

การเปรียบเทียบโมเดลทางพันธุกรรมระหว่างค่าความแปรปรวน ของความคลาดเคลื่อนแบบคงที่และไม่คงที่ในโคนมลูกผสม ไทยโฮลสไตน์โดยใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรซชันสุ่ม

Genetic model comparison between homogeneous and heterogeneous residual variance in Thai crossbred Holsteins using random regression test-day model

สายัณห์ บัวบาน¹, จูรีรัตน์ แสนโกษณ์¹, มนต์ชัย ดวงจินดา², และ วุฒิไกร บุญคุ้ม^{2*}

Sayan Buaban¹, Jureeratn Sanpote¹, Monchai Duangjinda², and Wuttigrai Boonkum^{2*}

บทคัดย่อ: วัตถุประสงค์ของการวิจัยครั้งนี้เพื่อเปรียบเทียบโมเดลทางพันธุกรรมระหว่างค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนแบบคงที่และแบบไม่คงที่ในโคนมลูกผสมไทยโฮลสไตน์ ข้อมูลประกอบด้วยบันทึกปริมาณน้ำนมในวันทดสอบ 398,805 บันทึก จากโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ จำนวน 27,133 ตัวในระยะการให้นมที่ 1-3 ซึ่งรวบรวมไว้ในระบบฐานข้อมูลของสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ภายใต้โครงการ Master Bull ในระหว่างปี พ.ศ. 2534-2551 การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและค่าการผสมพันธุ์ใช้วิธี Bayesian analysis via Gibbs sampling และ best linear unbiased prediction ภายใต้โมเดลวันทดสอบรีเกรซชันสุ่มตามลำดับ ผลงานวิจัยแสดงให้เห็นว่าการปรับค่าความคลาดเคลื่อนแบบไม่คงที่ไม่มีผลต่อความแปรปรวนแบบบวกสะสม แต่มีผลต่อความแปรปรวนเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร และค่าอัตราพันธุกรรม นอกจากนี้ในการเปรียบเทียบโมเดลทั้งสองพบว่า การปรับค่าความคลาดเคลื่อนแบบไม่คงที่ส่งผลให้สหสัมพันธ์เชิงอันดับของค่าการผสมพันธุ์ (0.92-0.96) และค่าสัมประสิทธิ์การตัดสินใจของค่าการผสมพันธุ์ (0.90-0.96) มีความแม่นยำมากกว่าการปรับค่าความคลาดเคลื่อนแบบคงที่ ดังนั้นการใช้โมเดลที่มีการปรับค่าความคลาดเคลื่อนแบบไม่คงที่มีความเหมาะสมสำหรับการคัดเลือกพันธุกรรมโคนม

คำสำคัญ: ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน, ผลผลิตน้ำนม, โคนมลูกผสม, พันธุกรรม

ABSTRACT: The objective of this research was to compare the genetic models of homogeneous and heterogeneous residual variances in crossbred Thai-Holstein dairy cattle. The data included 398,805 test-day milk yield records from 27,133 first-three lactations. The test-day milk records were obtained from the Bureau of Biotechnology in Livestock Production, Department of Livestock Development under the Master Bull project during the years 1991 to 2008. Bayesian analysis via Gibbs sampling and best linear unbiased prediction under random regression test-day model were used to estimate genetic parameters and breeding values, respectively. The results showed that the adjusted heterogeneity of residual variance had no effect on additive variance whereas it had effects on permanent environmental variance and heritability. In addition, in a comparison between both models, the model with heterogeneous residual variance had rank correlation of breeding value estimates (0.92-0.96) and coefficients of determination (R^2) (0.90-0.96) higher than the model with homogeneous residual variance. Therefore, the adjustment for heterogeneity of residual variance could be appropriate for increasing the selection accuracy of dairy cattle.

Keywords: residual variance, milk yield, crossbred dairy cattle, genetics

¹ สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ปทุมธานี 12000

Bureau of Biotechnology in Livestock Production, Department of Livestock Development, Pathumthani, 12000

² ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น จังหวัดขอนแก่น 40002

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

* Corresponding author: wuttigrai_b@yahoo.com

บทนำ

การประเมินพันธุกรรมโคนมภายใต้โมเดลวันทดสอบปริเทรซันสุ่ม (random regression test-day model; RRTDM) ได้ถูกนำมาใช้เป็นโมเดลมาตรฐานในหลายประเทศ (Interbull, 2011) อย่างไรก็ตามในงานวิจัยที่ผ่านมาองค์ประกอบของโมเดลดังกล่าวจะกำหนดให้ส่วนของความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อนของบันทึกข้อมูลในโคนมทุกตัวคงที่ตลอดระยะเวลาให้น้ำนม (homogeneous) (จัวร์ตัน และคณะ 2553; ภาคภูมิ และคณะ 2554) ทั้งที่ในความเป็นจริงโคนมแต่ละตัวย่อมมีความแตกต่างกันทั้งทางกายภาพ เช่น ค่าคะแนนร่างกาย สถานะของการตั้งท้อง ระยะของการรีดน้ำนม การได้รับการจัดการที่แตกต่างกัน และความแตกต่างทางสรีรวิทยา เช่น การเปลี่ยนแปลงของระดับของฮอร์โมน ดังนั้นการกำหนดค่าความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อนให้คงที่หรือเท่ากันตลอดระยะเวลาให้น้ำนมอาจไม่เหมาะสมและนำไปสู่การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม และค่าการผสมพันธุ์ (estimated breeding value; EBV) ที่ผิดพลาดทั้งยังมีผลต่อความแม่นยำในการคัดเลือกสัตว์ร่วมด้วย (Olori et al., 1999a, b; Rekaya et al., 2000) ดังนั้นเพื่อลดความผิดพลาดที่อาจเกิดขึ้นและเพิ่มความแม่นยำในการวิเคราะห์จึงควรกำหนดให้ค่าความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อนผันแปรไปตามวันที่สุ่มเก็บน้ำนมกล่าวคือพิจารณาความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อนในโคนมทุกตัวให้ไม่คงที่ตลอดระยะเวลาให้น้ำนม (heterogeneous)

