

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะโครงร่าง ในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ที่สัมพันธ์กับลักษณะปริมาณน้ำนม

The estimation of genetic parameters for type traits in crossbred Holstein dairy cattle according to milk yield trait

วุฒิไกร บุญคุ้ม¹, วิโรจน์ ภัทรจินดา¹, ปรีชาต คำฤาชา² และ มนต์ชัย ดวงจินดา^{1*}

Wuttigrai Boonkum¹, Virote Pattarajinda¹, Parichat Khumlucha²
and Monchai Duangjinda^{1*}

บทคัดย่อ: ข้อมูลลักษณะโครงร่างและน้ำนมจากโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ของสถานีทดลองและฝึกอบรมเกษตรกรกรม
จังหวัดร้อยเอ็ด คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น จำนวน 124 ตัวถูกใช้ในการศึกษาครั้งนี้ ข้อมูลลักษณะโครงร่าง
10 ลักษณะ ได้แก่ ความสูง ความลึกลำตัว ความกว้างสะโพก ความกว้างเต้านม ความสูงเต้านม ความยาวหัวนม
มุมสะโพก ความลึกเต้านม การจัดวางขาหลัง มุมกีบ ถูกแปลงให้อยู่ในรูปคะแนนในระบบ score 9 ทำการประมาณ
ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนด้วยเทคนิค EM-REML ผลการศึกษาแสดงให้เห็นว่าลักษณะโครงร่างของร่างกาย
ที่อาจแสดงถึงการให้ผลผลิตน้ำนมยังไม่ดีเท่าที่ควร เช่น ความกว้างของเต้านมด้านหลัง (RUW) และความสูงของเต้านม
ด้านหลัง (RUH) ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะโครงร่างมีค่าอยู่ในช่วง 0.07-0.60 อย่างไรก็ตามจากค่าดัชนีโครงร่าง
และลักษณะการให้น้ำนมแสดงให้เห็นการคัดเลือกโคนมที่มีลักษณะโครงร่างของร่างกายที่ดีร่วมกับสามารถให้ผลผลิต
น้ำนมสูงมีความเป็นไปได้

คำสำคัญ: ลักษณะโครงร่าง, ปริมาณน้ำนม, โคนมลูกผสมโฮลสไตน์

ABSTRACT: Body type traits and milk yield gathering from crossbred Holstein dairy cattle (124 heads) from the
Roi-Et agricultural research and training centre, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University were used in this
study. Type traits were stature, body depth, rump angle, rump width, rear legs set, foot angle, teat length, udder depth,
rear udder height, and rear udder width transformed using the 9 scores system. Variance components were estimated
using EM-REML technique. The results showed that rear udder height, and rear udder width associated with low milk
yield in crossbred Holsteins. The estimated heritabilities were ranged 0.07 to 0.60 for each type traits. Consideration
the type-milk index (TMI) indicated that selection for good type-traits and high milk yield is possible.

Keywords: Type-trait, Milk yield, crossbred Holstein

¹ ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น จังหวัดขอนแก่น 40002

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

² สถานีทดลองและฝึกอบรมเกษตรกรร้อยเอ็ด คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น

