

# การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม และแนวโน้มทางพันธุกรรมสำหรับลักษณะความต้านทานเต้านมอักเสบของแม่โคนมไทยโดยใช้ข้อมูลในวันทดสอบ

## Estimation of genetic parameters and genetic trends of mastitis resistance in Thai dairy cows using test-day

สายัณห์ บัวบาน<sup>1</sup>, เกียรติศักดิ์ เหล็งหนูดำ<sup>1</sup> และมนต์ชัย ดวงจินดา<sup>2\*</sup>

Sayan Buaban<sup>1</sup>, Keiattisak Lengnoodum<sup>1</sup> and Monchai Duangjinda<sup>2\*</sup>

**บทคัดย่อ:** จุดประสงค์ของการศึกษาเพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์และแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะความต้านทานเต้านมอักเสบใน 3 รอบแรกการให้นมของแม่โคนมไทย ด้วยโมเดลการถดถอยสุ่มหลายรอบการให้นม (ML-RR-TDM) ข้อมูลที่ใช้ประกอบด้วยเซลล์โซมาติกในวันทดสอบ (TD-SCC) ที่แปลงให้อยู่ในรูปคะแนนเซลล์โซมาติกวันทดสอบ (TD-SCS) จากแม่โคนม 11,443 ตัว ที่คลอดในปี 2542-2559 จำนวน 76,085, 23,602 และ 10,320 ข้อมูล ในรอบการให้นมที่ 1, 2 และ 3 ตามลำดับ ปัจจุบันโมเดล (สำหรับแต่ละรอบการให้นม) ประกอบด้วยฝูง-ปี-เดือนทดสอบ กลุ่มพันธุ์-วันให้นม ปี-ฤดูกาลคลอด อายุเมื่อคลอดลูก การถดถอยสุ่มสำหรับตัวสัตว์ การถดถอยสุ่มสำหรับสิ่งแวดล้อมถาวร และความคลาดเคลื่อน ค่าอัตราพันธุกรรมของ SCS ในแต่ละวันเฉลี่ยเพิ่มขึ้นตามรอบการให้นมมีค่า 0.15-0.26 และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างรอบการให้นมค่าเฉลี่ย 0.73-0.92 ซึ่งเห็นว่าลักษณะเต้านมอักเสบในประชากรโคนมไทยมีศักยภาพที่จะปรับปรุงทางพันธุกรรมพร้อมกับมีการปรับปรุงสภาพแวดล้อมการผลิตได้ และการคัดเลือกสัตว์ด้วย SCS ในรอบการให้นมแรกสามารถส่งผลกระทบต่อความสามารถต้านทานเต้านมอักเสบในรอบการให้นมต่อมาได้

**คำสำคัญ:** พารามิเตอร์ทางพันธุกรรม, แนวโน้มทางพันธุกรรม, การถดถอยสุ่ม, คะแนนเซลล์โซมาติก, โคนมไทย

**ABSTRACT:** The aim of the present study was to estimate the genetic parameters and trends of mastitis resistance in the first three lactations of Thai dairy cows using a multiple-lactation random regression test-day model (ML-RR-TDM). Data set included 11,443 cows calving during 1999-2016 with 76,085, 23,602 and 10,320 test-day somatic cell counts in the first, second and third lactation, respectively,

Received December 12, 2018

Accepted June 12, 2019

<sup>1</sup> สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ต. บางกะดี อ.เมือง จ.ปทุมธานี 12000

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

<sup>2</sup> ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตร มหาวิทยาลัยขอนแก่น อำเภอเมือง จังหวัดขอนแก่น 40002

Department of Animal Science, Khon Kaen University, Meaung, Khon Kaen 40002

\* Corresponding author: monchai@kku.ac.th

which were transformed to test-day somatic cell scores. The model was applied with random herd-test-month effect, fixed effect for breed-DIM, year-season and age of calving, random regressions for the additive genetic and permanent environmental effects. Average daily heritabilities of SCS increased with lactation number were in the range from 0.15 to 0.26 and genetic correlations between lactation were in the range from 0.73 to 0.92. This would suggest that although there was potential for genetic improvement in mastitis resistance of Thai dairy population, simultaneous improvement of the production environment was essential, and selection animal for SCS based on the first lactation could improve the response of mastitis resistance for later lactations.

**Keywords:** genetic parameters, genetic trend, random regression, SCS, Thai dairy cattle

## บทนำ

ปัจจุบันนี้ในหลายประเทศให้ความสนใจลักษณะความต้านทานเต้านมอักเสบเป็นหนึ่งในลักษณะที่กำหนดไว้ในเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์โคนม ทั้งนี้ลักษณะความต้านทานเต้านมอักเสบส่งผลทั้งโดยตรงและโดยอ้อมต่อต้นทุนการผลิตและผลกำไรที่จะได้รับ เนื่องจากแม่โคนมที่เป็นเต้านมอักเสบจะมีผลต่อสุขภาพโคแล้วยังส่งผลทำให้คุณภาพน้ำนมต่ำอีกทั้งต้นทุนการผลิตที่เพิ่มขึ้นจากการมีค่าใช้จ่ายจากการรักษา ค่าแรงงาน รวมทั้งเรเพิ่มอัตราการคัดทิ้งซึ่งส่งผลให้อายุการใช้งานของแม่โคลดลงด้วย (Nielsen, 2009)

แนวทางการแก้ไขปัญหาเต้านมอักเสบสามารถทำได้โดยการปรับปรุงการจัดการเลี้ยงดูและสภาพแวดล้อม เช่น การป้องกันดูแลรักษาสุขภาพแม่โคให้ถูกสุขอนามัย (Norman et al., 2000) ซึ่งต้องทำตลอดไปทุกชั่วอายุ แต่หากต้องการแก้ไขปัญหาย่างยั่งยืน การปรับปรุงและคัดเลือกลักษณะต้านทานโรคเต้านมอักเสบเป็นอีกแนวทางหนึ่งที่สามารถดำเนินการได้ (Wolf et al., 2010) เนื่องจากลักษณะนี้ยังคงมีความผันแปรของลักษณะ โดยใช้ข้อมูลเต้านมอักเสบทั้งที่เป็นแบบแสดงอาการโดยตรงหรือโดยผ่านลักษณะที่มีสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมกับเต้านมอักเสบทางอ้อมหรือใช้ร่วมกันทั้งสองทาง (Luhar et al. 2006) แต่อย่างไรก็ตามการคัดเลือกเพื่อลดการเกิดโรคเต้านมอักเสบโดยตรงในหลายประเทศรวมทั้ง

ประเทศไทยทำได้ยาก เนื่องจากขาดแคลนข้อมูลของการเกิดโรคเต้านมอักเสบและมีการบันทึกอย่างไม่เป็นระบบ

โดยทั่วไปข้อมูลจำนวนเซลล์โซมาติก (somatic cell count, SCC) ที่แปลงเป็นคะแนนเซลล์โซมาติก (somatic cell score, SCS) ที่อยู่ในรูปแบบของค่าเฉลี่ย SCS ตลอดการให้นม (lactation mean somatic cell scores, LM-SCS) หรืออยู่ในรูปแบบของ SCS ในวันทดสอบ (test-day somatic cell scores, TD-SCS) สามารถใช้เป็นตัวชี้วัดโดยอ้อมสำหรับคัดเลือกความต้านทานโรคเต้านมอักเสบ เนื่องจาก SCS กับลักษณะของโรคเต้านมอักเสบมีสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสูง รวมถึง SCS เป็นลักษณะที่มีการกระจายแบบปกติและมีอัตราพันธุกรรมที่สูงกว่าลักษณะเต้านมอักเสบโดยตรง (Carlen et al., 2004)