การประเมินพันธุกรรม (genetic evaluation) เป็นวิธีการหนึ่งที่มีประสิทธิภาพสูงและเป็นที่ยอมรับในระดับสากลสำหรับศึกษาพันธุกรรมในลักษณะต่างๆ ในประชากรโคนมขนาดใหญ่ ปัจจุบันการประเมินพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมมีการพัฒนาอย่างต่อเนื่องในส่วนของการใช้บันทึกข้อมูลในวันที่สุ่มเก็บตัวอย่างน้ำนมซึ่งเรียกว่า “บันทึกน้ำนมในวันที่ทดสอบ” (test-day milk record) แทนการใช้

ข้อมูลผลผลิตน้ำนมรวม ณ 305 วัน (Schaeffer et al., 2000) ซึ่งหลายฟาร์มในประเทศไทยมีการปรับเปลี่ยนการเก็บบันทึกข้อมูลให้อยู่ในรูปแบบของวันทดสอบมากขึ้น ทำให้การประเมินพันธุกรรมในภาพรวมทั้งประเทศสามารถทำได้รวดเร็วและมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น โดยพบว่าการใช้ข้อมูลดังกล่าวสามารถประเมินพันธุกรรมโคนมรายตัวในทุกช่วงของการให้นมได้โดยไม่ต้องรอจนกระทั่งโคนมหยุดรีดนม (dry period) อีกทั้งไม่จำเป็นต้องคำนวณเพื่อปรับขยายผลผลิตน้ำนมไปยังวันให้นมที่ 305 วัน โดยเฉพาะอย่างยิ่งในกรณีที่โคนมให้ผลผลิตน้ำนมไม่ถึง 305 วัน ซึ่งอาจเกิดความคลาดเคลื่อนได้ง่ายตามวิธีการหรือสมการในการคำนวณ นอกจากนี้จำนวนบันทึกยังมีมากกว่าและในการประเมินพันธุกรรมยังสามารถปรับอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมที่กระทบต่อการให้ผลผลิตน้ำนมได้ละเอียดกว่าการใช้ข้อมูลผลผลิตน้ำนมรวม ณ 305 วัน จึงส่งผลให้ค่าพันธุกรรมที่ประมาณได้มีความแม่นยำและถูกต้องมากยิ่งขึ้น (สายัณห์, 2546; Jensen, 2001) ในส่วนของเทคนิคและโมเดลทางสถิติพบว่าเทคนิค BLUP (best linear unbiased prediction) (Henderson, 1984) และโมเดลวันทดสอบปริเทรซันสุ่ม (random regression test-day model; RRTDM) (Schaeffer and Dekkers, 1994) เป็นเทคนิคและโมเดลทางสถิติที่มีความแม่นยำและนิยมใช้ในการประเมินพันธุกรรมอย่างแพร่หลาย (Interbull, 2011) อีกทั้งยังสามารถใช้ร่วมกับบันทึกในวันทดสอบได้เป็นอย่างดี ประกอบกับความพร้อมของข้อมูลที่มีในทุกภูมิภาคของประเทศไทยจากฐานข้อมูลโคนม โดยสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ทำให้การศึกษาการประเมินพันธุกรรมโคนมในระดับประเทศและระดับภูมิภาคมีความน่าเชื่อถือ ซึ่งจะประโยชน์ในการวางแผนและการกำหนดเป้าหมายของการคัดเลือกสำหรับปรับปรุงพันธุ์โคนมในระดับประเทศ เพื่อพิสูจน์สมมติฐานที่ว่า การปรับโมเดลวันทดสอบปริเทรซันสุ่มโดยพิจารณาความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนเป็นแบบไม่คงที่จะให้ค่าความแม่นยำของการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

และค่าการผสมพันธุ์มากกว่าการกำหนดความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนเป็นแบบคงที่ ดังนั้นวัตถุประสงค์ของการวิจัยครั้งนี้จึงเพื่อเปรียบเทียบโมเดลทางพันธุกรรมระหว่างค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนแบบคงที่และแบบไม่คงที่กันในโคนมลูกผสมไทยโฮลสไตน์โดยใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรซชันสุ่ม

วิธีการศึกษา

ข้อมูลในการวิจัย

ข้อมูลที่ใช้ในการวิจัยครั้งนี้เป็นข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมรายเดือนของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ตั้งแต่ระยะการให้นมครั้งที่ 1-3 (first-three lactation) จำนวน 27,133 ตัว รวม 398,805 บันทึก ซึ่งรวบรวมไว้ในระบบฐานข้อมูลของสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการ

ผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ภายใต้โครงการ Master Bull ในระหว่างปี พ.ศ. 2534-2551 โดยพิจารณาใช้เฉพาะข้อมูลโคนมที่ให้น้ำนมไม่น้อยกว่า 150 วัน มีบันทึกผลผลิตน้ำนมอยู่ในช่วงวันให้นมที่ 5 ถึง 305 วัน และมีอายุเมื่อคลอดลูกอยู่ในช่วง 14-48 เดือน, 25-68 เดือน และ 36-84 เดือนสำหรับโคนมในระยะการให้นมที่ 1, 2 และ 3 ตามลำดับ การจำแนกกลุ่มพันธุ์โคนมลูกผสมโฮลสไตน์จำแนกตามระดับเปอร์เซ็นต์สายเลือดของโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ (%HF) ซึ่งจำแนกได้ 5 กลุ่มดังนี้ <75.0, 75.0 ถึง 87.4, 87.5 ถึง 93.6, 93.7 ถึง 97.9 และ ≥ 98.0 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ค่าเฉลี่ยผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบมีค่าเท่ากับ 12.9 ± 4.5 กก., 14.0 ± 5.0 กก. และ 14.3 ± 5.1 กก สำหรับโคนมในระยะการให้นมที่ 1, 2 และ 3 ตามลำดับ ข้อมูลสำคัญอื่นๆ แสดงใน Table 1

Table 1 Data structure for estimation of variance components by parity for Thai Holstein crossbreds

Item	Parity			
	1	2	3	Total
Number of herd-test month-test year classes	9,039	6,170	4,827	9,039
Number of cows	27,133	12,131	7,246	27,133
Number of test day records	230,986	105,011	62,808	398,805
Number of test day records separated by breed groups				
<75 %HF ¹	14,069	7,346	4,587	26,002
≥ 75.0 to <87.5 %HF	58,524	29,319	18,472	106,315
≥ 87.5 to <93.7 %HF	90,476	40,919	23,776	155,171
≥ 93.7 to <98.0 %HF	60,086	23,793	13,683	97,562
≥ 98.0 %HF	7,831	3,634	2,290	13,755
Avg. test day milk yield \pm SD (kg)				
<75 %HF	11.8 \pm 4.2	12.9 \pm 4.7	13.4 \pm 4.9	12.7 \pm 4.6
≥ 75.0 to <87.5 %HF	12.4 \pm 4.3	13.5 \pm 4.8	14.0 \pm 4.9	13.3 \pm 4.7
≥ 87.5 to <93.7 %HF	13.1 \pm 4.5	14.2 \pm 5.0	14.5 \pm 5.2	13.9 \pm 4.9
≥ 93.7 to <98.0 %HF	13.5 \pm 4.6	14.5 \pm 5.1	14.8 \pm 5.1	14.3 \pm 4.9
≥ 98.0 %HF	13.1 \pm 4.5	14.0 \pm 5.0	14.2 \pm 5.2	13.8 \pm 4.9
Number of animals with pedigree		44,648		

¹%HF = Percentage of Holstein fractions

วิธีการวิเคราะห์และโมเดลที่ใช้ศึกษา

การศึกษานี้ใช้วิธีการวิเคราะห์ร่วมกันระหว่างข้อมูลในแต่ละระยะการให้นม (1-3 lactation multivariate analysis) โดยการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรมถูกวิเคราะห์ด้วยวิธี Bayesian analysis via Gibbs sampling (Geman and Geman, 1984) โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป GIBB2F90 สำหรับความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนแบบคงที่ (homogeneous) และ GIBB3F90 สำหรับความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนแบบไม่คงที่ (heterogeneous) (Misztal et al., 2002) และมีข้อกำหนดสำคัญดังนี้ การวิเคราะห์ Gibbs sample กำหนดให้เป็นแบบ single chain จำนวน 200,000 รอบ และส่วนของ 5,000 รอบแรกจัดเป็นส่วนของ burn-in สำหรับค่าเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงมาตรฐานของค่าอัตราพันธุกรรม (posterior mean and standard

for heritability) ถูกคำนวณจากทุกๆ 10 ตัวอย่างของค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่ได้จากขั้นตอน gibbs sampling (15,000 ข้อมูล) ค่า convergence ของแต่ละค่าความแปรปรวนถูกพิจารณาจากค่า effective sample size รวมทั้งจากรูปกราฟที่ได้จากการทำ plotting Gibbs samples สำหรับการประมาณค่าการผสมพันธุ์ใช้วิธี best linear unbiased prediction (BLUP)(Henderson, 1984) การศึกษาครั้งนี้ใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรซชันสุ่ม (random regression test-day model; RRTDM)(Schaeffer and Dekkers, 1994) และฟังก์ชันวันให้นม (days in milk function) ของ Legendre polynomials (Kirkpatrick et al., 1990) เพื่อศึกษาการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมตลอดระยะเวลาการให้นมในโคนมรายตัว โดยมีรายละเอียดโมเดลดังนี้

$$Y_{ijklmn} = HMY_{ij} + BG_k DIM_{jl} + CA_{jm} + \sum_{o=1}^3 b_n Z_n + \sum_{o=1}^3 a_n Z_n + \sum_{o=1}^3 p_n Z_n + e_{ijklmn}$$