Roi-et Agricultural Research and Training Center, Khon Kaen University

* Corresponding author: monchai@kku.ac.th

บทนำ

ลักษณะโครงร่างของร่างกายโคนม (type traits) เป็นลักษณะสำคัญและมีความสัมพันธ์ต่อปริมาณผลผลิตน้ำนมโดยตรง ทั้งยังมีผลทางตรงและทางอ้อมต่ออายุการใช้งาน (longevity) ของโคนม (วิโรจ, 2550; Misztal et al., 1991) แม้ในปัจจุบันการปรับปรุงพันธุ์โคนมจะมีวัตถุประสงค์เพื่อยกระดับผลผลิตน้ำนมเป็นหลัก แต่การมุ่งเน้นปรับปรุงพันธุ์เพียงลักษณะใดลักษณะหนึ่งอาจยังไม่ครอบคลุมต่อความต้องการของเกษตรกรหรือผู้ใช้ประโยชน์ได้ ซึ่งการปรับปรุงพันธุ์ของลักษณะโครงร่างร่วมกับลักษณะปริมาณน้ำนมอาจเป็นแนวทางหนึ่งในการเพิ่มศักยภาพทางพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตโคนมของประเทศไทยให้ดีขึ้นได้ หากพิจารณาถึงหน่วยงานที่มีการประเมินพันธุกรรมในระดับนานาชาติ เช่น The Holstein Association USA, World Wide Sires และ The International Bull Evaluation Service (INTERBULL) จะพบว่าล้วนแล้วแต่มีการนำลักษณะโครงร่างมาประเมินพันธุกรรมร่วมกับลักษณะการให้ผลผลิตทั้งสิ้น โดยแสดงในรูปของสมุดพ่อพันธุ์ (sire summary) เพื่อให้ผู้สนใจมีทางเลือกเพิ่มมากขึ้น สำหรับประเทศไทย การประเมินพันธุกรรมของลักษณะโครงร่างของร่างกายโคนมร่วมกับลักษณะปริมาณน้ำนมมีความจำเป็นอย่างยิ่งโดยเฉพาะเพื่อพัฒนาสายพันธุ์โคนมของประเทศไทยให้ดีขึ้น อย่างไรก็ตามงานวิจัยในเรื่องดังกล่าวยังมีจำนวนน้อยซึ่งอาจมีสาเหตุมาจากการขาดเครื่องมือตรวจวัด รวมทั้งขาดองค์ความรู้สำหรับใช้ในการประเมินพันธุกรรมในลักษณะดังกล่าว ดังนั้นวัตถุประสงค์ของการวิจัยครั้งนี้จึงเพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับลักษณะโครงร่างของร่างกายโคนมที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และเพื่อหาความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะโครงร่างกับค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม

วิธีการศึกษา

ข้อมูลที่ใช้ในการวิจัย

ข้อมูลปริมาณน้ำนมและข้อมูลโครงร่างรายตัวของโคนมลูกผสมไฮลด์สไตน์ ที่มีระดับสายเลือดไฮลด์สไตน์ (%HF) ตั้งแต่ 75 เปอร์เซ็นต์ขึ้นไป โดยจัดแบ่งเป็น 4 กลุ่มดังนี้ (กลุ่มที่ 1: <75.0 %HF, กลุ่มที่ 2: 75.0 ถึง 87.5 %HF, กลุ่มที่ 3: >87.5 ถึง 93.7 %HF และกลุ่มที่ 4 >93.7 %HF) เก็บบันทึกได้จากสถานีทดลองและฝึกอบรมเกษตรกร คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ซึ่งตั้งอยู่ในเขต จ.ร้อยเอ็ด ด้านการจัดการเลี้ยงดูและการให้อาหารพบว่าแม่โคถูกเลี้ยงในโรงเรือนสลัดกับปล่อยแทะเล็มในแปลงหญ้า การให้อาหารให้อาหารหย่าบร่วมกับอาหารข้น และทำการรีดนมวันละ 2 ครั้ง ด้วยเครื่องรีดนมอัตโนมัติ ข้อมูลที่ทำการเก็บเพื่อใช้ในการวิจัยครั้งนี้ประกอบด้วย 1) ข้อมูลปริมาณน้ำนม (กก.) โดยทำการรีดนมแม่โควันละ 2 ครั้ง โดยแบ่งเป็นช่วงเช้าหนึ่งครั้งและช่วงเย็นหนึ่งครั้ง (04.00 น. และ 16.00 น.) และบันทึกปริมาณน้ำนมแยกรายตัว ทำการสุ่มเก็บตัวอย่างน้ำนมเดือนละ 1 ครั้ง จนกระทั่งแม่โคหยุดให้นม 2) ข้อมูลลักษณะโครงร่าง ประกอบด้วย ความสูง (stature; ST), ความลึกลำตัว (body depth; BD), มุมสะโพก (rump angle; RA), ความกว้างสะโพก (rump width; RW), การวางตัวของขาหลังด้านข้าง (rear legs set; RLS), มุมกีบ (foot angle; FA), ความยาวหัวนม (teat length; TL), ความลึกของเต้านม (udder depth; UD), ความสูงของเต้านมด้านหลัง (rear udder height; RUH), และความกว้างของเต้านมด้านหลัง (rear udder width; RUW) และ 3) ข้อมูลอื่นๆ ที่เกี่ยวข้องกับแม่โค เช่น อายุเมื่อคลอดลูก (age at calving), วัน-เดือน-ปีที่ทำการเก็บข้อมูล, (test-date), ระยะการให้นม (parity), จำนวนวันให้น้ำนม (days in milk)

