



สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์
กรมปศุสัตว์

คู่มือแนวทางการสร้างพ่อโคนม พันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์

Guidelines for Development of Tropical Holstein Sires

เลี้ยงง่าย อายุการให้ผลผลิตน้ำนมยืนนาน
ในปริมาณที่มากพอเหมาะ



ISBN : 978-616-358-494-6

สายนีห์ บัวบาน



คู่มือแนวทางการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์

โดย ศาสตราจารย์ บัณฑิต บัณฑิต

บรรณาธิการ ศาสตราจารย์ บัณฑิต บัณฑิต

ISBN : 978-616-358-494-6

ปีที่พิมพ์ : กรกฎาคม 2564

พิมพ์ครั้งที่ : 1 จำนวน 40 เล่ม หนา 152 หน้า

พิมพ์ที่ : บริษัท ละม่อม จำกัด

เลขที่ 442/7 ซอยลาดพร้าว (94 ปีญจมิตร) ถ. ศรีวิภา แขวงพลับพลา

เขตวังทองหลาง กรุงเทพมหานคร 10310

โทร : 0813434230 โทรสาร : 0 2934 5254

จัดทำโดย : สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์

กระทรวงเกษตรและสหกรณ์

คู่มือแนวทางการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์
Guidelines for Development of Tropical Holstein Sires

สายนันท์ บัวบาน

คำนำ

คู่มือแนวทางการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์เล่มนี้ เรียบเรียงขึ้นจากความรู้ และประสบการณ์ จากการทำงานของข้าพเจ้ามานานกว่า 30 ปี เพื่อให้เจ้าหน้าที่ที่เกี่ยวข้องทุกระดับใช้เป็นแนวทางในการดำเนินงาน สร้างและพิสูจน์พ่อพันธุ์โคนมชั้นเลิศสำหรับใช้ผลิตน้ำเชื้อบริการผสมเทียมให้กับเกษตรกรผู้เลี้ยงโคนมทั่วประเทศ ให้ เป็นไปในแนวเดียวกันทั้งประเทศ เนื้อหาที่สำคัญจะเกี่ยวข้องกับที่มาและความสำคัญ โปรแกรมการสร้างพ่อโคนม พันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ วิธีการดำเนินงานในแต่ละกิจกรรมที่เป็นมาตรฐาน เช่น กิจกรรมการทำทะเบียนประวัติ รับรองพันธุ์ สถิติการให้ผลผลิตน้ำนม และประเมินลักษณะรูปร่าง กิจกรรมการสร้างลูกโคเพศผู้ กิจกรรมการทดสอบ พ่อโคหนุ่ม และกิจกรรมการประเมินพันธุ์กรรม โดยเฉพาะในปัจจุบันมีการคัดเลือกพ่อและแม่พันธุ์ด้วยจีโนม จึงได้ เพิ่มเติมเนื้อหาในส่วนนี้มาด้วย พร้อมทั้งได้อธิบายวิธีการและเหตุผลประกอบโดยละเอียด นอกจากนี้ยังได้ครอบคลุม ถึงการใช้ประโยชน์จากข้อมูลที่ได้จากโครงการ ซึ่งสามารถใช้เป็นแนวทางเพิ่มประสิทธิภาพในการจัดการฟาร์ม และ การวางแผนการผสมพันธุ์ หรือการจับคู่ผสมพันธุ์พ่อแม่พันธุ์เพื่อผลิตลูกในรุ่นต่อมาให้มีศักยภาพทางพันธุกรรมสำหรับ ลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ เช่น ผลผลิตน้ำนม ผลผลิตไขมันนม และโปรตีนนม ความสมบูรณ์พันธุ์ ลักษณะ รูปร่าง ฯลฯ ที่ดีขึ้นกว่าเดิม เพื่อให้การปรับปรุงพันธุกรรมโคนมของประเทศมีความก้าวหน้าและประสบผลสำเร็จ ตามเป้าหมายที่ตั้งไว้

หวังว่าคู่มือแนวทางการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์นี้จะ เป็นอุปกรณ์ช่วยเหลือที่เป็นประโยชน์ สำหรับบุคคลที่เกี่ยวข้องทั้งโดยตรงและโดยอ้อมกับโครงการการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ ให้มีความรู้ ความเข้าใจ และความชำนาญที่เพียงพอ เพื่อที่จะดำเนินโครงการอย่างมีประสิทธิภาพและครอบคลุม หรือเป็น ประโยชน์สำหรับบุคคลที่สนใจทั่วไปใช้เป็นต้นแบบ หรือแนวทางในการพัฒนาพันธุ์สัตว์อื่นๆต่อไป ความผิดพลาดใดๆ ที่พบในคู่มือเล่มนี้ ผู้เขียนยินดีน้อมรับ

สารบัญ

หัวข้อ		หน้า
บทที่ 1	บทนำ	1
1.1	ความสำคัญของการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์	1
บทที่ 2	โปรแกรมการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์	5
2.1	วัตถุประสงค์การสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์	11
2.2	แผนการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์	12
2.3	การประเมินความก้าวหน้าของการปรับปรุงพันธุ์	15
บทที่ 3	การดำเนินงานของการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์	17
3.1	กิจกรรมการทำทะเบียนประวัติรับรองพันธุ์ สถิติการให้ผลผลิตน้ำนม ประเมินลักษณะรูปร่าง และเก็บตัวอย่างเลือดเพื่อสกัดดีเอ็นเอ	17
3.2	กิจกรรมการสร้างลูกโคเพศผู้	24
3.3	กิจกรรมการทดสอบพ่อโคหนุ่ม	36
3.4	กิจกรรมการประเมินพันธุ์กรรมสัตว์	51
บทที่ 4	การคัดเลือกด้วยจีโนม	61
4.1	ความสำคัญของการคัดเลือกด้วยจีโนม	61
4.2	การพัฒนาการคัดเลือกจากแบบดั้งเดิมสู่การคัดเลือกด้วยจีโนม	63
4.3	วิธีการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนม	71
4.4	ขั้นตอนของโปรแกรมการคัดเลือกด้วยจีโนม	75
4.5	การประยุกต์ใช้การคัดเลือกด้วยจีโนมในโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์	81
บทที่ 5	การประยุกต์ใช้ประโยชน์จากข้อมูลปรากฏและข้อมูลทางพันธุกรรม	85
5.1	ความสำคัญของการจัดบันทึกข้อมูล	85
5.2	การบันทึกข้อมูล	85
5.3	การบันทึกข้อมูลเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการจัดการฟาร์ม	89
5.4	การบันทึกข้อมูลเพื่อการวางแผนการผสมพันธุ์ หรือการจับคู่ผสมพันธุ์	96
5.5	การอ่านแคตตาล็อก หรือสมุดพ่อพันธุ์โคนม	98

	หัวข้อ	หน้า
บรรณานุกรม		109
ภาคผนวก		127
1	บทบาทและความรับผิดชอบของหน่วยงานที่เกี่ยวข้องในโครงการฯ	127
2	โมเดลทางสถิติสำหรับการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนม	131
3	ขบวนการย่อยและหมักอาหารโดยจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก	138
4	แบบฟอร์มที่ใช้สำหรับการบันทึกข้อมูลในโครงการฯ	142

สารบัญตาราง

		หัวข้อ	หน้า
บทที่ 3			
ตารางที่	3-1	แสดงรูปแบบพื้นฐานของจีโนไทป์ลูกที่เกิดจากการผสมพันธุ์ระหว่าง Heterozygous ของยีน 1 คู่ ของลักษณะที่ถูกข่มสมบูรณ์	34
ตารางที่	3-2	สรุปการวิเคราะห์ผลการตรวจยีนแฝงบนสีแดงในโคนม	36
ตารางที่	3-3	แสดงการให้น้ำหนักความสำคัญของลักษณะรูปร่างพ่อพันธุ์โคนม	39
บทที่ 4			
ตารางที่	4-1	แสดงปัจจัยที่มีผลต่อความแม่นยำของค่าพันธุ์กรรมจีโนม	74
ตารางที่	4-2	แสดงการเปรียบเทียบระหว่างความเชื่อมั่นของ GEBV และ EBV สำหรับบางลักษณะในโคนม	75
ตารางที่	4-3	แสดงความก้าวหน้าทางพันธุกรรมโดยรวมที่ได้รับเมื่อใช้การคัดเลือกด้วยจีโนม สำหรับโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์โคนมในระบบการเลี้ยงของประเทศไทย	83
บทที่ 5			
ตารางที่	5-1	แสดงการแปลความหมายจากค่าความแม่นยำ	100
ภาคผนวก			
ตารางที่	ภ-1	แสดงระดับการย่อยได้ง่ายในกระเพาะหมักของวัตถุดิบอาหารสัตว์แหล่งโปรตีน และแป้ง	141

สารบัญรูปภาพ

	หัวข้อ	หน้า
บทที่ 2		
รูปภาพที่ 2-1	แสดงโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์สัตว์	5
รูปภาพที่ 2-2	แสดงรายละเอียดขั้นตอนการดำเนินการตามโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์สัตว์	6
รูปภาพที่ 2-3	แสดงแผนการปรับปรุงพันธุ์โคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์	13
รูปภาพที่ 2-4	แสดงเส้นทางการถ่ายทอดพันธุกรรมจากปู่ย่าตายายถึงหลาน	16
บทที่ 3		
รูปภาพที่ 3-1	แสดงถังนมสำหรับใช้ชั่งปริมาณน้ำนมที่รีดเก็บได้แต่ละครั้ง	18
รูปภาพที่ 3-2	แสดงการรีดนมด้วยมือ และการรีดนมด้วยเครื่องรีดนมแบบถังเดียว (Bucket milking)	19
รูปภาพที่ 3-3	แสดงการรีดนมด้วยเครื่องรีดนมแบบท่อลำเลียงนม (Pipeline milking) และมีเครื่องวัดปริมาณน้ำนม (Milk meter)	19
รูปภาพที่ 3-4	แสดงห้องปฏิบัติการตรวจวิเคราะห์คุณภาพน้ำนม	21
รูปภาพที่ 3-5	แสดงลักษณะรูปร่างแม่โคนมที่ทำการประเมิน 17 ลักษณะ	23
รูปภาพที่ 3-6	แสดงการเก็บตัวอย่างเลือดเพื่อสกัดดีเอ็นเอ	23
รูปภาพที่ 3-7	แสดงเทคโนโลยีชีวภาพทางการสืบพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์แม่ของพ่อพันธุ์ด้วยพ่อของพ่อพันธุ์ (AI & ET)	26
รูปภาพที่ 3-8	แสดงเทคโนโลยีชีวภาพทางการสืบพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์พ่อของพ่อพันธุ์และแม่ของพ่อพันธุ์ (OPU-IVF-ET)	28
รูปภาพที่ 3-9	แสดงขั้นตอนการส่งลูกโคนมเพศผู้เข้าสถานีทดสอบสมรรถภาพและฝึกสัตว์พ่อพันธุ์ผสมเทียม	31
รูปภาพที่ 3-10	แสดงความผิดปกติที่เกิดจากโรค Bovine leukocyte adhesion deficiency (BLAD)	32
รูปภาพที่ 3-11	แสดงความผิดปกติที่เกิดจากโรค Complex vertebral malformation (CVM)	33
รูปภาพที่ 3-12	แสดงแผนผังแสดงการถ่ายทอดทางพันธุกรรมจากการผสมพันธุ์ระหว่างโคพันธุ์แท้ที่มีขนขาว-ดำเพศผู้ กับโคพันธุ์แท้ที่มีขนสีแดงเพศเมีย	33

		หัวข้อ	หน้า
รูปภาพที่	3-13	แสดงลูกโคที่เกิดจากพ่อโคที่มียืนแฝงของขนสีแดง	35
รูปภาพที่	3-14	แสดงโรงเรือนสำหรับทดสอบสมรรถภาพ (ลูกโคเพศผู้)	37
รูปภาพที่	3-15	แสดงโรงเรือนสำหรับทดสอบสมรรถภาพ (โคหนุ่มเพศผู้)	37
รูปภาพที่	3-16	แสดงการชั่งน้ำหนักตัว	38
รูปภาพที่	3-17	แสดงการวัดความสูง ความยาวลำตัว และรอบอก	38
รูปภาพที่	3-18	แสดงการวัดขนาดอวัยวะ	38
รูปภาพที่	3-19	แสดงลักษณะโครงสร้าง (ความยาวสะโพก)	40
รูปภาพที่	3-20	แสดงลักษณะโครงสร้าง (ความกว้างสะโพก)	40
รูปภาพที่	3-21	แสดงลักษณะโครงสร้าง (มุมสะโพก)	41
รูปภาพที่	3-22	แสดงลักษณะโครงสร้าง (โคนหาง และไหล่)	41
รูปภาพที่	3-23	แสดงลักษณะโครงสร้าง (ความสูงสัมพัทธ์ และเอว)	42
รูปภาพที่	3-24	แสดงลักษณะโครงสร้าง (หัว ความสูง และอวัยวะ)	43
รูปภาพที่	3-25	แสดงลักษณะขา	44
รูปภาพที่	3-26	แสดงลักษณะการเดิน	44
รูปภาพที่	3-27	แสดงลักษณะกีบ	45
รูปภาพที่	3-28	แสดงลักษณะโคนม (ลักษณะความเป็นโคนม)	45
รูปภาพที่	3-29	แสดงลักษณะโคนม (ผิวหนัง และขน)	46
รูปภาพที่	3-30	แสดงลักษณะความจุร่างกาย (ความลึกของลำตัว)	46
รูปภาพที่	3-31	แสดงลักษณะความจุร่างกาย (ความลึก และความกว้างของอก)	47
รูปภาพที่	3-32	แสดงขบวนการรีดเก็บน้ำเชื้อ และการทดสอบคุณภาพน้ำเชื้อในห้องปฏิบัติการ	49
รูปภาพที่	3-33	แสดงไดอะแกรมของผลตอบแทนทางพันธุกรรม	51
รูปภาพที่	3-34	สรุปกิจกรรมการดำเนินงานสร้างฟาร์มโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์	60
บทที่ 4			
รูปภาพที่	4-1	แสดงแผนผังของวิธีการคัดเลือกในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์	63
รูปภาพที่	4-2	แสดงการพัฒนาการคัดเลือกจากวิธีการแบบดั้งเดิมสู่การคัดเลือกด้วยจีโนม	64
รูปภาพที่	4-3	แสดงลักษณะการเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายทางพันธุกรรมแบบแบบสุมหรือสมดุล (Linkage equilibrium, LE) และแบบไม่สุมหรือไม่สมดุล (Linkage disequilibrium, LD)	67
รูปภาพที่	4-4	แสดงแนวคิดในการคัดเลือกด้วยจีโนม	69

		หัวข้อ	หน้า
รูปภาพที่	4-5	แสดงขั้นตอนของโปรแกรมการคัดเลือกด้วยจีโนม	76
รูปภาพที่	4-6	แสดงการจัดเก็บตัวอย่างน้ำเชื้อพ่อพันธุ์ และตัวอย่างเลือดของพ่อแม่โคเพื่อ สกัดดีเอ็นเอ	77
รูปภาพที่	4-7	แสดงการสกัดดีเอ็นเอ และการตรวจวัดความเข้มข้นและความบริสุทธิ์	77
รูปภาพที่	4-8	แสดงการตรวจหาข้อมูลความผันแปรทางพันธุกรรมในระดับจีโนม	78
รูปภาพที่	4-9	แสดงการรวบรวมข้อมูลฟีโนไทป์ และพันธุ์ประวัติ	79
รูปภาพที่	4-10	แสดงการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนมตามวิธีการ GBLUP	80
รูปภาพที่	4-11	แสดงตัวอย่างสมุดพ่อพันธุ์ กรมปศุสัตว์จากการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนม	80
รูปภาพที่	4-12	แสดงช่วงเวลาของโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์แบบดั้งเดิมโดยใช้พ่อพันธุ์ที่ มีการทดสอบลูกหลาน	82
รูปภาพที่	4-13	แสดงช่วงเวลาของโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์เชิงรุกโดยใช้พ่อพันธุ์ที่มี ข้อมูลจีโนมเป็นพ่อพันธุ์ของลูกเพศผู้	82
บทที่ 5			
รูปภาพที่	5.1	แสดงแผนผังการเชื่อมโยงของโคชนะที่เป็นผลพลอยได้ที่เกิดจากขบวนการ ย่อยและหมักอาหารของจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก โคชนะที่หมუნเวียนใน กระแสเลือด และโคชนะตั้งต้นขององค์ประกอบน้ำมัน (C2: กรดอะซิติก C3: กรดโพรพิโอนิก C4: กรดบิวไทริก)	91
รูปภาพที่	5-2	แสดงการกระจายของค่าการผสมพันธุ์จีโนมมาตรฐาน	99
รูปภาพที่	5-3	แสดงตัวอย่างสมุดพ่อพันธุ์โคนม กรมปศุสัตว์	101
รูปภาพที่	5-4	แสดงพันธุ์ประวัติ ค่าพันธุกรรมจีโนมสำหรับลักษณะที่สำคัญของพ่อพันธุ์	102
รูปภาพที่	5-5	แสดงประวัติการให้ผลผลิตน้ำนมของลูกสาวของพ่อพันธุ์	102
รูปภาพที่	5-6	แสดงรายละเอียดข้อมูลประจำตัว และพันธุ์ประวัติของพ่อพันธุ์	103
รูปภาพที่	5-7	แสดงรายละเอียดของค่าพันธุกรรมจีโนมของพ่อพันธุ์โคนมสำหรับลักษณะการ ให้ผลผลิตน้ำนม และความสมบูรณ์พันธุ์	105
รูปภาพที่	5-8	แสดงรายละเอียดของค่าพันธุกรรมจีโนมมาตรฐานสำหรับลักษณะรูปร่างของ พ่อพันธุ์	106
รูปภาพที่	5-9	แสดงรายละเอียดการแสดงผลของการให้ผลผลิตน้ำนมของลูกสาวของพ่อ พันธุ์	107

หัวข้อ			หน้า
ภาคผนวก			
รูปภาพที่	ภ-1	แสดงผลที่เกิดจากขบวนการย่อยและหมักคาร์โบไฮเดรตโดยจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก	139
รูปภาพที่	ภ-2	แสดงผลที่เกิดจากขบวนการย่อยและหมักโปรตีนโดยจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก	140
รูปภาพที่	ภ-3	แสดงแบบฟอร์มสำหรับการทำประวัติประจำตัวโคนม	142
รูปภาพที่	ภ-4	แสดงแบบฟอร์มสำหรับการผสมเทียม	142
รูปภาพที่	ภ-5	แสดงแบบฟอร์มสำหรับการทำสถิติการให้ผลผลิตน้ำนม	144
รูปภาพที่	ภ-6	แสดงแบบฟอร์มสำหรับการประเมินลักษณะรูปร่าง	152