เมื่อ

Y_{ijklmn} = บันทึกผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบของโคตัวที่ n ซึ่งได้รับอิทธิพลจากฝูง-เดือนทดสอบ-ปีทดสอบที่ i ในระยะการให้นมที่ j อิทธิพลร่วมระหว่างกลุ่มพันธุ์ที่ k กับกลุ่มของวันที่ให้นมที่ l และอายุเมื่อคลอดลูกที่ m, HMY_{ij} = อิทธิพลคงที่เนื่องจากฝูง-เดือนทดสอบ-ปีทดสอบในระยะการให้นมที่ j, $BG_k DIM_{jl}$ = อิทธิพลคงที่เนื่องจากกลุ่มพันธุ์ร่วมกับวันที่ให้นมซึ่งกำหนดเป็นกลุ่มโดยในแต่ละกลุ่มมีระยะห่างของวันให้นมเท่ากับ 30 วันในระยะการให้นมที่ j, CA_{jm} = อิทธิพลคงที่เนื่องจากอายุเมื่อคลอดลูกในระยะการให้นมที่ j, b_n, a_n และ p_n = สัมประสิทธิ์รีเกรซชันของอิทธิพลคงที่ อิทธิพลสุ่มเนื่องจากยีนแบบบวกสะสมและสภาพแวดล้อมถาวรตามลำดับ, e_{ijklmn} = อิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน และ Z_n = เมทริกซ์ความสัมพันธ์กับฟังก์ชันวันให้นม ($f(DIM)$) ซึ่งซ่อนอยู่ในอิทธิพลสุ่มเนื่องจากยีนแบบบวกสะสมและสภาพแวดล้อมถาวร โดยฟังก์ชันวันให้นมที่ใช้คือ the fourth orders of Legendre polynomial

เมื่อ o คืออันดับ (order) ของฟังก์ชันดังกล่าวซึ่งมีรูปฟังก์ชันดังนี้

$$f(DIM) = L_{o1} + L_{o2} + L_{o3} + L_{o4} + L_{o5}$$

เมื่อ

$$L = (-1) + 2*(DIM - 5)/(305 - 5)$$

$$L_{o1} = 1$$

$$L_{o2} = \sqrt{3}L$$

$$L_{o3} = \sqrt{5/4}(3L^2 - 1)$$

$$L_{o4} = \sqrt{7/4}(5L^3 - 3L)$$

$$L_{o5} = \sqrt{9/64}(35L^4 - 30L^2 + 3)$$

จากโมเดลวันทดสอบรีเกรซชันสุ่มข้างต้นสามารถเขียนในรูปของเมทริกซ์ได้ดังนี้

$$Var \begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & P \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

เมื่อ

G และ P = เมทริกซ์ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของสัมประสิทธิ์รีเกรซชันสุ่มของยีนแบบ

บวกสะสมและสภาพแวดล้อมถาวรในสัตว์แต่ละตัวในระยะเวลาให้นมที่ 1-3 โดยมีขนาด 15×15 , $R =$ เมทริกซ์ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน (diagonal matrix) ในระยะเวลาให้นมที่ 1-3 โดยมีขนาด 3×3 ซึ่งอยู่ในรูปของ $R = \text{diag}[\sigma_{e_i}^2] = \exp(c_1 + c_2 t + c_3 t^2)$; ตามวันให้นมสำหรับ $t =$ จุดบนเส้นโค้งการให้นม (point on a trajectory) ดังสมการ $(-I) + 2 * (DIM - 5) / (305 - 5)$ และ $c_1, c_2, c_3 =$ ค่าคงที่ (Jaffrezic et al., 2000) ทำการแบ่งเป็น 11 ช่วงห่างกันช่วงละ 30 วัน

ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและกราฟพันธุกรรมของการให้นมในพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ประมาณได้จากโมเดล RRTDM ณ วันให้นมที่ 5, 35, ... ,305 โดยใช้วิธีการวิเคราะห์ของ Jamrozik and Schaeffer (1997) ดังนี้ กำหนดให้ฟังก์ชันวันให้นมของ Legendre polynomials เท่ากับ $Z'_t = [L_{o1} \ L_{o2} \ L_{o3} \ L_{o4} \ L_{o5}]$

ค่าประมาณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมในวันให้นมที่ t วิเคราะห์ได้จาก

$$\hat{\sigma}_{g_t}^2 = Z'_t \hat{G} Z_t$$

สำหรับการวิเคราะห์ค่าประมาณค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมของการให้น้ำนมรวมที่ 305 วันสามารถใช้สมการวิเคราะห์เดียวกันกับสมการวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนในแต่ละวันให้นมโดยมีรูปแบบสมการดังนี้ กำหนดให้ $Z_{305} = \sum_{t=1}^{305} Z_t$ ดังนั้นสมการวิเคราะห์ค่าประมาณค่าความแปรปรวนของน้ำนมรวมที่ 305 วันมีรูปแบบดังนี้ $\hat{\sigma}_{g_{305}}^2 = Z'_{305} \hat{G} Z_{305}$

$$u_n(t) = Z'_t \hat{a}_n$$

เมื่อ

$u_n(t)$ เป็นค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ตัวที่ n ณ วันให้นมที่ t , Z'_t เป็นเวกเตอร์ฟังก์ชันวันให้นม และ \hat{a}_n สัมประสิทธิ์รีเกรสชันสุ่มที่ประเมินได้ตามฟังก์ชันวันให้นมของสัตว์ตัวที่ n

