกษาในครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของการให้นมและเปรียบเทียบสมการความคงทนของการให้นมเพื่อนำไปสร้างกราฟพันธุกรรมของการให้นมในโคนมพันธุ์ลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเชียนเพื่อใช้ในการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ต่อไปในอนาคต

วิธีดำเนินการวิจัย

ข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้เป็นข้อมูลปริมาณน้ำนมรายตัวของโคนมพันธุ์ลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเชียน ระดับเลือดมากกว่า 50 เปอร์เซนต์โฮลสไตน์ฟรีเชียน ที่รวบรวมไว้ในระบบฐานข้อมูลของบริษัทเอกชนแห่งหนึ่ง ระหว่างปี พ.ศ. 2537-2546 ซึ่งประกอบไปด้วย บันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ 13,533 บันทึก จากแม่โคจำนวน 3,705 ตัว โดยโคนมแต่ละตัวจะใช้ข้อมูลปริมาณน้ำนมในระยะการให้นมครั้งที่ 1 และมีจำนวนบันทึกน้ำนมในวันทดสอบสมบูรณ์ที่สุดเท่านั้น (10 บันทึก) เพื่อไม่ให้เกิดความเอนเอียง (bias) ในช่วงการวิเคราะห์ซึ่งมีสาเหตุจากอิทธิพลของระยะการให้นมและจำนวนของข้อมูล นอกจากนั้นโคนมแต่ละตัวต้องให้นมไม่น้อยกว่า 4 กิโลกรัมขึ้นไป ซึ่งหากปริมาณน้ำนมต่ำกว่านี้จะหยุดรีदनน้ำนม (dry period) (Table 1.)

Table 1 Characteristics of milk trait data used in the analysis

Trait	N	Average	Std
No. of contemporary groups	118		
No. of records	13,533		
No. of animal with records	3,705		
No. of animal in pedigree	5,307		
No. of breeding groups	5		
Test day milk production (kg.)		14.5	5.73
Day in milk (day)		263	23

การวิเคราะห์ข้อมูล

ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมวิเคราะห์ด้วยวิธี restricted maximum likelihood (REML) (Patterson and Thompson, 1971) และประมาณค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี best linear unbiased prediction (BLUP) (Henderson, 1984) โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 Dairy Pack 2.4 (Duangjinda et al., 2004) การศึกษาในครั้งนี้ใช้ random regression test day model (RRM)

(Schaeffer and Dekkers, 1994) เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ซึ่งภายในโมเดลมีการใส่ฟังก์ชันวันให้นม (milk function) ของ Legendre polynomial function (Gengler et al., 1999) ในอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมของยีนแบบบวกสะสมและสภาพแวดล้อมถาวร เพื่อใช้อธิบายรูปร่างของกราฟพันธุกรรมของการให้นมโดยมีรายละเอียดของโมเดลดังนี้

$$Y_{ijklm} = HTD_i + BG_j + Age_k + DIM_l + \sum_{m=1}^n b_m X_{ijklm} + \sum_{m=1}^n a_m Z_{ijklm} + \sum_{m=1}^n p_m Z_{ijklm} + e_{ijklm} \dots\dots\dots[RRM]$$

เมื่อ

Y_{ijklm} = test day milk production, HTD_i = herd test date, BG_j = breeding group, Age_k = age month, DIM_l = day in milk, b_m = fixed regression coefficient, a_m and p_m = random additive genetic effect and permanent environment effect related to day in milk function, X_{ijklm} and Z_{ijklm} = incident matrix related fixed and random effect, e_{ijklm} = random residual

$$f(DIM) = L_1 + L_2 + L_3 \dots\dots\dots[Milk function]$$

เมื่อ

$$L_1 = 1$$

$$L_2 = \sqrt{3L} ; L = (-1) + 2 * (DIM - 1) / (305 - 1)$$

$$L_3 = \sqrt{5/4} (3L^2 - 1)$$

จากนั้นใช้สมการทางคณิตศาสตร์วิเคราะห์ความคงทนของการให้นมในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์โคนมแต่ละตัว โดยใช้ค่าการผสมพันธุ์เป็นข้อมูลพื้นฐานในการวิเคราะห์ ซึ่งมีทั้งหมด 5 สมการ (equation 1 – equation 5) และในสมการที่ 5 (equation 5) ได้ทำการดัดแปลงจาก Jamrozik et al. (1997) เพื่อให้มีความเหมาะสมกับโคนมในประเทศไทย แล้วนำค่าการผสมพันธุ์รวม (total EBV) ในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์มาเปรียบเทียบกับสหสัมพันธ์เชิงลำดับ