1

บทนำ

Introduction

1.1 ความสำคัญของการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์

อาชีพการเลี้ยงโคนมเป็นอาชีพพระราชทานที่พระบาทสมเด็จพระปรมินทรมหาภูมิพลอดุลยเดช ทรงมีพระราชปณิธาน และทรงวางรากฐานจากพระอัจฉริยภาพและสายพระเนตรที่ยาวไกลในการเลี้ยงโคนม นับตั้งแต่ที่พระองค์เสด็จพระราชดำเนินพร้อมด้วยสมเด็จพระนางเจ้าสิริกิติ์ พระบรมราชินีนาถ พระเจ้าเฟรดเดอริกที่ 9 และพระราชินีอิงกริด แห่งเดนมาร์ก ทรงเปิดฟาร์มโคนมไทย-เดนมาร์ก อย่างเป็นทางการในวันที่ 16 มกราคม 2505 ณ ต.มวกเหล็ก อ.มวกเหล็ก จ.สระบุรี (ที่ตั้งฟาร์มโคนมไทย-เดนมาร์กในปัจจุบัน) ซึ่งเป็นโครงการที่รัฐบาลและประชาชนประเทศเดนมาร์กจัดถวายในวโรกาสเสด็จประพาสยุโรปในปีพุทธศักราช 2503 โดยเมื่อเสด็จถึงประเทศเดนมาร์กซึ่งเป็นประเทศที่มีชื่อเสียงทางการเลี้ยงโคนมของยุโรป พระองค์ทรงสนพระราชหฤทัยในกิจการฟาร์มโคนมของชาวเดนมาร์กเป็นอย่างมาก ด้วยทรงเล็งเห็นว่าอาชีพการเลี้ยงโคนมจะช่วยให้ชาวไทยได้บริโภคอาหารที่มีคุณค่า ทำให้เกษตรกรมีอาชีพที่มั่นคงเป็นหลักแหล่งไม่ต้องบุกรุกทำไร่เลื่อนลอย ลดการนำเข้านมและผลิตภัณฑ์นมจากต่างประเทศ ตลอดจนทดแทนการปลูกพืชที่มีปัญหาทางการผลิตและการตลาด ซึ่งถือว่าเป็นจุดเริ่มต้นของการทำฟาร์มโคนม จนทำให้ประเทศไทยปัจจุบันเป็นประเทศที่ประสบความสำเร็จมากที่สุดในภูมิภาคเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ (Southeast Asia, SEA) ในด้านการส่งเสริมการเลี้ยงโคนม และส่งเสริมการบริโภคน้ำนมโคของประชากรจากพระราชกรณียกิจของพระองค์ที่มีต่อกิจการโคนมไทยดังกล่าว จึงทรงได้รับการน้อมเกล้าฯ ถวายพระราชสมัญญาว่า “พระบิดาแห่งการโคนมไทย” (Marketplus, 2016)

โดยความเป็นจริงแล้วโคนมไม่ได้เป็นสัตว์พื้นถิ่นของประเทศในเขตเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ ซึ่งตั้งอยู่ภายใต้สภาพภูมิอากาศร้อนชื้น (Tropical area) โคที่กำเนิดในท้องถิ่นเป็นโคพื้นเมืองที่มีลักษณะรูปร่างเล็ก ทนร้อน เหมาะสำหรับการเลี้ยงไว้เพื่อการใช้แรงงานทางการเกษตร และผลิตเป็นเนื้อโค แต่ต่อมาประเทศเหล่านี้มีความต้องการผลิตภัณฑ์นมเพิ่มขึ้นเนื่องจากมีความเจริญรุ่งเรืองทางเศรษฐกิจ และการเจริญเติบโตของประชากรในเมือง และชนเมืองมากขึ้น ดังนั้นหนึ่งในข้อเสนอแรกเพื่อตอบสนองความต้องการเหล่านี้คือเพิ่มกำลังการผลิตของสัตว์ที่ให้นม อย่างไรก็ตามศักยภาพการผลิตน้ำนมของโคพื้นเมืองนั้นต่ำเมื่อเทียบกับโคในเขตอบอุ่น จึงมีความพยายามหลายประการในการเพิ่มประสิทธิภาพการผลิตน้ำนมดิบในประเทศ โดยการนำเข้าโคนมพันธุ์แท้ทั้งพ่อและแม่พันธุ์จาก

ประเทศในเขตอบอุ่น การผสมข้ามพันธุ์ระหว่างโคนมเขตอบอุ่นกับโคพื้นเมือง และการคัดเลือกพันธุ์ (Stetshwaelo and Adebambo, 1992)

สำหรับการพัฒนาพันธุ์กรรมโคนมของประเทศไทย ได้เริ่มต้นตั้งแต่ปี 2499 โดยนายสัตวแพทย์ทศพร สุทธิคำ (ขณะนั้นสังกัด หน่วยผสมเทียมกลาง กรมปศุสัตว์ กระทรวงเกษตรและสหกรณ์) ซึ่งเป็นท่านแรกที่นำเทคโนโลยีเทคโนโลยีการผสมเทียมมาใช้เป็นเครื่องมือในการขยายและปรับปรุงพันธุ์โคนมจนถึงปัจจุบันนับเป็นเวลามากกว่า 60 ปี ทำให้การผสมเทียมเป็นเครื่องมือที่สำคัญควบคู่ไปกับการเลี้ยงโคนม จนในปัจจุบันงานผสมเทียมของประเทศไทยได้เจริญก้าวหน้าทัดเทียมนานาชาติอารยะประเทศ มีการใช้การผสมเทียมในการเลี้ยงโคนมมากกว่า 90% ตลอดระยะเวลาที่นายสัตวแพทย์ทศพรได้พยายามถ่ายทอด เผยแพร่ความรู้ สร้างสรรค์ผลงาน และวางรากฐานงานผสมเทียมของประเทศไทย จนงานผสมเทียมเป็นที่ยอมรับจากเกษตรกรอย่างแพร่หลาย โดยเฉพาะเกษตรกรผู้เลี้ยงโค ทำให้หน่วยผสมเทียมได้รับการพัฒนาจากหน่วยงานผสมเทียมกลางเป็น “กองผสมเทียม” เมื่อวันที่ 20 กรกฎาคม พ.ศ. 2516 และปัจจุบันยกฐานะขึ้นเป็น “สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์” ตั้งแต่ ตุลาคม พ.ศ. 2545 นายสัตวแพทย์ทศพร สุทธิคำ จึงได้รับการยกย่องว่าเป็น “บิดาแห่งการผสมเทียมของประเทศไทย” (สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์, 2559) การผสมเทียมจึงเป็นหนึ่งในเครื่องมือสำคัญที่ช่วยให้การพัฒนาพันธุ์โคนมของไทยประสบความสำเร็จมาจนถึงปัจจุบัน

การพัฒนาพันธุ์โคนมของไทยในระยะเริ่มต้น ดำเนินการภายใต้กลยุทธ์และนโยบายที่องค์การอาหารและการเกษตรแห่งสหประชาชาติ (FAO) แนะนำ คือการปรับปรุงโคพื้นเมืองโดยการผสมข้ามกับสายพันธุ์โคนมยุโรปพันธุ์แท้ ได้แก่ พันธุ์บราวน์สวิส (Brown Swiss, BS), เจอร์ซี (Jersey, JS), เรดเดน (Red Dane, RD) โฮลสไตน์ฟริเซียน (Holstein Friesian, HF) และ อิลลาวารา ชอร์ทฮอร์น (Illawara Shorthorn, IS) และพันธุ์โคนมจากประเทศในเขตร้อน ได้แก่ พันธุ์เรดซินดิ (Red Sindhi, RS) และซาฮิวาล (Sahiwal, SW) ในรูปแบบของโคนมพันธุ์แท้ที่มีชีวิตและน้ำเชื้อแช่แข็ง ด้วยการผสมข้ามพันธุ์โคพันธุ์พื้นเมืองและโคที่มีเลือดโคอินเดียของชาวอินเดียที่เลี้ยงในแถบชานเมืองกรุงเทพฯ แบบยกระดับสายเลือด (Up-grading) ซึ่งคาดหวังว่าการผสมข้ามพันธุ์พื้นเมืองด้วยพันธุ์โคนมในเขตอบอุ่นจะได้ผลผลิตน้ำนมสูง และทนต่อความเครียดจากความร้อน (Philipsson, 2000) ซึ่งจะทำให้ประเทศไทยสามารถเพิ่มผลผลิตน้ำนมได้อย่างมีนัยสำคัญ ต่อมายังได้มีการนำเข้าโคนมมาจากต่างประเทศทั้งพันธุ์แท้โฮลสไตน์ฟริเซียน และโคลูกผสมพันธุ์ออสเตรเลีย ฟริเซียน ซาฮิวาล (Australian Friesian Sahiwal, AFS) ในรูปของตัวสัตว์ น้ำเชื้อ และตัวอ่อน จนทำให้โคนมของประเทศไทยมีสายพันธุ์โคนมหลากหลายพันธุ์ และยังไม่มีทิศทางที่แน่นอน

กรมปศุสัตว์ได้ดำเนินการวิเคราะห์ตลาดผลิตภัณฑ์นมทั้งในประเทศ และประเทศเพื่อนบ้านโดยรอบ พบว่าตลาดหลักของผลิตภัณฑ์นมคือนมพร้อมดื่ม จึงได้มีนโยบายที่จะเลือกใช้โคนมพันธุ์โฮลสไตน์ฟริเซียนเป็นพันธุ์หลักในการนำมาพัฒนาโคนมในประเทศ เนื่องจากเป็นพันธุ์ที่มีความดีเด่นด้านการให้ปริมาณผลผลิตน้ำนมสูง และมีการกระจายพันธุ์กรรมกว้างขวางทั่วโลกสอดคล้องและตอบสนองต่อตลาดผลิตภัณฑ์นมของประเทศไทยที่มีการบริโภคน้ำนมพร้อมดื่มเป็นหลัก การนำพันธุ์กรรมที่ดีเด่นดังกล่าวมาใช้ในการเพิ่มปริมาณและปรับปรุงประสิทธิภาพการให้

ปริมาณผลผลิตน้ำนมของโคนมภายในฟาร์ม จึงส่งผลทำให้ประชากรโคนมส่วนใหญ่ของประเทศมีระดับสายเลือดของโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเชียนสูงขึ้นเรื่อย ๆ จนเข้าใกล้พันธุ์แท้

จากการศึกษาของกรมปศุสัตว์โดยใช้ชุดข้อมูลขนาดใหญ่ของประเทศพบว่าโคนมลูกผสมที่มีเลือดโคเชตอปุ่นสูง (มากกว่า 87.5 %) มีแนวโน้มจะให้ผลผลิตสูงแต่จะต้องมีการจัดการเลี้ยงดูให้ใกล้เคียงกับประเทศต้นกำเนิดโคนมลูกผสมสายเลือดเชตอปุ่นสูงดังกล่าวมีปัญหาในการปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมและพืชอาหารสัตว์ในประเทศมีความต้านทานต่อโรคและแมลงในเขตร้อนชื้นต่ำ มีผลทำให้กินอาหารได้น้อย ผลผลิตน้ำนมไม่มากตามศักยภาพ นอกจากนี้ยังมีปัญหาในการสืบพันธุ์ เช่น การเป็นสัดไม่สม่ำเสมอ เป็นสัดไม่ชัดเจน เป็นสัดเจ็บ ผสมติดยาก ผสมซ้ำหลายครั้ง คลอดลูกยาก มีรกค้าง และกลับสัดหลังคลอดซ้ำ (Tumwasorn, 2014) ดังนั้นการปรับปรุงพันธุ์ด้วยน้ำเชื้อพ่อพันธุ์โคนมเชตอปุ่นพันธุ์แท้จึงไม่สามารถจะทำได้ตลอดไป

เพื่อสนองพระราชปณิธานของพระบาทสมเด็จพระเจ้าอยู่หัวภูมิพลอดุลยเดช รัชกาลที่ 9 และเตรียมการตอบสนองต่อตลาดน้ำนมที่มีแนวโน้มขยายตัวในอนาคต รัฐบาลโดยกรมปศุสัตว์จึงได้มีนโยบายสนับสนุนให้สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ ดำเนินการพัฒนาพันธุ์โคนมของไทยที่มีความเหมาะสมกับ การเลี้ยงดูสภาพแวดล้อม สภาพภูมิอากาศ และตลาดผลิตภัณฑ์นม สำหรับเป็นพันธุ์โคนมประจำชาติของไทย โดยจัดทำแผนการปรับปรุงพันธุ์โคนมภายในประเทศขึ้น และผลิตพ่อพันธุ์โคนมที่มีพันธุกรรมดีเลิศสำหรับใช้ผลิตน้ำเชื้อแช่แข็งเพื่อปรับปรุงและขยายพันธุ์โคนมด้วยการผสมเทียมให้กับแม่โคนมของเกษตรกรทั่วประเทศภายใต้โครงการพัฒนาโคนม กิจกรรมพัฒนาและผลิตน้ำเชื้อพ่อโคนมพันธุ์ดี (Master Bull Project, MBP) ซึ่งได้เริ่มดำเนินโครงการมาตั้งแต่ปี พ.ศ. 2534 (กรมปศุสัตว์, 2534) ต่อมาได้ปรับเปลี่ยนชื่อเป็นโครงการพัฒนาโคนม กิจกรรมการผลิตพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ (Tropical Holstein, TH) (จूरรัตน์, 2555) โครงการดังกล่าวได้รับการสนับสนุนงบประมาณจากรัฐบาลเพื่อพัฒนากิจกรรมและสิ่งอำนวยความสะดวกที่จำเป็นสำหรับการดำเนินโครงการ ได้แก่ การจัดตั้งหน่วยทะเบียนประวัติ โดยการทำเครื่องหมายประจำตัวสัตว์ และทำบัตรประจำตัวโค การจัดทำแนวทางการบันทึกผลผลิตน้ำนม (Milk recording scheme) การบันทึกข้อมูลการผสมเทียม (AI recording) การประเมินลักษณะรูปร่าง การจัดตั้งห้องปฏิบัติการตรวจวิเคราะห์คุณภาพน้ำนม ทุกกิจกรรมดำเนินการโดยเจ้าหน้าที่ของกรมปศุสัตว์ (ยกเว้นการบันทึกผลผลิตน้ำนมที่เกษตรกรบางฟาร์มที่ได้รับการถ่ายทอดจากเจ้าหน้าที่ของกรมปศุสัตว์สามารถดำเนินการแทนได้) ตลอดจนได้เริ่มพัฒนาโปรแกรมการบันทึกข้อมูล และระบบฐานข้อมูลโคนมระดับประเทศเป็นรายแรก และต่อมาได้พัฒนาโปรแกรมการทดสอบความสามารถในการให้ผลผลิตของลูกสาว (Progeny test) เพื่อการพัฒนาพันธุ์อย่างต่อเนื่องตั้งแต่นั้นเป็นต้นมา

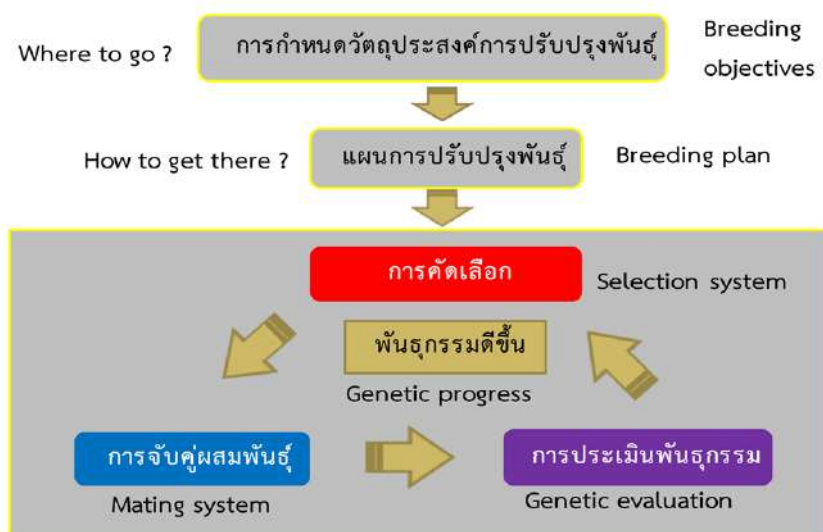
แม้ว่าการพัฒนาพันธุ์โคนมจะต้องใช้ความต่อเนื่องเป็นเวลายาวนาน และค่าใช้จ่ายในการดำเนินงานสูง แต่เป็นการลงทุนที่มีผลตอบแทนคุ้มค่า เนื่องจากเป็นการปรับปรุงฝูงโคนมอย่างถาวรและยั่งยืนที่สามารถถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมไปยังรุ่นลูกหลานได้ ประกอบกับในปัจจุบันนี้เทคโนโลยีต่าง ๆ เช่น เทคโนโลยีชีวภาพทางระบบสืบพันธุ์ (การผสมเทียม และการย้ายฝากตัวอ่อน) เทคโนโลยีการปรับปรุงพันธุ์ และเทคโนโลยีทางด้าน

คอมพิวเตอร์ เป็นต้น มีความเจริญก้าวหน้าอย่างต่อเนื่อง จึงมีความจำเป็นที่จะต้องนำเอาเทคโนโลยีต่าง ๆ ดังกล่าวมาช่วยในการพัฒนาพันธุ์โคนม และหากประเทศไทยมีพันธุ์โคนมเป็นของตนเองจะทำให้ประเทศไทยสามารถลดความเสี่ยงจากการนำเข้าโรคติดต่อ สามารถพึ่งพาตนเองได้ สร้างความมั่นคงด้านอาหาร เกิดความยั่งยืนในการเลี้ยงโคนม เพิ่มโอกาสในการขยายธุรกิจการเลี้ยงและผลิตโคนมของไทยโดยมีโคนมพันธุ์ที่เหมาะสมพร้อมที่จะขยายพันธุ์ไปสู่ประเทศเพื่อนบ้านที่มีสภาพภูมิอากาศ และสภาพแวดล้อมใกล้เคียงกับประเทศไทยได้ เนื่องจากไทยเป็นประเทศเดียวในแถบอาเซียนที่มีการพัฒนาพันธุ์โคนมในเขตร้อน และที่สำคัญที่สุดเมื่อมีพันธุ์โคนมที่เหมาะสมของประเทศเองจะเป็นอีกแนวทางหนึ่งในการเตรียมความพร้อม และเพิ่มขีดความสามารถในการแข่งขันให้แก่เกษตรกรผู้เลี้ยงโคนมของประเทศไทยให้สามารถรองรับข้อตกลงเขตการค้าเสรี (Free Trade Agreement: FTA) และองค์การการค้าโลก (World Trade Organization: WTO) และเข้าแข่งขันกับประชาคมเศรษฐกิจอาเซียน (Asean Economics Community: AEC) ได้ทันต่อเหตุการณ์

2

โปรแกรมการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ Breeding Program of Tropical Holstein Sires