การเปรียบเทียบโมเดลระหว่างโมเดลที่กำหนดแบบคงที่ (homogeneous) และไม่คงที่ (heterogeneous) จะพิจารณาจากค่าสหสัมพันธ์เชิงอันดับของค่าการผสมพันธุ์ spearman rank correlation และค่าสัมประสิทธิ์การตัดสินใจ (coefficient of determination, R^2) ซึ่งหากค่าทั้งสองมีค่าสูงแสดงว่าโมเดลนั้นมีความแม่นยำ

ของการประมาณค่าการผสมพันธุ์มากขึ้นจะนำไปสู่การคัดเลือกโคนมได้อย่างถูกต้องต่อไป โดยมีรูปแบบสมการดังนี้

$$R^2 = 1 - \frac{SSE}{SST} ; \text{ Spearman rank correlation} \\ = 1 - 6 \sum \frac{d^2}{N(N^2 - 1)}$$

เมื่อ

$R^2 =$ ค่าสัมประสิทธิ์การตัดสินใจ; $SSE =$ sum square error follow as: $\sum (\hat{y}_i - \bar{y})^2$; $SST =$ sum square total follow as: $\sum (y_i - \bar{y})^2$; $d^2 =$ ผลต่างของอันดับที่ของข้อมูลคู่ที่ i ; $N =$ จำนวนคู่ของข้อมูล

ผลการศึกษาและวิจารณ์

องค์ประกอบความแปรปรวนและพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม

ความแปรปรวนเนื่องจากยีนแบบบวกสะสม (additive variance) และสภาพแวดล้อมถาวร (permanent environmental variance) แสดงใน Figure 1 พบว่าการวิเคราะห์โดยปรับค่าความคลาดเคลื่อนแบบคงที่ (homogeneous) และไม่คงที่ (heterogeneous) ไม่กระทบต่อความแปรปรวนเนื่องจากยีนแบบบวกสะสม แต่จะมีผลกระทบต่อความแปรปรวนเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวรโดยพบว่า การปรับค่าความคลาดเคลื่อนแบบไม่คงที่ส่งผลให้ความแปรปรวนเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวรลดลง 1-2% เมื่อเปรียบเทียบกับ การปรับค่าความคลาดเคลื่อนแบบคงที่ ผลดังกล่าวสอดคล้องกับการศึกษาของ Rekaya et al. (2000) และ Lopez-Romero et al. (2003a, b) ซึ่งได้เสนอแนะว่าการพิจารณาความคลาดเคลื่อนเป็นแบบไม่คงที่จะยังผลให้การวิเคราะห์ความแปรปรวนต่างๆ มีความละเอียดมากขึ้น ทั้งนี้จากงานวิจัยที่ผ่านมาเมื่อกำหนดให้ค่าความคลาดเคลื่อนเป็นแบบคงที่ส่วนของความคลาดเคลื่อนที่ไม่สามารถปรับได้อย่างละเอียดจะไปรวมอยู่ในส่วนของความแปรปรวนเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวรและบางส่วนยังคงอยู่ในส่วนของความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อนจึงส่งผลให้ค่าความแปรปรวน

ดังกล่าวสูงกว่าปกติ นอกจากนี้ใน Figure 1 ยังแสดงให้เห็นว่าค่าประมาณค่าอัตราพันธุกรรมมีค่าต่ำในช่วงแรกและช่วงปลายของการให้นม และสูงในช่วงกลางของการให้นม ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Pool et al. (2000) และ Jakobsen et al. (2002) ซึ่งอธิบายว่าการแสดงออกของผลผลิตน้ำนมในช่วงแรกของการให้นมเป็นผลมาจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อมมากกว่าอิทธิพลทางพันธุกรรมด้วยเหตุนี้การให้ความสำคัญกับระบบการจัดการจะเป็นส่วนสำคัญในการเพิ่มผลผลิตน้ำนมและยังส่งผลดีต่อการเพิ่มผลผลิตน้ำนมในช่วงกลางและช่วงปลายของการให้นม ในขณะที่ในช่วง 65-95 วัน ของการให้นม ถือเป็นช่วงการให้นมสูงที่สุดของข้อมูลชุดนี้ซึ่งพบว่าผลการวิเคราะห์ค่าอัตราพันธุกรรมให้ผลสอดคล้องกับผลผลิตน้ำนมในช่วงดังกล่าว ซึ่งจะยังประโยชน์ทำให้ทราบถึงการแสดงออกทางพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบในประชากรโคนมฝูงนี้และช่วงให้การวางแผนการคัดเลือกและการผสมพันธุ์มีความถูกต้องและมีประสิทธิภาพสูงสุด สำหรับในช่วงหลังจาก 100 วัน ของการให้นมและถือเป็นช่วงกลางของการให้นมจนกระทั่งถึงช่วงปลายของการให้นมนั้นพบว่าค่าอัตราพันธุกรรมจะลดลงต่อเนื่อง ซึ่งผลดังกล่าวสอดคล้องกับการศึกษาของ Strabel and Misztal (1999) และ Pool et al. (2000) ซึ่งสาเหตุหนึ่งที่ได้ผลการวิเคราะห์เป็นดังนี้เกิดจากในช่วงปลายของการให้นมพบว่าข้อมูลมีจำนวนน้อย และเมื่อเปรียบเทียบค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จาก การปรับความคลาดเคลื่อนแบบคงที่และไม่คงที่ พบว่าค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการปรับความคลาดเคลื่อนแบบไม่คงที่สูงกว่าการปรับแบบคงที่ 3-5%

ค่าความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อนที่ประมาณได้จากโมเดลวันทดสอบรีเกรชันสุ่มโดยพิจารณาความคลาดเคลื่อนเป็นแบบ heterogeneous ของลักษณะผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบในระยะเวลาการให้นมที่ 1-3 (Figure 2) พบว่า มีค่าสูงสุดในช่วงแรกของการให้นม (5-35 วันให้นม) และจะลดลงอย่างต่อเนื่องจนกระทั่งถึงช่วงปลายของการให้นมโดยผลดังกล่าวสอดคล้องกับการศึกษาของ Jaffrezic et al.