ในประเทศไทย การประเมินพันธุกรรมสำหรับลักษณะความต้านทานเต้านมอักเสบยังมีอยู่จำกัด ไม่มีการนำไปใช้ในการคัดเลือกอย่างชัดเจน โดยเฉพาะอย่างยิ่งการประยุกต์ใช้กับโมเดลในวันทดสอบ (test-day model, TDM) แทนโมเดลรอบการให้นม (lactation model, LAM) ซึ่งโมเดลวันทดสอบบรีดเชนชันสุ่มมีประสิทธิภาพสูงสำหรับประเมินพันธุกรรมโคนมของประเทศไทยทั้งในด้านความแม่นยำของค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ และมีความยืดหยุ่นต่อการใช้งาน (วุฒิไกร, 2554)

การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อ

ประมาณค่าพารามิเตอร์และแนวโน้มทางพันธุกรรมของลักษณะความต้านทานเต้านมอักเสบของโคนมไทยใน 3 รอบแรกของการให้นม โดยการวิเคราะห์ข้อมูลในวันทดสอบด้วยโมเดลการถดถอยสุ่มหลายรอบการให้นม (multiple lactation random regression test-day model, ML-RR-TDM)

## วิธีการศึกษา

### ข้อมูลและการจัดการข้อมูล

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาค้างนี้เป็นข้อมูลเซลล์โซมาติกในวันทดสอบ (test-day somatic cell count, TD-SCC) รายตัวของแม่โคนมไทยใน 3 รอบแรกของการให้นมที่ได้สุ่มเก็บตัวอย่างจากฟาร์มเกษตรกรผู้เลี้ยงโคนมทั่วประเทศเป็นรายเดือนตลอดลูกในช่วงปี พ.ศ.2542-2559 ที่รวบรวมไว้ในระบบฐานข้อมูลโคนมของสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ โดยข้อมูลของแม่โคนมแต่ละตัวจะต้องมีข้อมูลพันธุ์ประวัติ รอบการให้นม และข้อมูลการคลอดที่สอดคล้องกัน มีอายุเมื่อคลอดครั้งแรก ครั้งที่ 2 และ ครั้งที่ 3 อยู่ช่วงระหว่าง 20-48 เดือน 30-60 เดือน และ 42-72 เดือน ตามลำดับ แม่โคที่มีข้อมูลในรอบการให้นมที่ 3 จะต้องมีข้อมูลในรอบการให้นมที่ 2 และที่ 1 และแม่โคที่มีข้อมูลในรอบการให้นมที่ 2 จะต้องมีข้อมูลในรอบการให้นมที่ 1 ข้อมูลในวันทดสอบจะอยู่ในช่วงวันให้นมที่ 5-305 แต่ละรอบการให้นมจะต้องมีจำนวนวันให้นมไม่น้อยกว่า 150 วัน วันทดสอบครั้งแรกอยู่ระหว่างวันที่ 5-60 หลังจากคลอด และกลุ่มการจัดการ (ฝูง-ปีทดสอบ-เดือนทดสอบ) จะต้องมีข้อมูลอย่างน้อย 3 ข้อมูลในรอบการให้นมเดียวกัน นอกจากนี้แม่โคนมแต่ละตัวจะต้องทราบประวัติพอพันธุ์ และข้อมูลพันธุ์ประวัติย้อนกลับไป 3 ชั่วโมง

ดังนั้นจึงมีข้อมูล TD-SCC สำหรับการศึกษากำหนด 76,085, 23,602 และ 10,320 ข้อมูลจากแม่โคนม 11,443, 3,536 และ 1,601 ในรอบการให้นมที่ 1, 2 และ 3 ตามลำดับ ร่วมกับข้อมูลพันธุ์ประวัติของโคที่เกี่ยวข้องกับโคที่ให้ผลผลิตจำนวน 28,324 ตัว ดังรายละเอียดใน Table 1 และ TD-SCC จะแปลงให้อยู่ในรูปแบบ TD-SCS ตามสมการ  $TD-SCS = \log_2(TD-SCC/100) + 3$  (Ali

and Shook, 1980)

สำหรับแต่ละรอบการให้นมจะประกอบด้วยอิทธิพลร่วมของ กลุ่มพันธุกรรม \* วันให้นมปี\*ฤดูกาลคลอด จุดแบ่งสำหรับ 2 กลุ่มอายุเมื่อคลอดสำหรับแต่ละรอบการให้นมที่ 1, 2 และ 3 คือ 30 เดือน 45 เดือน และ 57 เดือน ตามลำดับ ฤดูกาลคลอดจำแนกเป็น 3 กลุ่ม ประกอบด้วยฤดูร้อน (มีนาคม-มิถุนายน) ฤดูฝน (กรกฎาคม-ตุลาคม) และ ฤดูหนาว (พฤศจิกายน-กุมภาพันธ์) และกลุ่มพันธุกรรมจำแนกตามระดับสายเลือดโฮลส์ไตน์ฟรี เขียนเป็น 3 กลุ่มคือ  $HF < 87.5\%$ ,  $87.5 < HF < 93.75\%$  และ  $HF > 93.75\%$

### การวิเคราะห์ข้อมูล

วิเคราะห์ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม และค่าการผสมพันธุ์ของ TD-SCS ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป AIREMLF90 และ BLUPF90 ตามลำดับ (Misztal, 2014) โดยการวิเคราะห์ข้อมูลในวันทดสอบด้วย ML-RR-TDM และพิจารณาแต่ละรอบการให้นมเป็นลักษณะที่แตกต่างกันแต่มีความเกี่ยวข้องกัน ซึ่งมีโมเดลดังนี้

$$y = X\beta + Z_h h + Z_a a + W_c c + e$$

เมื่อ  $y$  คือเวกเตอร์ของ TD-SCS;  $\beta$  คือเวกเตอร์ของปัจจัยคงที่ทั้งหมด (กลุ่มพันธุกรรม-วันให้นม กลุ่มปี-ฤดูกาลคลอด กลุ่มอายุเมื่อคลอด และสัมประสิทธิ์การถดถอยคงที่);  $h, a, c$  และ  $e$  คือเวกเตอร์ของปัจจัยสุ่มของกลุ่มการจัดการในฝูง-ปี-เดือนทดสอบ เวกเตอร์ของสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มเนื่องจากพันธุกรรม เวกเตอร์ของสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร และเวกเตอร์ของปัจจัยสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อนตามลำดับ;  $X$  คือ incidence matrices สำหรับปัจจัยคงที่;  $Z$  และ  $W$  คือ incidence matrices สำหรับปัจจัยสุ่ม