การปรับปรุงพันธุ์สัตว์ (Animal improvement or Animal breeding) เป็นกระบวนการที่เกี่ยวข้องกับการคัดเลือกเพื่อการผสมพันธุ์ (Selective breeding) โดยอาศัยการคัดเลือกสัตว์เพศผู้และเพศเมียที่มีคุณลักษณะจำเพาะตามที่กำหนด (เช่น ลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจต่างๆ) เพื่อนำไปผสมพันธุ์ โดยมีการตั้งเป้าหมายไว้ล่วงหน้า (Predefined goal) สำหรับการปรับปรุงพันธุกรรมของประชากรให้เป็นไปในทิศทางที่กำหนด ซึ่งโดยทั่วไปแล้วการปรับปรุงพันธุ์สัตว์มีเจตนาในการคัดเลือกสัตว์ที่ดีที่สุดสำหรับลักษณะที่กำหนด เพื่อใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์ในการผสมพันธุ์ ส่งผลให้ลูกสัตว์ที่เกิดขึ้นในรุ่นถัดไปมีลักษณะหรือมีพันธุกรรมที่ดีกว่ารุ่นพ่อแม่สำหรับลักษณะที่ต้องการ



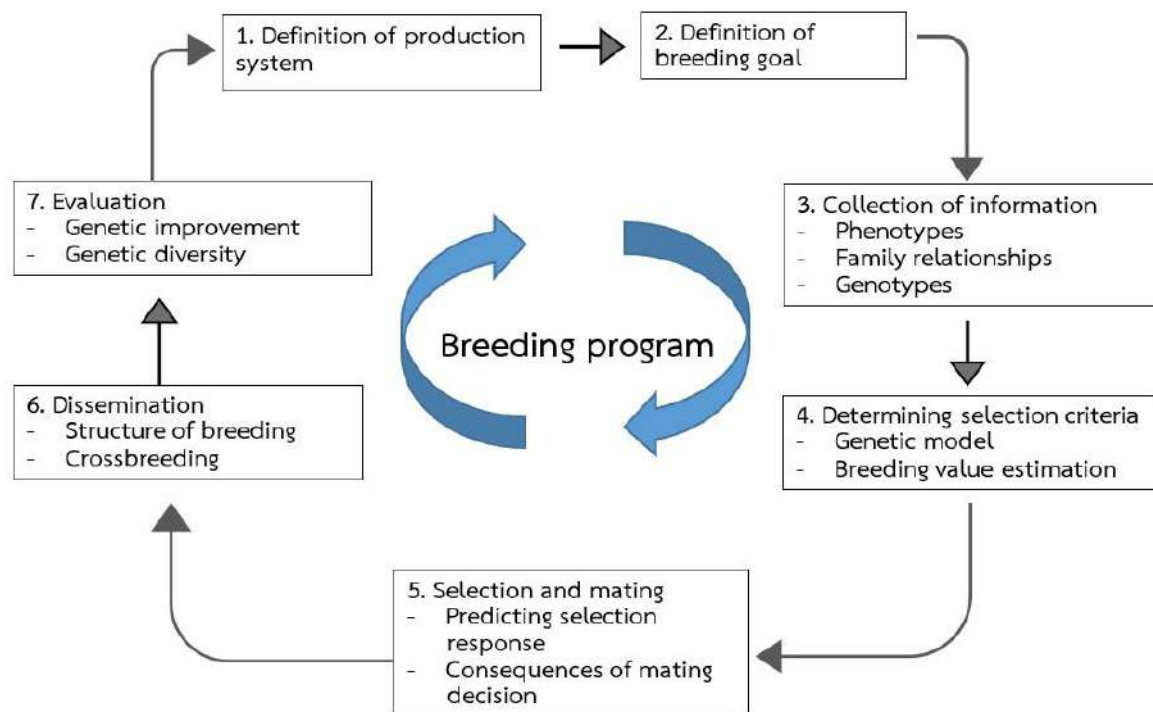
รูปภาพที่ 2-1 แสดงโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์สัตว์

ที่มา: ศกร (2560)

โดยทั่วไปในการพัฒนาและปรับปรุงพันธุ์สัตว์จำเป็นจะต้องมีโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ (Breeding program) ที่ตอบสนองต่อระบบการผลิต และความต้องการของตลาดในอนาคต เนื่องจากในการคัดเลือกและ

ปรับปรุงพันธุ์สัตว์เพื่อให้ได้รับผลตามที่ต้องการต้องใช้ระยะเวลายาวนาน ใช้เงินลงทุนสูง ใช้บุคลากรเกี่ยวข้องมากมาย ในขณะเดียวกันก็มีความเสี่ยงต่อการเปลี่ยนแปลงของตลาด ความต้องการของผู้บริโภค และระบบการผลิตที่อาจเปลี่ยนแปลงได้ตลอดเวลา ดังนั้นก่อนดำเนินการจึงจำเป็นต้องเข้าใจกระบวนการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ทั้งหมด ในขั้นแรก ซึ่งถือว่าเป็นหัวใจของการปรับปรุงพันธุ์สัตว์นั้นจะต้องเข้าใจให้อ่องแท้ว่าต้องการปรับปรุงให้สัตว์ไปในทิศทางใด (Where to go) นั่นคือต้องกำหนดวัตถุประสงค์ของการปรับปรุงพันธุ์ (**Breeding objective**) ให้ชัดเจนตั้งแต่เริ่มต้น โปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ให้สอดคล้องกับระบบการผลิต และตอบสนองต่อตลาดผลิตภัณฑ์ในทุกะดับของอุตสาหกรรม จากนั้นจะต้องทราบว่าจะไปถึงเป้าหมายนั้นได้อย่างไร (How to get there) ซึ่งจะต้องทำการวางแผนการปรับปรุงพันธุ์ (**Breeding plan**) เพื่อให้ได้สัตว์ตามที่ต้องการ โดยมีระบบการคัดเลือก (Selection system) และระบบการผสมพันธุ์ (Mating system) การวางแผนการปรับปรุงพันธุ์ที่เหมาะสม มีความยืดหยุ่นที่ปรับเปลี่ยนได้ตามการเปลี่ยนแปลงของตลาดและระบบการผลิต มีความสำคัญอย่างยิ่งต่อความสำเร็จในการพัฒนาและปรับปรุงพันธุ์สัตว์ในระยะยาว และสุดท้ายจะต้องประเมินความสำเร็จทางพันธุกรรม (**Evaluation of genetic improvement**) ที่ได้จากการพัฒนาและปรับปรุงพันธุ์ได้ (รูปภาพที่ 2-1)

อย่างไรก็ตามหากพิจารณาในรายละเอียดการดำเนินการตามโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ข้างต้น และเพื่อให้ประสบผลสำเร็จแล้ว จำเป็นต้องมีความรู้ความเข้าใจในขั้นตอนการดำเนินการต่างๆ โดยสังเขป (รูปภาพที่ 2-2) ดังนี้



รูปภาพที่ 2-2 แสดงรายละเอียดขั้นตอนการดำเนินการตามโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์สัตว์
ที่มา: Oldenbroek, and Liesbeth (2014)

1. การกำหนดลักษณะของระบบการผลิต (Definition of production system) ต้องทำความเข้าใจในระบบการผลิตของสัตว์ที่กำลังจะปรับปรุงพันธุ์กรรม ต้องมีความเข้าใจในวัตถุประสงค์ของระบบการผลิต เช่น ในประเทศกำลังพัฒนาจะเน้นการผลิตเพื่อให้ได้ปริมาณอาหารที่เพียงพอ ขนหรือหนัง แรงงาน หรือมูลสัตว์ ส่วนในประเทศที่พัฒนาแล้วระบบการผลิตมักให้ความสำคัญมากขึ้นในด้านสุขภาพ และสวัสดิภาพสัตว์ เป็นต้น ทั้งนี้ระบบการผลิตจะขึ้นอยู่กับหลายปัจจัย เช่น ความพึงพอใจของเกษตรกร/เจ้าของสัตว์ ความต้องการของผู้บริโภค อุตสาหกรรมอาหาร และปัจจัยด้านสาธารณสุขอื่นๆ

2. การกำหนดเป้าหมายหรือวัตถุประสงค์ของการปรับปรุงพันธุ์ (Definition of breeding goal or breeding objective) เป็นการตั้งเป้าหมายว่าต้องการปรับปรุงพันธุ์สำหรับลักษณะใด อาจแตกต่างกันไปในแต่ละกลุ่มประชากรสัตว์แม้ว่าจะเป็นสัตว์ชนิดหรือสายพันธุ์เดียวกัน สามารถกำหนดเพื่อบ่งชี้พัฒนาคุณลักษณะใดลักษณะหนึ่ง หรืออาจสนใจพัฒนาหลายลักษณะพร้อมกันภายใต้โปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์เดียวกันที่สามารถดำเนินการได้ โดยทั่วไปการกำหนดวัตถุประสงค์ของการปรับปรุงพันธุ์นิยามกำหนดตามความต้องการของตลาดและผู้บริโภค ตามลักษณะสำคัญทางเศรษฐกิจของรายชนิดสัตว์นั้นๆ ขั้นตอนนี้ต้องอาศัยการศึกษาอย่างละเอียดถี่ถ้วน และต้องเป็นเป้าหมายที่คงอยู่ยาวนาน เนื่องจากการปรับปรุงพันธุ์สัตว์จะมีประสิทธิภาพก็ต่อเมื่อเป้าหมายในการปรับปรุงพันธุ์ได้รับการดำเนินการอย่างต่อเนื่องหลายๆ รุ่น เช่นการปรับปรุงพันธุ์เพื่อเน้นลักษณะด้านผลผลิต คุณภาพ สุขภาพ สวัสดิภาพสัตว์ และความสมบูรณ์พันธุ์ เป็นต้น ตัวอย่างเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์โคนมของประเทศเนเธอร์แลนด์ ในปี ค.ศ. 2014 คือ “ได้แม่โคนมที่มีสุขภาพดี อายุการให้ผลผลิตยืนนาน อันจะเป็นการเพิ่มผลกำไรแก่เกษตรกร” โดยลักษณะที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ประกอบด้วย 3 กลุ่ม คือการให้ผลผลิต อายุการให้ผลผลิต สุขภาพ และโครงสร้างร่างกาย

3. การรวบรวมข้อมูล (Collection of information) ข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับการคัดเลือกสัตว์ ได้แก่ ข้อมูลฟีโนไทป์ (Phenotypes) ของสัตว์ที่สัมพันธ์กับเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ ข้อมูลพันธุ์ประวัติ รวมถึงข้อมูลจีโนไทป์ (Genotypes) เช่น ข้อมูลดีเอ็นเอของสัตว์ โดยข้อมูลพันธุ์ประวัติ และข้อมูลจีโนไทป์จะช่วยในการสืบย้อนความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสัตว์ ซึ่งมีความสำคัญในการประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะที่สนใจของสัตว์ ลักษณะข้อมูลฟีโนไทป์ที่สำคัญทางเศรษฐกิจของการเลี้ยงโคนม สามารถแบ่งได้เป็น

- 1) ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม (Production traits) เช่น ปริมาณน้ำนม (กก.) ไหม้น (กก.,%) โพรตีน (กก., %)
- 2) ลักษณะรูปร่าง (Conformation หรือ Type traits) เช่น เต้านม (Udder) ขาและกีบ (Feed and leg) ความยาวหัวนม (Teat length)
- 3) ลักษณะการมีอายุที่ยืนยาว (Longevity traits)
- 4) ลักษณะการคลอดลูก (Calving traits)

- 5) ลักษณะทางการสืบพันธุ์ (Fertility traits) เช่น ช่วงห่างของการคลอดลูก (Calving interval) ช่วงเวลาในการกลับไปเป็นสัด (Interval for return to estrous) จำนวนครั้งต่อการผสมที่ยมติด (Number of services per conception)
- 6) ลักษณะสุขภาพและความต้านทานโรค (Health and Resistance traits) เช่น คะแนนเซลล์โซมาติก (SCS) อุบัติการณ์เต้านมอักเสบ (Mastitis incidence) Beta-hydroxybutyrate (BHB) โรคเกี่ยวกับเมตาบอลิซึม (Metabolic diseases) ถุงน้ำในรังไข่ (Cystic ovaries) รกค้าง (Retained placenta)
- 7) ลักษณะความสามารถในการทำงาน (Workability traits) เช่น ความเร็วในการรีดนม (Milking speed) อารมณ์ (Temperament)
- 8) ลักษณะใหม่ๆ (Novel traits) เช่น ประสิทธิภาพในการใช้อาหาร (Feed efficiency) การปล่อยก๊าซมีเทน (Methane emissions) ความเครียดเนื่องจากความร้อน (Heat stress) สุขภาพกีบ (Hoof health) การตอบสนองภูมิคุ้มกัน (Immune response) ส่วนประกอบของน้ำนม (Milk Composition) คุณสมบัติการแข็งตัวของน้ำนม (Milk coagulation properties) และลักษณะเทคโนโลยีทางการสืบพันธุ์ (Reproductive technology traits) เช่น จำนวนไข่ที่ถูกชะล้างออกมา (Number of flushed ova) ตัวอ่อนที่ย้ายฝากได้ (Transferable embryos) ตัวอ่อนที่เสื่อมสภาพ (Degenerated embryos) ไข่ที่ไม่ได้รับการปฏิสนธิ (Unfertilized oocytes, UFO) เปอร์เซ็นต์ของตัวอ่อนที่ย้ายฝากได้ (Percentage of transferrable embryos) จำนวนตัวอ่อนทั้งหมดและตัวอ่อนมีชีวิตที่ผลิตได้ต่อการชะล้าง (Number of total and viable embryos produced per flush) (Miglior et al., 2017)

อย่างไรก็ตามนอกจากลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และองค์ประกอบน้ำนม ซึ่งเป็นปัจจัยสำคัญในการกำหนดราคาซื้อขายโคนมและผลิตภัณฑ์จากโคนมแล้ว ลักษณะอื่นๆ ได้แก่ ลักษณะรูปร่าง การเจริญพันธุ์ การมีอายุที่ยืนยาว หรือการปรับตัวต่อสิ่งแวดล้อม ก็เป็นอีกลักษณะที่มีผล หรือบ่งบอกถึงความเป็นอยู่ที่ดีของโคนม และมีความสำคัญต่อความสำเร็จในการเลี้ยงโคนมเช่นกัน และอาจรวมอยู่ในรูปแบบดัชนีการคัดเลือกในปัจจุบันด้วย

4. การกำหนดลักษณะเพื่อการปรับปรุงพันธุ์ (Determining selection criteria) โดยการกำหนดลักษณะที่สัมพันธ์กับเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ จากนั้นใช้การประเมินค่าทางพันธุกรรมด้วยโมเดลทางพันธุกรรมประมาณค่าการผสมพันธุ์ (Estimated breeding value, EBV) สำหรับลักษณะที่เลือกไว้เป็นเครื่องมือในการคัดเลือกและจัดลำดับพ่อและแม่พันธุ์ โดยค่า EBV บ่งชี้ถึงความสามารถทางพันธุกรรมของสัตว์เมื่อเป็นพ่อแม่ โดยค่า EBV ที่สูง (หรือต่ำสำหรับบางลักษณะ) จะช่วยปรับปรุงพันธุกรรมสำหรับลักษณะเป้าหมาย (Breeding goal traits)

5. การคัดเลือกและการผสมพันธุ์สัตว์ (Selection and mating) ให้เป็นไปตามแผนการปรับปรุงพันธุ์ที่ได้วางไว้ โดยทำการคัดเลือกสัตว์ด้วยค่า EBV ซึ่งพ่อแม่พันธุ์ที่มีค่า EBV สูงกว่าค่าเฉลี่ยของฝูง/ประชากรจะช่วยปรับปรุงพันธุกรรมสำหรับลักษณะเป้าหมายในรุ่นถัดไป ยกตัวอย่างเช่น การคัดเลือกพ่อพันธุ์โคนมที่มีค่า EBV สำหรับปริมาณ

น้ำนมที่สูงที่สุด (Highest EBV) จะทำให้ลูกสาวที่เกิดในรุ่นถัดไปมีผลผลิตน้ำนมปริมาณสูงกว่าแม่โคในรุ่นปัจจุบัน ดังนั้นการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ที่เหมาะสมจะช่วยในการปรับปรุงพันธุกรรมสำหรับลักษณะเป้าหมาย ภายหลังการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์จะต้องมีการจับคู่ผสมพันธุ์ ซึ่งการจับคู่ผสมพันธุ์นั้นจะคำนึงถึงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์ที่จะผสม (พันธุ์ประวัติ) หรือพิจารณาจากความต้องการในการปรับปรุงในลักษณะที่สนใจของพ่อและแม่พันธุ์

โดยทั่วไปรูปแบบในการคัดเลือกสามารถจำแนกได้เป็น 2 ระบบ คือ การคัดเลือกตามแหล่งข้อมูล และการคัดเลือกตามจำนวนลักษณะ

การคัดเลือกตามแหล่งข้อมูล ทำได้ 5 วิธี คือ

- 1) การคัดเลือกสัตว์โดยพิจารณาจากรูปร่างลักษณะ (Appearance selection)
- 2) การคัดเลือกสัตว์โดยพิจารณาจากสถิติความสามารถ (Performance record selection)
- 3) การคัดเลือกสัตว์โดยพิจารณาจากพันธุ์ประวัติ (Pedigree selection)
- 4) การคัดเลือกสัตว์โดยพิจารณาจากญาติ (Sib หรือ Family selection)
- 5) การคัดเลือกสัตว์โดยพิจารณาจากความสามารถของลูก (Progeny test)

การคัดเลือกตามจำนวนลักษณะ ทำได้ 3 วิธี คือ

- 1) การคัดเลือกทีละลักษณะ (Tandem selection)
- 2) การคัดเลือกโดยวางมาตรฐานที่จะคัดออกของแต่ละลักษณะไว้ (Independent culling levels)
- 3) การคัดเลือกด้วยดัชนีการคัดเลือก (Selection index)

ส่วนระบบการผสมพันธุ์ที่นิยมใช้ในการปรับปรุงพันธุ์มีอยู่ 2 ระบบ คือ การผสมในพันธุ์ (Straight breeding) และ การผสมระหว่างพันธุ์ (Breed crossing)

การผสมภายในพันธุ์ เป็นการผสมพันธุ์ระหว่างสัตว์คู่ผสมที่เป็นพันธุ์เดียวกัน อาจเป็นญาติกันหรือมีความสัมพันธ์ทางสายเลือด หรือไม่มีความสัมพันธ์ทางสายเลือดก็ได้ โดยมีวัตถุประสงค์ที่จะคงลักษณะประจำพันธุ์ ทำให้สัตว์มีความคล้ายกันมากที่สุด และแสดงลักษณะที่สม่ำเสมอ ประกอบด้วย

- 1) การผสมแบบเลือดชิดหรือการผสมภายในสายพันธุ์ (Inbreeding) การผสมแบบนี้ยังสามารถแยกย่อยได้เป็นการผสมแบบเลือดชิดกันมาก (Close breeding) และการผสมแบบเลือดชิดกันน้อยหรือแบบยืดยาสายพันธุ์ (Line breeding) เป็นต้น
- 2) การผสมแบบเลือดห่างหรือแบบนอกสายสัมพันธ์ (Out breeding หรือ Out crossing) การผสมแบบเลือดชิด