(2000) ซึ่งใช้วิธีการเดียวกันกับงานวิจัยในครั้งนี้ และ ยังให้ผลเป็นไปในทิศทางเดียวกันกับการศึกษาของ Druet et al. (2003) และ Rekaya et al. (2000) ซึ่งใช้วิธี function of time to model residual variance และ change point technique ตามลำดับ โดย Lopez-Romero et al. (2003a, b) ได้ให้เหตุผลว่าสาเหตุสำคัญที่ทำให้ค่าความคลาดเคลื่อนมีความผันแปรตลอดระยะเวลาการให้นมเนื่องจากโคนมแต่ละตัวมีการตอบสนองด้านสรีรวิทยาของการให้นมที่แตกต่างกัน ประกอบกับสถานะของโคนมในแต่ละช่วงของการให้นมมีความแตกต่างกัน เช่น เพิ่งคลอดลูก (ช่วงต้นของการให้นม) ตั้งท้อง (ช่วงกลางของการให้นม) รวมถึงใกล้คลอด (ช่วงปลายของการให้นม) ซึ่งเมื่อพิจารณาในรูปค่าเฉลี่ยและนำมาเปรียบเทียบกับ การปรับความคลาดเคลื่อนแบบ homogeneous แล้วพบว่าค่าเฉลี่ยของความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อนที่ปรับแบบ heterogeneous (1.915, 2.363, 2.736 ในระยะเวลาการให้นมที่ 1, 2 และ 3 ตามลำดับ) มีค่าต่ำกว่าค่าเฉลี่ยของความแปรปรวนเนื่องจากความคลาดเคลื่อนที่ปรับแบบ homogeneous (1.995, 2.396, 2.878 ในระยะเวลาการให้นมที่ 1, 2 และ 3 ตามลำดับ) ซึ่งแสดงให้เห็นว่าการปรับแบบ heterogeneous จะช่วยลดความคลาดเคลื่อนของค่าประมาณค่าพารามิเตอร์และค่าการผสมพันธุ์ได้ดีกว่าการปรับแบบ homogeneous

การเปรียบเทียบโมเดล

การพิจารณาผลวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์เชิงอันดับ (rank correlation) ของค่าการผสมพันธุ์ที่ประมาณได้จากโมเดลวันทดสอบรีเกรชันสุ่ม (RRTDM) ทั้งที่กำหนดความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนให้เป็นแบบคงที่และไม่คงที่เปรียบเทียบกับภายในแต่ละระยะการให้นม พบว่าการกำหนดความแปรปรวนความคลาดเคลื่อนทั้งสองแบบให้ค่าสหสัมพันธ์เชิงอันดับของค่าการผสมพันธุ์อยู่ในช่วง 0.91-0.96 (Table 2) ถือว่ามีค่าสูงแสดงว่าการจัดลำดับโคนมในแต่ละระยะการให้นมมีการเปลี่ยนแปลงเพียงเล็กน้อย อย่างไรก็ตามเมื่อพิจารณาอย่างละเอียดพบว่า การ

ปรับความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนแบบไม่คงที่ (heterogeneous) จะให้ค่าสหสัมพันธ์เชิงอันดับสูงกว่าแสดงถึงมีคลาดเคลื่อนของการเปลี่ยนแปลงลำดับทางพันธุกรรมของโคนมน้อยกว่าการปรับแบบคงที่ (homogeneous) และเมื่อพิจารณาว่าความแม่นยำของการประมาณค่าการผสมพันธุ์ร่วมด้วยพบว่าให้ผลสอดคล้องกันไปในทิศทางเดียวกันกับผลข้างต้น (Table 3) ทั้งนี้ผลที่เกิดขึ้นสามารถอธิบายได้ว่าการปรับความคลาดเคลื่อนแบบไม่คงที่ได้พิจารณา

จำแนกถึงความแตกต่างของข้อมูลผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบในโคแต่ละตัวได้ละเอียดมากขึ้น อันได้แก่ ความแตกต่างของสถานภาพการตั้งท้อง (Amin, 2003) ความแตกต่างในจำนวนวันที่ท้องว่าง วันที่ตั้งท้องของโคนมแต่ละตัว (Swalve, 2000) และความแตกต่างของระยะเวลาให้นม (Strabel et al., 2005) ซึ่งจากงานวิจัยที่ผ่านมาไม่ได้คำนึงถึงปัจจัยเหล่านี้ด้วยเหตุนี้จึงควรพิจารณากำหนดให้มีการปรับอิทธิพลความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนแบบไม่คงที่ในโมเดล

