

การทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์สำหรับการให้ผลผลิตน้ำนมและไขมันนมครั้งแรก
ของโคนในประชากรโคนมหลากหลายพันธุ์ของประเทศไทย

Prediction of Additive Genetic Effects for First Lactation 305-d Milk and Fat Yields
in a Thai Multibreed Dairy Population

ศกร คุณวุฒิตธิธร^{1/}, Mauricio A. Elzo^{2/}, ศรเทพ ธัมวาสร^{3/}, และโกวิท นิธิชัย^{4/}
Skorn Koonawootrittriron^{1/}, Mauricio A. Elzo^{2/}, Sornthep Tumwasorn^{3/} and Kovit Nithichai^{4/}

บทคัดย่อ

คุณค่าการผสมพันธุ์ (EBV; Estimated Breeding Value) สำหรับการให้ผลผลิตน้ำนม (MY) และไขมันนม (FY) ครั้งแรกที่ 305 วันของโคนมในประชากรโคนมหลากหลายพันธุ์ที่ถูกเลี้ยงดูภายใต้สภาพแวดล้อมของประเทศไทยถูกคำนวณค่าโดยใช้ข้อมูลผลผลิตจากโคนมพันธุ์แท้และลูกผสมจำนวน 610 ตัว องค์ประกอบของความแปรปรวนถูกประมาณค่าโดยอาศัยวิธีการ Average information restricted maximum likelihood procedures ร่วมกับหุ่นจำลองทางพันธุกรรมแบบ two-trait additive genetic animal models ที่พัฒนาขึ้นโดยใช้กลวิธีในการจัดกลุ่มทางพันธุกรรมแบบสมการถดถอย 2 รูปแบบ คือ BTBI model ที่พิจารณา *Bos taurus* (BT) และ *Bos indicus* (BI) fractions และ HO model ที่พิจารณา Holstein (H) และ Other breeds (O) fractions ค่า EBV ของพ่อและแม่พันธุ์ที่ทำนายได้มีความหลากหลายกระจายไปตามสัดส่วนของ BT และ H ที่แตกต่างกันในสัตว์แต่ละตัว พ่อพันธุ์ที่มีค่า EBV สำหรับ MY และ FY สูงสุด 10% แรกและต่ำสุด 10% ท้ายของประชากรที่ศึกษาเป็นโคนมพันธุ์แท้ H นอกจากนี้ยังพบว่า แม่พันธุ์โคนมลูกผสม (5/8 H) มีค่า EBV สำหรับ MY สูงที่สุดในขณะที่โคนมพันธุ์แท้ H มีค่า EBV ต่ำที่สุด ค่า EBV ของสัตว์เหล่านี้ชี้ให้เห็นว่าภายใต้สภาพแวดล้อมของประเทศไทยโคนมลูกผสมสามารถให้ผลผลิตน้ำนมและไขมันนมครั้งแรกที่ 305 วันได้อย่างมีประสิทธิภาพดีเท่าหรือดีกว่าโคนมพันธุ์แท้ BT และ H

ABSTRACT

Estimated breeding value (EBV) for accumulated 305-d milk yield (MY) and accumulated 305-d fat yields (FY) were obtained by using production records of 610 purebred and crossbred first lactation cows in a Thai multibreed dairy population. Covariance components were estimated using average

^{1/} สถาบันวิจัยและฝึกอบรมการเกษตรสกลนคร อ.พังโคน จ.สกลนคร 47160. E-mail: skorn@access.rit.ac.th

Sakon Nakhon Agricultural Research and Training Center, Pungkone, Sakon Nakhon 47160

^{2/} Department of Animal Sciences, University of Florida, USA

^{3/} ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ 10900

Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Kasetsart University, Bangkok 10900

^{4/} องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย กระทรวงเกษตรและสหกรณ์ อ.มวกเหล็ก จ.สระบุรี

Dairy Farming Promotion Organization (DPO), Department of Agriculture and Cooperatives, Mauklek, Saraburi.

information restricted maximum likelihood procedures and two two-trait additive genetic animal models with different genetic grouping strategies. The BTBI model accounted for *Bos taurus* (BT) and *Bos indicus* (BI) fractions, whereas the HO model considered Holstein (H) and Other breeds (O) fractions. Estimated breeding values of sires and dams were evenly spread across BT (BTBI model) and H (HO model) fractions. The top 10% and the bottom 10% of sires for MY and FY were purebred H sires. The highest dam EBV for MY was from a crossbred dam (5/8 H) and the lowest one was from a 100% H dam. The EBV here suggest that BT (or H) crossbred animals can potentially yield MY and FY as good as or better than purebred BT or H animals under Thai tropical conditions.

Key words: Dairy cattle, milk yield, fat yield, multibreed, genetic group, genetic evaluation

บทนำ

ประชากรโคนมของประเทศไทยในปัจจุบัน ประกอบด้วยโคนมพันธุ์ต่างๆ แตกต่างกันอย่างมากกว่า 10 พันธุ์ โคนมเหล่านี้ปรากฏทั้งในรูปของโคนมพันธุ์แท้และลูกผสม อย่างไรก็ตาม โคนมส่วนใหญ่ (มากกว่า 90 เปอร์เซ็นต์) ของประชากรเป็นโคนมลูกผสม ซึ่งมีระดับสายเลือดของโคพันธุ์ต่างๆ แตกต่างกันตั้งแต่ 2 ถึงมากกว่า 7 พันธุ์ (องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย, 2542)

โปรแกรมการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ของโคนมเพื่อการใช้ประโยชน์ในการคัดเลือกสัตว์พันธุ์ (สัตว์ที่จะถูกใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์สำหรับการผลิตลูกรุ่นต่อไป) ในระดับเกษตรกรของประเทศไทยเกิดขึ้นจากความร่วมมือระหว่างองค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทยและมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ นับตั้งแต่ปี พ.ศ. 2539 คุณค่าการผสมพันธุ์ของโคนมที่ปรากฏในประชากรที่นำมาวิเคราะห์ถูกรายงานไว้ใน DPO Sire and Dam Summary เป็นประจำทุกปี (องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย, 2542) ในปัจจุบัน คุณค่าการผสมพันธุ์สำหรับลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจของโคนมแต่ละตัวที่ใช้ประโยชน์ในประเทศไทยถูกทำนายค่าโดยอาศัยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) ร่วมกับการใช้รุ่นจำลองทางพันธุกรรมแบบ animal model (Henderson, 1975; Quaas และ Pollak, 1980) ที่จัด contemporary group ในรูปของปัจจัยหลัก (ฝูง, ปี, และ ฤดูกาลที่คลอด) เท่านั้น (เกชา, 2542; เทียมพบ และคณะ, 2542; องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย, 2542) กลุ่มทางพันธุกรรม (genetic group effects) ของสัตว์แต่ละตัว ถูกพิจารณาโดยการกำหนดช่วงของสัดส่วนทางพันธุกรรมของ *Bos taurus* (BT) และ *Bos indicus* (BI) ที่เสนอโดย Vinther (1974) รุ่นจำลองทางพันธุกรรมดังกล่าวนี้มีหลายจุดที่สามารถนำมาพัฒนาต่อเนื่องเพื่อให้คุณค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์แต่ละตัวที่ทำนายได้มีความแม่นยำมากยิ่งขึ้น ดังนี้

ประการแรก รุ่นจำลองทางพันธุกรรมที่ใช้กันในปัจจุบันของหน่วยงานต่างๆ ในประเทศไทยล้วนพิจารณาระดับการจัดการที่ใช้ประโยชน์จากโคนมในรูปของอำเภอ เขต หรือบริเวณที่อยู่ใกล้เคียงกัน (เช่น เกชา, 2542; เทียมพบ และคณะ, 2542; องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย, 2542) ในการพิจารณาเช่นนี้ พ่อพันธุ์ที่มีความสามารถทางพันธุกรรมต่างๆ กันจะถูกตั้งสมมุติฐานว่าพวกมันนั้นถูกใช้ประโยชน์โดยฝูงในฝูงโคนมทุกๆ ฝูง (ฟาร์ม) ที่อยู่ในอำเภอ เขต หรือบริเวณเดียวกัน ซึ่งในความเป็นจริงอาจไม่เป็นเช่นนั้นถ้าหากในฝูงโคนมที่มีระบบการจัดการดีใช้พ่อพันธุ์โคนมที่มีคุณค่าทางพันธุกรรมสูงกว่า ฝูงโคนมที่มีระบบการจัดการด้อยกว่า และถ้าหากเป็นเช่นนั้นจริง ผลที่ได้จากการประเมินคุณค่าการผสม

พันธุ์ของพ่อพันธุ์แต่ละตัวโดยใช้รุ่นจำลองทางพันธุกรรมดังกล่าวจะมีค่าสูงกว่าความสามารถที่แท้จริงของพวกมันที่เกิดขึ้นในฝูงที่มีระบบการจัดการดี ทั้งนี้เนื่องจากค่าที่ทำนายได้เหล่านั้นเบี่ยงเบนจากค่าเฉลี่ยของอำเภอ เขต หรือบริเวณซึ่งมีค่าต่ำกว่าค่าเฉลี่ยของฝูงที่พวกมันถูกใช้ประโยชน์จริง ดังนั้น การพิจารณาการจัดการในระดับฟาร์มที่สัตว์พันธุ์เหล่านั้นถูกนำไปใช้ประโยชน์จริงในรุ่นจำลองทางพันธุกรรมจึงน่าจะมีเหมาะสมมากกว่าการพิจารณาการจัดการระดับอำเภอ เขต หรือ บริเวณที่ประกอบไปด้วยฟาร์มเลี้ยงโคหลายฟาร์มที่มีระดับการจัดการแตกต่างกัน

ประการที่สอง เนื่องจากรุ่นจำลองทางพันธุกรรมที่ใช้กันในปัจจุบันจัด contemporary group ในรูปของปัจจัยหลัก (ฝูง ปี และ ฤดูกาลที่คลอด; เกชา, 2542; เทียมพบ และคณะ, 2542; องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย, 2542) ถ้าหากอิทธิพลร่วมระหว่างปัจจัยในด้านฝูง ปี และ ฤดูกาลที่คลอดดูมีความสำคัญในประชากรโคนม การละเว้นอิทธิพลร่วมระหว่างปัจจัยอาจก่อให้เกิดความลำเอียงในการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ได้ นอกจากนี้ ถ้าหากวิธีการพิจารณาปัจจัยในรูปของสมการถดถอย (regression procedures) สามารถนำมาใช้ประโยชน์ในการอธิบายอิทธิพลของกลุ่มทางพันธุกรรม (genetic group effects) ได้ ค่าที่ประมาณได้จะมีความแม่นยำสูงขึ้น ทั้งนี้เนื่องจากการจัดรูปแบบสมการถดถอยเพื่ออธิบายอิทธิพลของปัจจัย ข้อมูลของสัตว์ทุกตัวในประชากรจะถูกนำมาใช้ประโยชน์ในการประมาณค่าร่วมกัน (Elzo และ Famula, 1985)