การผสมระหว่างพันธุ์ เป็นการผสมพันธุ์ระหว่างสัตว์คู่ผสมที่เป็นพันธุ์ต่างกันตั้งแต่ 2 พันธุ์ขึ้นไป หรือต่างชนิดกัน (Species) กัน การผสมแบบนี้ลักษณะของสัตว์จะไม่สม่ำเสมอ และมีความแตกต่างกัน บางครั้งอาจได้ลูกมีลักษณะดีเด่นพิเศษ หรือเด่นผ่าเหล่า (Hybrid vigor) ประกอบด้วย

- 1) การผสมข้ามพันธุ์ (Cross breeding) การผสมแบบนี้จะเป็นการรวมลักษณะที่ดีในพ่อและแม่มา รวมเข้าไว้ในสัตว์ตัวเดียวกัน เป็นการเพิ่มยีนคู่ต่างและลดยีนคู่เหมือน ทำให้อำนาจในการถ่ายทอด ลักษณะลดลง ลูกที่ได้ชั่วอายุแรกจึงมักจะมีลักษณะแตกต่างไปจากพ่อแม่มาก อาจมีคุณสมบัติเด่น พิเศษ หรือเด่นผ่าเหล่า ซึ่งเป็นประโยชน์ในการผลิตลูกเพื่อการค้า ดังนั้นการผสมข้ามพันธุ์นี้จึงมี วัตถุประสงค์เพื่อ ผลิตลูกผสม (Crossbred) คุณภาพสูงเพื่อจำหน่ายแก่ผู้บริโภค และผลิตลูกผสม เพื่อคัดเป็นพันธุ์ใหม่ ตัวอย่างเช่น การผสมข้ามพันธุ์แบบธรรมดาหรือการผสมข้าม 2 พันธุ์ (Two breed cross) การผสมข้าม 3 พันธุ์ (Three breed cross) การผสมข้าม 4 พันธุ์ (Four breed cross) การผสมข้ามแบบไขว้สลับระหว่าง 2 พันธุ์ (Criss crossing) การผสมข้ามแบบหมุนเวียน (Rotation crossing) เป็นต้น
- 2) การผสมพันธุ์เพื่อยกระดับพันธุ์หรือสายเลือด (Up grading) การผสมพันธุ์แบบนี้เป็นการผสมพันธุ์ ระหว่างพ่อพันธุ์แท้พันธุ์ดีกับแม่พันธุ์พื้นเมืองที่มีคุณภาพด้อยกว่า เมื่อได้ลูกผสมแล้วก็นำลูกตัวเมีย ย้อนไปผสมกับพ่อพันธุ์แท้พันธุ์เดิมอีก เพื่อเพิ่มเลือดสัตว์ในฝูงให้สูงขึ้น ถ้าทำซ้ำหลายๆชั่วอายุสัตว์ ในฝูงก็จะเข้าใกล้พันธุ์แท้อย่างขึ้น วิธีนี้เหมาะในการผสมพันธุ์เพื่อปรับปรุงพันธุ์โคนม และโคเนื้อในเขต ร้อนที่ไม่สามารถเลี้ยงโคพันธุ์แท้ได้
- 3) การผสมแบบใช้สัตว์ต่างชนิดกัน (Species hybridization) การผสมแบบนี้มีวัตถุประสงค์ที่จะรวม ลักษณะดีในสัตว์แต่ละชนิดเข้าไว้ด้วยกัน

6. การกระจายความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (Dissemination of genetic gain) การกระจายพันธุกรรม จากสัตว์ที่ได้รับการคัดเลือกแล้วมีความสำคัญ เนื่องจากสัตว์ที่คัดเลือกโดยทั่วไปมีจำนวนน้อยกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับ ประชากรสัตว์ในประชากร โดยในการกระจายพันธุกรรมที่ดีของสัตว์ที่คัดเลือกแล้วนั้นจะขึ้นอยู่กับโครงสร้างของ โปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ เช่น ในการปรับปรุงพันธุ์โคนม การใช้เทคโนโลยีการผสมเทียมทำให้เพิ่มโอกาสในการผลิต ลูกโคได้จำนวนมากจากพ่อพันธุ์เพียงไม่กี่ตัว ส่งผลให้สามารถกระจายพันธุกรรมจากพ่อพันธุ์ที่ดีได้อย่างกว้างขวาง อย่างไรก็ตามสำหรับสัตว์บางชนิด เช่น ไก่และสุกร มีการใช้ระบบการผสมข้ามพันธุ์ (Crossbreeding) ระหว่างสาย (Lines) โดยแต่ละสายได้รับการคัดเลือกสำหรับลักษณะที่จำเพาะต่างกัน การผสมข้ามพันธุ์สามารถช่วยปรับปรุง พันธุกรรมสำหรับลักษณะเป้าหมายได้เนื่องจากสัตว์ลูกผสมที่เกิดขึ้นจะรวมเอาลักษณะเด่นของแต่ละสายเข้าด้วยกัน

7. การประเมินผล (Evaluation of results) โปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ควรได้รับการประเมินผลอย่าง สม่าเสมอ โดยสิ่งที่ต้องประเมิน ได้แก่ 1) การบรรลุผลสำเร็จตามเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ ซึ่งสามารถประเมินจาก ความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (Genetic improvement) ของลักษณะเป้าหมาย รวมถึงการประเมินผลกระทบที่ไม่พึง ประสงค์ (Unwanted effects) จากการคัดเลือก เช่น ผลจากการคัดเลือกช่วยเพิ่มปริมาณน้ำนม แต่อาจส่งผลให้ ความสมบูรณ์พันธุ์ของแม่โคนมลดลง เป็นต้น และ 2) ความหลากหลายทางพันธุกรรม (Genetic diversity) ซึ่ง สามารถประเมินได้จากความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสัตว์ในรุ่นลูก รวมถึงภาวะเลือดชิด (Inbreeding) ที่เกิดขึ้น

หากพบว่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างสัตว์ในรุ่นลูก รวมทั้งระดับเลือดชิด สูงกว่ารุ่นพ่อแม่ อาจเป็นเพราะการคัดเลือกสัตว์เพียงไม่กี่ตัวที่เป็นเครือญาติกันและใช้ในผสมพันธุ์อย่างแพร่หลายในรุ่นพ่อแม่ เป็นต้น

กระบวนการต่าง ๆ ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์จะดำเนินไปอย่างต่อเนื่อง โดยนักปรับปรุงพันธุ์ต้องมีการทบทวนโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์หากมีการเปลี่ยนแปลงเกิดขึ้นในระบบการผลิต เช่น ความต้องการของตลาด หรือระบบการผลิตที่เปลี่ยนแปลงไป ยกตัวอย่างเช่น หากระบบโควตาปริมาณน้ำนมถูกยกเลิก อาจจำเป็นต้องปรับเปลี่ยนเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ให้สอดคล้องกับการเปลี่ยนแปลง โดยอาจเน้นการปรับปรุงลักษณะคุณภาพน้ำนมมากยิ่งขึ้น เป็นต้น

2.1 วัตถุประสงค์การสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ (Breeding objectives)

การผลิตหรือการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์เป็นโครงการวิจัยและพัฒนาที่รับผิดชอบโดยสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ซึ่งได้เริ่มดำเนินการมาอย่างต่อเนื่องยาวนานตั้งแต่ปี พ.ศ. 2534 (กรมปศุสัตว์, 2534) จากความร่วมมือของทุกหน่วยงานภายในสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ และเกษตรกรผู้เลี้ยงโคนมที่กระจายอยู่ทั่วประเทศไทย ได้แก่ 1) กลุ่มวิจัยและประเมินพันธุกรรมสัตว์ 2) กลุ่มพัฒนาระบบข้อมูลและเครือข่ายชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ 3) กลุ่มวิจัยการผลิตและมาตรฐานน้ำเชื้อ 4) กลุ่มวิจัยพัฒนาเทคโนโลยีและความหลากหลายทางชีวภาพปศุสัตว์ 5) กลุ่มวิจัยและพัฒนาเทคโนโลยีเเนวเวชและวิทยาการสืบพันธุ์ 6) ศูนย์วิจัยการผสมเทียมและเทคโนโลยีชีวภาพ 7) ศูนย์วิจัยและผลิตน้ำเชื้อแช่แข็ง 8) ศูนย์วิจัยเทคโนโลยีชีวภาพการย้ายฝากตัวอ่อนและเซลล์สืบพันธุ์สัตว์ 9) สถานีทดสอบสมรรถภาพและฝึกสัตว์พ่อพันธุ์ผสมเทียมสระบุรี 10) หน่วยผสมเทียม และ 11) เกษตรกรผู้เลี้ยงโคนมในภาคกลาง (จังหวัดลพบุรี สระบุรี ราชบุรี เพชรบุรี กาญจนบุรี นครปฐม และประจวบคีรีขันธ์) ภาคตะวันออก (ชลบุรี สระแก้ว และจันทบุรี) ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ (นครราชสีมา ชัยภูมิ ขอนแก่น สกลนคร และศรีสะเกษ) ภาคเหนือ (เชียงใหม่ เพชรบูรณ์ สุโขทัย นครสวรรค์) และภาคใต้ (พัทลุง) เป็นต้น โดยแต่ละหน่วยงานภายในสำนักเทคโนโลยีชีวภาพมีหน้าที่ตามภาคผนวกที่ 1 โดยมีวัตถุประสงค์ ดังนี้

1. เพื่อพัฒนา และสร้างพ่อพันธุ์โคนมสายพันธุ์ใหม่ให้เป็นไปตามเป้าหมายในการปรับปรุงพันธุ์ที่ได้กำหนดไว้ โดยพิจารณาตามระบบการผลิต ระบบการตลาดผลิตภัณฑ์นม โครงสร้างประชากรโคนมของประเทศ สำหรับใช้ผลิตน้ำเชื้อแช่แข็งบริการผสมเทียมให้กับแม่โคนมของเกษตรกรทั่วประเทศ โดยพันธุ์โคนมที่ได้จะต้องมีความสามารถในการให้ผลผลิตน้ำนม มีประสิทธิภาพทางระบบสืบพันธุ์ดี มีความสามารถในการปรับตัวกับการเลี้ยงดู และสภาพภูมิอากาศในเขตร้อนชื้นของไทย และประเทศในแถบเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ และมีความเหมาะสมกับรูปแบบการบริโภคน้ำนมของไทย ซึ่งจะต้องเลี้ยงง่าย อายุการให้ผลผลิตน้ำนมยืนนาน ในปริมาณที่มากพอเหมาะ โดยให้ใช้ชื่อว่า โคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ (Tropical Holstein, TH)

2. เพื่อวิจัย และพัฒนาเทคโนโลยีในการประเมินคุณค่าทางพันธุกรรมของพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์โคนมด้วยโมเดลทางสถิติที่ทันสมัยเพื่อให้ได้ผลการคัดเลือกที่มีความถูกต้อง และแม่นยำ

3. เพื่อพัฒนา และจัดทำฐานข้อมูลโคนม (Database) สำหรับรวบรวมประวัติสายพันธุ์ ประวัติการผสมเทียม และสถิติต่างๆ ที่แสดงถึงความสามารถในการให้ผลผลิตน้ำนม สุขภาพ และความสมบูรณ์พันธุ์ของแม่โคนมสำหรับการจัดทำรายงานเพื่อใช้ประโยชน์ในการแก้ไข ปรับปรุงการปฏิบัติงานโคนมทุกด้าน ตลอดจนงานวิจัยในสาขาการพัฒนาและการปรับปรุงพันธุ์โคนม เทคโนโลยีชีวภาพ และการจัดการฟาร์ม

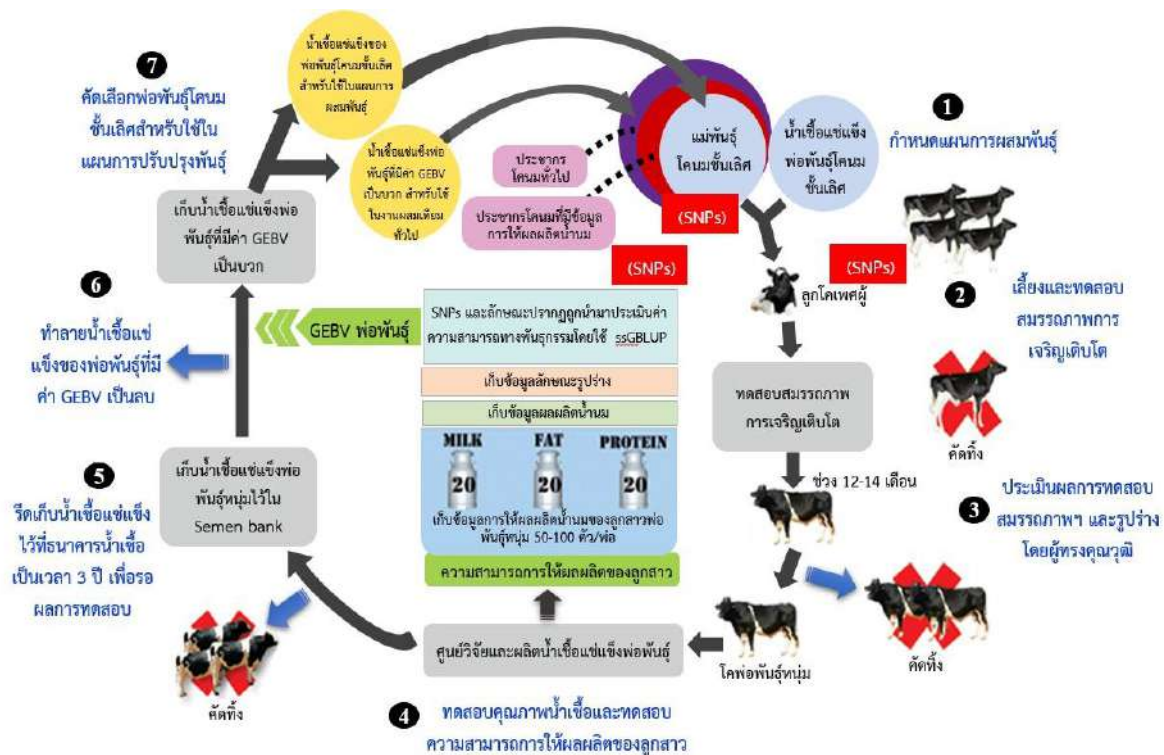
4. ส่งเสริมและให้ความรู้แก่เกษตรกรสามารถนำข้อมูลจากรายงานและสถิติต่างๆจากผลงานของโครงการนี้ เพื่อช่วยในการตัดสินใจคัดเลือกแม่โคนมที่มีความดีเด่นทางพันธุกรรมของการให้น้ำนมไว้ใช้ผลิตโคสาวทดแทนฝูงเพื่อปรับปรุงพันธุ์โคนมภายในฝูงในระดับเกษตรกร รวมทั้งช่วยในการปรับปรุงการจัดการฟาร์มและดูแลสุขภาพของระบบสืบพันธุ์เพื่อป้องกันไม่ให้เกิดปัญหาการผสมซ้ำขึ้นภายในแต่ละฟาร์ม

2.2 แผนการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ (Breeding plan of TH sires)

การพัฒนาและปรับปรุงพันธุ์โคนมพันธุ์ TH ได้ดำเนินการด้วยแผนการผสมระหว่างพันธุ์ในระบบฝูงเปิด (Open nucleus herd) ระหว่างพ่อโคพันธุ์โฮลสไตน์ ฟรีเซียน (HF) ซึ่งเป็นโคนมเชตอบุ่นที่มีแหล่งกำเนิดจากประเทศอเมริกา และแคนาดา ที่ให้ผลผลิตน้ำนมสูง ตอบสนองตลาดหลักในไทยคือ ตลาดนมพร้อมดื่ม กับแม่โคพันธุ์พื้นเมือง หรือลูกผสมบาร์หมันพื้นเมือง ที่มีคุณสมบัติให้ความสมบูรณ์พันธุ์สูง หากินเก่ง ทนร้อน ทนโรคและแมลง โดยการผสมเทียมเพิ่มระดับเลือดโฮลสไตน์ฟรีเซียนให้อยู่ในระดับไม่เกิน 93.75 % นำประชากรที่เกิดขึ้นภายในประเทศผสมกันเอง (*Inter se*) จนกระทั่งสัตว์มีความคล้ายกันมากที่สุด และแสดงลักษณะที่สม่ำเสมอมีความคงที่ของลักษณะเป็นพันธุ์แท้ ทั้งนี้การดำเนินการต้องใช้ความรู้และเทคโนโลยีหลายด้านประกอบกัน ได้แก่ เทคโนโลยีสารสนเทศ (ระบบฐานข้อมูลโคนม) ในการจัดเก็บข้อมูลพันธุ์ประวัติ ข้อมูลการเจริญเติบโต ข้อมูลการให้ผลผลิต ข้อมูลความสมบูรณ์พันธุ์ และลักษณะรูปร่าง เทคโนโลยีชีวภาพ (การผสมเทียม และการย้ายฝากตัวอ่อน) ในการสร้างลูกโคนมเพศผู้ และขยายพันธุ์โคนมในแต่ละรุ่น เทคโนโลยีชีวภาพทางด้านอนุพันธุศาสตร์ (การตรวจความผิดปกติของโครโมโซม การตรวจความเป็นพ่อแม่ลูก และการตรวจโรคทางพันธุกรรม) ในการคัดกรองลูกโคนมเพศผู้ก่อนนำเข้าทดสอบ และเทคโนโลยีทางการปรับปรุงพันธุ์ (การประเมินค่าทางพันธุกรรม การคัดเลือก การทดสอบ) เป็นเครื่องมือในการคัดเลือก และพิสูจน์พ่อพันธุ์ และแม่พันธุ์สำหรับผลิตลูกโคเพศผู้หนุ่มและแม่โคสาวทดแทนในรุ่นต่อไป

ในช่วงแรกของการพัฒนาโคนมพันธุ์ TH ได้พัฒนาผ่านการคัดเลือกพ่อพันธุ์ และโปรแกรมการผสมพันธุ์ โดยมุ่งเน้นไปที่ลักษณะการให้ผลผลิตปริมาณน้ำนม (กรัมปศุสัตว์, 2547) หลังจากนั้นจึงได้พิจารณาลักษณะอื่นที่มีผลกระทบต่อกำไรของการทำฟาร์มโคนม เช่น องค์ประกอบน้ำนม (โปรตีน ไขมันนม และของแข็งทั้งหมดในนม) ลักษณะรูปร่าง 17 ลักษณะ และอายุเมื่อคลอดลูกครั้งแรก ในอนาคตจะพิจารณาลักษณะอื่นที่เกี่ยวข้องกับอายุการให้ผลผลิตที่ยาวนาน เช่น ลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ และสุขภาพเต้านมของโคนม โดยนำมาพิจารณาร่วมกันในรูปแบบดัชนีการคัดเลือก

สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ได้ใช้การประเมินพันธุกรรมมาเป็นเครื่องมือสำคัญในการคัดเลือก และจัดลำดับพ่อแม่พันธุ์โคนมที่มีพันธุกรรมดีเลิศ คือการทดสอบความสามารถทางพันธุกรรมโดยใช้ข้อมูลของลูกสาวมาอย่างต่อเนื่อง ในช่วงแรก (พ.ศ. 2547-2558) จะประเมินทุกลักษณะด้วยเทคนิคการทำนายที่ไม่มีอคติเชิงเส้นตรงที่ดีที่สุด (Best linear unbiased prediction, **BLUP**) (Henderson, 1984) ภายใต้โมเดลตัวสัตว์ (Animal model) โดยใช้ข้อมูลฟีนไทป์ ร่วมกับข้อมูลพันธุ์ประวัติของโคนมแต่ละตัวเพื่อประเมินค่าการผสมพันธุ์ (EBV) ด้วยโมเดลรอบการให้นม (Lactation model, **LM**) ในช่วง พ.ศ. 2547-2556 (จूरรัตน์ และสายพันธ์, 2546) และโมเดลวันทดสอบรีเกรซชันสุ่ม (Random regression test-day model, **RR-TDM**) ในช่วงปี 2557-2558 (Buaban and Sanpote, 2010) สำหรับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม ส่วนลักษณะอื่นๆยังคงใช้ LM เหมือนเดิม อย่างไรก็ตามในช่วงหลังตั้งแต่ปี 2559 เป็นต้นมาจนถึงปัจจุบันได้นำข้อมูลจีโนไทป์ ซึ่งหมายถึงเครื่องหมายทางพันธุกรรมประเภท Single nucleotide polymorphisms (**SNPs**) ทั้งหมดจีโนมร่วมกับข้อมูลลักษณะปรากฏ และข้อมูลพันธุ์ประวัติ โดยใช้ RR-TDM มาใช้ในการประเมินค่าการผสมพันธุ์สำหรับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และใช้ LM สำหรับลักษณะอื่นๆ ซึ่งเรียกว่าค่าทางพันธุกรรมจีโนม (Genomic estimated breeding value, **GEBV**) (กรมปศุสัตว์, 2559, 2560, 2561) เพื่อเพิ่มความเข้มข้น ความแม่นยำในการคัดเลือก และช่วยร่นระยะเวลาในการสร้างพ่อแม่พันธุ์เนื่องจากสามารถคัดเลือกสัตว์ได้ตั้งแต่อายุยังน้อย ซึ่งส่งผลต่อความก้าวหน้าในการคัดเลือก เป็นไปตามแผนการปรับปรุงพันธุ์โคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ (รูปภาพที่ 2-3)



รูปภาพที่ 2-3 แสดงแผนการปรับปรุงพันธุ์โคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์

แผนการปรับปรุงพันธุ์โคหนุ่มพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ มีขั้นตอน ดังต่อไปนี้

1. คัดเลือกแม่โคหนุ่มชั้นเลิศเพื่อใช้เป็นแม่ของพ่อพันธุ์ (Bull dams) ปีละ 200 ตัวจากประชากรโคหนุ่มที่มีบันทึกผลผลิตน้ำนม และข้อมูลทางพันธุกรรมซึ่งรับผิดชอบโดยกรมปศุสัตว์ โดยมีค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะปริมาณน้ำนมไม่น้อยกว่า +700 กิโลกรัม และปริมาณน้ำนมที่ 305 วันไม่น้อยกว่า 6,000 กิโลกรัม มีลักษณะรูปร่างดีเลิศ ตามลักษณะโคหนุ่ม และเป็นแม่โคหนุ่มลูกผสมที่มีระดับสายเลือด HF ไม่เกิน 93.75 % สำหรับใช้ในแผนการผสมพันธุ์กับน้ำเชื้อพ่อโคหนุ่มชั้นเลิศ (Top bulls) ในประเทศที่ผ่านการพิสูจน์แล้ว (Proven sires) ในลำดับต้น ๆ เพื่อผลิตลูกโคหนุ่มเพศผู้ ตามลำดับ
2. ลูกโคหนุ่มเพศผู้ที่เกิดประมาณปีละ 40 ตัว รวบรวมมาจากฟาร์มเกษตรกรโดยศูนย์วิจัยการผสมเทียมและเทคโนโลยีชีวภาพไปเลี้ยงดูที่lit[6iu
3. เพื่อทดสอบสมรรถภาพการเจริญเติบโต (Performance test) โดยลูกโคหนุ่มที่จะนำเข้าสู่สถานทดสอบสมรรถภาพฯ จะต้องผ่านการทดสอบความเป็นพ่อ-แม่-ลูก (Parentage test) ตรวจสอบความผิดปกติของโครโมโซมและโรคทางพันธุกรรม
4. จนกระทั่งอายุประมาณ 12-14 เดือนโคหนุ่มทั้งหมดจะถูกประเมินลักษณะรูปร่างโดยคณะกรรมการผู้ทรงคุณวุฒิ โคที่ผ่านการทดสอบสมรรถภาพจะถูกส่งไปที่ศูนย์ผลิตน้ำเชื้อแช่แข็งพ่อพันธุ์เพื่อทำการฝึกรีดเก็บน้ำเชื้อและทดสอบคุณภาพน้ำเชื้อ (Semen quality test) ทั้งก่อนการผลิตน้ำเชื้อแช่แข็ง (น้ำเชื้อสด) และน้ำเชื้อที่ผ่านกระบวนการผลิตเพื่อใช้ในการผสมเทียม (น้ำเชื้อแช่แข็ง) และการทดสอบความสามารถในการให้ผลผลิตของลูกสาว (Progeny test) ในแต่ละปีจะมีโคหนุ่มเพศผู้ผ่านการทดสอบสมรรถภาพ 50% และผ่านการทดสอบคุณภาพน้ำเชื้อ 50% จากโคที่เข้าทดสอบ
5. กระจายน้ำเชื้อพ่อโคหนุ่มไปผสมเทียมกับแม่โคสาว หรือแม่โคนาง ของเกษตรกรทั่วประเทศเพื่อให้ได้ลูกสาวจำนวน 50 -100 ตัวต่อ 1 พ่อโคทดสอบ (Testing bulls, TB) แล้วให้เกษตรกรเลี้ยงลูกสาวในแต่ละฟาร์มจนโตเป็นสาวสามารถผสมพันธุ์ได้อายุประมาณ 15-18 เดือนแล้วผสมเทียมลูกสาวของพ่อพันธุ์ทดสอบจนตั้งท้อง และคลอดลูก บันทึกปริมาณน้ำนมและเก็บตัวอย่างน้ำนมของลูกสาวทุกเดือนจนหยุดรีดนมเพื่อวิเคราะห์คุณภาพน้ำนม พร้อมทั้งทำการวัด และให้คะแนนลักษณะรูปร่าง
6. ระหว่างรอผลการทดสอบความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะโดยใช้ข้อมูลของลูกสาวจะทำการรีดเก็บน้ำเชื้อพ่อโคหนุ่มที่กำลังทดสอบไว้ในธนาคารน้ำเชื้อที่อุณหภูมิ -196 องศาเซลเซียส ประมาณตัวละ 20,000-40,000 โด๊ส
7. หลังจากการประเมินค่าทางพันธุกรรม (Genetic and genomic evaluation) แล้ว พ่อโคทดสอบที่มีค่าทางพันธุกรรมของลักษณะเกินค่าเฉลี่ยของประชากรโคพ่อพันธุ์จะถูกคัดเลือกให้เป็นพ่อพันธุ์ที่ผ่านการพิสูจน์ (Proven bulls) จำนวนปีละไม่น้อยกว่า 5 ตัว (50 % จากโคที่เข้าทดสอบความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะโดย

ใช้ข้อมูลของลูกสาว หรือ 12.5 % จากโคที่เข้าทดสอบสมรรถภาพการเจริญเติบโต) และเก็บน้ำเชื้อไว้ในธนาคารน้ำเชื้อต่อไป ส่วนน้ำเชื้อจากพ่อโคที่ไม่ผ่านการทดสอบจะถูกทำลายทิ้งทั้งหมด

8. น้ำเชื้อจากพ่อพันธุ์ที่ผ่านการพิสูจน์แล้วจากการประเมินค่าทางพันธุกรรม จะนำไปใช้บริการผสมเทียมให้กับเกษตรกรโดยทั่วไป และน้ำเชื้อพ่อพันธุ์ในลำดับต้นๆ (1-3) บางส่วนจะถูกนำไปผสมกับแม่โคนมชั้นเลิศในแผนการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป

2.3 การประเมินความก้าวหน้าของการปรับปรุงพันธุ์ (Evaluation of genetic improvement)

โดยทั่วไปเครื่องมือสำคัญตัวหนึ่งสำหรับการประเมินความสำเร็จของโปรแกรมการปรับปรุงพันธุกรรมสัตว์ทั้งภายในฝูง และระหว่างฝูง หรือแม้แต่ในการประเมินพันธุกรรมระดับชาติ (National genetic evaluation) ซึ่งเกิดจากการคัดเลือกพันธุ์ และผสมพันธุ์จะพิจารณาจากผลตอบสนองต่อการคัดเลือก (Genetic progress, ΔG) จากการประเมินค่าทางพันธุกรรม (Intaratham et al. 2008; Ghavi Hosseini-Zadeh, 2011) ซึ่งจะช่วยให้ทราบว่าพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะที่กำลังศึกษานั้นกำลังเป็นไปในทิศทางใด การคัดเลือกที่ผ่านมามีประสิทธิภาพหรือเป็นไปตามเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์หรือไม่ พันธุกรรมมีการปรับปรุงขึ้นมาถึงขีดจำกัดของการตอบสนองแล้วหรือไม่ โดยสังเกตจากอัตราการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรม (Genetic change) (Intaratham et al., 2008) นอกจากนี้ยังช่วยประเมินได้ว่าค่าเฉลี่ยของลักษณะที่ปรับปรุงขึ้นหรือลดลงในแต่ละปีนั้นเป็นผลแท้จริงจากพันธุกรรม หรือเนื่องจากสภาพแวดล้อมและการจัดการที่เปลี่ยนไป ตัวอย่างเช่น หากค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนมภายในฝูงเพิ่มขึ้นทุกปี แต่แนวโน้มทางพันธุกรรมกับมีค่าคงที่ แสดงว่าค่าเฉลี่ยของปริมาณน้ำนมที่เพิ่มขึ้นนั้นไม่ได้เกิดจากผลของการปรับปรุงพันธุกรรมแต่เป็นผลเนื่องจากการจัดการหรือสภาพแวดล้อม เช่น มีการจัดการให้อาหารที่เพียงพอ และมีโรงเรือนที่อยู่สบาย เป็นต้น

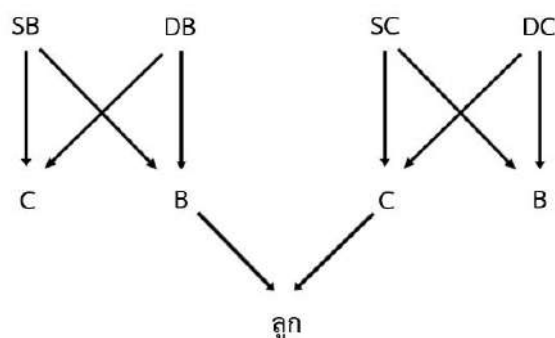
ΔG มีชื่อเรียกที่หลากหลาย เช่น อัตราความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (Genetic progress) ผลกำไรทางพันธุกรรม (Genetic gain) ผลตอบสนองทางพันธุกรรม (Genetic response) และแนวโน้มทางพันธุกรรม (Genetic trend) เป็นต้น ซึ่งในที่นี้จะขอใช้อัตราความก้าวหน้าทางพันธุกรรม

โดยทั่วไปอัตราความก้าวหน้าทางพันธุกรรมที่ได้รับจากการคัดเลือกนั้นได้มาจากฟังก์ชันของความเข้มข้นในการคัดเลือก (Intensity of selection, i) ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานทางพันธุกรรม (Genetic standard deviation, σ_a) ความถูกต้องของการคัดเลือก (Accuracy of selection, r_{AC}) และชั่วอายุ (Generation interval, L) (Falconer and Mackay 1996) ซึ่งรู้จักกันโดยทั่วไปดังสมการ

$$\Delta G = \frac{\Sigma r_{AC} \cdot i \cdot \sigma_a}{\Sigma L} \quad (2-1)$$

ซึ่งการทำนายอัตราความก้าวหน้าทางพันธุกรรมในแต่ละปีของประชากร จะรวบรวมได้จาก 4 เส้นทางของการคัดเลือก คือ การคัดเลือกพ่อของพ่อโค หรือ บูล (Sire of bulls, SB) พ่อของแม่โค หรือ ตา (Sires of cows, SC)

แม่ของพ่อโค หรือ ย่า (Dams of bulls, DB), และแม่ของแม่โค หรือ ยาย (Dam of cows, DC) โดยที่ B = Bull (พ่อ) และ C = Cow (แม่) (รูปภาพที่ 2-4)



รูปภาพที่ 2-4 แสดงเส้นทางการถ่ายทอดพันธุ์กรรมจากปู่ย่าตายายถึงหลาน

ดังนั้น อัตราความก้าวหน้าทางพันธุกรรมในแต่ละปีของประชากร คิดได้ตามสูตรดังนี้

$$\Delta G = \frac{G_{SB}+G_{DB}+G_{SC}+G_{DC}}{L_{SB}+L_{DB}+L_{SC}+L_{DC}} \quad (2-2)$$

เมื่อ $G = \mathbf{r}_{AC} * \mathbf{i} * \sigma_a$ ซึ่งเป็นความถี่เด่นของแต่ละเส้นทางการถ่ายทอดพันธุกรรม

การมีความเข้มข้นในการคัดเลือกสูง (การคัดเลือกสัตว์ไว้น้อย จากสัตว์จำนวนมาก) มีความถูกต้องในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ที่ดีเด่นเพราะพันธุ์กรรมจริง ๆ สูง และคัดเลือกสัตว์เพื่อให้มีโอกาสได้ผสมพันธุ์เร็วขึ้นหรือคัดเลือกได้ตั้งแต่อายุยังน้อย (ชั่วอายุของพ่อแม่พันธุ์สั้นลง) ย่อมทำให้แผนการพัฒนาการเพิ่มประสิทธิภาพต่อหน่วยมีความเป็นไปได้ตามวัตถุประสงค์ในระยะเวลาอันสั้น และส่งผลต่ออัตราความก้าวหน้าทางพันธุ์กรรมมากขึ้น

3

การดำเนินงานของการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ Activities of Tropical Holstein Development

การดำเนินงานของการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ประกอบด้วยกิจกรรมหลัก 4 กิจกรรม คือ

1. กิจกรรมการทำทะเบียนประวัติรับรองพันธุ์ (Registration) การจัดเก็บข้อมูลการให้ผลผลิตน้ำนม (Milk recording) การประเมินลักษณะรูปร่าง (Type appraisal) และการเก็บตัวอย่างเลือดสกัดดีเอ็นเอ (Blood collection)
2. กิจกรรมการสร้างลูกโคเพศผู้ (Bull calve production)
3. กิจกรรมการทดสอบพ่อโครุ่น (Young bull testing)
4. กิจกรรมการประเมินพันธุกรรมสัตว์ (Animal genetic evaluation)

3.1 กิจกรรมการทำทะเบียนประวัติรับรองพันธุ์ (Registration) การจัดเก็บข้อมูลการให้ผลผลิตน้ำนม (Milk recording) ประเมินลักษณะรูปร่าง (Type appraisal) และเก็บตัวอย่างเลือดสกัดดีเอ็นเอ (Blood collection)

3.1.1 การทำทะเบียนประวัติรับรองพันธุ์ (Registration)

โดยปกติแล้วในการทำทะเบียนประวัติรับรองพันธุ์นั้นเป็นหน้าที่โดยตรงของหน่วยผสมเทียม แต่เพื่อให้งานของการสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ บรรลุตามวัตถุประสงค์ เพราะฉะนั้นเจ้าหน้าที่ในพื้นที่ที่ถูกคัดเลือกเป็นพื้นที่เข้าร่วมในการดำเนินงาน จำเป็นที่จะต้องร่วมกับหน่วยผสมเทียมจัดทำทะเบียนประวัติด้วย

ในการจัดทำทะเบียนประวัติรับรองพันธุ์ตามระบบของกรมปศุสัตว์ จะดำเนินการโดยทำเครื่องหมายประจำตัวสัตว์เพื่อเป็นการแยกแยะสัตว์แต่ละตัว (Identification) ด้วยการติดเบอร์หู และออกบัตรประจำตัวโคนม (ผ.ท.1) โดยรายละเอียดและวิธีการจัดทำทะเบียนประวัติศึกษาได้จากคู่มือการบันทึกข้อมูลการผสมเทียม (สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์, 2547) และตัวอย่างแบบฟอร์มที่ในการออกบัตรประจำตัวโคนม (ผ.ท.1) แสดงไว้ในภาคผนวกที่ 4 การทำทะเบียนประวัติสัตว์เป็นวิธีการที่จะช่วยให้เจ้าหน้าที่สามารถรับรองพันธุ์ให้เกษตรกรได้ 2 กรณีคือ

- 1) รับรองว่าโคนมตัวนั้นๆ เกิดจากน้ำเชื้อหรือพ่อพันธุ์หมายเลขอะไร และจากแม่พันธุ์หมายเลขอะไร
- 2) รับรองว่าโคนมตัวนั้นๆ เป็นโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์หรือไม่

สำหรับในช่วงแรกของการขึ้นทะเบียนสัตว์นั้น เราจะรับรองว่าโคนมตัวนั้นเกิดจากน้ำเชื้อ หรือพ่อพันธุ์หมายเลขอะไร และแม่พันธุ์หมายเลขอะไรก่อนเพื่อประโยชน์ในการซื้อขาย

3.1.2 การจัดเก็บข้อมูลการให้ผลผลิตน้ำนม (Milk recording)

การจัดเก็บข้อมูลการให้ผลผลิตน้ำนมของแม่โครายตัวทำให้เจ้าหน้าที่ของรัฐและเกษตรกรเจ้าของฟาร์มมีข้อมูลประจำตัวโคแต่ละตัวไว้เพื่อใช้ในการเปรียบเทียบ และตัดสินใจคัดเลือก ตลอดจนซื้อขายบนหลักเกณฑ์ของคุณค่าทางพันธุกรรม และคุณค่าทางเศรษฐกิจของโคตัวนั้นๆ ซึ่งจะเป็นประโยชน์ให้เกิดการคัดเลือกแม่โคนมที่มีพันธุกรรมดี ให้มีโอกาสได้ขยายพันธุ์ต่อไป ทำให้การปรับปรุงพันธุ์โคนมได้สัมฤทธิ์ผล ในการดำเนินงานจะมีการเก็บและจัดเตรียมตัวอย่างน้ำนมเพื่อส่งเข้าห้องปฏิบัติการตรวจและวิเคราะห์คุณภาพน้ำนม โดยให้ปฏิบัติดังนี้

