

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้นมและความคงทนของการให้นมโดยใช้ multi-trait animal model และ random regression test day model ในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียน

Estimation of genetic parameters of milk yields and persistency traits using multi-trait animal model and random regression test-day model in crossbred Holstein Friesian

วุฒิไกร บุญคุ้ม^{1,2*} และ มนต์ชัย ดวงจินดา^{1,2}

Wuttigrai Boonkum^{1,2*} and Monchai Duangjinda^{1,2}

บทคัดย่อ: การวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมและค้นหาสมการวิเคราะห์ความคงทนของการให้นมที่เหมาะสมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียนโดยใช้ multi-trait animal model และ random regression test-day model ข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบจำนวน 26,520 บันทึก ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2537 ถึง พ.ศ. 2549 ถูกนำมาวิเคราะห์โดยใช้สัตว์ทั้งหมด 3,035 ตัว ในพันธุ์ประวัติ คำนวณประกอบความแปรปรวนถูกประมาณโดยวิธี Expectation Maximization Restricted Maximum Likelihood (EM-REML) ในขณะที่ค่าการผสมพันธุ์ประมาณด้วยเทคนิค Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ภายใต้โมเดล multi-trait animal model (MTM) และ random regression test-day model (RRM) ค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จาก RRM นำไปวิเคราะห์หาค่าความคงทนของการให้นมโดยใช้สมการความคงทนการให้นม 5 สมการ จากการศึกษาพบว่าค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่ได้จาก MTM และ RRM มีค่าอยู่ในระหว่าง 0.20 ถึง 0.35 ค่าสหสัมพันธ์เชิงลำดับของค่าการผสมพันธุ์และค่าความคงทนของการให้นมพบว่าการประเมินพันธุกรรมของลักษณะการให้นมโดยใช้โมเดล MTM และ RRM ร่วมกับสมการวิเคราะห์หาค่าความคงทนของการให้นมสมการที่ 5 ทั้งในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ มีค่าเท่ากับ 0.95 และ 0.97 ตามลำดับ ซึ่งชี้ให้เห็นว่าการปรับปรุงพันธุกรรมลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมร่วมกับการปรับปรุงพันธุกรรมความคงทนของการให้นมสามารถทำได้

คำสำคัญ: ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม, โมเดลตัวสัตว์แบบพหุตัวแปร, โมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่ม, โคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียน

ABSTRACT: The objectives of this study were to estimate genetic parameters of milk production and to investigate appropriate persistency equation in crossbred Holstein Friesian. A total of 26,520 test-day records during 1994-2006 were analyzed using multi-trait animal model (MTM) and random regression test-day model (RRM) with 3,035 animals in pedigree. Expectation Maximization Restricted maximum likelihood (EM-REML) and Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) were used to estimate variance components and breeding values, respectively. Estimated breeding values were used to analysis by five equations of persistency for milk yields. The results were shown that estimated heritability from MTM and RRM were between 0.20 and 0.35. Rank's correlations of breeding value of milk yield trait and persistency equation found that MTM and RRM with fifth persistency equation in both Sires and Dams were highest at 0.95 and 0.97, respectively. The results indicated that genetic improvement of milk yield and persistency can be possible.

Keywords: Genetic parameter, Multi-trait animal model, Random regression test-day model, Crossbred Holstein Friesian

¹ ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น จังหวัดขอนแก่น 40002

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

² ศูนย์เครือข่ายวิจัยและพัฒนาด้านการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ (ไก่พื้นเมือง) คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น จังหวัดขอนแก่น 40002

Research and development network center for animal breeding (Native chicken), Faculty of Agriculture, Khon Kaen University, Khon Kaen, 40002