ของค่าการผสมพันธุ์ (rank correlation of breeding value) ร่วมกับสมการความคงทนของการให้นมโดยใช้วิธี Spearman's rank correlation coefficient จากนั้นคัดเลือกพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ที่มีค่าการผสมพันธุ์ของการให้นมสูงสุด 5 อันดับ มาสร้างกราฟพันธุกรรมของการให้นมเพื่อใช้ในการคัดเลือกโคนมที่มีพันธุกรรมของการให้นมสูงร่วมกับมีความคงทนของการให้นมสูงโดยมีรายละเอียดของแต่ละสมการดังนี้

$$P_1 = D_{280} - D_{60} \dots\dots\dots[\text{Equation 1}]$$

$$P_2 = \sum_{DIM=101}^{200} D_{DIM} - \sum_{DIM=1}^{100} D_{DIM} \dots\dots\dots[\text{Equation 2}]$$

$$P_3 = \sum_{DIM=201}^{300} D_{DIM} - \sum_{DIM=1}^{100} D_{DIM} \dots\dots\dots[\text{Equation 3}]$$

$$P_4 = \sum_{DIM=61}^{280} D_{DIM} - D_{60} \dots\dots\dots[\text{Equation 4}]$$

$$P_5 = \left\{ \left(\frac{C_{60-280}}{T + F} + \frac{f_{60-280}}{F} \right) - \left(\frac{f_{60-280}}{F} \right) \right\} \dots\dots\dots[\text{Equation 5}]$$

เมื่อ

D_{280}	=	ค่าการผสมพันธุ์ ณ วันให้นมที่ 280
D_{60}	=	ค่าการผสมพันธุ์ ณ วันให้นมที่ 60
C_{60-280}	=	ค่าการผสมพันธุ์ในช่วงวันให้นมที่ 60 ถึง 280
f_{60-280}	=	ค่าเฉลี่ยน้ำหนักจริงในช่วงวันที่ 60 - 280
T	=	ค่าการผสมพันธุ์รวมที่ 305 วัน
F	=	ปริมาณน้ำนมรวมที่ 305 วัน

ผลการศึกษาและวิจารณ์

องค์ประกอบความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

จากการวิเคราะห์ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมโดยใช้ random regression test day model ได้ผลดัง Table 2 ซึ่งพบว่าค่าอัตราพันธุกรรม และค่าอัตราซ้ำ ที่ประมาณได้มีค่าอยู่ในช่วง 0.28-0.42 และ 0.28-0.35 ตามลำดับ ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ วริษา (2545); Reents et al. (1994); Swalve (1995); Jakobsen et al. (2002) โดยค่าอัตราพันธุกรรม ที่ประมาณได้ในวันทดสอบแรกจะมีค่าต่ำและจะเพิ่มขึ้นในวันทดสอบถัดไป แต่แตกต่างจากการศึกษาของ สายัณห์ (2543); Guo et al. (2002) ซึ่งพบว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้ในวันทดสอบแรกและ

วันทดสอบสุดท้ายจะมีค่าสูง สาเหตุที่ทำให้ค่าอัตราพันธุกรรมแตกต่างกันเนื่องมาจากโมเดลและฟังก์ชันวันให้นมสำหรับการวิเคราะห์มีความแตกต่างกัน อีกทั้งอิทธิพลต่าง ๆ ที่ใช้ปรับในแต่ละโมเดลมีความแตกต่างกันเช่นกัน

