ภาคภูมิ เสาวภาคย์ : การศึกษาโมเดลรีเกรซชันสุ่มเพื่อประเมินพันธุกรรม
ลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรก
(STUDIES ON RANDOM REGRESSION MODELS FOR GENETIC
EVALUATION OF LACTATION PERSISTENCY TRAIT IN
PRIMIPAROUS CROSSBRED HOLSTEIN-FRIESIAN DAIRY CATTLE)
อาจารย์ที่ปรึกษา : รองศาสตราจารย์ ดร.พงษ์ชาญ ณ ลำปาง, 128 หน้า.

ข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมวันทดสอบของแม่โคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรกของฟาร์มโชคชัย ตั้งแต่ปี 2537 ถึง 2547 จำนวน 25,845 บันทึก ถูกนำมาวิเคราะห์ด้วยโมเดลรีเกรซชันสุ่ม (Random Regression Models; RRM) ที่มีฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม (Covariance Function; CF) ของวันให้น้ำนมรูปแบบ modified Wilmink และ modified normalized Legendre polynomial แตกต่างกันทั้งสิ้น 10 โมเดล ได้แก่ RRW(3,3) และ RRLP(k_α , k_γ) เมื่อ k_α เป็นจำนวนสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วม (Covariance Function Coefficient; CFC) ของวันให้น้ำนมที่ซ้อนอยู่ในส่วนของอิทธิพลสุ่มทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม (Additive Genetic Random Effect; AGRE) และ k_γ เป็นจำนวน CFC ที่ซ้อนในส่วนอิทธิพลสุ่มทางสิ่งแวดล้อมแบบถาวร (Permanent Environmental Random Effect; PERE) เพื่อวัตถุประสงค์ในการศึกษาโมเดลรีเกรซชันสุ่มที่มีรูปแบบเหมาะสม (appropriate model) สำหรับประเมินพันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบและความคงทนของการให้น้ำนม โดยใช้เกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสมต่าง ๆ (Goodness Of Fits Criteria; GOFC) ได้แก่ ค่าประมาณ -2logL, AIC, BIC, Estimated Residual Variance (ERV) และ Eigenvalues ผลการวิเคราะห์แสดงให้เห็นว่าค่าประมาณ AIC และ BIC จะเลือกโมเดลที่มีรูปแบบกระชับที่สุด (most parsimonious model) ได้แก่ RRLP(3,3) การใช้ค่า eigenvalues เป็นเกณฑ์ชี้วัดความเหมาะสมแสดงให้เห็นถึงความเป็นไปได้ในการลดจำนวน CFC ดังนั้นจำเป็นต้องใช้จำนวน CFC 3 สัมประสิทธิ์เท่านั้นจะพอเพียงสำหรับอธิบายความแปรปรวนในส่วนของ AGRE ได้มากกว่า 95 เปอร์เซ็นต์ (96.52 เปอร์เซ็นต์) และจำเป็นต้องใช้ CFC จำนวน 4 สัมประสิทธิ์เท่านั้นจะพอเพียงสำหรับอธิบายความแปรปรวนในส่วนของ PERE ได้มากกว่า 95 เปอร์เซ็นต์ (95.92 เปอร์เซ็นต์) การวิเคราะห์ด้วย eigenvalues และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) ระหว่างวันทดสอบซึ่งแสดงให้เห็นว่าโมเดลรีเกรซชันสุ่มรูปแบบที่มีความเหมาะสม ควรมีจำนวนของสัมประสิทธิ์ฟังก์ชันความแปรปรวนร่วมถูกใช้ซ้อนอยู่ในส่วนของ PERE มากกว่า AGRE

ดังนั้นการศึกษาครั้งนี้โมเดลรีเกรซชันสุ่ม RRLP(3,4) จึงเป็นโมเดลที่มีรูปแบบเหมาะสมที่สุดสำหรับการใช้ประเมินพันธุกรรมลักษณะปริมาณน้ำนมวันทดสอบ และความคงทนของการให้น้ำนมในประชากรโคนมเป้าหมาย