ประการที่สาม ฐานพันธุกรรม (genetic basis) ที่มักถูกนำมาใช้เป็นเกณฑ์ในการเปรียบเทียบสัตว์ที่มีลักษณะทางพันธุกรรมเหมือนกันนั้น สามารถกำหนดได้ในรูปของกลุ่มโคที่มีสัดส่วนทางพันธุกรรมของโคพันธุ์ใดพันธุ์หนึ่งเท่านั้น (Quaas และ Pollak, 1980; Elzo และ Famula, 1985) เนื่องจากโฮลสไตน์ (Holstein; H) เป็นพันธุ์โคที่ปรากฏในประชากรโคนมของประเทศไทยมากที่สุด และโดยความเป็นจริงแล้วโคนมเกือบทุกตัวในประเทศไทยมีสัดส่วนของ H (องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย, 2542) ดังนั้น กลยุทธ์ในการจัดกลุ่มทางพันธุกรรมสำหรับการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์โดยพิจารณาสัดส่วนทางพันธุกรรมของ H และ พันธุ์อื่นๆ ที่ไม่ใช่ H (Other breed; O) ในตัวสัตว์ จึงเป็นอีกทางเลือกหนึ่งของการพัฒนาวิธีการในการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ของโคนม นอกเหนือจากการพิจารณาสัดส่วนทางพันธุกรรมของ BT และ BI ในตัวสัตว์แต่ละตัว

ด้วยเหตุผลดังกล่าวการศึกษาในครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อ 1) พัฒนารุ่นจำลองทางพันธุกรรมแบบ animal model ที่พิจารณาปัจจัยร่วมของฝูง ปี และ ฤดูกาลที่คลอดลูก (calving herd-year-season) เป็น contemporary group และใช้การถดถอยในการอธิบายความแตกต่างระหว่างกลุ่มทางพันธุกรรมของโคนมที่มีสายเลือดของ BT และ BI (BTBI model), และ H และ O (HO model) สำหรับการวิเคราะห์ครั้งละหลายๆ ลักษณะพร้อมกัน, 2) ประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนและพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมสำหรับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมและไขมันนมในระยะการให้นมครั้งที่ 305 วัน, และ 3) เปรียบเทียบความสามารถทางพันธุกรรมของสัตว์พ่อแม่พันธุ์ที่มีสายเลือด BT (BTBI model) และ H (HO model) ระดับต่างๆ ที่ใช้ประโยชน์ภายใต้สภาพแวดล้อมของประเทศไทย

อุปกรณ์และวิธีการ

ลักษณะของข้อมูลและการเตรียมข้อมูลเพื่อการวิเคราะห์

ผลผลิตน้ำนม (12,505 ข้อมูล) และไขมันนม (10,042 ข้อมูล) รายวันที่สุ่มเก็บเดือนละครั้งจากโคนมพันธุ์แท้ และลูกผสมที่ให้นมครั้งแรก จำนวน 921 ตัว (คลอดลูกระหว่าง พ.ศ. 2534 ถึง 2543) ของเกษตรกร จำนวน 68 ราย ที่อยู่ในเขตการส่งเสริมขององค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อสมท) ถูกนำมาใช้ประโยชน์ในการประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนและทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์

ฤดูกาลที่สัตว์คลอดสามารถจำแนกออกได้เป็น 3 ฤดู คือ ฤดูหนาว (พฤศจิกายน ถึง กุมภาพันธ์) ฤดูร้อน (มีนาคม ถึง มิถุนายน) และฤดูฝน (กรกฎาคม ถึง ตุลาคม) ปัจจัยร่วมของฟาร์ม ปี และฤดูกาลที่สัตว์คลอดถูกนำมาพิจารณาเป็น contemporary group สำหรับการศึกษานี้

พันธุ์โคที่ปรากฏในชุดข้อมูลประกอบไปด้วย โฮลสไตน์ (Holstein) บราห์มัน (Brahman) เจอร์ซี (Jersey) เรดเดน (Red Dane) เรดซินดี (Red Sindhi) ซาฮิวาล (Sahiwal) และ พันเมืองไทย (Thai Native) พันธุ์โคเหล่านี้ถูกนำมากำหนดเป็นกลุ่มใหม่ เป็น *Bos taurus* (BT) และ *Bos indicus* (BI) สำหรับการวิเคราะห์ด้วย BTBI model และ โฮลสไตน์ (H; Holstein) และ พันธุ์อื่นๆ (O; Other Breeds) สำหรับการวิเคราะห์ด้วย HO model

ข้อมูลที่ใช้สำหรับการวิเคราะห์ถูกจัดเตรียมใน 2 ขั้นตอน โดย 1) ผลผลิตน้ำนมและไขมันนมรายวันที่สุ่มเก็บเดือนละครั้งของสัตว์แต่ละตัวจะถูกนำมาใช้ในการทำนายค่าผลผลิตน้ำนม (MY; milk yield) และไขมันรวมที่ 305 วัน (FY; fat yield) และ 2) ความสัมพันธ์เชื่อมโยง (connectedness) ของ contemporary groups ต่างๆ ในชุดข้อมูลจะถูกตรวจสอบโดยการพิจารณาถึงการปรากฏตัวของพ่อพันธุ์ที่ถูกใช้ประโยชน์ในแต่ละ contemporary groups หลังจากนั้น กลุ่มข้อมูลที่มีความสัมพันธ์เชื่อมโยงกันระหว่าง contemporary groups กลุ่มใหญ่ที่สุด (ประกอบไปด้วยสัตว์จำนวนทั้งสิ้น 1,319 ตัว จำแนกเป็นโคพ่อพันธุ์ 214 ตัว และโคแม่พันธุ์ 610 ตัว) เพียงกลุ่มเดียว จะถูกนำมาใช้ในการประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนและทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์แต่ละตัวต่อไป

การประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวน

องค์ประกอบของความแปรปรวนถูกประมาณค่าโดยวิธี Restricted Maximum Likelihood procedure (REML) ที่ใช้ average information (AI) algorithm ในการคำนวณค่า (ASREML; Gilmour และ คณะ, 2000) โดยค่าเริ่มต้นที่ใช้ในการคำนวณค่าสำหรับการวิเคราะห์ครั้งละสองลักษณะพร้อมๆ กัน (two-trait ASREML analyses) นั้นได้มาจากการวิเคราะห์ค่าสำหรับแต่ละลักษณะ (single-trait genetic analyses) จากชุดข้อมูลเดียวกัน

หุ่นจำลองทางพันธุกรรมที่ใช้ในการวิเคราะห์มีลักษณะเป็น Two-trait (MY และ FY) animal models โดยแต่ละลักษณะที่พิจารณา (MY และ FY) ถูกสมมติให้ได้รับอิทธิพลทางพันธุกรรมแบบ direct additive genetic effect เท่านั้น ปัจจัยกำหนด (fixed effects) ที่พิจารณาในหุ่นจำลองทางพันธุกรรมประกอบด้วย 1) contemporary group (calving herd-year-season) 2) อายุของแม่ที่คลอดลูก (เดือน) และ 3) กลุ่มทางพันธุกรรมที่พิจารณาในรูปของสมการถดถอย (regression additive genetic group effects) ซึ่งได้แก่ (BT - BI)

สำหรับ BTBI model และ (H - O) สำหรับ HO model ส่วนปัจจัยสุ่ม (random effects) ที่พิจารณาในรุ่นจำลองทางพันธุกรรมนั้น ได้แก่ additive animal genetic effects และ residual

การทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์

อิทธิพลทางพันธุกรรมรูปแบบต่างๆ ที่พิจารณาในรุ่นจำลองทางพันธุกรรม ได้มาจากการแก้สมการแบบผสม (Mixed Model Equations; Quaas และ Pollak, 1980) ซึ่งใช้องค์ประกอบของความแปรปรวนที่ประมาณค่าได้ในการคำนวณค่า ส่วนค่าทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์แต่ละตัว (EBV) นั้น สามารถคำนวณได้จากผลรวมของ 1) ค่าเฉลี่ยของความสามารถทางพันธุกรรมของสัตว์ทุกตัวที่อยู่ในกลุ่มทางพันธุกรรมเดียวกันกับสัตว์ตัวที่ถูกพิจารณา ซึ่งสามารถคำนวณค่าได้จากการคูณสัมประสิทธิ์ของสมการถดถอยด้วยสัดส่วนของ BT (สำหรับ BTBI model) หรือ H (สำหรับ HO model) ของสัตว์ตัวที่ถูกพิจารณา และ 2) ความสามารถทางพันธุกรรมของสัตว์ตัวที่ถูกพิจารณาเอง

ผลการศึกษาและวิจารณ์

การประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวนและพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

ค่าประมาณองค์ประกอบของความแปรปรวนทางพันธุกรรม สิ่งแวดล้อม และอัตราพันธุกรรมพร้อมด้วยความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (standard error) สำหรับการให้ผลผลิตน้ำนม (MY) และไขมันนม (FY) ครั้งที่ 305 วัน ที่คำนวณโดยใช้รุ่นจำลองทางพันธุกรรม BTBI และ HO model ถูกแสดงไว้ใน Table 1 ฐานทางพันธุกรรม (genetic basis) สำหรับ BTBI model ได้แก่ กลุ่มของอัลลีล BI ที่ปรากฏในประชากรที่ศึกษา ในทำนองเดียวกัน ฐานทางพันธุกรรม (genetic base) สำหรับ HO model ได้แก่ กลุ่มของอัลลีลที่ไม่ใช่ H (O; Other breeds) ที่ปรากฏในประชากรที่ศึกษา ค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (additive genetic variances) ที่คำนวณได้จาก BTBI model ($327,544 \text{ kg}^2$ สำหรับ MY และ 237 kg^2 สำหรับ FY) มีค่าใกล้เคียงกับค่าที่คำนวณได้จาก HO model ($335,235 \text{ kg}^2$ สำหรับ MY และ 250 kg^2 สำหรับ FY) เช่นเดียวกับความแปรปรวนของสิ่งแวดล้อม ดังนั้น อัตราพันธุกรรม (heritability; h^2) ที่คำนวณได้จากทั้ง BTBI (0.45 สำหรับ MY และ 0.24 สำหรับ FY) และ HO model (0.46 สำหรับ MY และ 0.25 สำหรับ FY) จึงมีค่าใกล้เคียงกัน ความใกล้เคียงกันของค่าประมาณต่างๆ ที่คำนวณได้จาก BTBI model และ HO model นี้ อาจเป็นผลมาจากฐานพันธุกรรมของทั้งสองโมเดลนี้ที่แตกต่างกันเพียงเล็กน้อย ซึ่งโดยความเป็นจริงแล้ว 88% ของอัลลีลทั้งหมดในชุดข้อมูลที่ใช้ในการศึกษานี้ เป็น *Bos taurus* และ 91% ของทั้งหมดนี้เป็นโฮลสไตน์

ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมสำหรับ MY และ FY ที่คำนวณได้จากชุดข้อมูลนี้มีค่าใกล้เคียงกับค่าที่คำนวณได้ในประชากรโคนมของประเทศต่างๆ (เช่น Misra และคณะ, 1979; Ahlborn และ Dempfle, 1992; Visscher และ Goddard, 1995; Costa และคณะ, 2000) แต่อย่างไรก็ตาม ค่าอัตราพันธุกรรมที่คำนวณได้นี้มีค่าต่ำกว่าที่รายงานไว้ในการศึกษาเกี่ยวกับประชากรโคนมของประเทศไทย (เกศา, 2542; เทียมพบและคณะ, 2542) ความแตกต่างในค่าประมาณดังกล่าวอาจเป็นผลอันเนื่องมาจากความแตกต่างของลักษณะของชุดข้อมูลที่น่ามาใช้ประโยชน์ วิธีการปรับแก้ไขข้อมูล และลักษณะของรุ่นจำลองทางพันธุกรรมที่ใช้ในการคำนวณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวน

Table 1 Additive genetic and environmental variance components, and heritabilities for accumulated 305-d milk (MY) and fat yields (FY) by the BTBI and the HO model

Parameters	MY	FY
BTBI model		
Genetic variance (kg ²)	327,544 (132,380) ¹	237 (189) ¹
Environmental variance (kg ²)	393,429 (126,913)	766 (184)
Heritability	0.45 (0.18)	0.24 (0.18)
HO model		
Genetic variance (kg ²)	335,235 (148,334)	250 (195)
Environmental variance (kg ²)	386,998 (134,842)	747 (190)
Heritability	0.46 (0.19)	0.25 (0.19)

¹ Standard error

Table 2 แสดงค่าประมาณความแปรปรวนทางพันธุกรรม (genetic covariances) และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม สิ่งแวดล้อม และลักษณะปรากฏ ระหว่าง MY และ FY ที่คำนวณค่าโดยใช้ BTBI และ HO model ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่าง MY และ FY มีค่าสูง (0.99) สำหรับทั้ง BTBI และ HO model ค่าประมาณสหสัมพันธ์ทางสิ่งแวดล้อมและลักษณะปรากฏระหว่าง MY และ FY มีค่าสูงและมีความสัมพันธ์ในเชิงบวก เช่นเดียวกับสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม อย่างไรก็ตาม ความคลาดเคลื่อนมาตรฐานสำหรับค่าประมาณสหสัมพันธ์เหล่านี้มีค่าต่ำ (0.01 ถึง 0.09) ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่าง MY และ FY ที่พบในประชากรโคนมหลากหลายพันธุ์ชุดนี้มีลักษณะเช่นเดียวกับความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะ MY และ FY ที่เคยถูกรายงานไว้สำหรับประชากรโคนมพันธุ์แทย์ไฮลด์สไตร์น (0.62 ถึง 0.79; Misztal และคณะ, 1992; Visscher และ Goddard, 1995; Dematawewa และ Berger, 1998; Costa และคณะ, 2000) ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่าง MY และ FY ที่มีค่าสูงเช่นนี้ ชี้ให้เห็นว่าการคัดเลือกสัตว์พันธุ์เพื่อปรับปรุงลักษณะใดระหว่าง MY และ FY จะส่งผลให้อีกลักษณะหนึ่งพัฒนาขึ้นไปในทิศทางเดียวกัน

Table 2 Genetic covariances, and genetic, environmental, and phenotypic correlations between accumulated 305-d milk (MY) and fat yields (FY) for the BTBI and the HO models

Parameters	BTBI model	HO model
Genetic covariances (kg ²)	8,751 (3,835) ¹	9,076 (5,291) ¹
Genetic correlation	0.99 (0.09)	0.99 (0.07)
Environmental correlation	0.89 (0.04)	0.93 (0.04)
Phenotypic correlation	0.90 (0.01)	0.90 (0.01)

¹ Standard error

อิทธิพลของกลุ่มทางพันธุกรรมแบบถดถอย (Regression Genetic Group Effects)

ค่าประมาณอิทธิพลของกลุ่มทางพันธุกรรมแบบถดถอยสำหรับ MY ที่คำนวณได้จาก BTBI model (149 ± 532 kg) มีค่าสูงกว่าค่าที่ได้จาก HO model (18 ± 363 kg) สาเหตุที่ทำให้เกิดความแตกต่างอย่างมากระหว่างค่าที่ได้จาก BTBI model (149 kg) และ HO model (18 kg) นี้ยังเป็นสิ่งที่จำเป็นต้องศึกษาเพิ่มเติม อย่างไรก็ตามค่าเหล่านี้ควรพิจารณาอย่างระมัดระวังเนื่องจากพบว่ามีคลาดเคลื่อนมาตรฐานสูง ความแตกต่างในการให้ผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมครั้งแรก (MY) ระหว่างกลุ่มพันธุ์ที่เกิดขึ้นจากการคำนวณด้วย HO model มีค่าน้อย ลักษณะเช่นนี้อาจเป็นสิ่งที่ชี้ให้เห็นถึงอัลลีลที่ไม่ใช่ H นั้นสามารถแสดงลักษณะได้ดีเช่นเดียวกับ H แต่อย่างไรก็ตามสมมติฐานนี้จำเป็นต้องได้รับการตรวจสอบอีกครั้งในประชากรโคนมหลากหลายพันธุ์ที่มีขนาดมากเพียงพอ