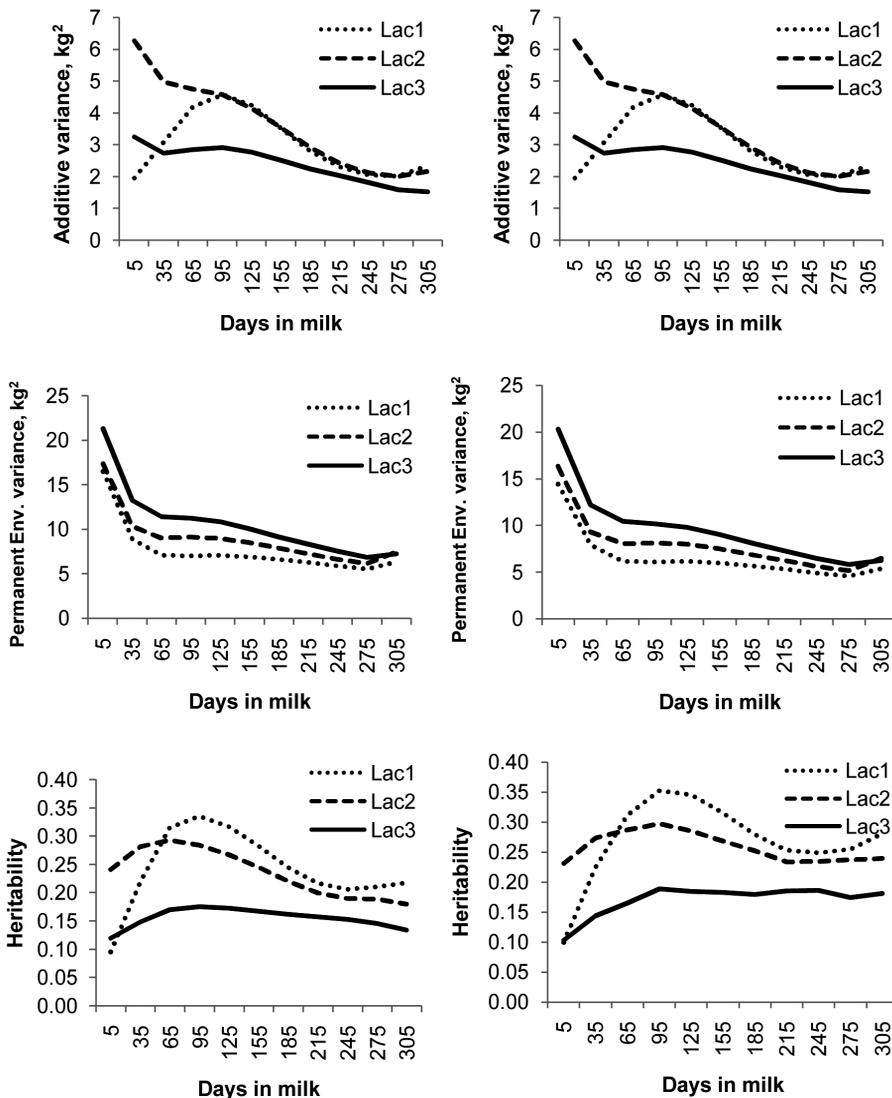


Figure 1 Additive variance, permanent environmental variance and Heritability of milk yield across DIM for first-three lactation using random regression test-day model with homogeneous residual variances (left hand side) and heterogeneous residual variances (right hand side)

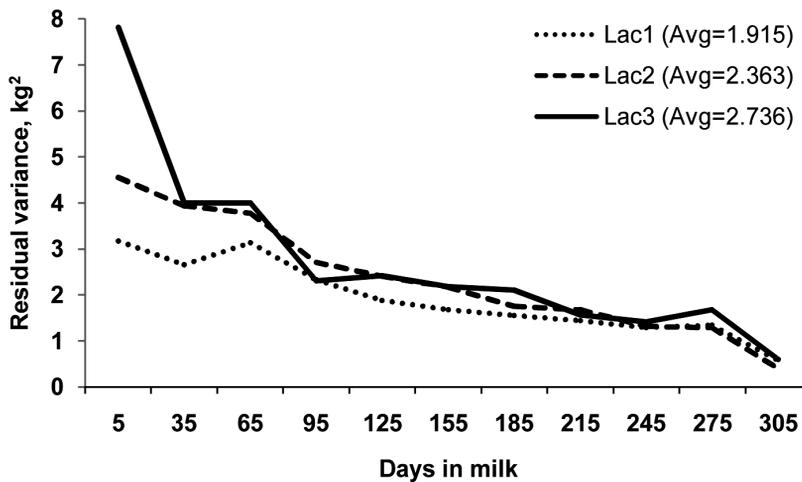


Figure 2 Residual variances of test-day milk yield across days in milk for first-three lactation adjusted for heterogeneous residual variances using random regression test-day model

Table 2 Estimated breeding value (EBV)'s rank correlation using random regression test-day model with homogeneous residual variance (above diagonal) and heterogeneous residual variance (below diagonal)

Lactation	First	Second	Third
First	-	0.93	0.90
Second	0.96	-	0.91
Third	0.92	0.94	-

Table 3 The determination of coefficient (R^2) of milk yields in first-three lactation using random regression test-day model with homogeneous residual variance (Homo) and heterogeneous residual variance (Hetero)

Lactation	R^2 (Homo)	R^2 (Hetero)
First	0.92	0.96
Second	0.90	0.94
Third	0.88	0.90