* Corresponding author: wboonkum@gmail.com

บทนำ

การวิจัยด้านการปรับปรุงพันธุ์โคนมด้วยวิธีการประเมินพันธุกรรมในระยะแรกนิยมใช้ข้อมูลผลผลิตน้ำนมรวมที่ 305 วันเป็นข้อมูลพื้นฐานในการวิเคราะห์ร่วมกับการใช้โมเดลการให้นมรวมที่ 305 วัน (305-d lactation model) เป็นโมเดลในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม (Jamrozik and Schaeffer, 1997) การใช้ข้อมูลและโมเดลดังกล่าว พบว่ามีข้อจำกัดหลายประการ เช่น การปรับอิทธิพลของสภาพแวดล้อมที่มีผลกระทบต่อปริมาณน้ำนมจะทำให้เฉพาะช่วงวันคลอด ซึ่งอาจไม่ถูกต้องเนื่องจากการได้มาของข้อมูลผลผลิตน้ำนมรวมที่ 305 วันมาจากการสุ่มเก็บน้ำนมในแต่ละเดือน (Jamrozik and Schaeffer, 1997) นอกจากนั้นหากโคให้ผลผลิตน้ำนมไม่ถึง 305 วันจะต้องมีวิธีการปรับผลผลิตน้ำนมให้สามารถนำมาวิเคราะห์ต่อไปได้ ซึ่งวิธีการปรับข้อมูลดังกล่าวมีด้วยกันหลายวิธี เช่น the test interval method, linear interpolation (Wilmilk, 1987; Schaeffer and Jamrozik, 1996) ซึ่งในแต่ละวิธีล้วนส่งผลกระทบต่อความคลาดเคลื่อน ดังนั้นเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพและความถูกต้องแม่นยำในการประเมินพันธุกรรมโคนม ปัจจุบันรายงานวิจัยหลายฉบับจึงมีการปรับใช้ข้อมูลผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบหรือวันที่สุ่มเก็บตัวอย่างน้ำนม (test-day records) แทนการใช้ข้อมูลผลผลิตน้ำนมรวมที่ 305 และใช้โมเดลวันทดสอบ (test-day model) แทนโมเดลการให้นมรวมที่ 305 วัน (วุฒิไกร, 2546) โดยการใช้ข้อมูลและโมเดลดังกล่าวช่วยให้การประเมินพันธุกรรมมีความถูกต้องแม่นยำโดยจะพิจารณาปรับอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมที่มีผลกระทบต่อปริมาณน้ำนมในแต่ละวันทดสอบภายในระยะการให้นมเดียวกันได้ละเอียดมากขึ้น (Ptak and Schaeffer, 1993) อีกทั้งสามารถประเมินพันธุกรรมโคนมได้ตั้งแต่ระยะแรกของการให้นมจึงทำให้สามารถคัดเลือกโคนมได้เร็วยิ่งขึ้นโดยไม่ต้องรอให้แม่โคหยุดรีดนม (Sherchand et al., 1995) นอกจากนั้นข้อมูลที่ใช้เป็นข้อมูลผลผลิตน้ำนมจริงไม่จำเป็นต้องใช้วิธีการ

ปรับผลผลิตน้ำนมไปที่ 305 วันแต่อย่างใด (Schaeffer et al., 2000) อย่างไรก็ตามการใช้โมเดลวันทดสอบในการประเมินพันธุกรรมโคนมพบว่ามีความยุ่งยากซับซ้อนและต้องวิเคราะห์ค่าพารามิเตอร์เป็นจำนวนมาก ดังนั้นเพื่อลดจำนวนพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ต้องวิเคราะห์แต่ยังสามารถใช้ข้อมูลในวันทดสอบได้เช่นเดิม ปัจจุบันจึงมีการประยุกต์ใช้ Multi-trait animal model (Jensen et al., 1997) ซึ่งโมเดลดังกล่าวจะพิจารณาผลผลิตน้ำนมในแต่ละวันทดสอบเป็นลักษณะแยกกันและไม่มีโครงสร้างของค่าความแปรปรวน (no structure (co)variance) แต่พิจารณาความสัมพันธ์ของแต่ละลักษณะในรูปของสหสัมพันธ์แทน จึงทำให้ลดจำนวนของพารามิเตอร์ที่ต้องวิเคราะห์ได้มาก ดังนั้นการวิจัยครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมและค้นหาสมการวิเคราะห์ความคงทนการให้นมที่เหมาะสมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเชียนโดยใช้ multi-trait animal model และ random regression test-day model เพื่อหาแนวทางการประเมินพันธุกรรมโคนมให้มีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น