โมเดลที่ใช้ในการวิเคราะห์

โมเดลพหุตัวแปร (Multivariate Animal Model) ถูกใช้สำหรับประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมสำหรับลักษณะโครงสร้าง 10 ลักษณะพร้อมกัน ด้วยวิธี Expectation maximization restricted maximum likelihood (EM-REML) โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 Dairy PAK 3.0 (Duangjinda et al., 2009) ซึ่งมีรูปแบบสมการโดยทั่วไปดังนี้

$$y_i = X_i\beta_i + Z_i a_i + e_i$$

โดยมีโครงสร้างความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมดังนี้

$$\begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ a_{12} \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a11}^2 & A\sigma_{a21} & A\sigma_{a13} \dots & A\sigma_{a110} & 0 \\ A\sigma_{a21} & A\sigma_{a22}^2 & A\sigma_{a23} \dots & A\sigma_{a210} & 0 \\ A\sigma_{a31} & A\sigma_{a32} & A\sigma_{a33}^2 \dots & A\sigma_{a310} & 0 \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ A\sigma_{a101} & A\sigma_{a102} & A\sigma_{a103} & A\sigma_{a1010} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

เมื่อ

y_i = เวกเตอร์ของค่าสังเกต ได้แก่ ความสูง ความลึกลำตัว มุมสะโพก ความกว้างสะโพก การวางตัวของขาหลังด้านข้าง มุมกีบ ความยาวหัวนม ความลึกของเต้านม ความสูงของเต้านมด้านหลัง และความกว้างของเต้านมด้านหลัง, β_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ที่เกี่ยวข้องกับทั้ง 10 ลักษณะ ได้แก่ อายุโค ณ วันที่วัด กลุ่มพันธุกรรม ระยะเวลาการให้นม, a_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่ม ได้แก่ พันธุกรรมเนื่องจากสัตว์แต่ละตัว, e_i = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มซึ่งเกิดจากความคลาดเคลื่อนของการประมาณค่าพันธุกรรมในสัตว์แต่ละตัว, X, Z = incidence matrix ซึ่งแสดงการปรากฏของอิทธิพลคงที่และอิทธิพลสุ่ม โดยอิทธิพลคงที่ประกอบด้วย อายุ ณ วันที่เก็บข้อมูล กลุ่มพันธุกรรม ฝูง เดือนที่ตั้งท้อง ระยะเวลารีดนม จำนวนระยะเวลาในการรีดนม, A = Animal relationship matrix, I = Identity matrix, σ^2, σ = Variance และ Co-variance

วิธีการวิเคราะห์

ข้อมูลลักษณะโครงสร้างของร่างกายแม่โคแต่ละตัวจะแปลงให้อยู่ในรูปแบบของคะแนน 9 โดยเริ่มต้นด้วยการวิเคราะห์ตรวจสอบการกระจายของข้อมูลด้วยชุดคำสั่ง PROC UNIVARIATE NORMAL PLOT ในโปรแกรมสำเร็จรูป SAS จากนั้นวิเคราะห์ค่าองค์ประกอบความแปรปรวน (variance components) เพื่อนำไปประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ได้แก่ ค่าอัตราพันธุกรรม และค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะโดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป REMLF90 (Misztal, 1999) และประมาณค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี best linear unbiased prediction (BLUP) โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90- PCPAK 3.0 (Duangjinda et al., 2009)