ค่าประมาณอิทธิพลของกลุ่มทางพันธุกรรมแบบถดถอยสำหรับ FY มีค่าใกล้เคียงกันในทุก BTBI (-26 ± 21 kg) และ HO model (-21 ± 14 kg) และมีขนาดของความคลาดเคลื่อนมาตรฐานน้อยกว่าค่าที่คำนวณได้สำหรับ MY ค่าถดถอยเหล่านี้ชี้ให้เห็นถึงความดีเด่นของ *Bos indicus* สำหรับ FY ในประชากรโคนมหลากหลายพันธุ์ที่ศึกษา

ค่าทำนายความสามารถทางพันธุกรรม

จำนวนและสัดส่วนทางพันธุกรรมของพ่อและแม่พันธุ์ที่ปรากฏในประชากรที่ศึกษานี้มีความแตกต่างกันมาก พ่อพันธุ์ปรากฏในประชากรเพียง 16% ของสัตว์ที่ถูกประเมินความสามารถทางพันธุกรรมทั้งหมด นอกจากนี้ พ่อพันธุ์ส่วนใหญ่ยังเป็นโคนมพันธุ์แท้ H (91%) ในขณะที่แม่พันธุ์ส่วนใหญ่ (88%) เป็นลูกผสมที่มีระดับสายเลือดของ H สูง (5/8 H หรือมากกว่า) ด้วยความแตกต่างเหล่านี้ ช่วง (range) ของค่าทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์ (EBV; Estimated breeding values) จึงถูกพิจารณาจำแนกออกเป็นส่วนของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ที่ถูกใช้ประโยชน์ในประชากร

Table 3 Range of Estimated breeding values (EBV) for accumulated 305-d milk (MY) and fat yields (FY) by the BTBI and HO model for sires and dams

Range of EBV (kg)	BTBI model	HO model
MY sires	-567 (332) ¹ to 1,009 (572)	-638 (333) ¹ to 888 (579)
FY sires	-45 (9) to -3 (15)	-39 (9) to 7 (16)
MY dams	-1,394 (389) to 1,289 (572)	-1,564 (391) to 1,248 (579)
FY dams	-67 (11) to 7 (15)	-65 (10) to 22 (16)
MY all animals	-1,394 (331) to 1,289 (572)	-1,564 (333) to 1,248 (579)
FY all animals	-67 (9) to 7 (15)	-65 (9) to 22 (16)

¹ Standard error

Table 3 แสดงช่วงของ EBV สำหรับพ่อพันธุ์ แม่พันธุ์ และสัตว์ทุกตัวที่ถูกประเมินในประชากรโคนมที่ศึกษา ช่วงของค่า EBV สำหรับ MY ในพ่อพันธุ์มีขนาดแคบกว่าในแม่พันธุ์ในทุกที่ที่คำนวณโดยใช้ BTBI model (-567 kg ถึง

1,009 kg สำหรับพ่อพันธุ์ และ -1,394 kg ถึง 1,298 kg สำหรับแม่พันธุ์) และ HO model (-638 kg ถึง 888 kg สำหรับพ่อพันธุ์ และ -1,564 kg ถึง 1,248 kg สำหรับแม่พันธุ์) ลักษณะเช่นเดียวกันนี้ยังพบในการทำนายค่าสำหรับ FY ความหลากหลายทางพันธุกรรมของแม่พันธุ์ที่มีมากกว่าของพ่อพันธุ์อาจส่งผลให้ช่วงของค่า EBV และความแม่นยำ (accuracy) ในการทำนายค่าในแม่พันธุ์ที่มีขนาดกว้างกว่าในพ่อพันธุ์