สหสัมพันธ์เชิงลำดับของค่าการผสมพันธุ์

ผลจากการใช้สมการความคงทนของการให้นมทั้ง 5 สมการ (equation 1-equation 5) ร่วมกับการใช้ random regression test day model โดยพิจารณาจากสหสัมพันธ์เชิงลำดับของค่าการผสมพันธุ์ ในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ โคนม แสดงใน Table 3 พบว่า ค่าสหสัมพันธ์เชิงลำดับระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของการให้นมรวม (Total EBV) กับสมการความคงทนของการให้นมสมการที่ 5 (equation 5) ในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์มีค่าเท่ากับ 0.95

และ 0.96 ตามลำดับ ซึ่งแตกต่างจากการศึกษาของ Jamrozik et al. (1997); Jakobsen et al. (2002) โดยสาเหตุมาจากสมการความคงทนของการให้นมที่ใช้ในครั้งนั้นมีการดัดแปลงเพื่อให้เหมาะสมกับสภาพการให้นมของโคนมในประเทศไทย ดังนั้นรูปแบบของสมการจึงแตกต่างจากสมการอื่น สำหรับสมการความคงทนของการให้นมสมการที่ 1-4 (equation 1-equation 4) พบว่ามีสหสัมพันธ์เชิงลำดับต่ำกว่าสมการที่ 5 ดังนั้นหากต้องการคัดเลือกโคนมให้มีความคงทนของการให้นมสูงจึงควรเลือกใช้สมการที่ 5 จะเหมาะสมที่สุด

กราฟพันธุกรรมของการให้นม

พ่อพันธุ์และแม่พันธุ์โคนมที่มีค่าการผสมพันธุ์สูงจะถูกคัดเลือกเพื่อใช้ในการสร้างกราฟ

พันธุกรรมของการให้นม ดังแสดงใน Fig. 1 และ Fig. 2 จากกราฟที่ได้จะพบว่าพ่อพันธุ์ และแม่พันธุ์ชื่อ T.M.STARWALK และ R0022E1 มีค่าการผสมพันธุ์สูงที่สุด นั่นหมายความว่าหากนำพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ดังกล่าวมาผสมพันธุ์กันลูกที่เกิดมาจะมีลักษณะการให้นมที่ดีและมีค่าความคงทนของการให้นมสูง ตามไปด้วย เนื่องจากค่าการผสมพันธุ์เป็นค่าที่แสดงถึงความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจากพ่อแม่ไปสู่ลูก จากประโยชน์ที่ได้จากกราฟพันธุกรรมของการให้นมช่วยให้การเลือกกลุ่มผสมของโคนมทำได้ง่ายและสามารถให้ลูกที่มีพันธุกรรมที่ดีของทั้งพ่อและแม่อยู่ในสัตว์ตัวเดียวกัน ดังนั้นจึงช่วยให้การปรับปรุงพันธุ์โคนมสามารถพัฒนาไปได้อย่างรวดเร็ว (วุฒิไกร และคณะ, 2547)

Table 2 Estimation of additive genetic variance (V_A), permanent environment variance (V_{pe}), error variance (V_e), total variance (V_t), heritability (h^2) and repeatability (c^2) from random regression test day model (RRM)

<i>DIM</i>	V_A	V_{pe}	V_e	V_t	h^2	c^2
5	6.28	7.67	7.82	21.76	0.29	0.35
35	6.21	7.57	7.82	21.60	0.29	0.35
65	6.05	7.32	7.82	21.19	0.29	0.35
95	5.83	6.96	7.82	20.61	0.28	0.34
125	5.63	6.53	7.82	19.98	0.28	0.33
155	5.52	6.10	7.82	19.45	0.28	0.31
185	5.63	5.76	7.82	19.21	0.29	0.30
215	6.07	5.62	7.82	19.51	0.31	0.29
245	7.03	5.79	7.82	20.64	0.34	0.28
275	8.68	6.42	7.82	22.91	0.38	0.28
305	11.22	7.67	7.82	26.71	0.42	0.29

Table 3 Spearman,s rank correlation of breeding value in sire (above line) and dam (under line) by using random regression test day model (RRM) and total EBV (EBV_l)