ผลการศึกษาและวิจารณ์

ผลการวิเคราะห์ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

ผลวิเคราะห์ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมแสดงใน Table 1 พบว่าค่าประมาณอัตราพันธุกรรมของลักษณะความยาวหัวนม และมุมสะโพก มีค่าต่ำอยู่ในช่วง 0.07-0.10 สำหรับลักษณะความสูง ความสูงเต้านม ความลึกเต้านม และมุมกีบ มีค่าปานกลางอยู่ในช่วง 0.18-0.37 ส่วนลักษณะความลึกลำตัว ความกว้างสะโพก ความกว้างเต้านม และการจัดวางขาหลัง มีค่าสูงโดยอยู่ในช่วง 0.43-0.60 ซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ วิโรจ (2550); Weigle et al. (1995) ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะโครงสร้างแต่ละลักษณะแสดงให้เห็นว่ามีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแตกต่างกันมากตามกลุ่มของลักษณะโครงสร้าง ได้แก่ ลักษณะระหว่างความสูงและความลึกลำตัวความสัมพันธ์จะมีค่าต่ำ อย่างไรก็ตามยังเป็นไปในเชิงบวก กล่าวคือหากปรับปรุงลักษณะความสูงจะส่งผลให้เพิ่มขนาดความลึกของลำตัวร่วมด้วยในทางตรงกันข้ามลักษณะมุมกีบจะมีสหสัมพันธ์เป็นไปในทิศทางที่ตรงกันข้ามกับหลายลักษณะเช่น ความสูง ความสูงเต้านม

มุมมอง ความลึกเต้านม และการจัดวางขาหลัง ผลดังกล่าวชี้ให้เห็นว่าหากต้องการปรับปรุงพันธุกรรมของลักษณะนมก็ควรพิจารณาแยกจากลักษณะโครงร่างอื่นๆ เพื่อป้องกันผลกระทบด้านลบต่อลักษณะโครงร่างอื่นๆ จากการพิจารณาสหสัมพันธ์ของทุกลักษณะชี้ให้เห็นว่าลักษณะความสูงมีค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกับลักษณะโครงร่างอื่นในเชิงบวกกับลักษณะอื่นมากที่สุด หมายความว่า การปรับปรุงพันธุกรรมของลักษณะความสูงจะช่วยสนับสนุนให้ลักษณะโครงร่างอื่นๆ ถูกปรับปรุงในเชิงบวกได้มากขึ้นตามไปด้วย สำหรับค่าสหสัมพันธ์โดยการจัดกลุ่มของลักษณะโครงร่าง ได้แก่ องค์ประกอบเต้านม (UDC), องค์ประกอบของเท้าและขา (FLC), องค์ประกอบ

ของร่างกาย (BC) เปรียบเทียบกับค่าพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม (SBV) ทั้งในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์แสดงใน Table 2 พบว่า ค่าสหสัมพันธ์มีค่าอยู่ในช่วง 0.037-0.441 แสดงให้เห็นว่าการปรับปรุงพันธุกรรมเพื่อเพิ่มผลผลิตของน้ำนมสามารถทำได้ด้วยการปรับปรุงลักษณะองค์ประกอบเต้านมและองค์ประกอบของร่างกาย ในทางตรงกันข้าม องค์ประกอบของเท้าและขาควรพิจารณาคัดเลือกแยกจากลักษณะอื่นๆ จะให้ผลที่ดีกว่าโดยเฉพาะกับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม อย่างไรก็ตาม ยังมีแนวโน้มใช้ทุกลักษณะร่วมกันในการคัดเลือกเนื่องจากค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีค่าต่ำถึงปานกลาง

Table 1 The estimated of genetic correlation (upper diagonal) and heritability (last column) for various type traits in crossbred Holsteins.

