

การศึกษาในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประมาณสมการที่เหมาะสมสำหรับสร้างกราฟพันธุกรรมของการให้นม และเปรียบเทียบผลการประเมินค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากเทคนิคการประเมินแบบต่างๆในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียน ของสถานทดลองและฝึกอบรมเกษตรกร กรม คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ซึ่งตั้งอยู่ในเขตจังหวัดร้อยเอ็ด ข้อมูลปริมาณน้ำนมในวันทดสอบจำนวน 4,595 บันทึก ได้จากแม่โค 210 ตัว และร่วมกับสัตว์ 229 ตัวในพันธุ์ประวัติ รวมใช้สัตว์ทั้งหมด 439 ตัว ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2538 ถึง 2546 ถูกนำมาใช้ในการวิเคราะห์ ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนถูกประมาณโดยวิธี restricted maximum likelihood (REML) จากนั้นนำค่าองค์ประกอบความแปรปรวนที่ประมาณได้มาประเมินค่าการผสมพันธุ์ ด้วยเทคนิค best linear unbiased prediction (BLUP) ภายใต้ตัวแบบ 305 day lactation model (305DLM), fixed regression model (FRM), random regression model (RRM) และ multiple trait model (MTM) โดยใช้ฟังก์ชันวันให้นมอธิบายรูปร่างของกราฟการให้นมซึ่งมีด้วยกัน 3 ฟังก์ชันคือ Legendre polynomials, Schaeffer and Dekkers และ Wilink จากการศึกษาพบว่าตัวแบบ RRM2Wil (ตัวแบบรีเกรซชันสุมโดยใส่ฟังก์ชันวันให้นมของ Wilink) ในอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมของยีนบวกแบบสะสมและสภาพแวดล้อมถาวร) เป็นตัวแบบที่เหมาะสมที่สุดในการสร้างกราฟพันธุกรรมของการให้นม จากการพิจารณาค่า negative 2 log likelihood (-2LogL) พบว่าตัวแบบ RRM, MTM, FRM และ 305DLM มีความเหมาะสมกับชุดข้อมูลดังกล่าวเรียงตามลำดับ ตัวแบบ RRM มีสหสัมพันธ์ของลำดับสัตว์ อยู่ในช่วง 0.64-0.77 เมื่อเปรียบเทียบกับตัวแบบ 305DLM ซึ่งเป็นตัวแบบที่ใช้อยู่ในปัจจุบันนอกจากนั้นการใช้ตัวแบบ RRM ในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ของโคนมจะทำให้ทราบการเปลี่ยนแปลงพันธุกรรมของการให้นมได้ตลอดระยะเวลาการให้นม และสามารถทราบค่าความคงทนของการให้นม ซึ่งจะช่วยให้มีแนวทางในการคัดเลือกสัตว์ได้อีกทางหนึ่ง ดังนั้นตัวแบบ RRM น่าจะเป็นตัวแบบที่มีความเหมาะสมในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ของโคนม และสามารถใช้เป็นทางเลือกในการวางแผนปรับปรุงพันธุ์สัตว์แทนตัวแบบ 305DLM ได้

The objectives in this study were to estimate lactation curve due to genetic effect and compare breeding values predicted from various model. 4,595 test day milk records of 210 Holstein Friesian cows during 1995-2003 was analyzed using animal model with 439 of total animal in pedigree. The variance components were estimated by restricted maximum likelihood (REML) and breeding values were predicted by best linear unbiased prediction (BLUP) under 305-day lactation model (305DLM), fixed regression model (FRM), random regression model (RRM) and multiple trait model (MTM). In addition, day in milk function of Legendre polynomials, Schaeffer and Dekkers and Wilink were used to describe shape of lactation curve. It was found that random regression model using Wilink function in effects of additive genetic and permanent (RRM2Wil) was the most appropriate compared to another model. The negative 2 log likelihood showed that model was efficient from RRM, MTM, FRM to 305DLM, respectively. The Spearman rank correlation between breeding value estimates by RRM and 305DLM was in the range of 0.64-0.77. In RRM, the persistency of milk production due to genetic effect can be estimated, which are the additionally useful information for selection. Thus, RRM was appropriated model for estimate breeding values and the choice model for breeding plan instead of 305DLM.