	Total EBV	P1	P2	P3	P4	P5
Total EBV	—	-0.30	0.45	0.63	-0.01	0.95
P1	-0.35	—	0.35	0.93	0.76	0.27
P2	0.50	0.40	—	0.88	0.83	0.38
P3	0.66	0.95	0.88	—	0.94	0.47
P4	-0.01	0.78	0.85	0.93	—	0.53
P5	0.96	0.30	0.40	0.52	0.55	—

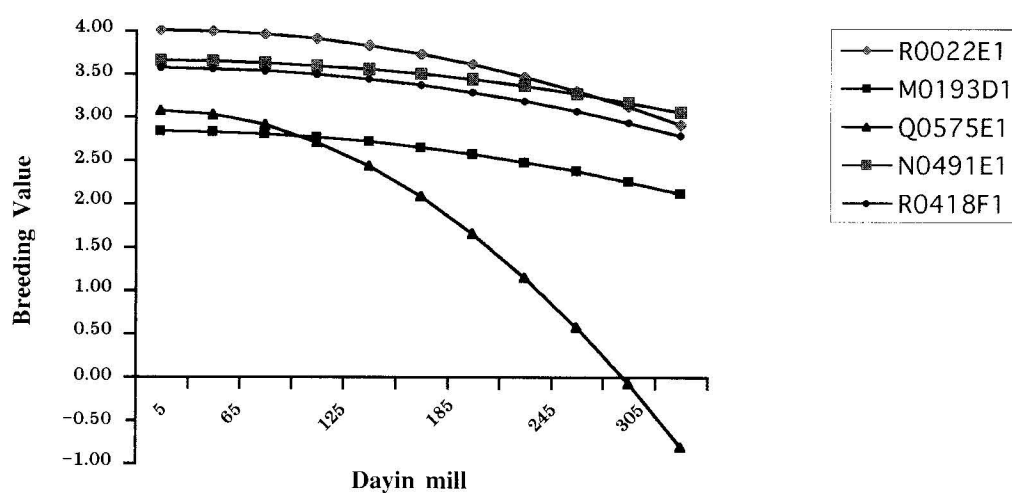


Fig. 1 Genetic lactation curve of five dams estimated from random regression test day model

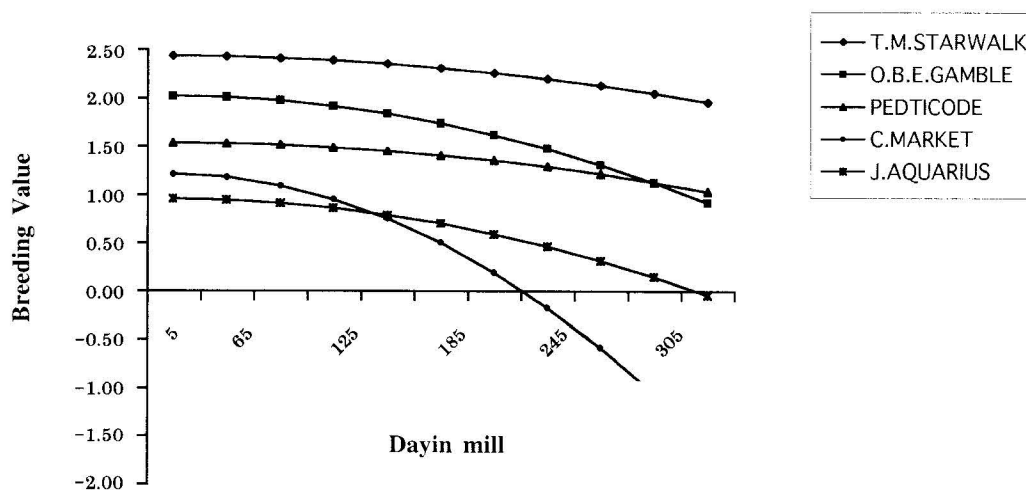


Fig. 2 Genetic lactation curve of five sires estimated from random regression test day model