สัมประสิทธิ์การถดถอยคงที่และสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มจะอธิบายด้วยฟังก์ชัน Legendre polynomial เหมือนกัน และจากการศึกษาเบื้องต้นเพื่อหาลำดับของฟังก์ชัน Legendre polynomial ที่เหมาะสม โดยเปรียบเทียบจากค่า log-likelihoods สูงที่สุด ค่า Akaike's information

criteria (AIC) และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนต่ำสุดพบว่าฟังก์ชัน Legendre polynomial ลำดับที่ 3 (Gengler et al., 1999) มีความเหมาะสมสำหรับข้อมูล TD-SCS ของประชากรที่ศึกษามากที่สุด โดยกำหนดให้อิทธิพลของกลุ่มการจัดการในฝูง-ปี-เดือนทดสอบ และอิทธิพลของความคลาดเคลื่อนมีความแปรปรวนเท่ากันตลอดรอบการให้นมของแต่ละรอบการให้นม และสมมติให้อิทธิพลของความคลาดเคลื่อนในวันให้นมต่างๆไม่เกี่ยวข้องกันทั้งภายในและระหว่างแม่โคนม ซึ่งมีโครงสร้างความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมดังนี้

$$\begin{array}{l} \text{h} \\ \text{a} \\ \text{var} \\ \text{p} \\ \text{e} \end{array} \begin{array}{l} \text{I} \oplus \text{H}_0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{array} \begin{array}{l} 0 \\ \text{A} \oplus \text{G}_0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{array} \begin{array}{l} 0 \\ 0 \\ \text{I} \oplus \text{P}_0 \\ 0 \\ 0 \end{array} \begin{array}{l} 0 \\ 0 \\ 0 \\ \text{I} \oplus \text{R}_0 \end{array}$$

เมื่อ  $A$  คือเมตริกซ์ของค่าสัมประสิทธิ์ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์ในพันธุ์ประวัติ);  $I$  คือ Identity matrix;  $\oplus$  คือ kronecker product function;  $G_0$  คือเมตริกซ์ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มสำหรับอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรม;  $P_0$  คือเมตริกซ์ความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมของสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มสำหรับอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร;  $H_0$  คือเมตริกซ์ของ  $\text{diag}(\sigma^2)$ ;  $R_0$  คือเมตริกซ์ของ  $\text{diag}(\sigma^2)$ ;  $\sigma^2$  คือความแปรปรวนของกลุ่มการจัดการในฟาร์ม-ปี-เดือนที่ทดสอบ; และ  $\sigma_e^2$  คือความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน

ค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของสัมประสิทธิ์การถดถอยสุ่มสำหรับอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมถาวรที่ได้จะนำไปใช้คำนวณหาค่าอัตราพันธุกรรม สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและลักษณะปรากฏ และประมาณค่าการผสมพันธุ์ตามวิธีการที่เสนอไว้โดย Jakobsen et al. (2002)

### แนวโน้มทางพันธุกรรม

การประเมินแนวโน้มทางพันธุกรรมจะใช้

วิธีการถดถอยระหว่างค่าเฉลี่ยของคุณค่าการผสมพันธุ์จากแม่โคที่ประเมินได้ทุกตัวกับปีเกิด (Hintz and Van Vleck, 1978; Mostert et al., 2006) และพิจารณาสัมประสิทธิ์การถดถอย (Regression coefficients) ของค่าเฉลี่ยของคุณค่าการผสมพันธุ์ด้วยชุดคำสั่ง REG procedure ในโปรแกรม SAS (SAS, 2002).

### ผลและวิจารณ์

#### ค่าเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน

ค่าเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานสำหรับ TD-SCS ของโคนมไทยใน 3 รอบแรกของการให้นม (Table 1) มีค่าเท่ากับ 3.70+1.76, 3.76+1.78 และ 3.87+1.77 สำหรับรอบการให้นมที่ 1 2 และ 3 ตามลำดับ ค่าเฉลี่ยที่ได้อยู่ในช่วงเดียวกับรายงานในประชากรแม่โคนม Czech Holstein และ Czech Fleckvieh (Zavadilová et al., 2011) ที่มีค่าเท่ากับ 3.4-4.13 และ 3.16-4.01 ตามลำดับ แต่มีค่าต่ำกว่าโคนม Polish Holstein-Friesian ที่มีค่าเท่ากับ 3.59-4.42 (Rzewuska et al., 2011) และมีค่าสูงกว่าที่รายงานไว้ในประชากรโคนมในอิตาลี (Samoré et al., 2008) ประชากรโคนมในอิหร่าน (Kheirabadi and Alijani, 2014) และประชากรโคนมในเกาหลี ญี่ปุ่น และบราซิล (Alam et al., 2015, Costa et al., 2015, Nishiura et al., 2015)

#### กราฟของ TD-SCS ตลอดระยะเวลาการให้นม

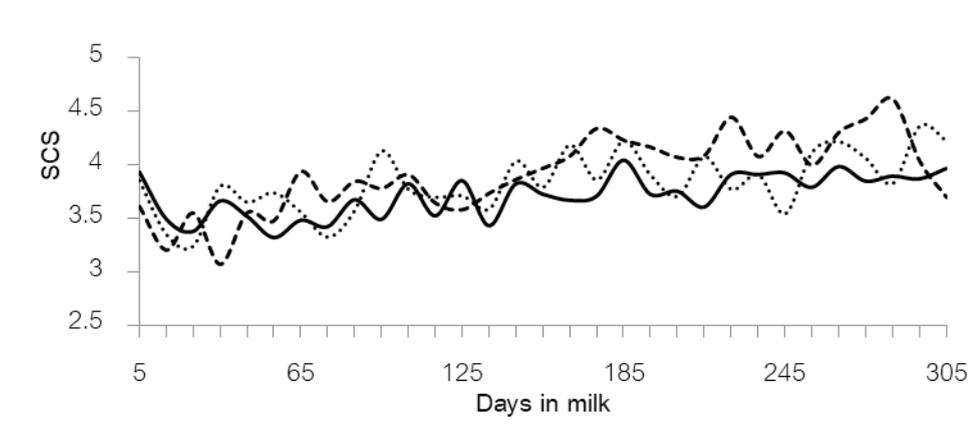
กราฟสำหรับ TD-SCS ตลอดระยะเวลาการให้นม (Figure 1) มีรูปร่างเหมือนกับกราฟปริมาณน้ำนมกลับหัวกลับหาง แนวโน้มของกราฟในทั้ง 3 รอบการให้นมมีทิศทางไปในทางเดียวกัน คือจะเพิ่มมากขึ้นอย่างช้าๆหลังจากเดือนแรกของการให้นม จนถึงช่วงท้ายของการให้นม และเพิ่มขึ้นตามรอบการให้นม

การเพิ่มขึ้นของ TD-SCS ตามรอบการให้นม สอดคล้องกับประชากรโคนมของแคนาดา (Jamrozik et al., 2010) โปแลนด์ (Rzewuska et al., 2011) และอิหร่าน (Kheirabadi and Alijani, 2014) เนื่องจากรอบการให้นมที่เพิ่มขึ้นแม่โคนมมีอายุมากขึ้น และเคยให้ลูกมาแล้วมากกว่า 1 ตัว

**Table 1** Structure and description of the data set of Thai dairy cattle used for the estimation of genetic parameters in the first three lactations

| Items                               | Lactation       |                 |                 |
|-------------------------------------|-----------------|-----------------|-----------------|
|                                     | 1 <sup>st</sup> | 2 <sup>nd</sup> | 3 <sup>rd</sup> |
| No. of TD-SCS <sup>1/</sup>         | 76,085          | 23,602          | 10,320          |
| No. of cows (no)                    | 11,443          | 3,536           | 1,601           |
| No. of HTM <sup>2/</sup> class      | 21,287          | 6,741           | 2,982           |
| Average TD-SCS (SD)                 | 3.70±1.76       | 3.76±1.78       | 3.87±1.77       |
| Average no. of TD-SCS per cow       | 6.65            | 6.67            | 6.45            |
| Average no. of TD-SCS per HTM class | 3.57            | 3.50            | 3.46            |