นิยาม และสมการคำนวณความคงทนของการให้น้ำนมสำหรับการศึกษาครั้งนี้ คือ P_1, P_2, P_3 และ P_4 จากการศึกษาพบว่า P_3 เป็นนิยามที่มีความเหมาะสมที่สุดสำหรับใช้ประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเชียนที่ให้ลูกครั้งแรกของประชากรโคนมฟาร์มโชคชัย เนื่องจากพิจารณาใช้สารสนเทศจากวันให้น้ำนมตลอดการให้น้ำนม และให้ค่าสหสัมพันธ์เชิงลำดับของสเปียร์แมนเมื่อเปรียบเทียบกับค่าประมาณการผสมพันธุ์รวม 305 วัน เท่ากับ 0.04 นั้นหมายถึงว่าการคัดเลือกโคนมจากค่าประมาณการผสมพันธุ์การให้น้ำนม 305 วัน เป็นอิสระจากการคัดเลือกโคนมด้วยค่าความคงทนของการให้น้ำนม นอกจากนี้สมการ P_3 ยังจะให้ผลตอบสนองต่อการคัดเลือกดีกว่าสมการ P_2 และ P_4 เนื่องจากมีค่าประมาณอัตราพันธุกรรมสูงกว่า ($\hat{h}^2 = 0.16$)

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์
ปีการศึกษา 2552

ลายมือชื่อนักศึกษา_____
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา_____
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม_____
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม_____

PHAKPHUME SAOWAPHAK : STUDY ON RANDOM REGRESSION MODELS FOR GENETIC EVALUATION OF LACTATION PERSISTENCY TRAIT IN PRIMIPAROUS CROSSBRED HOLSTEIN-FRIESIAN DAIRY CATTLE. THESIS ADVISOR : ASSOC. PROF. PONGCHAN NA-LAMPANG, Ph.D., 128 PP.

RANDOM REGRESSION MODEL/COVARIANCE FUNCTION/PERSISTENCY

A total number of 25,845 Test Day Milk Yield Records (TDMYR) of primiparous crossbred Holstein-Friesian cows during 1994 and 2004 from Chokchai farm were analyzed using Random Regression Model (RRM) with 10 different models of modified Wilmink and Modified Normalized Legendre Polynomial (MNLP) Covariance Function (CF) of Days In Milk (DIM), such as RRW(3,3) and RRLP(k_α ,k_γ), when k_α is a number of Covariance Function Coefficient (CFC) of DIM that nested within Additive Genetic Random Effect (AGRE) and k_γ is a number of CFC of DIM that nested within Permanent Environmental Random Effect (PERE). The purpose was to study an appropriate RRM for the genetic evaluation of test day milk yield and lactation persistency traits using Goodness Of Fits Criteria (GOFC), namely -2logL, AIC, BIC, Estimated Residual Variance (ERV) and Eigenvalues (EV). The result showed that AIC and BIC preferred to select the most parsimonious model, i.e. RRLP(3,3). Using eigenvalues as a GOFC indicated that it is possible to reduce the number of CFC. Therefore, only 3 numbers of CFC of covariance function of days in milk were necessary to explain more than 95 percents of variation in AGRE (96.52 percents), and only 4 numbers of CFC of CF of DIM were necessary to explain more

than 95 percents of variation in PERE (95.92 percents). The analysis was based on eigenvalues and genetic correlation between test day which showed that the appropriate random regression model should have more numbers of covariance function coefficient nested within PERE than AGRE.

Therefore, Random Regression Model RRLP(3,4) was the most appropriate model for genetic evaluation of test day milk yield and lactation persistency traits of the target population.

Definition and equation for calculating persistency values for this study were P_1, P_2, P_3 and P_4. The results of the study showed that P_3 is the most suitable for genetic evaluation of lactation persistency of that primiparous crossbred Holstein-Friesian of Chokchai farm. Due to the use of all available information of days in milk along lactation, it brought the estimated Spearman's rank correlation equal to 0.04, when compared to the Estimated Breeding Value (EBV). This implies that selecting dairy cattle based on EBV would not depend on the selection of dairy cattle based on persistency value. Additionally, P_3 provided the better selection response than P_2, P_4 due to P_3 has higher heritability ($\hat{h}^2 = 0.16$).

School of Animal Production Technology Student's Signature P.S.M

Academic Year 2009 Advisor's Signature

Co-advisor's Signature

Co-advisor's Signature P. Kuptawanant