สรุปและข้อเสนอแนะ

การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและค่าการผสมพันธุ์โดยใช้โมเดลวันทดสอบปริมาตรชั้นสุ่มร่วมกับการปรับอิทธิพลของความคลาดเคลื่อนเป็นแบบไม่คงที่ (heterogeneous) ส่งผลให้ค่าประมาณดังกล่าวมีความแม่นยำเพิ่มขึ้นเฉลี่ย 2-6% ซึ่งยังผลให้การคัดเลือกสัตว์มีความแม่นยำขึ้น ดังนั้นในการประเมินพันธุกรรมเพื่อคัดเลือกโคนมจึงควรปรับความคลาดเคลื่อนเป็นแบบไม่คงที่

คำขอบคุณ

คณะผู้วิจัยขอขอบคุณศูนย์เครือข่ายวิจัยและพัฒนาด้านการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ (ไก่พื้นเมือง) คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น และกลุ่มวิจัยโคนมหนองพันธุสัจจะ และส่งนักวิจัยเพื่อมาให้ความรู้ด้านการวิเคราะห์ข้อมูลงานวิจัยนี้สำเร็จไปได้ด้วยดี และขอขอบคุณสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ที่สนับสนุนข้อมูลสำหรับทำงานวิจัยครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

- จรัรัตน์ แสนโกชนี, สายัณห์ บัวบาน, มนต์ชัย ดวงจินดา, และ วุฒิไกร บุญคุ้ม. 2553. การประเมินพันธุกรรมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในโคนมลูกผสมไฮลด์สไตนีนในแต่ละภูมิภาคของประเทศไทยโดยใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรซชันสุ่ม. *แก่นเกษตร*. 38: 55-64.
- ภาคภูมิ เสาวภาคย์, มนต์ชัย ดวงจินดา, พงษ์ชาญ ณ ลำปาง, ภาณิจ คุปพิทยานันท์ และ โชค บุญกุล. 2554. การประเมินพันธุกรรมความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมไฮลด์สไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรกโดยใช้โมเดลรีเกรซชันสุ่ม. *แก่นเกษตร*. 39: 63-74.
- สายัณห์ บัวบาน. 2546. การประยุกต์ใช้โมเดลวันทดสอบสำหรับการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ของโคนม. น.136-145 ในเอกสารประกอบการประชุมวิชาการโคนมน้ำนมโคคุณภาพสู่ผู้บริโภค. กรมปศุสัตว์, กรุงเทพฯ.
- Amin, A. A., 2003. Test-day model of daily milk yield prediction across stages of lactation in Egyptian buffaloes. *Arch. Anim. Breed.* 46: 35-45.
- 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.
- Geman, S., and D. Geman. 1984. Stochastic relaxation, Gibbs distribution and the Bayesian restoration of images. *IEEE transaction on pattern analyses and machine intelligence*. 6: 721.
- Henderson, C. R. 1984. *Applications of Linear Models in Animal Breeding*. University of Guelph.
- Interbull. 2011. Interbull routine genetic evaluation for dairy production traits, April 2010. Available from: <http://www-interbull.slu.se/eval/framesida-prod.htm>. Accessed September. 15, 2011.
- 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.
- Jakobsen, J. H., P. Madsen, J. Jensen, J. Pedersen, L. G. Christensen, and D. A. Sorensen. 2002. 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.
- Jensen, J. 2001. Genetic evaluation of dairy cattle using test-day models. *J. Dairy Sci.* 84: 2803-2812.
- Lopez-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.
- Lopez-Romero, P., R. Rekaya, and M. J. Carabano. 2004. Bayesian comparison of test-day models under different assumptions of heterogeneity for the residual variance: The change point technique versus arbitrary intervals. *J. Anim. Breed. Genet.* 121: 14-25.
- Misztal, I., S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, T. Druet, and D. H. Lee. 2002. BLUPF90 and related programs. *Commun. No. 28-07 in Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Montpellier, France.*
- Olori V. E., W. G. Hill, B. J. McGuirk, and S. Brotherstone. 1999a. Estimating variance components for test-day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. *Livest. Produ Sci.* 61: 53-63.
- Olori, V. E., W. G. Hill, and S. Brotherstone. 1999b. The structure of the residual error variance of test day milk yield in random regression models. *Interbull Bull* 20: 103-108.
- 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.
- Rekaya, R., M. J. Carabano, and M. A. Toro. 2000. Assessment of heterogeneity of residual variances using changepoint techniques. *Genet. Sel. Evol.* 32: 383-394.
- Schaeffer, L. R. J. Jamrozik, G. J. Kistemaker, and J. V. Doormaal. 2000. Experience with a test-day model. *J. Dairy Sci.* 83: 1135-1144.
- Schaeffer, L. R., and J. C. M. Dekkers. 1994. Random regressions in test-day production in dairy cattle. *Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Guelph, Ontario, Canada.* 18: 443.

- Strabel, T. and I. Misztal. 1999. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of Polish Black and White cattle with random regression test-day models. *J. Dairy Sci.* 82: 2805-2810.
- Strabel, T., J. Szyda, E. Ptak, and J. Jamrozik. 2005. Comparison of Random Regression Test-Day Models for Polish Black and White Cattle. *J. Dairy Sci.* 88: 3688-3699.
- Swalve, H.H., 2000. Theoretical basis and computational methods for different test day genetic evaluation methods. *J. Dairy Sci.* 83: 1115-1124.