

ข้อมูลลักษณะโครงสร้างและน้ำหนักจากโคนมลูกผสมและพันธุ์แท้โฮลสไตน์ฟรีเชียนในฟาร์มโคนมของสาขาวิชาสัตวศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลอีสาน วิทยาเขตสกลนคร (ฝูงที่ 1) จำนวน 67 ตัว และฟาร์มโคนมสถานีทดลองและฝึกอบรมเกษตรกรกรม จังหวัดร้อยเอ็ด คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น (ฝูงที่ 2) จำนวน 208 ตัว ข้อมูลรวม 2 ฟาร์ม 3,300 บันทึก สัตว์ในพันธุ์ประวัติทั้ง 2 ฟาร์ม 462 ตัว ระหว่างปี พ.ศ. 2529 ถึง พ. ศ. 2543 ถูกจัดการข้อมูลเป็น 3 แบบ คือ ข้อมูลจากการวัดจริง ข้อมูลที่ถูกแปลงคะแนนในระบบ score 50 และ ข้อมูลที่ถูกแปลงคะแนนในระบบ score 9 ทำการประมาณค่าความแปรปรวนและอัตราพันธุกรรม ด้วยโปรแกรม MTC และประมาณค่าความแปรปรวนร่วมและค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) โดยโปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 Dairy-PAK 2.0 ผลการศึกษาจากการวิเคราะห์แบบการวัดจริง ค่าอัตราพันธุกรรม พบค่าสูงสุดในลักษณะความกว้างเต้านมด้านหลัง (0.55) ต่ำสุดในลักษณะความกว้างสะโพก (0.20) ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะโครงสร้าง พบค่าสูงสุดเชิงบวกระหว่างลักษณะความลึกลำตัวกับความสูงของเต้านมด้านหลัง (0.73) สูงสุดเชิงลบในลักษณะความลึกลำตัวกับร่องเต้านม (-0.64) ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะโครงสร้างกับลักษณะน้ำหนักสูงเชิงบวกในลักษณะความสูงเต้านมด้านหลัง (0.76) และสูงเชิงลบในความลึกเต้านม (-0.67) การวิเคราะห์แบบ score 50 ค่าอัตราพันธุกรรม พบค่าสูงสุดในลักษณะความยาวหัวนม (0.54) ต่ำสุดในลักษณะความกว้างสะโพก (0.17) ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะโครงสร้างพบค่าสูงสุดเชิงบวกระหว่างลักษณะความสูงกับความลึกลำตัว (0.71) สูงสุดเชิงลบระหว่างลักษณะความลึกลำตัวกับร่องเต้านม (-0.68) ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะโครงสร้างกับลักษณะน้ำหนักพบค่าสูงสุดเชิงบวกในลักษณะมุมสะโพก (0.70) สูงสุดเชิงลบในลักษณะความลึกเต้านม (-0.55) การวิเคราะห์แบบ score 9 ค่าอัตราพันธุกรรมสูงสุดพบในลักษณะความลึกเต้านม (0.56) ต่ำสุดในลักษณะมุมสะโพก (0.21) ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะ พบสูงสุดเชิงบวก