<sup>1/</sup>TD-SCS: test-day somatic cell score; <sup>2/</sup>HTM: herd-test month



**Figure 1** Effect of stage of lactation on TD-SCS in lactation 1 (—), lactation 2 (....) and lactation 3. (---)

### ค่าความแปรปรวนและค่าอัตราพันธุกรรม

ค่าความแปรปรวนและค่าอัตราพันธุกรรมเฉลี่ยรายวันตลอดระยะเวลาให้นมของ SCS ที่คำนวณระหว่าง DIM 5 และ DIM 305 จาก ML-RR-TDM แสดงไว้ใน **Table 2**

ความแปรปรวนทางพันธุกรรมเฉลี่ยรายวันตลอดระยะเวลาให้นมของแม่โคนมเพิ่มสูงขึ้นตามรอบการให้นม มีค่าอยู่ในช่วง 0.44-0.85 และการเพิ่มขึ้นของความแปรปรวนทางสภาพแวดล้อมถาวรมีแนวโน้มไปในทางเดียวกัน โดยมีค่าเฉลี่ยรายวันอยู่ในช่วง 0.73-0.75 ใน 3 รอบแรกของการให้นม ความแปรปรวนทางสภาพแวดล้อมถาวรมีค่าสูงกว่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมในรอบการให้นมที่ 1 และ 2 แต่น้อยกว่ารอบการให้นมที่ 3 ความแปรปรวนของฝูง-ปี-เดือนทดสอบมีแนวโน้ม

ลดลงตามรอบการให้นม และความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนมีค่าคงที่ตามข้อสมมุติ ส่งผลให้อัตราพันธุกรรมเฉลี่ยรายวันตลอดระยะเวลาให้นมมีค่าเพิ่มขึ้นตามรอบการให้นม ซึ่งมีค่าอยู่ในช่วง 0.15-0.26 สอดคล้องกับ de Roos et al. (2003); Reents et al. (1995); Samoré et al. (2008); Rzewuska et al. (2011) และ Kheirabadi and Alijani (2014) แต่ต่างจาก Carlén et al. (2004) ที่มีค่าลดลงตามรอบการให้นม และ Mrode and Swanson (2003); ที่รอบการให้นมที่ 2 มีค่าสูงกว่ารอบการให้นมที่ 1 และ 3 ค่าอัตราพันธุกรรมเฉลี่ยของ TD-SCS ที่สูงขึ้นสำหรับรอบการให้นมที่ 3 นี้ให้เห็นว่าอาจเป็นผลมาจากความถี่ของการเกิดเต้านมอักเสบทั้งแบบแสดงอาการและไม่แสดงอาการ (clinical and subclinical mastitis) ในรอบการให้

นมนี้ที่เพิ่มมากขึ้น (Reents et al. 1995)

ความแปรปรวนทางพันธุกรรมในแต่ละวันตลอดระยะเวลาการให้นม (Figure 2A) ใน 3 รอบแรกของการให้นมมีค่าอยู่ในช่วง 0.21-1.08 ในรอบการให้นมที่ 1 และ 3 มีความแปรปรวนเพิ่มขึ้นตาม DIM จนถึงจุดสูงสุดที่ DIM 100 แล้วค่อยๆ ลดลงตาม DIM จนถึงจุดต่ำสุดประมาณ DIM 275 แล้วค่อยๆ เพิ่มขึ้นเล็กน้อยในช่วงท้ายของการให้นม ส่วนรอบการให้นมที่ 2 ความแปรปรวนค่อยๆ ลดลงตามลำดับตั้งแต่เริ่มต้นของการให้นมตาม DIM ที่เพิ่มขึ้นจนถึงช่วงท้ายของการให้นม การเพิ่มขึ้นของค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมตามรอบการให้นมที่เพิ่มขึ้นเหมือนกับที่ได้นำเสนอไว้ในการศึกษาที่ก่อน

หน้านี้ (Mrode and Swanson, 2003; Koivula et al., 2004; Negussie et al., 2006)

ความแปรปรวนทางสภาพแวดล้อมถาวรในแต่ละวันตลอดระยะเวลาการให้นมมีรูปแบบเหมือนกันและมีค่าสูงกว่าความแปรปรวนทางพันธุกรรมทุกรอบการให้นม (Figure 2B) มีค่าอยู่ในช่วง 0.60-1.33 โดยทั่วไปมีค่าสูงในตอนเริ่มต้นและลดลงตาม DIM การเพิ่มขึ้นของความแปรปรวนเล็กน้อยจาก DIM 60 ถึง DIM 245 ซึ่งเหมือนกับผลการศึกษาของ Mrode and Swanson (2003) และ Negussie et al. (2006) ยกเว้นในช่วงต้นรอบการให้นมที่ 1 มีค่าความแปรปรวนสูงกว่ารอบการให้นมที่ 2

**Table 2** Additive genetic, permanent environmental (PE) and residual variances and heritabilities of average daily SCS ( $\pm$ SE) computed for the range from 5 DIM to 305 DIM

| Trait or variable         | Lactation       |                 |                 |
|---------------------------|-----------------|-----------------|-----------------|
|                           | 1 <sup>st</sup> | 2 <sup>nd</sup> | 3 <sup>rd</sup> |
| Additive genetic variance | 0.44 $\pm$ 0.06 | 0.60 $\pm$ 0.21 | 0.85 $\pm$ 0.19 |
| PE variance               | 0.73 $\pm$ 0.10 | 0.75 $\pm$ 0.07 | 0.75 $\pm$ 0.12 |
| HTM variance              | 0.43 $\pm$ 0.00 | 0.26 $\pm$ 0.00 | 0.17 $\pm$ 0.00 |
| Residual variance         | 1.37 $\pm$ 0.00 | 1.34 $\pm$ 0.00 | 1.47 $\pm$ 0.00 |
| Heritability              | 0.15 $\pm$ 0.02 | 0.20 $\pm$ 0.06 | 0.26 $\pm$ 0.05 |

ค่าอัตราพันธุกรรมในแต่ละวันให้นมตลอดระยะเวลาการให้นมตาม DIM ใน 3 รอบแรกของการให้นม (Figure 2C และ Table 3) มีรูปแบบเหมือนกับความแปรปรวนทางพันธุกรรม มีค่าอยู่ในช่วง 0.09-0.32 เพิ่มขึ้นจากจุดเริ่มต้นของการให้นมจนถึง DIM 100 (รอบการให้นมที่ 1) DIM 35 (รอบการให้นมที่ 2) และ DIM 75 (รอบการให้นมที่ 3) แล้วลดลงตาม DIM จนถึงจุดต่ำสุดประมาณ DIM 255 (รอบการให้นมที่ 3) แล้วจึงเพิ่มขึ้นอีกเล็กน้อยในช่วงท้ายของการให้นม (รอบการให้นมที่ 1 และ 3) แต่ในรอบการให้นมที่ 2 ในช่วงท้ายจะมีค่าคงที่ อย่างไรก็ตามค่าอัตราพันธุกรรมในวันให้นมเดียวกันจะมีค่าเพิ่มขึ้นตามรอบการให้นม