วิธีการศึกษา

ข้อมูลสำหรับใช้วิเคราะห์

ข้อมูลผลผลิตน้ำนมรายตัวของแม่โคนมจากฟาร์มโคนมของบริษัทเอกชนแห่งหนึ่ง ซึ่งตั้งอยู่ในเขตจังหวัดนครราชสีมา ช่วงระหว่างปี พ.ศ. 2537 ถึงพ.ศ. 2549 จำนวน 26,520 บันทึก จากแม่โครีดจำนวน 2,478 ตัว โดยมีสัตว์ทั้งหมด 3,035 ตัว ในพันธุ์ประวัติถูกใช้ในการวิจัยครั้งนี้ ข้อมูลดังกล่าวเก็บบันทึกได้จากการสุ่มตัวอย่างน้ำนมรายเดือน เดือนละหนึ่งครั้งติดต่อกันจนกระทั่งแม่โคหยุดรีดนมโดยโคนมที่ใช้วิจัยเป็นโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเชียนที่มีระดับสายเลือดโฮลสไตน์ฟรีเชียนมากกว่า 50 เปอร์เซ็นต์ขึ้นไป และทำการรีดนมวันละ 2 ครั้ง ด้วยเครื่องรีดนมอัตโนมัติ

การวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวน

การวิเคราะห์องค์ประกอบความแปรปรวนใช้วิธี Expectation Maximization Restricted Maximum Likelihood (EM-REML) เพื่อนำค่าที่ได้ไปประมาณค่าพารามิเตอร์ได้แก่ค่าอัตราพันธุกรรม ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 PC-PAK 2.5 (Duangjinda et al., 2006)

$$Y_{ijkl} = HTD_i + BG_j + AG_{ijk} + AG_{ijk}^2 + DIM_{ijk} + a_k + e_{ijkl} \quad \dots[\text{MTM}]$$

$$Y_{ijkl} = HTD_i + \sum_{m=1}^n b_m X_{mijk} + \sum_{m=1}^n a_m Z_{mijk} + \sum_{m=1}^n p_m Z_{mijk} + e_{ijkl} \quad \dots[\text{RRM}]$$

Y_{ijkl} = บันทึกผลผลิตน้ำนมในแต่ละวันทดสอบ, HTD_i = อิทธิพลคงที่เนื่องจากฝูง - วันทดสอบ, BG_j = อิทธิพลคงที่เนื่องจากระดับสายเลือด, AG_{ijk} = สัมประสิทธิ์ถดถอยเชิงเส้นตรงของอายุ ณ วันทดสอบ (เดือน), AG_{ijk}^2 = สัมประสิทธิ์ถดถอยเชิงเส้นโค้งของอายุ ณ วันทดสอบ (เดือน), DIM_{ijk} = สัมประสิทธิ์ถดถอยเชิงเส้นตรงของจำนวนวันให้นมในแต่ละวันทดสอบ, b_m = อิทธิพลคงที่เนื่องจากระดับสายและอายุ ณ วันที่ทดสอบ, a_m = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์, p_m = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร, e_{ijkl} = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน, X_{mijk} = ฟังก์ชันวันให้นมซึ่งซ้อนอยู่ในอิทธิพลคงที่, Z_{mijk} = ฟังก์ชันวันให้นม(second order of Legendre polynomial function)ซึ่งซ้อนอยู่ในอิทธิพลคงที่, อิทธิพลสุ่มเนื่องจากพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมถาวรของตัวสัตว์ตามลำดับ

โมเดลทางพันธุกรรมในการวิเคราะห์

Multi-trait animal model (MTM) และ Random regression test-day model (RRM) เป็นโมเดลซึ่งถูกใช้ในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมโดยมีรูปแบบสมการตามที่กำหนดด้านล่าง สำหรับโมเดล MTM จะแบ่งข้อมูลออกเป็น 10 ลักษณะตามวันให้นม ได้แก่ (วันที่ 30, 60, 90, 120, 150, 180, 210, 240, 270 และ 305 ตามลำดับ)