วิธีการเก็บตัวอย่างน้ำนม

1. เจ้าหน้าที่เก็บตัวอย่างน้ำนมจะต้องเป็นผู้ไปปฏิบัติงานด้วยตัวเองในเวลารีดนม แม่โคหนึ่งตัวแต่ละครั้งให้เก็บตอนเย็น 1 ครั้ง และเช้า 1 ครั้ง (น้ำนมเย็น-เช้า) หรือให้เกษตรกรช่วยเก็บตัวอย่างน้ำนมโดยการฝึกปฏิบัติให้เหมือนกับเจ้าหน้าที่เก็บเอง
2. ในพื้นที่ที่ได้รับการคัดเลือกให้เป็นพื้นที่เข้าร่วมในการดำเนินงานเริ่มเก็บนมเป็นครั้งแรกให้เก็บตัวอย่างน้ำนมของแม่โครีดนมรายตัวทุกตัวในฟาร์มไม่ว่าจะอยู่ในระยะใดของการให้น้ำนม
3. เมื่อมีแม่โคที่เพิ่งคลอดลูกใหม่ในฟาร์ม ให้เริ่มเก็บตัวอย่างน้ำนมรายตัวครั้งแรกภายหลังที่แม่โคหยุดให้นมน้ำเหลือง แต่ไม่เกิน 2 เดือนหลังคลอด
4. เก็บตัวอย่างน้ำนมรายตัวของแม่โคแต่ละตัวเดือนละหนึ่งครั้งติดต่อกันไป จนกว่าจะหยุดรีดนม (Dry) หรือที่เรียกว่า 4-Weekly control หรือ Monthly ดังนั้นการเก็บตัวอย่างน้ำนมแต่ละครั้งของแม่โคตัวใดตัวหนึ่งควรอยู่ในช่วง 25-31 วัน
5. เก็บข้อมูลปริมาณน้ำนมโดยให้ชั่งน้ำหนักน้ำนมที่เจ้าของโครีดได้จากแม่โคแต่ละตัว หรือดูจากเครื่องวัดปริมาณนม (Milk meter) แล้วบันทึกลงในใบส่งตัวอย่างน้ำนมเพื่อตรวจวิเคราะห์ (ภาคผนวกที่ 4)



รูปภาพที่ 3-1 แสดงถังนมสำหรับใช้ชั่งปริมาณน้ำนมที่รีดเก็บได้แต่ละครั้ง

6. เก็บตัวอย่างน้ำนมเพื่อตรวจคุณภาพและองค์ประกอบน้ำนม โดยในกรณีเกษตรกรรีดนมด้วยมือให้ใช้กระบอกตักน้ำนมกวนน้ำนมในถังนม หรือในกรณีรีดนมด้วยเครื่องรีดนมแบบถังเตี้ย (Bucket milking) ให้เทนมที่รีดได้แต่ละตัวลงในถังนมก่อนแล้วค่อยใช้กระบอกตักน้ำนมกวนน้ำนมในถังอย่างน้อย 20 ครั้ง เพื่อให้ไขมันในน้ำนมกระจายทั่วกัน แล้วจึงใช้กระบอกตักน้ำนมสุ่มตัวอย่างใส่ขวดตัวอย่าง ซึ่งได้บรรจุสารเคมีกันบูดชนิดเม็ด (Sodium azide tablet) 1 เม็ด หรือสารเคมีกันบูดชนิดน้ำ (Bronopol) ไว้ในขวดตัวอย่างแล้ว และอย่าให้กระบอกตักน้ำนมสัมผัสยากันบูด



รูปภาพที่ 3-2 แสดงการรีดนมด้วยมือ และการรีดนมด้วยเครื่องรีดนมแบบถังเตี้ย (Bucket milking)

7. ในกรณีเกษตรกรรีดนมด้วยเครื่องรีดนมแบบท่อลำเลียงนม (Pipeline milking) และมีเครื่องวัดปริมาณน้ำนม (Milk meter) หรืออุปกรณ์ในการสุ่มเก็บตัวอย่างสำหรับตรวจคุณภาพน้ำนม ให้เก็บข้อมูลปริมาณน้ำนม และตัวอย่างน้ำนมจากเครื่องดังกล่าวได้โดยตรง



รูปภาพที่ 3-3 แสดงการรีดนมด้วยเครื่องรีดนมแบบท่อลำเลียงนม (Pipeline milking) และมีเครื่องวัดปริมาณน้ำนม (Milk meter)

8. ปริมาณน้ำนมที่ตักใส่ขวดตัวอย่าง ต้องเท่ากันทั้งเช้า-เย็น คือ 1 กระบอกตักน้ำนม (15 ซีซี)
9. ปิดฉลากป้ายชื่อ/หมายเลขแม่โค และวันที่เก็บ ลงบนขวดตัวอย่างให้ถูกต้องตรงกัน

10. นำขวดตัวอย่างน้ำนมไปเก็บไว้ในตู้เย็น (อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส) เพื่อร่อนาส่งเข้าห้องปฏิบัติการตรวจคุณภาพน้ำนม

วิธีการนำส่งตัวอย่างเข้าห้องปฏิบัติการตรวจคุณภาพน้ำนม

เนื่องจากต้องการให้มีการบันทึกข้อมูลองค์ประกอบน้ำนมจากห้องปฏิบัติการตรวจคุณภาพน้ำนม เข้าสู่ระบบฐานข้อมูลโดยการบันทึกอัตโนมัติ จึงจำเป็นต้องปรับรูปแบบการทำงาน เพื่อไม่ให้เกิดความผิดพลาดของข้อมูล อาจมีข้อแตกต่างไปตามความเหมาะสมของแต่ละพื้นที่ ซึ่งมีรายละเอียดและวิธีการปฏิบัติงาน ดังนี้

1. ต้องมีการตรวจสอบ ลำดับข้อมูลโคในใบส่งเก็บตัวอย่างน้ำนม กับลำดับบนขวดเก็บตัวอย่างน้ำนม และใบส่งตัวอย่างน้ำนมเพื่อตรวจวิเคราะห์ให้ตรงกัน เพื่อไม่ให้เกิดความคลาดเคลื่อนของข้อมูล พร้อมทั้งจัดขวดเก็บตัวอย่างน้ำนมลงในกระติก (ที่มีน้ำแข็ง) พร้อมทั้งขนส่งไปยังห้องปฏิบัติการตรวจคุณภาพน้ำนม
2. กรณี โคป่วย หรือเต้านมอักเสบ ให้ระบุในช่องหมายเหตุของใบส่งตัวอย่างตรวจวิเคราะห์ให้ชัดเจน และให้ข้ามลำดับขวดนมของโคในลำดับต่อมาขึ้นมาแทน
3. ในช่วงที่ออกใบส่งตัวอย่างน้ำนมเพื่อตรวจวิเคราะห์ ไม่ควรมีกิจกรรมการแท้งนม ตาย ขาย หรือ คัดออก เพราะจะทำให้ข้อมูลโคตัวนั้นหายไป ลำดับข้อมูลโคเปลี่ยน จะส่งผลให้การนำเข้าข้อมูลองค์ประกอบน้ำนมคลาดเคลื่อน
4. ขอให้เจ้าหน้าที่ทุกคนตระหนักถึงความสำคัญในการเก็บตัวอย่างน้ำนมให้ถูกวิธี และเป็นข้อมูลตามความจริงเท่านั้น เช่น วันที่เก็บตัวอย่างน้ำนม ปริมาณน้ำนม และวิธีการเก็บตัวอย่างน้ำนม เพื่อให้ได้ข้อมูลสำหรับการประเมินพันธุกรรมที่ถูกต้องให้มากที่สุด
5. หากเกิดข้อผิดพลาด หรือเหตุการณ์ที่ไม่มีตัวอย่างน้ำนมโครายเดิมนั้นๆ ให้ข้ามไปเก็บในเดือนถัดไป เพื่อป้องกันปัญหาช่วงห่างของข้อมูลน้ำมน้อยกว่า 10 วัน ซึ่งจะทำให้ข้อมูลโคตัวนั้นไม่สามารถนำมาใช้ในการประเมินได้
6. ควรมีการตรวจสอบความผิดปกติของข้อมูลองค์ประกอบน้ำนม เพื่อประเมินวิธีการเก็บตัวอย่างว่าถูกต้องหรือไม่ หรือเพื่อวิเคราะห์ปัญหาในส่วนของการจัดการอาหาร เพื่อใช้แนะนำเกษตรกรต่อไป

วิธีการตรวจการวิเคราะห์องค์ประกอบน้ำนมในห้องปฏิบัติการตรวจคุณภาพน้ำนม

ตัวอย่างน้ำนมที่ส่งเข้ามาถึงห้องปฏิบัติการตรวจคุณภาพน้ำนม จะมีเจ้าหน้าที่จะนำไปตรวจวิเคราะห์องค์ประกอบน้ำนมด้วยเครื่องวิเคราะห์องค์ประกอบน้ำนมอัตโนมัติ (MilkoScan™, FOSS) โดยสามารถตรวจหาองค์ประกอบน้ำนม ได้แก่ เเปอร์เซ็นต์ไขมัน (% Fat) เเปอร์เซ็นต์โปรตีน (% Protein) เเปอร์เซ็นต์น้ำตาลแลคโตส (% Lactose) เซลล์โซมาติก (Somatic cell count, SCC, 1,000 เซลล์/ซีซี) และ ค่ายูเรียในน้ำนม (Milk urea nitrogen, MUN)



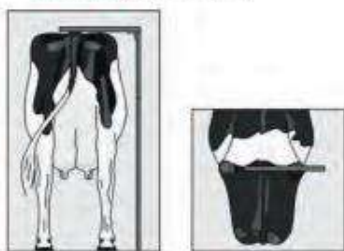
รูปภาพที่ 3-4 แสดงห้องปฏิบัติการตรวจวิเคราะห์คุณภาพน้ำนม

3.1.3 การประเมินลักษณะรูปร่าง (Type appraisal)

การประเมินรูปร่างโคนมเป็นการประมวลผลความดีเด่นของลักษณะรูปร่างโคนมเป็นรายตัวอย่างเป็นวิทยาศาสตร์ด้วยวิธีการวัดและให้คะแนนโดยเจ้าหน้าที่ผู้ชำนาญการที่ผ่านการฝึกอบรมจนมีความเชี่ยวชาญและแม่นยำในการวัดและให้คะแนนรูปร่างโค โดยเจ้าหน้าที่ทำการประเมินจะต้องปฏิบัติดังนี้

1. ประเมินลักษณะรูปร่างโคนมทุกตัวในฟาร์มที่มีลูกสาวของพ่อโคทดสอบ (Testing Bulls) โดยเฉพาะแม่โคให้นมท้องแรก
2. การประเมินลักษณะรูปร่างแม่โคนมให้ทำในช่วงหลังคลอด 1-4 เดือน
3. ประเมินลักษณะรูปร่างแม่โคนมตามคู่มือการประเมินและคัดเลือกรูปร่างโคนมของ จุรีรัตน์ (2552) โดยลักษณะที่ประเมินประกอบด้วย 17 ลักษณะ ได้แก่ 1) ความสูง (Stature) 2) ความกว้างอก (Chest width) 3) ความลึกลำตัว (Body depth) 4) ลักษณะโคนม (Dairy form) 5) มุมสะโพก (Rump angle) 6) ความกว้างสะโพก (Rump width) 7) ความโค้งของขาหลัง (Rear leg set) 8) ความตรงของขาหลัง (Rear leg rear view) 9) มุมกีบ (Foot angle) 10) ความสูงเนื้อเยื่อเต้านมหลัง (Rear udder height) 11) ความกว้างเต้านมหลัง (Udder width) 12) การเกาะยึดเต้านมหน้า (Fore udder attachment) 13) เอ็นยึดเต้านมหลัง (Udder cleft) 14) ความลึกเต้านม (Udder depth) 15) ขนาดหัวนม (Teat size) 16) ความยาวเต้านมหน้า (Fore udder height) และ 17) ความสมดุลเต้านม (Udder balance) (รูปภาพที่ 3-5) และประเมินโดยใช้แบบฟอร์มที่กำหนด (ภาคผนวกที่ 4)

1. ความสูง (Stature)



2. ความกว้างอก (Chest width)



3. ความลึกลำตัว (Body depth)



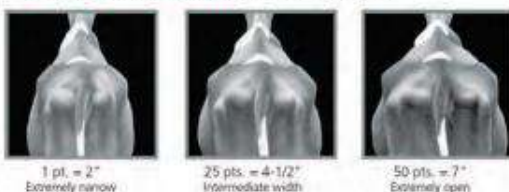
4. ลักษณะโคนม (Dairy form)



5. มุมสะโพก (Rump angle)



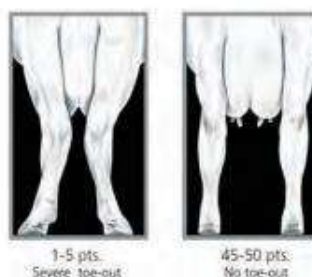
6. ความกว้างสะโพก (Rump width)



7. ความโค้งของขาหลัง (Rear leg set)



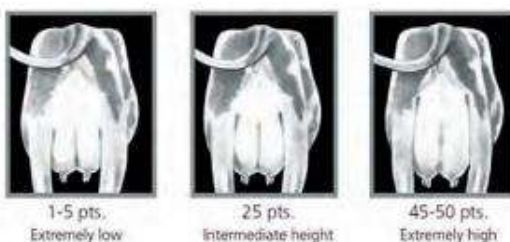
8. ความตรงของขาหลัง (Rear leg rear view)



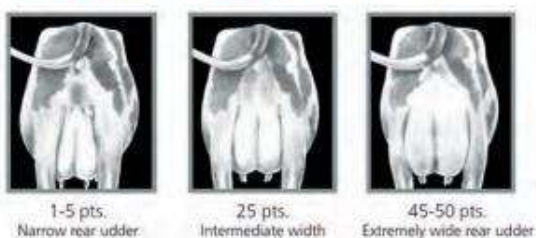
9. มุมกีบ (Foot angle)



10. ความสูงเนื้อเยื่อเต้านมหลัง (Rear udder height)



11. ความกว้างเต้านมหลัง (Udder width)



12. การเกาะยึดเต้านมหน้า (Fore udder attachment)



15. ขนาดหัวนม (Teat size)



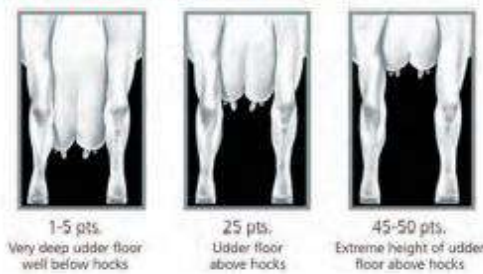
13. เอ็นยึดเต้านมหลัง (Udder cleft)



16. ความยาวเต้านมหน้า (Fore udder height)



14. ความลึกเต้านม (Udder depth)



17. ความสมดุลเต้านม (Udder balance)



รูปภาพที่ 3-5 แสดงลักษณะรูปร่างแมโคนมที่ทำการประเมิน 17 ลักษณะ

3.1.4 การเก็บตัวอย่างเลือดเพื่อสกัดดีเอ็นเอ (Blood collection)

1. เก็บตัวอย่างเลือดจากโคเพศผู้/เพศเมียเกิดใหม่ พ่อโคหนุ่ม แม่ของพ่อโค และแม่โคที่ได้จากประเมินค่าทางพันธุกรรมที่มีพันธุ์ประวัติสมบูรณ์ในปริมาณ 4-6 มิลลิลิตรจากเส้นเลือดดำบริเวณโคนหางของโคใส่ในหลอดที่บรรจุสารป้องกันเลือดแข็งตัวชนิด Ethylenediaminetetraacetic acid (EDTA)
2. นำไปเก็บรักษาที่ 4 องศาเซลเซียส เพื่อรอการสกัดดีเอ็นเอต่อไป (รูปภาพที่ 3-6)



รูปภาพที่ 3-6 แสดงการเก็บตัวอย่างเลือดเพื่อสกัดดีเอ็นเอ

3.2 กิจกรรมการสร้างลูกโคเพศผู้ (Bull calve production)

3.2.1 การคัดเลือกพ่อของพ่อพันธุ์และแม่ของพ่อพันธุ์ (Selection of bull sires and bull dams)

การสร้างหลักเกณฑ์ในการคัดเลือกพ่อของพ่อพันธุ์ (Bull sires) และแม่ของพ่อพันธุ์ (Bull dams) จะคำนึงถึงลักษณะที่ต้องการปรับปรุงเพื่อให้เป็นไปตามเป้าหมายของการปรับปรุงพันธุ์ โดยพันธุ์โคนมที่ได้นี้จะต้องมีความสามารถในการให้ผลผลิตน้ำนม มีประสิทธิภาพทางระบบสืบพันธุ์ดี มีความสามารถในการปรับตัวกับการเลี้ยงดู และสภาพภูมิอากาศในเขตร้อนชื้นของไทย และประเทศในแถบเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ และมีความเหมาะสมกับรูปแบบการบริโภคน้ำนมของไทย ซึ่งจะต้องเลี้ยงง่าย อายุการให้ผลผลิตน้ำนมยืนนาน ในปริมาณที่มากพอเหมาะ ซึ่งจะต้องกระทำทุกปี โดยมีหลักเกณฑ์ในการคัดเลือกดังนี้

หลักเกณฑ์การคัดเลือกพ่อของพ่อพันธุ์ (พ่อพันธุ์ชั้นเลิศ)

พ่อของพ่อพันธุ์ที่จะต้องคัดเลือกสำหรับแผนการผสมนั้นจะประกอบไปด้วยพ่อพันธุ์ภายในประเทศที่ผ่านการพิสูจน์แล้ว และพ่อพันธุ์จากต่างประเทศ สำหรับในช่วงแรกของแผนการปรับปรุงพันธุ์จะใช้พ่อพันธุ์จากต่างประเทศเพื่อมาเพิ่มระดับสายเลือดของโคพื้นฐานให้มีระดับสายเลือดโคต่างประเทศตามแผนการปรับปรุงพันธุ์ โดยจะต้องเป็นพ่อพันธุ์ที่ดีเยี่ยม 100 Top bulls จากสหรัฐอเมริกา และแคนาดา ในแต่ละปีจะใช้พ่อพันธุ์เหล่านี้ประมาณปีละ 5-10 ตัว ส่วนพ่อพันธุ์ภายในประเทศจะเลือกใช้พ่อพันธุ์ที่ผ่านการพิสูจน์แล้วในลำดับที่ 1-3

หลักเกณฑ์การคัดเลือกแม่ของพ่อพันธุ์ (แม่พันธุ์ชั้นเลิศ)