การประเมินค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับ SCS ที่ใช้กันในโปรแกรมการประเมินพันธุกรรมของแต่ละประเทศ และแต่ละระบบการประเมิน จะให้ค่าอัตราพันธุกรรมจากข้อมูลในวันทดสอบไม่คงที่ตลอดระยะเวลาการให้นม โดยจะมีค่า 0.11- 0.43

สำหรับโมเดลรอบการให้นม (lactation models, LM) และ 0.06-0.35 สำหรับโมเดลในวันทดสอบ (test-day model, TDM) (Interbull, 2008) รูปแบบของค่าอัตราพันธุกรรมตลอดระยะเวลาการให้นมจากการศึกษาครั้งนี้ต่างจากการศึกษาที่ก่อนหน้านี้ในโคนมของเนเธอร์แลนด์ (de Roos et al., 2003) ไปแลนด์ (Rzewuska et al., 2011) และอิหร่าน (Kheirabadi and Alijani, 2014) ที่ค่อยๆ เพิ่มขึ้นตั้งแต่ช่วงต้นของ DIM จนถึงจุดที่ช่วงท้ายของ DIM ค่าอัตราพันธุกรรมในแต่ละวันจากการใช้โมเดลการถดถอยแบบสุ่มในการศึกษาครั้งนี้ (0.09-0.32) สอดคล้องกับที่ได้มีการรายงานไว้โดยทั่วไป แต่มีค่าน้อยกว่าในแคนาดา (Jamrozik et al., 1998) ที่มีค่าอยู่ในช่วง 0.28-0.38 และมีค่าสูงกว่าการศึกษาอื่นๆ ก่อนหน้านี้ ((Mrode and Swanson, 2003; Zavadilova et al., 2011; Abdini et al., 2012; Cheraghi et al., 2012; Kheirabadi and Alijani, 2014) ที่มีค่าอยู่ในช่วง 0.03-0.17

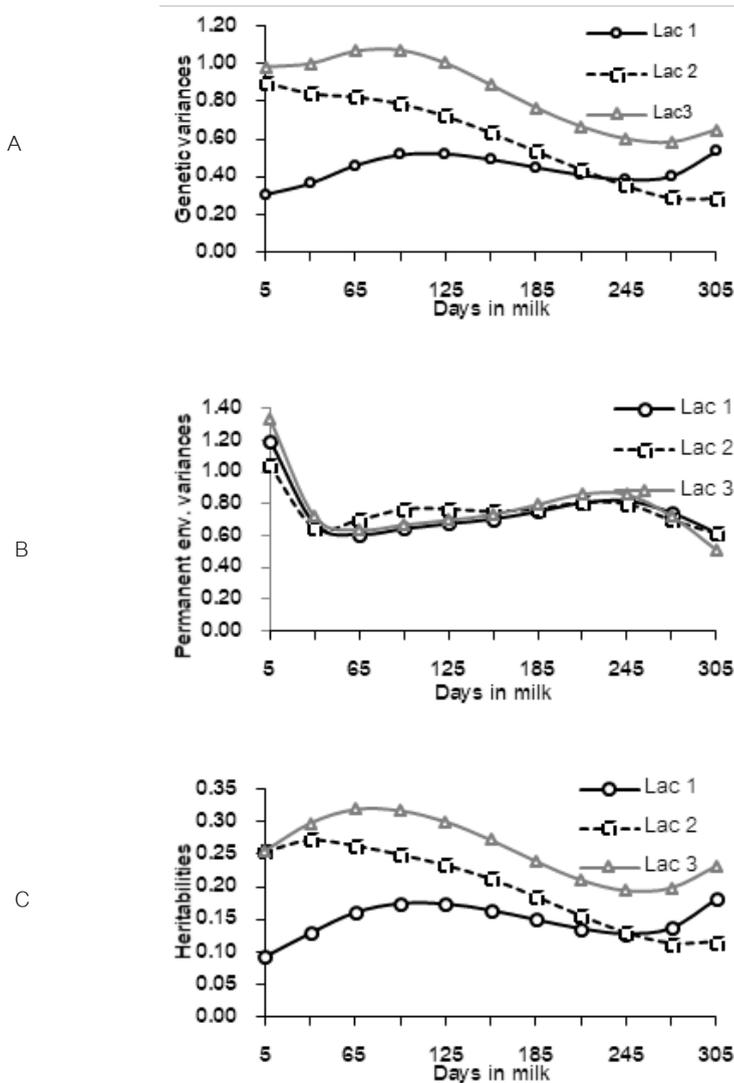


Figure 2 Trajectory of estimated daily genetic variances (A) permanent environment variances (B) and heritabilities (C) for TD-SCS in the first three lactations.

**สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและทางลักษณะปรากฏ**

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และทางลักษณะปรากฏภายในรอบการให้นมระหว่างวันทดสอบที่ระยะของการให้นมต่างๆสำหรับ TD-SCS (Table 3) โดยทั่วไปพบว่าสหสัมพันธ์มีค่าสูงสุดระหว่างวันให้นมที่ติดกัน และมีค่าลดลงตามวันให้นมที่อยู่ห่างกันออกไป โดยมีค่าสหสัมพันธ์ทาง

พันธุกรรมเท่ากับ 0.55-0.98, 0.62-0.99 และ 0.74-0.99 และสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏเท่ากับ 0.12-0.38, 0.11-0.45 และ 0.18-0.46 สำหรับรอบการให้นมที่ 1, 2 และ 3 ตามลำดับ สอดคล้องกับการศึกษาของ Rzewuska et al. (2011), Zavadilová et al. (2011) และ Kheirabadi and Alijani (2014)

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและทาง

**Table 3** Heritabilities (on diagonal), genetic correlations (above diagonal) and phenotypic correlations (below diagonal) on selected days in milk for somatic cell scores (SCS) in the 1<sup>st</sup>, 2<sup>nd</sup> and 3<sup>rd</sup> lactation