สรุปและข้อเสนอแนะ

ผลการศึกษาครั้งนี้พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมและค่าอัตราซ้ำของการให้นมในโคนมพันธุ์ลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเชียนมีค่าอยู่ในช่วง 0.28-0.42 และ 0.28-0.35 ตามลำดับ และจากสมการความคงทนของการให้นมที่ใช้ในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ทั้ง 5 สมการพบว่าสมการที่ 5 มีความเหมาะสมกับข้อมูลชุดนี้มากที่สุดเมื่อพิจารณาจากสหสัมพันธ์เชิงลำดับซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.95 และ 0.96 ตามลำดับ และเมื่อนำค่าการผสมพันธุ์มาสร้างเป็นกราฟพันธุกรรมของการให้นมจะช่วยให้ทราบถึงแนวโน้มการตอบสนองทางพันธุกรรมของลักษณะการให้นม และช่วยในการวางแผนการผสมพันธุ์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ ดังนั้นการใช้ random regression test day model ร่วมกับสมการความคงทนของการให้นมจึงช่วยให้การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของการให้นมในโคนมมีความถูกต้องยิ่งขึ้นและช่วยให้การคัดเลือกสัตว์มีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น ส่งผลต่อการปรับปรุงพันธุ์โคนมมีความก้าวหน้ามากขึ้นตามไปด้วย

กิตติกรรมประกาศ

คณะผู้วิจัยขอขอบพระคุณ ฟาร์มโคนมโชคชัย ที่ให้ความอนุเคราะห์และอำนวยความสะดวกด้านข้อมูลในการศึกษาครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

วริษา สันทวีวรกุล. 2545. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้นมของ โคนมลูกผสมโฮลสไตน์ ฟรีเชียนโดยใช้ Multiple-trait model และ random regression test day model ด้วยวิธี restricted maximum likelihood (REML). วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรดุษฎีบัณฑิต สาขา

เทคโนโลยีการผลิตสัตว์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี.

- จุฬาริกร บุญคุ้ม, มนต์ชัย ดวงจินดา, สุภร กตเวทิน และ วิโรจน์ ภัทรจินดา. 2547. การประมาณกราฟการให้นมเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมในโคนมโดยใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่ม. การประชุมสัมมนาวิชาการเกษตรแห่งชาติ ประจำปี 2547. 27-28 มกราคม 2547 มหาวิทยาลัยขอนแก่น ขอนแก่น หน้า 152-160.
- สมชัย จันทร์สว่าง. 2530. การปรับปรุงพันธุ์สัตว์. ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตรศาสตร์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพมหานคร. 119 หน้า.
- สายัณห์ บัวบาน. 2543. การประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในโคนมลูกผสมโดยใช้บันทึกผลผลิตในวันทดสอบ. วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.
- Duangjinda, M., I. Misztal, and S. Tsuruta. 2004. BLUPF90-DairyPack 2.4 :User,s Manual. The University of Georgia and Khon Kaen University.
- Falconer, D. S. and T. F. C. Mackay. 1996. Introduction to quantitative genetic. 4th ed. Longman House, Jarlow, Eng. 464 p.
- 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.
- Guo, Z., M. S. Lund, P. Madsen, I. Korsgard, and J. Jensen, 2002. Genetic parameter estimation for milk yield over multiple parities and various lengths of lactation in Danish Jersey by random regression models. J. Dairy Sci. 85: 1596-1606.
- Henderson, C. R. 1984. Applications of Linear Models in Animal Breeding. University of Guelph Press., Guelph. <http://egil.uoguelph.ca/gebte/agenda00007/rnnvartc.htm>.

- Jakobsen, J. H., P. Madsen., J. Jensen., J. Pedersen., L. G. Christensen, and D. A. Sorensent. 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. 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., 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.
- Jensen, J. 2001. Genetic evaluation of dairy cattle using test-day models. *J. Dairy Sci.* 84:2803-2812.
- Patterson, H. D. and R. Thompson. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika* 58: 545-554.
- Reents, R., J. C. M. Dekkers, and L. R. Schaeffer. 1994. Genetic parameters of test day somatic cell counts and production traits. *Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Guelph, Ontario, Canada* 18.
- 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.*
- Swalve, H. H. 1995. The effect of test - day models on the estimation of genetics parameters and breeding values for dairy yield traits. *J. Dairy Sci.* 78: 929-938.