

นางวริษา สันทวีรกุล : การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนมของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนโดยใช้ MULTIPLE-TRAIT MODEL และ RANDOM REGRESSION TEST DAY MODEL ด้วยวิธี RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD (REML)

(ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS OF MILK PRODUCTION FOR CROSSBRED HOLSTEIN-FRIESIAN USING MULTIPLE-TRAIT AND RANDOM REGRESSION TEST DAY MODEL BY RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD [REML]) อาจารย์ที่ปรึกษา : รศ.ดร.พงษ์ชาญ ฌ ลำปาง, 75 หน้า, ISBN 974-533-230-5

ข้อมูลลักษณะการให้น้ำนมของโคนมลูกผสมโฮลสไตน์-ฟรีเซียนจากฟาร์มโคนมของเกษตรกรที่อยู่ภายใต้การดูแลของสหกรณ์โคนมมวกเหล็กจำนวน 40 ฟาร์ม และฟาร์มขององค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทยระหว่างปี พ.ศ. 2543-2544 จำนวน 857 ตัวรวม 6,245 บันทึก ทำการศึกษาและเปรียบเทียบการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมด้วย single-trait lactation model (STLM), multiple-trait lactation model (MTLM) และ random regression test day model (RRTDM) โดยวิธี restricted maximum likelihood (REML) ด้วยข้อมูล 2 ชุดคือข้อมูลชุดที่ 1 มีเฉพาะข้อมูลของแม่โคที่ให้นมครั้งแรก และข้อมูลชุดที่ 2 เป็นข้อมูลของแม่โคทั้งหมดที่ทำการเก็บบันทึกข้อมูล

อัตราพันธุกรรมของปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมัน เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และ เปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันในข้อมูลทั้ง 2 ชุดที่ได้จากทั้ง 3 model มีค่าอยู่ระหว่าง 0.30-0.43, 0.22-0.60, 0.28-0.61, 0.16-0.67, 0.20-0.61, 0.22-0.40, 0.31-0.58, 0.12-0.46 และ 0.32-0.68 ตามลำดับ ความคลาดเคลื่อนมาตรฐานของค่าอัตราพันธุกรรมที่ประมาณได้จาก RRTDM ในทุกลักษณะที่ศึกษามีค่าต่ำกว่า STLM และ MTLM

genetic and phenotypic correlation ระหว่างลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ปริมาณแลคโตส ปริมาณของแข็งไม่รวมไขมันมีค่าเป็นบวกอยู่ระหว่าง 0.57-0.98 genetic and phenotypic correlation ของลักษณะปริมาณน้ำนม กับลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันมีค่าเป็นลบอยู่ระหว่าง -0.53 ถึง -0.007 genetic and phenotypic correlation ระหว่างลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์แลคโตส และเปอร์เซ็นต์ของแข็งไม่รวมไขมันมีค่าเป็นบวกอยู่ระหว่าง 0.01-0.84 การคัดเลือกเพื่อปรับปรุงลักษณะปริมาณน้ำนมให้เพิ่มสูงขึ้นจะมีผลกระทบต่อลักษณะเปอร์เซ็นต์องค์ประกอบน้ำนมมีผลทำให้เปอร์เซ็นต์องค์ประกอบน้ำนมลดลง

จากการใช้ RRTDM ประเมินพันธกรรมของโคได้ผลลัพธ์เป็น model ที่ทำให้ทราบการเปลี่ยนแปลงของคุณค่าการผสมพันธุ์ตลอดระยะเวลาการให้นม และได้กราฟคุณค่าการผสมพันธุ์ของโคแต่ละตัวที่แตกต่างกัน ทำให้ทราบความคงทนของการให้นม และจุดสูงสุดของการให้นมซึ่งช่วยเพิ่มข้อมูลในการคัดเลือก จากความสัมพันธ์ของลำดับสัตว์ที่ได้จากการประมาณค่าคุณค่าการผสมพันธุ์ระหว่างการใช้ STLM, MTLM และ RRTDM ในข้อมูลทั้ง 2 ชุดและทั้งของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์มีค่าอยู่ในช่วง 0.51-0.91 แสดงให้เห็นว่าการใช้ RRTDM ในการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์สัตว์ให้ผลของการจัดลำดับสัตว์คล้ายคลึงกับการใช้ STLM และ MTLM ซึ่งเป็น model ที่ใช้ในการประเมินพันธกรรมโคนมในปัจจุบัน ดังนั้นจากผลการศึกษาสามารถสรุปได้ว่า RRTDM สามารถใช้ในการประมาณค่าอัตราพันธกรรมและการประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์แทนที่ STLM และ MTLM

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์

ปีการศึกษา 2545

ลายมือชื่อนักศึกษา.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....

WARISA SINTAWEEWARAKUL : ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS OF MILK PRODUCTION FOR CROSSBRED HOLSTEIN-FRIESIAN USING MULTIPLE-TRAIT AND RANDOM REGRESSION TEST DAY MODEL BY RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD (REML) THESIS ADVISOR : Assoc.Prof.PONGCHAN NA-LAMPANG, Ph.D. 75 PP.ISBN 974-533-230-5

6,245 test day records of 857 crossbred Holstein-Friesian cows during 2000-2001 were used to estimate the genetic parameters. Milk yield, fat yield, protein yield, lactose yield, solid not fat yield, fat percentage, protein percentage, lactose percentage and solid not fat percentage were analyzed. The variance components were estimated via Expectation-Maximization Restricted maximum likelihood under single-trait lactation model (STLM), multiple-trait lactation model (MTLM) and random regression test day model (RRTDM) with 2 data sets, only first lactation data and all data collected. The heritability of those traits were between 0.30-0.43, 0.22-0.60, 0.28-0.61, 0.16-0.67, 0.20-0.61, 0.22-0.40, 0.12-0.46, 0.12-0.71 and 0.32-0.68 respectively. The standard error of heritability estimates of test day milk yield, composition yield and composition percentages were lower compared to 305-d traits. All genetic and phenotypic correlations between yields were high and positive (0.57-0.98). The correlations between milk yield and milk composition percentages were moderate and negative (-0.53 to -0.007) and those between milk composition percentages were positive (0.01-0.84). These correlations showed that the selection for milk yield increases resulted in the milk composition percentage decreases. RRTDM gave estimated breeding value (EBV) curves for lactation of each animal. These curves showed the peak and persistency of milk production, which are additional useful informations for the selection. EBV rank correlation of RRTDM between STLM and MTLM were in the range of 0.5-0.91. This showed that the use of RRTDM gave the EBV rank similar STLM and MTLM. In conclusion, RRTDM has potential to estimate heritability and genetic evaluation instead of STLM and MTLM.

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์

ลายมือชื่อนักศึกษา.....

ปีการศึกษา 2545

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม.....