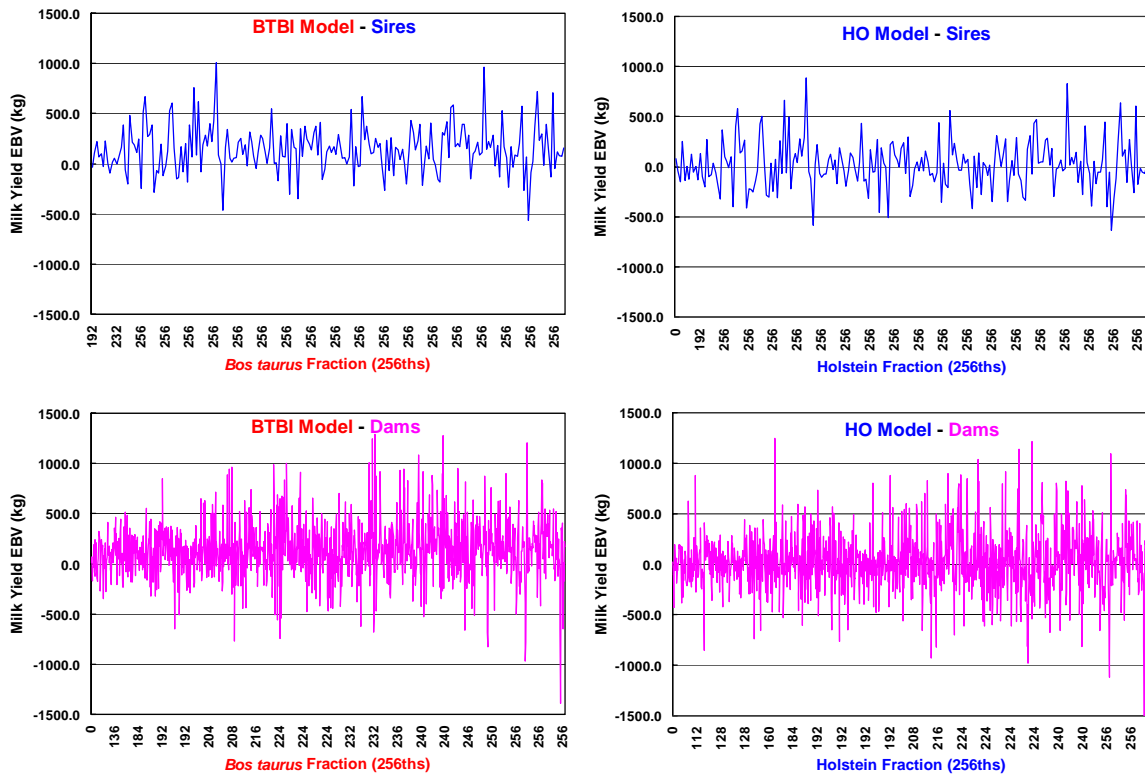


Figure 1 Milk yield (MY) EBV for sires and dams ordered by EBV within BT (BTBI model) and H (HO model) fractions

ผลการศึกษาเปรียบเทียบความสามารถทางพันธุกรรมโดยพิจารณาจากค่า EBV ของสัตว์แต่ละตัวที่ถูกประเมินในประชากรโคนมหลากหลายพันธุ์ของประเทศไทย พบว่า โคนมทุกกลุ่มพันธุ์ (ระดับสายเลือด BT-BI หรือ H-O) ของประชากรมีโคนมทั้งที่มีความสามารถสูงและต่ำเสมอ (Figure 1) โคนมที่มีความสามารถทางพันธุกรรมสำหรับ MY และ FY ต่ำที่สุดนั้นเป็นโคนมพันธุ์แท้โฮลสไตน์ (100% H) ส่วนโคนมที่มีความสามารถสูงที่สุดเป็นโคนมลูกผสม ค่า EBV สำหรับการให้ผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นมครั้งแรกของพ่อพันธุ์เรียงลำดับจากกลุ่มที่มีระดับสายเลือดของ H ต่ำไปยังกลุ่มที่มีสายเลือด H สูงมีรูปแบบคล้ายคลึงกับรูปแบบของการให้ผลผลิตไขมันนม รูปแบบดังกล่าวชี้ให้เห็นถึงความสามารถของโคนมลูกผสมที่มีระดับสายเลือดของ BT และ H ต่างๆ ในการให้ผลผลิตน้ำนมและไขมันนมในระยะการให้นมครั้งแรกที่ดีเท่าหรือดีกว่าโคนมพันธุ์แท้ H ภายใต้สภาพแวดล้อมของประเทศไทย และดังที่ทราบกันดีว่า โคนมพันธุ์แท้ BT จากเขตอบอุ่น เช่น H มีความสามารถในการปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมใน

เขตร้อนได้ด้อยกว่าโคนมลูกผสม BT × BI ปราสาทและแมลงเขตร้อนในประเทศไทยเป็นสาเหตุให้โคพันธุ์แท้ BT สูญเสียน้ำหนักและผลิตน้ำนมลดลง (Madsen และ Vinther, 1975; Trisanarom และคณะ, 1990; Markvichitr และคณะ, 1995) ด้วยความสามารถในการปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมและคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ประมาณค่าได้จากการศึกษาในครั้งนี้ จึงชี้ให้เห็นว่าพ่อและแม่พันธุ์โคนมลูกผสมที่มีระดับสายเลือด BT และ H ต่างๆ สามารถนำมาใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุกรรมสำหรับการให้ผลผลิตน้ำนมและไขมันนมในระยะการให้นมครั้งแรกของโคนมในประชากรโคนมของประเทศไทยได้อย่างมีประสิทธิภาพ โคนมพันธุ์แท้ BT และ H นั้นควรได้รับการพิจารณาเพียงในฝูงที่มีความสามารถในการจัดการด้านอาหารและสิ่งแวดล้อมที่จำเป็นต่อการแสดงศักยภาพทางพันธุกรรมในการให้ผลผลิตน้ำนมและไขมันนมที่โคนมเหล่านั้นต้องการเท่านั้น