แม่ของพ่อพันธุ์จะคัดเลือกโดยอาศัยข้อมูลจากการเก็บตัวอย่างน้ำนมของแม่โคในฟาร์มเกษตรกรเป็นรายตัวที่ได้มีการประเมินผลเรียบร้อยแล้วทั้งลักษณะปริมาณและคุณภาพน้ำนม และลักษณะรูปร่าง โดยศูนย์วิจัยเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ในเขตที่รับผิดชอบ โดยในแต่ละปีจะต้องคัดเลือกจำนวน 200 ตัว เพื่อสร้างลูกโคเพศผู้ให้ได้จำนวน 40 ตัวเพื่อใช้ในกิจกรรมทดสอบ โดยมีหลักเกณฑ์การคัดเลือกดังนี้

1. มีประวัติการให้น้ำนมในระยะการให้นมที่ 305 วัน ไม่ต่ำกว่า 6,000 กก. ต่อรอบการให้น้ำนม
2. มีค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะปริมาณน้ำนมไม่น้อยกว่า +700
3. มีลักษณะรูปร่างที่ดี หรือมีคะแนนรวมของลักษณะรูปร่างไม่น้อยกว่า 70 คะแนน
4. มีสายเลือดโฮลสไตน์ ฟรีเซียน ไม่เกิน 93.75 %
5. เป็นแม่โคที่ให้ลูกไม่เกินท้องที่ 4
6. มีพันธุ์ประวัติ (พ่อ แม่ ปู่ ย่า ตา ยาย)
7. มีลักษณะของโคนมที่ดี ไม่ปรากฏลักษณะด้อยที่ให้โทษหรือมีประวัติที่ให้ลูกมีลักษณะด้อย

3.2.2 การผสมพันธุ์แม่พันธุ์โคนมชั้นเลิศด้วยพ่อพันธุ์ชั้นเลิศที่ได้คัดเลือกแล้ว

ในการผสมพันธุ์เพื่อผลิตลูกโคเพศผู้ดีเยี่ยมนั้นในปัจจุบันจะเลือกใช้เทคโนโลยีชีวภาพทางการสืบพันธุ์ 2 วิธี คือเทคโนโลยีการผสมเทียม (Artificial Insemination, AI) และเทคโนโลยีการเพิ่มการตกไข่และย้ายฝากตัวอ่อน

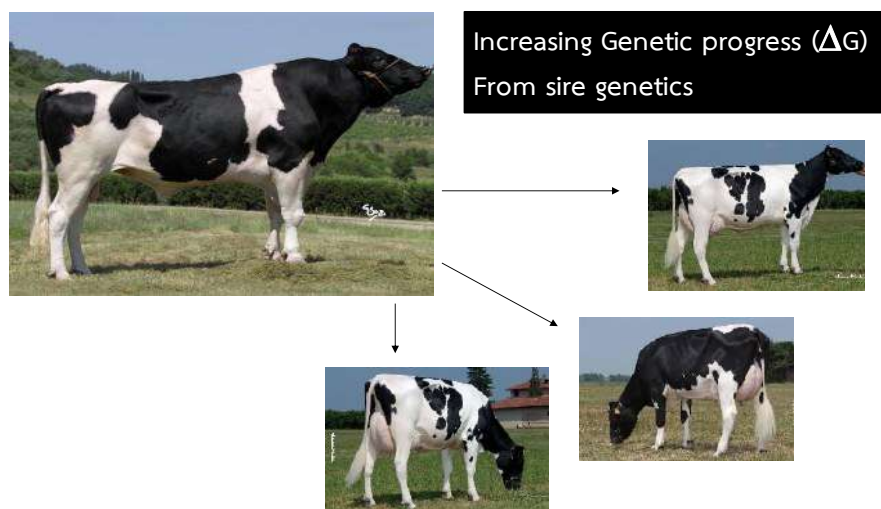
(Multiple Ovulation and Embryo Transfer, MOET) (รูปภาพที่ 3-7) และในอนาคตจะนำเทคโนโลยีการย้ายฝากตัวอ่อนที่ได้จากการปฏิสนธิในหลอดแก้วจากไข่ที่เก็บจากแม่พันธุ์โคนมชั้นเลิศด้วยวิธี Ovum Pick Up (OPU-IVF-ET) (รูปภาพที่ 3-8)

เทคโนโลยีการผสมเทียม

เมื่อคัดเลือกแม่ของพ่อพันธุ์และพ่อของพ่อพันธุ์ได้แล้ว สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์มอบหมายให้ศูนย์วิจัยฯ ดำเนินการให้เจ้าหน้าที่ผสมเทียม หรือเจ้าหน้าที่ของโครงการฯ มีหน้าที่ผสมเทียมแม่พันธุ์ที่ได้คัดเลือกแล้วด้วยน้ำเชื้อพ่อพันธุ์โคนมดีเยี่ยม Top Bull และมีการพิจารณาการจับคู่ผสมที่ไม่ให้เกิด Inbreeding > 6.25% โดยมีหลักเกณฑ์ในการปฏิบัติดังนี้

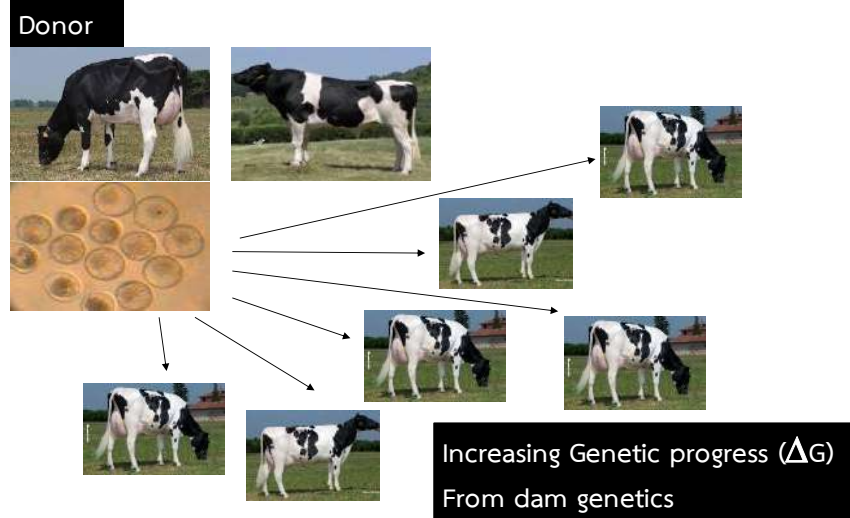
1. ใช้น้ำเชื้อพ่อพันธุ์ตามหลักเกณฑ์การคัดเลือกโคพ่อของพ่อพันธุ์ผสมเทียมแม่โคที่ได้รับการคัดเลือกแล้วเท่านั้น
2. ใช้น้ำเชื้อพ่อพันธุ์ตัวเดิมผสมเทียมกับแม่โคที่มีความจำเป็นต้องผสมซ้ำ
3. ติดตามผลการผสมเทียม ตรวจสอบท้องและรายงานการผสมเทียม รวมทั้งผลการตรวจท้องตามแบบฟอร์มที่กำหนดไว้
4. รายงานการเกิดของลูกโค และจัดทำทะเบียนประวัติโค
5. เตรียมจัดส่งลูกโคเพศผู้ไปเลี้ยงดูและทดสอบสมรรถภาพการเจริญเติบโตที่สถานทดสอบสมรรถภาพฯ สระบุรี กรมปศุสัตว์ ต่อไป

Artificial Insemination (A.I.)



การผสมเทียม (AI)

Multiple Ovulation and Embryo Transfer (MOET)



การเพิ่มการตกไข่และย้ายฝากตัวอ่อน (MOET)

รูปภาพที่ 3-7 แสดงเทคโนโลยีชีวภาพทางการสืบพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์แม่ของพ่อพันธุ์ด้วยพ่อของพ่อพันธุ์ (AI & ET)

เทคโนโลยีการเพิ่มการตกไข่และย้ายฝากตัวอ่อน

เป็นเทคโนโลยีที่มีการเพิ่มการตกไข่หลายใบในแม่โคตัวให้ด้วยฮอร์โมน ทำการผสมเทียมและเก็บตัวอ่อนที่เกิดขึ้นไปย้ายฝากให้แม่โคตัวรับ ตั้งท้องและคลอดแทนหรือที่เรียกว่าอัมบุญ ซึ่งมีเทคนิคที่ใช้ในการดำเนินงานในเทคโนโลยีนี้ ได้แก่ เทคนิคการกระตุ้นรังไข่ให้เพิ่มการตกไข่หลายใบด้วยฮอร์โมน (Superovulation) เทคนิคการเหนี่ยวนำการเป็นสัดด้วยฮอร์โมน (Estrus synchronization) เทคนิคการเก็บและย้ายฝากตัวอ่อน (Embryo collection and embryo transfer) เทคนิคการแช่แข็งตัวอ่อน (Embryo cryopreservation) และเทคนิคการเก็บและแช่แข็งน้ำเชื้อ (Semen collection and cryopreservation) ส่วนในโครงการสร้างพ่อโคนมทรอปิคอลโฮลสไตน์มีแนวทางในการปฏิบัติดังนี้

1. จัดเตรียมแม่โคตัวให้ (Donor) และแม่โคตัวรับ (Recipient) ให้พร้อม
2. แม่โคที่ใช้เป็นแม่โคตัวให้ จะต้องมีคุณลักษณะดังนี้คือ
 - 1) เป็นแม่โคที่มีพันธุ์กรรมดีเยี่ยมทั้งการให้ผลผลิต และรูปร่าง ซึ่งได้รับการคัดเลือกให้เป็นแม่พันธุ์ชั้นเลิศ (Bull dams) แล้วในลำดับที่ 1-10 ของแต่ละปี
 - 2) ต้องมีสุขภาพระบบสืบพันธุ์ดี ไม่มีประวัติผสมติดยาก

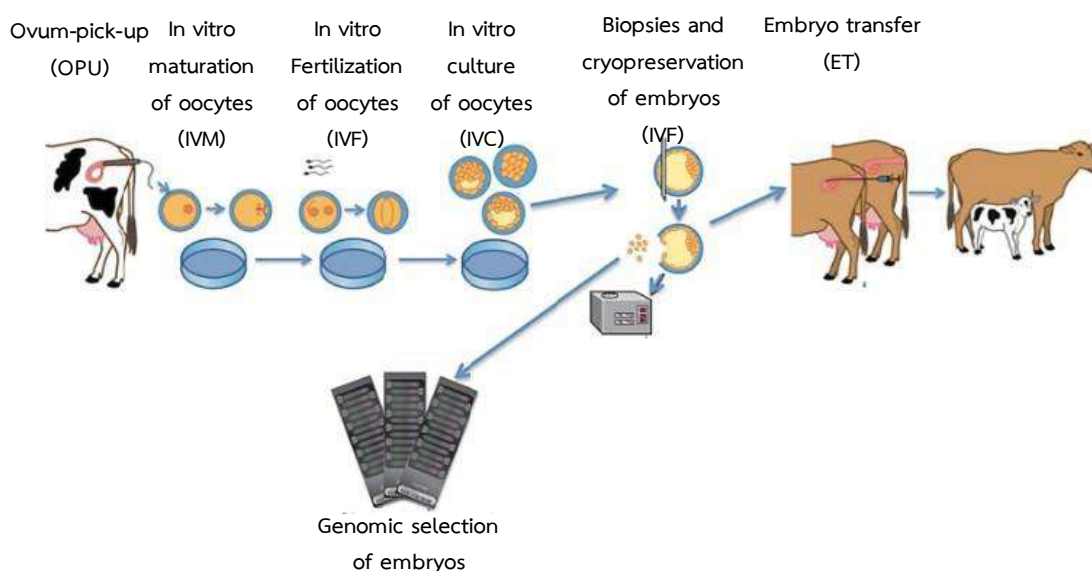
- 3) ปลอดภัยโรค Brucellosis, Paratuberculosis (Para-TB), Tuberculosis (TB), Infectious Bovine Rhinotracheitis (IBR), Bovine Viral Diarrhea (BVD) และ Leptospirosis
3. แม่โคตัวรับที่จะใช้เป็นตัวรับฝากตัวอ่อนที่เกิดจากโคตัวให้ ต้องมีคุณลักษณะดังนี้คือ
 - 1) เป็นโคสาวเพศเมียอายุมากกว่า 15 เดือน
 - 2) มีรูปร่างปกติสมบูรณ์
 - 3) มีสุขภาพระบบสืบพันธุ์ดี ไม่มีประวัติการผสมติดยาก
 - 4) ปลอดภัยโรคโรคติดเชื้อที่สำคัญในโคนม ได้แก่ Brucellosis, Paratuberculosis (Para-TB), Tuberculosis (TB), Infectious Bovine Rhinotracheitis (IBR), Bovine Viral Diarrhea (BVD) และ Leptospirosis
4. ในการผลิตตัวอ่อน จะต้องวางแผนในการเหนี่ยวนำการเป็นสัดและเพิ่มการตกไข่แม่โคตัวให้ด้วยฮอร์โมนทำการผสมเทียมด้วยน้ำเชื้อพ่อพันธุ์ที่กำหนด ทำการตรวจคอปัสสุเทียม (Corpus luteum, CL) เพื่อบันทึกจำนวนและตรวจคุณภาพ โดยการตรวจล้วงทางทวาร (Rectal palpation) หรือโดยเครื่อง Ultrasonographic Scanner (Aloka[®], Japan) ทำการเก็บตัวอ่อน (Flushing) และทำการนับจำนวนและประเมินคุณภาพตัวอ่อนที่เก็บได้ด้วยกล้องสเตอริโอสโคป ตัวอ่อนที่ได้จะทำการแช่แข็งเพื่อรอการย้ายฝาก
5. ในการผลิตลูกโคจากตัวอ่อน จะต้องทำการเหนี่ยวนำการเป็นสัดด้วยฮอร์โมนในแม่โคตัวรับ และสังเกตการเป็นสัดด้วยวิธีเดียวกับในกลุ่มแม่โคตัวให้ แล้วทำการย้ายฝากตัวอ่อนแช่แข็งที่เก็บไว้ให้แม่โคตัวรับหรือ ย้ายฝากตัวอ่อนสดทันทีหลังจากทำการเก็บในกรณีที่ได้เตรียมแม่โคตัวรับพร้อมแล้ว
6. ติดตามผลการย้ายฝาก ตรวจท้อง และรายงานการย้ายฝาก รวมทั้งผลการตรวจท้องตามแบบฟอร์มที่กำหนดไว้
7. รายงานลูกโคเกิด และจัดทำทะเบียนประวัติโค
8. เตรียมจัดส่งลูกโคเพศผู้ไปเลี้ยงดูและทดสอบสมรรถภาพการเจริญเติบโตที่สถานีทดสอบสมรรถภาพฯ สระบุรี กรมปศุสัตว์ ต่อไป

เทคโนโลยีการย้ายฝากตัวอ่อนที่ได้จากการปฏิสนธิในหลอดแก้วจากไข่ที่เก็บจากแม่พันธุ์โคนมชั้นเลิศ ด้วยวิธี Ovum Pick Up (OPU-IVF-ET)

เป็นเทคโนโลยีที่มีการใช้อัลตราซาวด์ตรวจรูปร่างไข่ แล้วทำการเจาะเก็บไข่ (Oocyte) หรือที่เรียกว่า OPU แล้วนำไข่ที่ได้ไปผลิตตัวอ่อนในหลอดแก้ว (*In vitro* embryo production, IVP) โดยนำไข่ไปปฏิสนธิในหลอดแก้ว (*In vitro* fertilization, IVF) แล้วนำไปเลี้ยงในหลอดแก้ว (*In vitro* culture, IVC) จนตัวอ่อนเจริญสู่ระยะบลาสโตซิส แล้วจึงนำไปย้ายฝากให้โคตัวรับ (Embryo transfer, ET) ด้วยวิธีนี้สามารถเพิ่มจำนวนลูกโคที่มีพันธุกรรมดีเยี่ยมในเวลาอันสั้น และการเก็บไข่ด้วย OPU 2 ครั้งต่อสัปดาห์ในช่วงที่เป็นสัดช่วยให้ได้ไข่ปริมาณมากและคุณภาพดีเพียง

พ่อที่จะนำไปทำ IVP (Lope et al., 2006) อีกทั้งการทำ OPU ในโคนสามารถทำได้ 2 ครั้งต่อสัปดาห์ ติดต่อกันเป็นเวลา 2 เดือน โดยไม่ส่งผลเสียต่อสุขภาพระบบสืบพันธุ์ในภายหลัง (Aller et al., 2010) โดยมีแนวทางในการปฏิบัติดังนี้

Ovum Pick Up-In vitro Fertilization-Embryo Transfer (OPU-IVF-ET)



รูปภาพที่ 3-8 แสดงเทคโนโลยีชีวภาพทางการสืบพันธุ์ที่ใช้ในการผสมพันธุ์พ่อของพ่อพันธุ์ และแม่ของพ่อพันธุ์ (OPU-IVF-ET)

ที่มา: Ferré et al (2020)

1. จัดเตรียมแม่โคตัวให้ (Donor) ที่มีพันธุกรรมดีเยี่ยมและแม่โคตัวรับ (Recipient) ให้พร้อม ซึ่งมีรายละเอียดเช่นเดียวกันกับผลิตลูกโคเพศผู้ดีเยี่ยมโดยการใช้เทคโนโลยีการเพิ่มการตกไข่และย้ายฝากตัวอ่อน

การเก็บเซลล์ไข่โดยการเจาะผ่านทางผนังช่องคลอด (OPU)

2. ใช้ฮอร์โมน Follicle-stimulating hormone (FSH) กระตุ้นให้รังไข่มีฟอลลิเคิลเจริญพร้อมๆ กันหลายๆ ใบ โดยแบ่งฉีด 2 โด๊ส เท่ากัน ห่างกัน 12 ชั่วโมง โดยฉีดโด๊สแรก ประมาณ 48 ชั่วโมง ก่อนเจาะ
3. เจาะเก็บไข่จากแม่ตัวให้หลังจากฉีดฮอร์โมนโด๊สสุดท้าย 24-36 ชั่วโมง โดยให้ยาชาที่โคนหางก่อนเจาะเก็บ และเจาะเก็บไข่ผ่านทางผนังช่องคลอด ตามวิธีของ ณรงค์ และคณะ (2547) ด้วยเครื่องมือของฮิลล์ (Hill Aspirator, Mable Hill Embryos INC.) น้ำยาที่ใช้เก็บเซลล์ไข่ คือ PBS (Gibco, BRL, USA) เติมด้วย FSH 1% (v/v) ยาปฏิชีวนะ (Penicillin-Streptomycin) และสารกันเลือดแข็งตัว (Heparin, 50 หน่วย/มล.)