การวิเคราะห์ความคงทนของการให้นม

ค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากโมเดล RRM ถูกนำไปวิเคราะห์หาค่าความคงทนของการให้นมสำหรับงานวิจัยครั้งนี้ใช้สมการวิเคราะห์หาค่าความคงทนของการให้นมทั้งหมด 5 สมการดังนี้ สมการที่ 1 ถึง 4 ได้จากงานวิจัยของ Jamrozik et al. (1997) สำหรับสมการที่ 5 ผู้วิจัยได้ดัดแปลงจากสมการของ Jamrozik et al. (1997) โดยพิจารณาจากช่วงวันให้นมของโคที่ให้นมสูงสุดจนกระทั่งเข้าสู่ระยะพักรีด (ช่วงระหว่าง 60-280 วัน) ค่าการผสมพันธุ์สามารถประมาณได้จากสมการ $u_n(t) = Z'_t \hat{a}_n$ เมื่อ $u_n(t)$ เป็นค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ตัวที่ n ณ วันให้นมที่ t , Z'_t เป็นเวกเตอร์ฟังก์ชันวันให้นม และ $\hat{a}_n$ สัมประสิทธิ์รีเกรชันสุ่มที่ประเมินได้ตามฟังก์ชันวันให้นมของสัตว์ตัวที่ n

$$P_1 = D_{280} - D_{60}$$

$$P_2 = \sum_{DIM=101}^{200} D_{DIM} - \sum_{DIM=1}^{100} D_{DIM}$$

$$P_3 = \sum_{DIM=201}^{300} D_{DIM} - \sum_{DIM=1}^{100} D_{DIM}$$

$$P_4 = \sum_{DIM=61}^{280} D_{DIM} - D_{60}$$

$$P_5 = \left\{ \left(\frac{C_{60-280} + f_{60-280}}{T + F} \right) - \left(\frac{f_{60-280}}{F} \right) \right\}$$

เมื่อ

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

ผลการศึกษาและวิจารณ์

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จากโมเดล MTM และ RRM (Figure 1) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.20 ถึง 0.35 โดยค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จากโมเดล RRM ในช่วงต้นและช่วงปลายระยะการให้นมจะมีค่าต่ำและมีค่าสูงสุดในช่วงกลางของการให้นม ดังนั้นในการนำไปประยุกต์ใช้ต้องให้ความสำคัญกับการจัดการตั้งแต่ระยะแรกของการให้นม ซึ่งจะส่งผลต่อผลผลิตน้ำนมในช่วงกลางและช่วงปลายระยะการให้นมดียิ่งขึ้น เมื่อพิจารณาค่าประมาณอัตราพันธุกรรมจากโมเดล MTM พบว่ามีความแปรปรวนมากเมื่อเปรียบเทียบกับโมเดล RRM ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ วุฒิไกร (2546) ทั้งนี้อาจมีสาเหตุจากโมเดล MTM ใช้หลักการสหสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลซึ่งหากข้อมูลผลผลิตน้ำนมของสัตว์มีไม่ครบถ้วนหรือขาดหายไปต่อเนื่องในแต่ละเดือนที่เก็บบันทึกการวิเคราะห์จะส่งผลให้เกิดความคลาดเคลื่อนสูง ในขณะที่โมเดล RRM จะใช้หลักการประมาณจุดความสัมพันธ์ที่น่าจะเป็นไป ดังนั้นค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จะมีลักษณะโค้งเรียบ

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมภายใต้โมเดล MTM และ RRM มีค่าอยู่ระหว่าง 0.39 ถึง 0.97 และ 0.40 ถึง 0.99 ตามลำดับ (Table 1) ซึ่งค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ประมาณได้ชี้ให้เห็นว่าข้อมูลน้ำนมที่มีวันทดสอบใกล้เคียงกันจะมีแนวโน้มที่ควบคุมลักษณะการให้นมใกล้เคียงกัน สำหรับข้อมูลน้ำนมที่มีวันทดสอบใกล้เคียงกันแสดงว่าแนวโน้มที่ควบคุมลักษณะการให้นมมีความอิสระต่อกัน

ส่วนค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏแสดงถึงความสัมพันธ์ของข้อมูลวันทดสอบว่ามีความสัมพันธ์กันมากน้อยเพียงใดในแต่ละวันทดสอบและสามารถบอกความสัมพันธ์ว่าเป็นไปในทิศทางใดและมีระดับของความสัมพันธ์มากน้อยเพียงใดซึ่งหากมีความสัมพันธ์กันมากแสดงว่าอิทธิพลของสภาพแวดล้อมจะเป็นตัวกำหนดความสัมพันธ์ของข้อมูลมากกว่าอิทธิพลทางพันธุกรรม

การวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์เชิงลำดับของค่าการผสมพันธุ์ (spearman's rank correlation of breeding values) กับค่าความคงทนของการให้นมโดยวิเคราะห์จาก 5 สมการ (Table 2) จะช่วยให้การตัดสินใจเลือกโมเดลที่เหมาะสมสามารถทำได้อย่างแม่นยำมากขึ้น โดยพบว่า ค่าสหสัมพันธ์เชิงลำดับของค่าการผสมพันธุ์ทั้งในส่วนของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ระหว่างโมเดล MTM กับ RRM มีค่าใกล้เคียงกันมากดังนั้นสามารถใช้ทั้ง MTM และ RRM ในการประเมินพันธุกรรมโคนมของข้อมูลชุดนี้ได้แม่นยำใกล้เคียงกัน แต่หากพิจารณาถึงความเร็วในการวิเคราะห์ (ไม่ได้นำเสนอ) จะพบว่าโมเดล MTM จะใช้เวลาในการวิเคราะห์สั้นกว่าดังนั้น MTM น่าจะเหมาะสมสำหรับการวิเคราะห์กับชุดข้อมูลที่มีขนาดใหญ่ สำหรับสมการความคงทนของการให้นมสมการที่ 5 (equation 5) ในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์มีค่าอยู่ในช่วง 0.95 และ 0.97 ทั้งใน MTM และ RRM ตามลำดับอย่างไรก็ตามผลการหาสมการความคงทนของการให้นมที่เหมาะสมในงานวิจัยนี้แตกต่างจากการศึกษาของ Jamrozik et al. (1997) และ Jakobsen et al. (2001) ทั้งนี้เนื่องจากสมการความคงทนของการให้นมสมการที่ 5 มีการดัดแปลงจากสมการของ Jamrozik et al. (1997) โดยปรับเปลี่ยนช่วงการให้นมใหม่โดยพิจารณาจากกราฟการให้นมจริงของฝูงโคนมที่ใช้ในการวิจัยครั้งนี้ ดังนั้นผลที่ได้จึงแตกต่างจากรายงานที่ผ่านมาซึ่งมีความแตกต่างทั้งพันธุ์โคนมที่ใช้ในการวิจัย และจำนวนวันให้นม

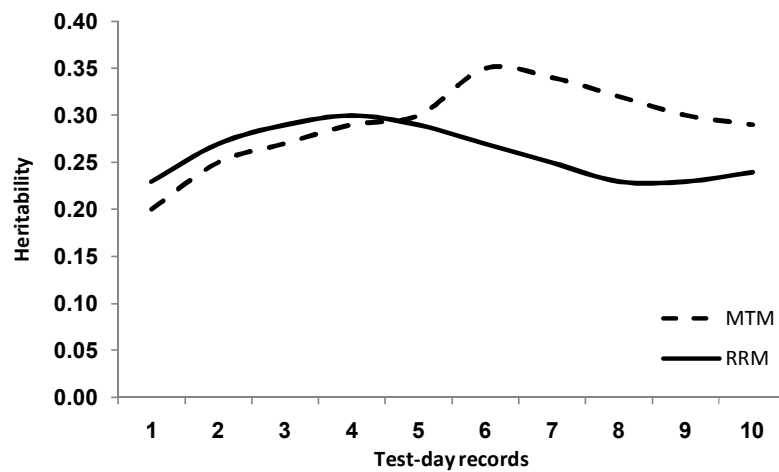


Figure 1 Estimated heritability of test-day milk record by multi-trait animal model (upper) and random regression test-day model

Table 1 Genetic correlations of test-day milk record using multi-trait animal model (upper) and random regression test-day model (lower)

Test day records	Test day records ¹									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1		0.62	0.44	0.39	0.44	0.58	0.57	0.49	0.52	0.49
2	0.91		0.86	0.68	0.69	0.76	0.78	0.75	0.71	0.77
3	0.80	0.90		0.85	0.83	0.87	0.91	0.89	0.81	0.79
4	0.67	0.81	0.92		0.96	0.91	0.88	0.84	0.85	0.74
5	0.56	0.72	0.86	0.95		0.94	0.91	0.88	0.92	0.79
6	0.48	0.65	0.80	0.91	0.97		0.97	0.94	0.92	0.85
7	0.42	0.60	0.76	0.88	0.95	0.98		0.97	0.93	0.86
8	0.40	0.58	0.74	0.86	0.93	0.97	0.99		0.94	0.91
9	0.41	0.57	0.73	0.84	0.91	0.95	0.97	0.98		0.91
10	0.45	0.59	0.73	0.82	0.88	0.91	0.93	0.95	0.99	