| Lact            | DIM  | 1 <sup>st</sup> |      |      |      |      |      | 2 <sup>nd</sup> |      |      |      |      |      | 3 <sup>rd</sup> |      |      |      |      |      |
|-----------------|------|-----------------|------|------|------|------|------|-----------------|------|------|------|------|------|-----------------|------|------|------|------|------|
|                 |      | 5               | 65   | 125  | 185  | 245  | 305  | 5               | 65   | 125  | 185  | 245  | 305  | 5               | 65   | 125  | 185  | 245  | 305  |
| 1 <sup>st</sup> | 5    | 0.09            | 0.79 | 0.71 | 0.73 | 0.73 | 0.55 | 0.81            | 0.65 | 0.58 | 0.58 | 0.55 | 0.28 | 0.33            | 0.42 | 0.44 | 0.45 | 0.43 | 0.37 |
|                 | 65   | 0.25            | 0.16 | 0.98 | 0.96 | 0.94 | 0.87 | 0.93            | 0.94 | 0.92 | 0.93 | 0.90 | 0.67 | 0.68            | 0.77 | 0.78 | 0.79 | 0.75 | 0.65 |
|                 | 125  | 0.16            | 0.35 | 0.17 | 0.98 | 0.96 | 0.87 | 0.91            | 0.95 | 0.95 | 0.95 | 0.92 | 0.71 | 0.67            | 0.79 | 0.80 | 0.80 | 0.76 | 0.68 |
|                 | 185  | 0.15            | 0.30 | 0.37 | 0.14 | 0.98 | 0.85 | 0.90            | 0.93 | 0.92 | 0.92 | 0.90 | 0.71 | 0.63            | 0.76 | 0.78 | 0.77 | 0.74 | 0.69 |
|                 | 245  | 0.15            | 0.25 | 0.32 | 0.38 | 0.12 | 0.89 | 0.90            | 0.94 | 0.93 | 0.93 | 0.92 | 0.76 | 0.69            | 0.79 | 0.79 | 0.80 | 0.78 | 0.74 |
| 305             | 0.12 | 0.26            | 0.31 | 0.34 | 0.35 | 0.18 | 0.84 | 0.93            | 0.94 | 0.95 | 0.96 | 0.88 | 0.92 | 0.88            | 0.86 | 0.88 | 0.89 | 0.79 |      |
| 2 <sup>nd</sup> | 5    | 0.15            | 0.10 | 0.07 | 0.06 | 0.07 | 0.09 | 0.25            | 0.93 | 0.88 | 0.89 | 0.88 | 0.62 | 0.66            | 0.78 | 0.81 | 0.84 | 0.84 | 0.78 |
|                 | 65   | 0.19            | 0.19 | 0.18 | 0.16 | 0.14 | 0.09 | 0.35            | 0.26 | 0.99 | 0.99 | 0.98 | 0.84 | 0.80            | 0.92 | 0.93 | 0.93 | 0.90 | 0.84 |
|                 | 125  | 0.19            | 0.22 | 0.22 | 0.21 | 0.17 | 0.12 | 0.25            | 0.45 | 0.23 | 0.99 | 0.99 | 0.87 | 0.82            | 0.93 | 0.94 | 0.93 | 0.90 | 0.83 |
|                 | 185  | 0.19            | 0.23 | 0.23 | 0.22 | 0.20 | 0.17 | 0.21            | 0.36 | 0.42 | 0.18 | 0.99 | 0.86 | 0.83            | 0.92 | 0.92 | 0.93 | 0.90 | 0.83 |
|                 | 245  | 0.20            | 0.23 | 0.23 | 0.23 | 0.21 | 0.19 | 0.18            | 0.27 | 0.35 | 0.41 | 0.12 | 0.89 | 0.86            | 0.93 | 0.93 | 0.94 | 0.92 | 0.84 |
| 305             | 0.22 | 0.24            | 0.23 | 0.22 | 0.20 | 0.19 | 0.11 | 0.27            | 0.33 | 0.34 | 0.33 | 0.11 | 0.90 | 0.93            | 0.89 | 0.87 | 0.85 | 0.81 |      |
| 3 <sup>rd</sup> | 5    | 0.03            | 0.07 | 0.09 | 0.07 | 0.06 | 0.11 | 0.11            | 0.23 | 0.23 | 0.19 | 0.15 | 0.19 | 0.24            | 0.87 | 0.82 | 0.84 | 0.85 | 0.74 |
|                 | 65   | 0.09            | 0.16 | 0.17 | 0.15 | 0.13 | 0.15 | 0.20            | 0.27 | 0.28 | 0.27 | 0.25 | 0.24 | 0.37            | 0.31 | 0.99 | 0.97 | 0.94 | 0.90 |
|                 | 125  | 0.11            | 0.18 | 0.19 | 0.18 | 0.16 | 0.16 | 0.21            | 0.27 | 0.29 | 0.29 | 0.27 | 0.24 | 0.23            | 0.46 | 0.30 | 0.98 | 0.95 | 0.92 |
|                 | 185  | 0.08            | 0.16 | 0.18 | 0.18 | 0.16 | 0.17 | 0.19            | 0.26 | 0.28 | 0.28 | 0.26 | 0.23 | 0.18            | 0.37 | 0.46 | 0.23 | 0.98 | 0.93 |
|                 | 245  | 0.07            | 0.15 | 0.19 | 0.19 | 0.18 | 0.18 | 0.16            | 0.24 | 0.27 | 0.27 | 0.26 | 0.23 | 0.18            | 0.30 | 0.39 | 0.46 | 0.19 | 0.96 |
| 305             | 0.11 | 0.20            | 0.22 | 0.23 | 0.22 | 0.21 | 0.14 | 0.22            | 0.27 | 0.30 | 0.30 | 0.26 | 0.20 | 0.34            | 0.39 | 0.41 | 0.41 | 0.23 |      |

ลักษณะปรากฏสำหรับ TD-SCS ในวันให้นมเดียวกันระหว่าง 3 รอบแรกของการให้นม (Figure 3A-3B) มีแนวโน้มที่เหมือนกันด้วยค่าต่ำที่สุดในช่วงแรกของรอบการให้นม สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจะมีค่าสูงและมีค่ามากกว่าสหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏอย่างไรก็ตามสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างรอบการให้นมที่ติดกัน (รอบการให้นมที่ 1-2 และรอบการให้นมที่ 2-3) มีค่ามากกว่ารอบการให้นมที่ 1-3 โดยมีค่าผันแปร 0.82-0.95 (ค่าเฉลี่ย 0.92), 0.66-0.94 (ค่าเฉลี่ย 0.86) และ 0.33-0.82 (ค่าเฉลี่ย 0.73) สำหรับรอบการให้นมที่ 1-2 รอบการให้นมที่ 2-3 และรอบการให้นมที่ 1-3 ตามลำดับ สหสัมพันธ์ทางลักษณะปรากฏมีแนวโน้มในทำนองเดียวกันกับสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมแต่มีค่าต่ำกว่า มีค่าผันแปร 0.05-0.23 (ค่าเฉลี่ย 0.19), 0.11-0.29 (ค่าเฉลี่ย 0.25) และ 0.00-0.21 (ค่าเฉลี่ย 0.16) สำหรับรอบการให้นมที่ 1-2 รอบการให้นมที่ 2-3 และรอบการให้นมที่ 1-3 ตามลำดับ แต่รอบการให้นมที่ 2-3 มีค่ามากกว่ารอบ

การให้นมที่ 1-2 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการศึกษานี้สอดคล้องกับการศึกษา Samoré et al. (2008) และ Kheirabadi and Alijani (2014) แต่ต่างจากการศึกษาของ Reents et al. (1995), Mrode and Swanson (2003) และ Carlén et al. (2004) ที่สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างรอบการให้นมที่ 2 และ 3 มีค่าสูงสุด สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างรอบการให้นมมีค่าเฉลี่ยค่อนข้างสูง (0.73-0.92) ซึ่งให้เห็นว่าชุดยีนที่ควบคุม SCS ในรอบการให้นมต่างๆ ส่วนใหญ่เหมือนกัน และการคัดเลือกสัตว์สำหรับ SCS ในรอบการให้นมแรกจะมีผลต่อ SCS ในรอบอื่นๆ (Schutz, 1994)

เมื่อพิจารณาสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและทางลักษณะปรากฏในวันให้นมต่างกันระหว่างรอบการให้นม (Table 3) พบว่าสหสัมพันธ์ที่วันให้นมที่เหมือนกันมีค่าสูงที่สุด และลดลงอย่างช้าๆ ตามวันให้นมที่ห่างออกไปเช่นเดียวกันกับการศึกษาอื่นๆ (Haile-Mariam et al., 2001; Mrode and Swanson, 2003; Negussie et al., 2006)

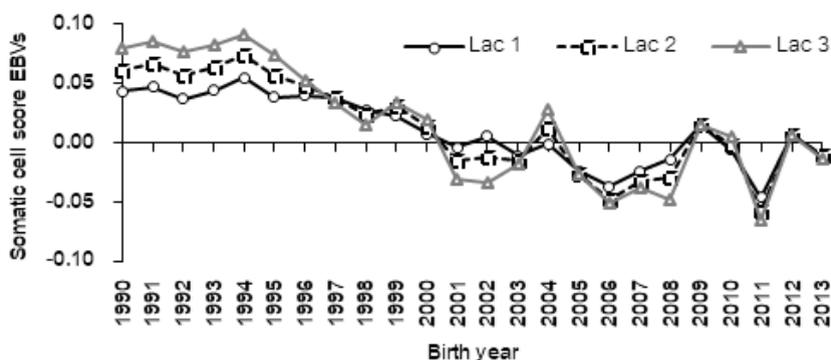


Figure 4 Average estimated breeding values of cows for average SCS in the first three lactations.