Traits	ST	BD	RW	RUW	RUH	TL	RA	UD	RLS	FA	H2
ST	1.00	0.23	0.12	-0.71	0.63	0.34	0.31	0.05	0.69	-0.53	0.18
BD		1.00	-0.15	0.24	0.33	0.26	0.48	0.69	0.01	0.09	0.43
RW			1.00	-0.39	0.52	-0.26	-0.52	-0.53	0.19	0.31	0.60
RUW				1.00	-0.43	-0.21	0.08	0.23	-0.44	0.55	0.48
RUH					1.00	-0.24	-0.06	0.10	0.65	-0.31	0.28
TL						1.00	0.12	0.23	-0.28	0.11	0.10
RA							1.00	0.29	0.39	-0.32	0.07
UD								1.00	-0.27	-0.29	0.37
RLS									1.00	-0.51	0.58
FA										1.00	0.33

H2 = heritability; ST = stature; BD = body depth; RW = rump width; RUW = rear udder width; RUH = rear udder height; TL = teat length; RA = rump angle; UD = udder depth; RLS = rear legs set; FA = foot angle

Table 2 Correlation between standardized milk breeding value (SBV), udder composition (UDC), feet and leg composition (FLC), and body composition (BC) in sire (upper diagonal) and dam (lower diagonal) crossbred Holsteins.

	SBV	UDC	FLC	BC
SBV		0.037	-0.189	0.187
UDC	0.005		-0.315	0.441
FLC	-0.071	-0.257		-0.137
BCS	0.178	0.309	-0.546	

สรุป

การปรับปรุงพันธุกรรมของลักษณะโครงร่างโคนม พบว่าการปรับปรุงลักษณะความสูงจะส่งผลดีกับทุกลักษณะ ในขณะที่ลักษณะมุมกีบจะส่งผลในทางตรงกันข้ามกับทุกลักษณะ ดังนั้นการพิจารณาแยกอาจเป็นทางเลือกหนึ่งในการคัดเลือกโคนมที่ต้องการให้มีพันธุ์ตรงกันข้ามกรรมของเท้าและขาที่แข็งแรง อย่างไรก็ตามการใช้ดัชนีการคัดเลือกสามารถช่วยให้การปรับปรุงพันธุกรรมหลายลักษณะทำได้พร้อมกัน สำหรับการพิจารณาค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนมและลักษณะโครงร่างของร่างกายของโคนมแสดงให้เห็นว่ามีความเป็นไปได้ในการปรับปรุงพันธุ์ทั้งสองลักษณะไปด้วยกัน

คำขอบคุณ

คณะผู้วิจัยขอขอบคุณมหาวิทยาลัยขอนแก่น ที่ให้การสนับสนุนงบประมาณ ประเภททุนอุดหนุนทั่วไป ประจำปีงบประมาณ 2552 สถานีทดลองและฝึกอบรมเกษตรกรรม จังหวัดร้อยเอ็ด คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ที่สนับสนุนข้อมูลในวิจัยครั้งนี้ และขอขอบคุณนักวิจัยของศูนย์เครือข่ายวิจัยและพัฒนาด้านการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ (ไก่พื้นเมือง) และคุณวุฒิชัย เคนไชยวงศ์ที่ให้คำแนะนำทางด้านวิชาการ

เอกสารอ้างอิง

- วิโรจ สีนตะละ. 2550. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและค่าการผสมพันธุ์สำหรับลักษณะโครงร่างในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียน. วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น.
- Duangjinda, M., I. Misztal, and S. Tsuruta. 2009. BLUPF90 PC-PAK 3.0: User's Manual. The University of Georgia and Khon Kaen University.
- Misztal, I. 1999. Complex models, more data: simpler programming. Proc. Inter. Workshop Comput. Cattle Breed. '99, March 18-20, Tuusula, Finland. Interbull Bul. 20:33-42.
- Misztal, I., T. J. Lawlor, T. H. Short, and G. R. Wiggins. 1991. Continuous Genetic Evaluation of Holsteins for Type. J. Dairy Sci. 74:2001-2009.
- Weigel, D. J., B. G. Cassell, I. Hoeschele, and R. E. Pearson. 1995. Multiple-Trait Prediction of Transmitting Abilities for Herd Life and Estimation of Economic Weights Using Relative Net Income Adjusted for Opportunity Cost. J. Dairy Sci. 78:639-647.