¹1 = milk record between 5 and 35 d, 2 = milk record between 36 and 65 d, 3 = milk record between 66 and 95 d, 4 = milk record between 96 and 125 d, 5 = milk record between 126 and 155 d, 6 = milk record between 156 and 185 d, 7 = milk record between 186 and 215 d, 8 = milk record between 216 and 245 d, 9 = milk record between 246 and 275 d, 10 = milk record between 276 and 305 d.

Table 2 Spearman's rank correlation of breeding values in dams (upper) and sires (lower) of test-day milk record by multi-trait animal model (MTM) and random regression test-day model (RRM) with five persistency equations (P1, P2, P3, P4, P5)

	MTM	RRM	P1	P2	P3	P4	P5
MTM		0.43	-0.20	-0.10	0.63	0.72	0.96
RRM	0.50		-0.27	-0.01	0.93	0.94	0.95
P1	-0.16	-0.20		0.96	-0.06	-0.01	-0.01
P2	-0.08	-0.01	0.97		0.19	-0.10	-0.20
P3	0.60	0.95	-0.02	0.25		0.70	0.80
P4	0.70	0.96	-0.01	-0.05	0.75		0.98
P5	0.95	0.97	-0.01	-0.04	0.86	0.99	

สรุป

การวิจัยครั้งนี้มุ่งวิจัยถึงประโยชน์ของการใช้ multi-trait animal model (MTM) สำหรับประเมินพันธุ์กรรมโคนม นอกจากนั้นยังต้องการหาสมการที่เหมาะสมสำหรับวิเคราะห์ความคงทนของการให้นมซึ่งจะช่วยให้การปรับปรุงพันธุ์โคนมมีความก้าวหน้าและประสบผลสำเร็จได้อย่างรวดเร็วยิ่งขึ้นเพื่อใช้เป็นค่ามาตรฐานสำหรับข้อมูลการให้ผลผลิตน้ำนมของประเทศไทย ดังนั้น multi-trait animal model (MTM) จึงน่าจะอีกทางเลือกที่ดีสำหรับการประเมินพันธุ์กรรมโคนมของประเทศไทย

คำขอบคุณ

คณะผู้วิจัยขอขอบคุณกลุ่มวิจัยโคนมทนร้อน (thermo-tolerance dairy cattle research group) มหาวิทยาลัยขอนแก่นที่สนับสนุนงบประมาณสำหรับใช้วิจัยครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

- วุฒิไกร บุญคุ้ม. 2546. การประมาณกราฟการให้นมเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียนโดยใช้ตัวแบบวันทดสอบรีเกรชันสุ่มและพหุตัวแปร. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น.
- Duangjinda, M., I. Misztal, and S. Tsuruta. 2006. BLUPF90-PCPAK 2.5: User's Manual. The University of Georgia and KhonKaen University.
- Jakobsen, J.H, P. Madsen, J. Jensen, J. Pedersen, L. G. Christensen, and D. A. Sorensen. 2001. Genetic Parameters for Milk Production and Persistency for Danish Holsteins Estimated in Random Regression Model 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 models. J. Dairy Sci. 80:1217-1226.
- Jensen, J., E. A. Mantysaari, P. Madsen, and R. Thompson. 1997. Residual maximum likelihood estimation of (co)variance components in multivariate mixed linear models using average information. J. Ind. Soc. Agric. Stat. 49:215-236.

- 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.
- Schaeffer, L. R., and J. Jamrozik. 1996. Multiple-Trait Prediction of Lactation Yields for Dairy Cows. *J. Dairy Sci.* 79: 2044-2055.
- 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.
- Sherchand, L., R. W. Mcnew, D. W. Kellogg, and Z. B. Johnson. 1995. Selection of a mathematical model to generate lactation curves using daily milk yields of Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 78:2507-2513.
- 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.