### แนวโน้มทางพันธุกรรม

การเปลี่ยนแปลงค่าเฉลี่ย EBVs ของแม่โคสำหรับลักษณะค่าเฉลี่ย TD-SCS ภายใน 305 วัน (แนวโน้มทางพันธุกรรม) ใน 3 รอบการให้นมแรกตามปีเกิดในช่วงระหว่างปี พ.ศ. 2533-2556 (ค.ศ.1990-2013) (Figure 4) พบว่าค่าความก้าวหน้าทางพันธุกรรมในแต่ละปีไม่ได้มีรูปแบบที่เหมือนกันทุกปี โดยทั่วไปในช่วง 11 ปีแรกค่าเฉลี่ยของการผสมพันธุ์จะมีค่าเป็นบวก (มีค่าเชิงลบใน

ทางเศรษฐกิจ) โดยมีค่าเป็นบวกมากขึ้นตามรอบการให้นม แต่หลังจากนั้นค่าเฉลี่ยของค่าการผสมพันธุ์ก็จะสลับขึ้นลงจนมีค่าติดลบมากขึ้นตามรอบการให้นมที่เพิ่มขึ้นจนสุดท้ายมีค่าใกล้เคียงกัน เมื่อพิจารณาแนวโน้มทางพันธุกรรมตลอดช่วงเวลาจากการคำนวณโดยใช้การถดถอยของค่าเฉลี่ยของค่าการผสมพันธุ์กับปีเกิด (Table 3) พบว่า อัตราการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมต่อปีของค่าเฉลี่ย TD-SCS ภายใน 305 วันใน 3 รอบการให้นมมีค่าเป็น

ลบ (มีค่าเชิงบวกในทางเศรษฐกิจ) อย่างมีนัยสำคัญ ( $P < 0.01$ ) มีค่าอยู่ในช่วง -0.003 ถึง -0.006 การเพิ่มขึ้นและลดลงจากกราฟที่ได้แสดงไว้ในแต่ละปีดูเหมือนว่าเป็นผลเนื่องมาจากการใช้ฟอสโดอย่างกว้างขวางที่เป็นทั้งในทางบวกและทางลบสำหรับลักษณะนี้ และในช่วงแรกระดับทางพันธุกรรมมีแนวโน้มเป็นบวกซึ่งเป็นสิ่งที่ไม่ต้องการ อาจเป็นผลเนื่องมาจากการมุ่งเน้นคัดเลือกปริมาณน้ำนมเป็นหลัก และการละทิ้งเรื่องสุขภาพเต้านมในการเลือกใช้ฟอสโด โดยการตอบสนองที่เกี่ยวข้องกันสำหรับ SCS ตามผลของการคัดเลือกสำหรับปริมาณน้ำนมอาจเป็นความสัมพันธ์ทางบวกระหว่างปริมาณน้ำนมและ SCS (Carlén et al., 2004) แต่ต่อมาแนวโน้มทางพันธุกรรมเป็นไปใน

ทางลบสำหรับ SCS ทั้งนี้อาจเป็นผลเนื่องมาจากการคัดเลือกโคที่มีลักษณะรูปร่างเต้านม และคัดทิ้งแม่โคที่มีปัญหาสุขภาพเต้านมในระดับฟาร์มในช่วงที่ผ่านมาเพื่อให้ได้คุณภาพน้ำนมเป็นไปตามมาตรฐานกำหนด โดยทั่วไปแล้วค่าแนวโน้มทางพันธุกรรมของ SCS จากการศึกษาครั้งนี้ต่างจากการศึกษาของ Jattawa et al. (2012) ที่ได้ประมาณแนวโน้มทางพันธุกรรมไว้เท่ากับ 49.02 สำหรับ SCC ในโคนมไทย อย่างไรก็ตาม Abdini et al. (2012) ได้รายงานว่าแนวโน้มทางพันธุกรรมสำหรับ SCS ไม่มีนัยสำคัญในแม่โคนมไฮลส์ไตน์ของอิหร่านที่ให้ลูกตัวแรก ความแตกต่างนี้อาจเนื่องจากความแตกต่างระหว่างโมเดลและปีของข้อมูลที่ใช้ศึกษา

Table 4 Estimation of linear regression coefficients of cow estimated breeding values (EBVs) for average SCS<sup>1/</sup> in the first three lactations

| Lactation       | Intercept ± SE           | L <sup>1/</sup> ± SE      | R <sup>2</sup> |
|-----------------|--------------------------|---------------------------|----------------|
| 1 <sup>st</sup> | 0.052 <sup>±</sup> 0.007 | -0.003 <sup>±</sup> 0.001 | 0.654          |
| 2 <sup>nd</sup> | 0.069 <sup>±</sup> 0.010 | -0.005 <sup>±</sup> 0.001 | 0.647          |
| 3 <sup>rd</sup> | 0.084 <sup>±</sup> 0.013 | -0.006 <sup>±</sup> 0.001 | 0.626          |

<sup>1/</sup>SCS= somatic cell score; <sup>2/</sup>linear regression coefficient (genetic trend); ( $P < 0.05$ )

**สรุป**

ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้มีความสำคัญสำหรับการปรับปรุงพันธุกรรมของลักษณะความต้านทานเต้านมอักเสบในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุโคนมอย่างยั่งยืน การใช้โมเดลการถดถอยสุ่มในวันทดสอบอธิบายความผันแปรทางพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมตลอดระยะเวลาให้นมสามารถเพิ่มความถูกต้องในการประเมินค่าทางพันธุกรรมสำหรับลักษณะนี้ระดับค่าเฉลี่ยของอัตราพันธุกรรม (0.15-0.26) และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างรอบการให้นม (0.72-0.92) ซึ่งให้เห็นว่าลักษณะเต้านมอักเสบในประชากรโคนมของไทยมีศักยภาพที่จะปรับปรุงทางพันธุกรรมได้พร้อมกับมีการปรับปรุงสภาพแวดล้อมการผลิต และจากศึกษาครั้งนี้การคัดเลือกสัตว์ด้วย SCS ในรอบการให้นมแรกสามารถส่งผลต่อความสามารถต้านทานเต้านมอักเสบในรอบการให้นมต่อมาได้

**เอกสารอ้างอิง**

วุฒิไกร บุญคุ้ม 2554. การพัฒนาและการประยุกต์ใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรซชันสุ่มในการประเมินพันธุกรรมโคนมของประเทศไทย . แก่นเกษตร. 39:181-190.