สรุป

ผลที่ได้จากการศึกษาในครั้งนี้แสดงให้เห็นถึงความเป็นไปได้ในการใช้ additive group regression models สำหรับการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ในประชากรโคนมหลากหลายพันธุ์ (multibreed dairy populations) คุณค่าการผสมพันธุ์และองค์ประกอบทางพันธุกรรมที่ประมาณค่าได้ในการศึกษานี้มีเหตุผลเพียงพอในการแสดงถึงความสามารถในการนำไปใช้ประโยชน์ถึงแม้ว่าจะได้จากข้อมูลที่มีขนาดเล็กและมีความไม่สมบูรณ์ อย่างไรก็ตาม ค่าที่ได้เหล่านี้สามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการวินิจฉัยประชากรที่นำมาศึกษาในครั้งนี้เท่านั้น การวินิจฉัยประชากรโคนมของประเทศไทย ข้อมูลขนาดใหญ่ที่ได้มาจากทุกพื้นที่ในประเทศไทยจำเป็นต้องถูกนำมาใช้ประโยชน์ร่วมกัน และเนื่องจากในประชากรโคนมของประเทศไทยยังคงใช้ประโยชน์จากโคนมลูกผสมในการพัฒนาศักยภาพทางพันธุกรรมอย่างต่อเนื่อง ดังนั้น ในหุ้่นจำลองทางพันธุกรรมสำหรับการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ระดับชาติ (national genetic evaluation) จึงจำเป็นต้องพิจารณาอิทธิพลทางพันธุกรรมทั้งในรูปของ additive และ nonadditive genetic effects หุ้่นจำลองทางพันธุกรรมที่พิจารณาอิทธิพลทางพันธุกรรมทั้งในรูปของ additive และ nonadditive genetic effects รูปแบบต่างๆ ควรได้รับการพัฒนาและเปรียบเทียบประสิทธิภาพและความเหมาะสมในการนำมาใช้ประโยชน์สำหรับประชากรโคนมของประเทศไทยก่อนที่หุ้่นจำลองทางพันธุกรรมที่มีความเหมาะสมที่สุดจะถูกนำมาใช้ประโยชน์จริงในการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์โคนมระดับชาติ การดำเนินการดังกล่าวนี้เป็น dynamic process ดังนั้น การเปลี่ยนแปลงโครงสร้างและองค์ประกอบของประชากรโคนมหลากหลายพันธุ์ของประเทศไทยในอนาคตจึงจำเป็นต้องได้รับการตรวจสอบอย่างใกล้ชิด เพื่อให้สามารถพัฒนาหุ้่นจำลองทางพันธุกรรมและวิธีการคำนวณค่าสามารถทำได้ถูกต้องและเหมาะสมต่อประชากรโคนมของประเทศไทย

คำนิยม

คณะผู้วิจัยขอขอบคุณโครงการปริญญาเอกกาญจนาภิเษก สำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย (สกว) สำหรับการให้งบประมาณสนับสนุนการวิจัย องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อสมค) สำหรับความอนุเคราะห์ในชุดข้อมูลโคนม และเกษตรกรผู้เลี้ยงโคนมผู้ร่วมโครงการทุกท่านสำหรับความร่วมมือในทุกๆ ด้าน

เอกสารอ้างอิง

- เกชา คูหา. 2542. การประมาณค่าการผสมพันธุ์ลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจบางลักษณะของโคนมที่เลี้ยงโดยเกษตรกรรายย่อย. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ. 126 น.
- เทียมพบ ก้านเหลือง จันท์จรัส เรียวเดชะ จุริรัตน์ แสนโกชน์ และ ปาริฉัตร สุขโต. 2542. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมโคนม ภายใต้สภาพแวดล้อมประเทศไทย. การประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 37 กรุงเทพฯ. น.151-158.
- องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย. 2542. ค่าการผสมพันธุ์โคนม 2542. กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 39 น.
- Ahlborn, G., and L. Dempfle. 1992. Genetic parameters for milk production and body size in New Zealand Holstein-Friesian and Jersey. *Livest. Prod. Sci.* 31:205-219.
- Costa, C.N., R.W. Blake, E.J. Pollak, P.A. Oltenacu, R.L. Quaas, and S.R. Searle. 2000. Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and the United States. *J. Dairy Sci.* 83:2963-2974.
- Dematawewa, C.M.B., and P.J. Berger. 1998. Genetic and phenotypic parameter for 305-d yield, fertility, and survival in Holsteins. *J. Dairy Sci.* 81:2700-2709.
- Elzo, M.A. and T.R. Famula. 1985. Multibreed sire evaluation procedures within a country. *J. Anim. Sci.* 60:942-952.
- Gilmour, A.R., B.R. Cullis, S.J. Welham, and R. Thompson. 2000. ASREML Reference Manual. NSW Agriculture. 217 p.
- Henderson, C.R. 1975. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics.* 31:423-448.
- Madsen, O., and K.M. Vinther. 1975. Performance of purebred and crossbred dairy cattle in Thailand. *Anim. Prod.* 21:209-216.
- Markvichitr, K., S. Tumwasorn, and B. Thanindratarn. 1995. Losses due to health and fertility problems in purebred Holstein Friesian cows under Thai farm conditions. *Thai J. Agric. Sci.* 28:201-207.
- Misra, R.K., B.L. Raina, and P.N. Bhat. 1979. Studies on the genetic and non-genetic factors affecting lactation yields in purebred indigenous cattle and their crosses with Friesian. *Indian J. Anim. Sci.* 49:250-256.
- Misztal, I., T.J. Lawlor, T.H. Short, and P.M. VanRaden. 1992. Multiple-trait estimation of variance components of yields and type traits using an animal model. *J. Dairy Sci.* 75: 544-551.
- Quaas, R.L., and E.J. Pollak. 1980. Mixed model methodology for farm and ranch beef cattle testing programs. *J. Anim. Sci.* 51:1277-1287.
- Trisanarom, U., N. Simasatitkul, O. Suwapap, T. Intratul, and C. Ped-Ugsorn. 1990. Health problems of purebred Holstein Friesian at Chiangmai. *J. Thai Vet. Med.* 41: 25-30.

- Vinther, K.M. 1974. Production performance of the Thai dairy herd and evaluation of the breeding plan at the Thai-Danish Dairy Farm. Tech. Report. The Dairy Farming Promotion Organization of Thailand, Ministry of Agriculture and Cooperation, Thailand. pp 1-78.
- Visscher, P.M., and M.E. Goddard. 1995. Genetic parameters for milk yield, survival, workability, and type traits for Australian Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 78:205-220.