ระหว่างลักษณะมุกีบกับมุกีบสะโพก (0.60) สูงสุดเชิงลบระหว่างลักษณะมุกีบสะโพกกับการวางตัวของขาหลังด้านข้าง (0.65) และความกว้างเต้านมด้านหลังกับมุกีบสะโพก (-0.69) ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะ โครงร่างกับลักษณะน้ำนม พบค่าสูงสุดเชิงบวกในลักษณะความกว้างสะโพก (0.19) สูงสุดเชิงลบในลักษณะการวางตัวของขาหลังด้านข้าง (-0.14) จากการหาค่าความแตกต่างสมบูรณ์ของค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะโครงร่างทั้งหมดพบว่า การวิเคราะห์แบบ score 50 และ score 9 มีค่าความแตกต่างสมบูรณ์กับแบบการวัดจริงไม่แตกต่างกัน ค่าสหสัมพันธ์ของการผสมพันธุ์ในแบบ score 50 ส่วนมากมีความสัมพันธ์สูงกับแบบการวัดจริง มากกว่า แบบ score 9 แนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะ โครงร่างและลักษณะน้ำนมแสดงออกอย่างไม่แน่นอน ค่าการผสมพันธุ์ในรูปคะแนนมาตรฐาน (standardized breeding value, SBV) และค่าดัชนีโครงร่าง – น้ำนม (type – milk index, TMI) ที่ได้จากการวิจัยครั้งนี้สามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการปรับปรุงพันธุ์โคนมด้วยวิธีการคัดเลือกและทำการผสมพันธุ์ โดยพิจารณาตามความเหมาะสมและเป้าหมายของฟาร์ม การปรับปรุงทีละลักษณะสามารถใช้ ค่า SBV ของลักษณะนั้นๆ การปรับปรุงลักษณะโดยรวมของเต้านมและลักษณะโดยรวมของขาและกีบ สามารถเลือกใช้ค่าการผสมพันธุ์ของเต้านมรวม (udder composition, UDC) และค่าการผสมพันธุ์ของมุกีบและขา รวม (feet and leg composition, FLC) การปรับปรุงลักษณะ โครงร่างทั้งหมดควบคู่ไปกับลักษณะน้ำนม สามารถเลือกโคที่มีค่า TMI สูงในการผสมพันธุ์

Body type traits and milk yield (3,300 records) gathering from crossbred and purebred Holstein Friesian, born from 1986 through 2000, that belonged to 1) the Department of Animal Science (67 heads), Faculty of Natural Resources (North Eastern Rajamangala University of Technology), and 2) the Roi-Et Agricultural Research and Training center (208 heads), Faculty of Agriculture (Khon Kaen University) were used in the study. The dataset was managed into 3 types: 1) the actual measurement dataset (Actual), 2) the transformed dataset using the 50 scores system (score 50), and 3) the transformed dataset using the 9 scores system (score 9). The variance components and heritability were estimated using MTC and genetic correlations were estimated the Restricted Maximum Likelihood (REML) procedure in BLUPF90 Dairy-PAK 2.0 program.

For the Actual dataset, the results showed that the highest heritability was found in rear udder width (0.55) and the lowest heritability was found in rump width (0.20). High positive genetic correlation was found between body depth and rear udder height (0.73). High negative genetic correlation was found between body depth and udder cleft (-0.64). Milk production had the highest positive genetic correlation with rear udder height (0.76) and negatively high genetic correlation with udder cleft (-0.67)

For score 50, the highest heritability was found in teat length (0.54) and the lowest was found in rump width (0.17). The highest positive genetic correlation was found between stature and body depth (0.71), and the highest negative genetic correlation was found between body depth and udder cleft (-0.68). Milk production had the highest positive genetic correlation with rump angle (0.70) and the highest negative genetic correlation with udder cleft (-0.55).

For score 9, the highest heritability was found in udder depth (0.56) and the lowest heritability estimate was found in rump angle (0.21). The highest positively genetic correlation was found between foot and rump angles (0.60) and the highest negative genetic correlation was found between rump angle and rear leg side view (-0.69), and between rump angle and udder width (-0.69). Milk production had the highest positive genetic correlation with rump width (0.19) and the highest negative genetic correlation with rear leg side view (-0.14).

The spearman's rank correlation between estimated breeding value and milk yield from score 50 were mostly closed to the Actual more than score 9. Thus, in order to estimate genetic parameters for type traits when Actual information was not available, score 50 might be better than score 9. Genetic trends of type traits and milk yield of the study population was fluctuated. The standardized breeding value (SBV) and type-milk index (TMI) from the study could be used for selection and mating strategies. The SBV could be used for single type trait improvement. The SBV for udder composition (UDC) and feet and leg composition (FLC) could be used for general udder, and feet and leg composition improvements. Furthermore, the TMI could be used for the improvement of type traits and milk yield.