Abdini, A., H. Farhangfar, K. Shojaian, H. Naeemipour, M. Bashtani, and B. Mohammad Nazari. 2012. Estimation of genetic parameters and trend for somatic cell score trait in Iranian Holsteins using a random regression test day model. Iranian J. Anim. Sci. 2:193-200.

Ali, A.K. A. and G. E. Shook. 1980. An optimum transformation for somatic cell concentration in milk. J. Dairy Sci. 63:487-490.

Alam, M., C.I. Cho, T.J. Choi, B. Park, J.G.

- Choi, Y.H. Choy, S.S. Lee, and K.H. Cho. 2015. Estimation of genetic parameters for somatic cell scores of Holsteins using multi-trait lactation models in Korea. *Asian Australas. J. Anim. Sci.* 28:303-310.
- Carlén, E., E. Strandberg, and A. Roth. 2004. Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score and production in the first three lactations of Swedish Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 87:3062-3070.
- Cheraghi, S., K. Kheirabadi, S. Alijani, G. Moghaddam, and S.A. Rafat. 2012. Estimate of genetic parameters of somatic cell score of Holstein cows. *Anim. Sci.* 5:29-30.
- Costa, C.N., G.G. Santos, J.A. Cobuci, G. Thompson, and J.G.V. Carvalheira. 2015. Genetic parameters for test day somatic cell score in Brazilian Holstein cattle. *Genet. Mol. Res.* 14:19117-19127.
- de Roos, A.P. W., A.G.F. Harbers, and G. De Jong. 2003. Genetic parameters of test-day somatic cell score estimated with a random regression model. *Int. Bull.* 31:97-101.
- Gengler, N., A. Tijani, G. R. Wiggans, and I. Misztal. 1999. Estimation of (co) variances function coefficient for test-day yield with expectation-maximization restricted maximum likelihood algorithm. *J. Dairy Sci.* 82:225.
- Haile-Mariam, M., M.E. Goddard, and P.J. Bowman. 2001. Estimates of genetic parameters for daily somatic cell count of Australian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 84:1255-1264.
- Hintz, R. and L. Van Vleck. 1978. Estimation of genetic trends from cow and sire evaluations. *J. Dairy Sci.* 61: 607-613.
- Interbull. 2008. Description of national genetic evaluation systems for dairy cattle traits as applied in different Interbull member countries. Available: [http://www.interbull.org/national\\_ges\\_info2/framesidaages.htm](http://www.interbull.org/national_ges_info2/framesidaages.htm). Accessed Jun. 2008.
- 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 models using REML. *J. Dairy Sci.* 85:1607-1616.
- Jamrozik, J., J. Bohmanova, and L. Schaeffer. 2010. Relationships between milk yield and somatic cell score in Canadian Holsteins from simultaneous and recursive random regression models. *J. Dairy Sci.* 93:1216-1233.
- Jamrozik J., L.R. Schaeffer, and F. Grignola. 1998. Genetic parameters for production traits and somatic cell score of Canadian Holsteins with multiple trait random regression model. Pp. 303-306 in *Proc. 6th World Cong., Genet. Appl. Livest. Prod. Armidale, Australia.*
- Jattawa, D., S. Koonawootrittriron, M.A. Elzo, and T. Suwanasopee. 2012. Somatic cells count and its genetic association with milk yield in dairy cattle raised under Thai tropical environmental conditions. *Asian-Australas J. Anim. Sci.* 25:1216-1222.
- Kheirabadi, K., and S. Alijani. 2014. Estimation of genetic parameters and genetic trends of somatic cell score in Iranian Holstein cows using test-day records. *Iranian J. App. Anim. Sci.* 4:707-716.
- Koivula, M., E. Negussie, and E.A. Mäntysaari. 2004. Genetic parameters for test-day somatic cell count at different lactation stages of Finnish dairy cattle. *Livest. Prod. Sci.* 90:145-157.
- Luhar R., R.K. Patel, and K.M. Singh. 2006.

- Studies on the possible association of  $\beta$ -lactoglobulin genotype with mastitis in dairy cows. *Indian J. Dairy Sci.* 59:155-158.
- Misztal, I., S. Tsuruta, D. Lourenco, I. Aguilar, A. Legarra, and I. Toulouse. 2014. Manual for BLUPF90 family of programs. Animal and Dairy Science Department, Georgia; Available: [http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90\\_all2.pdf](http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf). Accessed May 10, 2014.
- Mostert, B.E., H.E. Theron, F.H.J. Kanfer, and E. Van Marle-Köster, 2006. Comparison of breeding values and genetic trends for production traits estimated by a lactation model and a fixed regression test-day model. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 36, 71-78.
- Mrode, R.A. and G.J.T. Swanson. 2003. Estimation of genetic parameters for somatic cell count in the first three lactations using random regression. *Livest. Prod. Sci.* 79:239-247.
- Negussie E., M. Koivula, E.A. Mäntysaari, and M. Lidauer. 2006. Genetic evaluation of somatic cell score in dairy cattle considering first and later lactations as two different but correlated traits. *J. Anim. Breeding and Genetics.* 123:224-238.
- Nielsen, C.H. 2009. Economic impact of mastitis in dairy cows. PhD Thesis No. 2009:29. Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden.
- Nishiura, A., O. Sasaki, M. Aihara, H. Takeda, and M. Satoh. 2015. Genetic analysis of fat-to-protein ratio, milk yield and somatic cell score of Holstein cows in Japan in the first three lactations by using a random regression model. *Anim Sci J.* 86:961-969.
- Norman, H.D., R.H. Miller, J.R. Wright, and G.R. Wiggans. 2000. Herd and state means for somatic cell count from dairy herd improvement. *J. Dairy Sci.* 83:2782-2788.
- Rajala-Schultz, P.J., Y.T. Gröhn, C.E. McCulloch, and C.L. Guard. 1999. Effects of clinical mastitis on milk yield in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 82:1213-1220.
- Reents, R., J. Jamrozik, L.R. Schaeffer, and J.C.M. Dekkers. 1995. Estimation of genetic parameters for test day records of somatic cell score. *J. Dairy Sci.* 78:2847-2857.
- Rzewuska, K., J. Jamrozik, A. Zarnecki, and T. Strabel. 2011. Genetic parameters of test-day somatic cell scores for the first three lactations of Polish Holstein-Friesian cattle. *Czech J. Anim. Sci.* 56:381-389.
- Samoré, A.B., A.F. Groen, P.J. Boettcher, J. Jamrozik, F. Canavesi, and A. Bagnato. 2008. Genetic correlation patterns between somatic cell score and protein yield in the Italian Holstein-Friesian population. *J. Dairy Sci.* 91:4013-4021.
- SAS. 2002. STAT user's guide: statistics. Statistical Analysis System Institute Inc., Cary, NC.
- Schutz, M.M. 1994. Genetic evaluation of somatic cell scores for United States dairy cattle. *J Dairy Sci.* 77:2113-2129.
- Wolf, J., M. Wolfová, and M. Štípková. 2010. A model for the genetic evaluation of number of clinical mastitis cases per lactation in Czech Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 93:1193-1204.
- Zavadilová, L., J. Wolf, M. Štípková, E. Nemcová, and J. Jamrozik. 2011. Genetic parameters for somatic cell score in the first three lactations of Czech Holstein and Fleckvieh breeds using a random regression model. *Czech J. Anim. Sci.* 56:251-260.