4. ก่อนเจาะเก็บเซลล์ไข่ ทำการตรวจนับจำนวนฟอลลิเคิลบนรังไข่ด้วยโพรบอัลตราซาวด์ชนิด Linear transducer (5 MHz) จากนั้นดำเนินการเจาะเก็บ เสร็จแล้วตรวจสอบจำนวนฟอลลิเคิลที่รังไข่อีกครั้ง ด้วยวิธีการเช่นเดียวกับก่อนการเจาะ
5. ตรวจสอบเซลล์ไข่ที่เก็บได้และประเมินคุณภาพภายใต้กล้องจุลทรรศน์สเตอริโอ ประเมินคุณภาพตามลักษณะของเซลล์นิวคลีโอลัสที่ล้อมรอบและไซโทพลาสซึม ตามวิธีของ Hasler et al. (1995) แล้วคัดเลือกไข่เฉพาะเกรด เอ และบี นำไปดำเนินการตามขั้นตอนการปฏิสนธิในร่างกายต่อไป

การเพาะเลี้ยงไข่อ่อนให้เจริญถึงขั้นพร้อมปฏิสนธิ (IVM)

6. นำเซลล์ไข่ที่คัดเลือกแล้วมาล้าง 2 ครั้ง ด้วยน้ำยา จากนั้นเก็บไข่ในหลอดทดลองที่มีน้ำยาชนิดเดียวกัน และเก็บรักษาไข่ที่อุณหภูมิ 38.5 °C ในตู้เพาะเลี้ยงที่มี 5% CO₂ ความชื้นประมาณ 70% เพื่อเลี้ยงไข่ในหลอดทดลองจนพร้อมที่จะนำไปปฏิสนธิกับน้ำเชื้อแช่แข็งต่อไป

การปฏิสนธิในร่างกายและการเพาะเลี้ยงตัวอ่อน (IVF and IVC)

7. นำไข่ที่ได้ไปผลิตตัวอ่อนในหลอดแก้ว (IVP) โดยนำไข่ไปปฏิสนธิกับอสุจิของพ่อโคชั้นเลิศในหลอดแก้ว (IVF) จนเกิดเป็นตัวอ่อน แล้วนำไปเลี้ยงต่อในหลอดแก้ว (IVC) จนตัวอ่อนเจริญสู่ระยะบลาสโตซิสต์

การย้ายฝากตัวอ่อน (ET)

8. นำตัวอ่อนที่เจริญถึงระยะบลาสโตซิสต์ ไปย้ายฝากในแม่ตัวรับที่ได้จัดเตรียมไว้พร้อมแล้ว

3.2.3 ทำข้อตกลงกับเกษตรกร (Agreement)

1. เจ้าหน้าที่จะต้องตกลงกับเกษตรกรที่แม่โคได้รับการคัดเลือกให้เป็นแม่พันธุ์ชั้นเลิศด้วยว่าจะต้องให้กรมปศุสัตว์ได้ใช้น้ำเชื้อพ่อพันธุ์ภายในประเทศที่ผ่านการพิสูจน์แล้ว หรือพ่อพันธุ์ที่ตีเยี่ยม 100 Top จากต่างประเทศที่โครงการจัดให้ผสมเทียมโดยไม่คิดมูลค่าจนกว่าจะติดตั้งห้อง
2. หากลูกโคที่เกิดจากพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์ชั้นเลิศที่ได้คัดเลือกแล้วเป็นเพศผู้ เกษตรกรต้องยินยอมให้กรมปศุสัตว์เพื่อนำเข้าเป็นพ่อโคหนุ่มของโครงการต่อไป
3. หากเป็นตัวเมียกรมปศุสัตว์ยินยอมให้เกษตรกรเพื่อเลี้ยงไว้เป็นโคสาวทดแทนฝูงต่อไป

3.2.4 การนำส่งลูกโค (Bull calf transfer)

1. เมื่อเจ้าของฟาร์มแจ้งให้ทราบว่าแม่โค Bull dams ในโครงการฯ ที่ได้ทำการผสมไว้ด้วยพ่อพันธุ์ Top bulls ตามที่กำหนดได้คลอดลูกแล้ว เจ้าหน้าที่ของศูนย์วิจัยการผสมเทียมฯ ในเขตที่รับผิดชอบจะต้องไปติดตามการคลอด จัดทำประวัติ (ผท.1) และส่งข้อมูลลูกของ Bull dams ทั้งเพศผู้ และเพศเมียเพื่อเป็นตัวชี้วัดในการประเมินศูนย์วิจัยการผสมเทียมฯ โดยการแจ้งเกิด พร้อมตัวอย่างเลือดของแม่โค ลูกโค ทั้งเพศผู้ และเพศเมียเพื่อสกัดดีเอ็นเอสำหรับทดสอบการเป็น พ่อ-แม่-ลูก (Parentage test) ตรวจโครโมโซม (Karyotyping) ตรวจโรคทางพันธุกรรม (Genetic disease) ตรวจยืนแฝงของขนสีแดง

- (Red carrier) และตรวจหา SNPs ของลูกโคเพศผู้ (การเก็บเลือดเพื่อสกัดดีเอ็นเอ ให้ปฏิบัติตามข้อ 3.1.4) แล้วเตรียมนำส่งลูกโคนมเพศผู้เข้าสถานีทดสอบสมรรถภาพตามขั้นตอนต่อไป (รูปภาพที่ 3-9)
2. สำหรับลูกโคเพศผู้ ถ้าเจ้าของฟาร์มไม่สามารถเลี้ยงดูได้ ขอความร่วมมือจากเจ้าของฟาร์มให้ลูกโคได้กินนมน้ำเหลืองอย่างน้อย 3-5 วัน แล้วนำลูกโคส่งไปเลี้ยงต่อที่ศูนย์วิจัยการผสมเทียมฯ แล้วค่อยส่งต่อไปยังสถานีทดสอบสมรรถภาพฯ สระบุรี แต่ถ้าเจ้าของฟาร์มสามารถเลี้ยงดูได้ก็ขอให้เจ้าของฟาร์มเลี้ยงลูกโคเพศผู้ต่อไปจนถึงอายุประมาณ 1 เดือน แล้วค่อยส่งต่อไปยังสถานีทดสอบสมรรถภาพฯ สระบุรีต่อไป
 3. ในกรณีที่ลูกโคคลอดแล้วเสียชีวิต หรือมีสีแดง ให้ศูนย์วิจัยฯ ในเขตที่รับผิดชอบทำหน้าที่รับรองโดยมีนายสัตวแพทย์ของศูนย์ และเจ้าของฟาร์มเซ็นรับรองมาด้วย
 4. ลูกโคนมเพศผู้ที่จะนำส่งไปที่สถานีทดสอบสมรรถภาพฯ สระบุรี ซึ่งจะต้องมีรายละเอียดคุณลักษณะเฉพาะดังนี้
 - 1) เป็นลูกโคเพศผู้ที่เกิดจากพ่อพันธุ์ชั้นเลิศ และแม่พันธุ์ชั้นเลิศในโครงการผลิตพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์
 - 2) มีบัตรประจำตัวโคนม (พท.1)
 - 3) มีผลการทดสอบความเป็นพ่อ-แม่-ลูก ถูกต้อง
 - 4) มีผลการตรวจโครโมโซมปกติ
 - 5) มีผลการตรวจโรคทางพันธุกรรมปกติ
 - 6) มีผลการตรวจยีนแฝงขนสีแดงปกติ
 - 7) ควรมีอายุไม่เกิน 1 เดือน
 - 8) มีน้ำหนักไม่น้อยกว่า 40 กิโลกรัม
 - 9) เป็นลูกโคที่มีความสมบูรณ์ แข็งแรง ไม่มีอวัยวะส่วนหนึ่งส่วนใดพิการ และ/หรือ ผิดปกติ
 - 10) ลูกโคไม่แสดงอาการของโรค FMD โรคติดต่อ หรือโรคต้องห้ามตาม พ.ร.บ. ว่าด้วยโรคระบาดสัตว์ พ.ศ. 2499 และฉบับแก้ไขเพิ่มเติม หรือมีผลการตรวจเป็นลบ
 - 11) แม่ของลูกโคต้องได้รับการตรวจรับรองจากนายสัตวแพทย์ผู้มีอำนาจของทางราชการว่าปราศจากโรค Brucellosis, Paratuberculosis และ Tuberculosis



รูปภาพที่ 3-9 แสดงขั้นตอนการส่งลูกโคนมเพศผู้เข้าสถานทดสอบสมรรถภาพและฝึกสัตว์พ่อพันธุ์ผสมเทียม

การตรวจโครโมโซม (Karyotyping)

ในการตรวจโครโมโซม จะใช้เทคโนโลยีเซลล์พันธุศาสตร์ (Cytogenetics) ด้วยการวิเคราะห์โครโมโซม (Karyotyping) ตามวิธีของ Eldridge (1985)

การทดสอบความเป็นพ่อ-แม่-ลูก (Parentage test)

ในการพิสูจน์ พ่อ-แม่ ลูก จะใช้เทคโนโลยีดีเอ็นเอด้วยลายพิมพ์ดีเอ็นเอ (DNA-fingerprint) โดยเริ่มต้นด้วยการสกัดดีเอ็นเอจากเลือดพ่อ-แม่-ลูก บางครั้งอาจใช้น้ำเชื้อพ่อโคก็ได้ จนได้ Genomic DNA ต่อมาจึงทำการขยายชิ้นส่วนสายดีเอ็นเอของเป้าหมาย (Target DNA) ที่สกัดได้ด้วย Microsatellite makers จำนวน 11 ชุด ณ 11 ตำแหน่ง (Loci) ของโครโมโซม ด้วยขบวนการ PCR ซึ่ง PCR product ที่ได้จะนำมาตรวจความยาวด้วยเครื่อง ABI PRISM® 3130 หรือ 3500 Genetic Analyzer เพื่อวิเคราะห์ขนาดตัวอย่าง (Fragment analysis) แล้ววิเคราะห์เพื่อหาความสัมพันธ์ของพ่อแม่ลูกโดยดูจากขนาดของชิ้นส่วนดีเอ็นเอที่เท่ากันด้วยโปรแกรม Gene mapper

ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ เป็นรูปแบบของแถบดีเอ็นเอที่มีขนาดแตกต่างกัน โดยความแตกต่างกันนี้จะแสดงถึงความ เป็นเอกลักษณ์เฉพาะตัวของโคนมแต่ละตัว โดยลายพิมพ์ดีเอ็นเอต้องมีคุณสมบัติที่สามารถตรวจซ้ำได้ และต้องได้ผลลัพธ์เช่นเดิมทุกครั้งในสัตว์ตัวเดิม (Short Tandem-Repeat; STR) ปัจจุบันวิธีการทดสอบความเป็นพ่อ-แม่-ลูก ที่นิยมใช้ในการตรวจหาลายพิมพ์ดีเอ็นเอ ได้แก่ Microsatellite กับ SNP parentage

การตรวจโรคทางพันธุกรรม (Genetic disease)

โรคทางพันธุกรรม หมายถึงโรคที่มีความผิดปกติขององค์ประกอบของยีน และโครโมโซม ซึ่งยีนและโครโมโซมนี้เป็นตัวกำหนดลักษณะทางพันธุกรรม เมื่อมีความผิดปกติเกิดขึ้นจะทำให้เกิดการถ่ายทอดทางกรรมพันธุ์จากพ่อแม่สู่ลูกโดยตรง เช่น โรค Bovine Leukocyte Adhesion Deficiency (BLAD) และ Complex vertebral malformation (CVM)

BLAD เป็นโรคทางพันธุกรรมที่เกิดจากยีนด้อย CD18 ซึ่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่1 คือมีการกลายพันธุ์ของยีนเพียงหนึ่งเบสในตำแหน่ง 383 จาก Adenine (A) เป็น Guanine (G) สัตว์ที่แสดงอาการจะมีความผิดปกติแบบ Homozygous ทำให้เม็ดเลือดขาวทำงานผิดปกติ สัตว์จึงมีความบกพร่องทางภูมิคุ้มกัน และขาดความสมบูรณ์พันธุ์ พบในโคนมสายพันธุ์โฮลสไตน์ทั่วโลก และมักจะตายตั้งแต่อายุน้อย 1-2 เดือน หรือก่อนที่จะมีการชันสูตรโรค โคที่เป็นโรคนี้มีการติดเชื้ออย่างรุนแรง เช่น เกิดปอดบวม ช่องปากอักเสบ ฟันหลุด ผิวหนังอักเสบ แผลหายช้า ทำให้โคแควะแกรนการเจริญเติบโตลดลง ในแม่โคมักจะมีปัญหาทางด้านระบบสืบพันธุ์ และให้ผลผลิตน้ำนมลดลง แต่โคนมที่มียีนด้อยแบบเฮเทอโรไซกัส (Heterozygous) จะมีอาการปกติและเป็นพาหะที่แพร่ยีนด้อยนี้ไปในฝูงโคนมที่มีสายเลือดโฮลสไตน์ได้ (รูปภาพที่ 3-10)



รูปภาพที่ 3-10 แสดงความผิดปกติที่เกิดจากโรค Bovine leukocyte adhesion deficiency (BLAD)

ที่มา: Müller et al. (1994)

CVM เป็นโรคทางพันธุกรรมที่เกิดความผิดปกติของยีน SLC35A3 ที่อยู่บนโครโมโซม 3 ที่เป็นรหัสในการสร้างโปรตีน Uridine diphosphate-n-acetylglucosamine transporter ในยีนนี้ที่ตำแหน่ง 559 เปลี่ยนแปลงของเบส Guanine (G) เป็น Thymine (T) การแสดงลักษณะปรากฏของโรคจะแสดงให้เห็นออกมาได้ก็ต่อเมื่อมีการจับคู่อัลลีลของยีนด้อย (Homozygous recessive) ในขณะที่คู่อัลลีลที่มียีนด้อยมาจับคู่กับยีนปกติ (Heterozygous recessive) จะไม่ปรากฏอาการของโรค เมื่อดูภายนอกจะมีลักษณะปกติแต่เป็นพาหะของลักษณะที่ผิดปกติ ลักษณะผิดปกติที่ถ่ายทอดทางพันธุกรรมของยีนด้อยที่เกิดขึ้นพบในช่วงระหว่างเริ่มต้นของการเจริญเติบโตของตัวอ่อนมีผลทำให้เกิดการแท้งลูกในระยะแรกๆ หรือลูกที่เกิดมาตายเนื่องจากมีความผิดปกติของกระดูกสันหลัง ลักษณะของลูกที่

ผิดปกติคือ คอและขาหน้าสั้น ข้อขาหน้าโค้งงอ เกิดการเคลื่อนของ Distal limb กระดูกสันหลังและหัวใจผิดปกติ ลูกที่เกิดมักตายตั้งแต่อยู่ในท้อง หรือคลอดก่อนกำหนด (รูปภาพที่ 3-11)

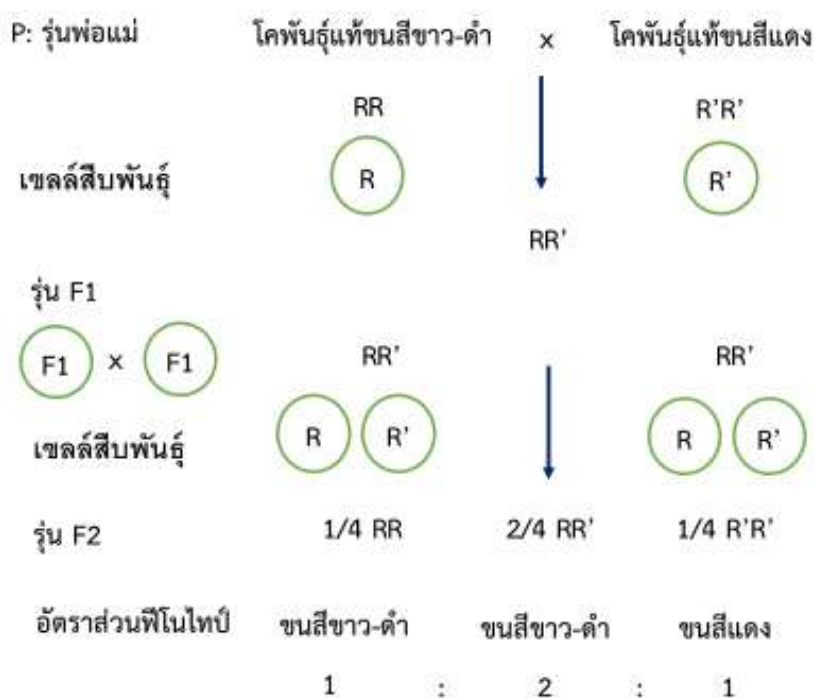


รูปภาพที่ 3-11 แสดงความผิดปกติที่เกิดจากโรค Complex vertebral malformation (CVM)

ที่มา: Keuhn and Olson <https://blogs.cornell.edu/dairygenetics/research/genetic-diseases/>

การตรวจยีนแฝงของขนสีแดง (Red carrier)

ยีนแฝงของขนสีแดง ไม่ใช่เป็นโรคทางพันธุกรรมที่จะทำให้เกิดผลเสียต่อทางเศรษฐกิจ แต่เป็นเพียงการแสดงออกของลักษณะที่เกิดจากการจับคู่ของยีนที่ควบคุมลักษณะสีขนที่มาจากพ่อและแม่



รูปภาพที่ 3-12 แสดงแผนผังแสดงการถ่ายทอดทางพันธุกรรมจากการผสมพันธุ์ระหว่างโคพันธุ์แท้ที่มีขนขาว-ดำเพศผู้ กับโคพันธุ์แท้ที่มีขนสีแดงเพศเมีย

โดยทั่วไปทุกๆ ลักษณะ ก็จะมียีนคุมอยู่เป็นชุด ๆ ไป เช่น ยีนคุมสีขน ยีนคุมปริมาณน้ำนม ยีนคุมเปอร์เซ็นต์ไขมัน ฯลฯ แต่ยีนจะมี 2 พวกร่วมกันคือ “ยีนเด่นกับยีนด้อย” ในส่วนของสีขนของโคได้มีการพิสูจน์และยืนยันแน่นอนแล้วว่าสีขนขาว (ยีนเด่น) ดำนั้น เป็นลักษณะเด่น -สีขนแดงเป็นลักษณะด้อย (ยีนด้อย) ถ้าสมมติให้ R แทนยีนเด่น และ R' แทนยีนด้อย เพราะฉะนั้นเมื่อมีการจับคู่ยีนที่มาจากพ่อและแม่ ลูกโคที่มียีน RR จึงมีสีขาว-ดำ ลูกโคที่มียีน RR' ก็มีสีขาว-ดำ เพราะยีนด้อยจะถูกข่มไว้โดยยีนเด่น จึงมองเห็นลักษณะของยีนเด่นเพียงอย่างเดียว ส่วนลูกโคที่มียีน R'R' จะมีขนสีแดง เพราะไม่มียีนเด่นมาข่มไว้ จึงแสดงลักษณะด้อยออกมา (รูปภาพที่ 3-12)

เพื่อความเข้าใจที่ชัดเจนขึ้น จะแสดงการแบ่งยีนจากพ่อและแม่มาผสมกันเป็นยีนของลูก ซึ่งมีด้วยกัน 9 รูปแบบ โดยแต่ละรูปแบบจะมีโอกาสเกิดลูกต่างๆ หลากหลายแบบตามตารางที่ 3-1 ดังนี้

ตารางที่ 3-1 แสดงรูปแบบพื้นฐานของจีโนไทป์ลูกที่เกิดจากการผสมพันธุ์ระหว่าง Heterozygous ของยีน 1 คู่ของลักษณะที่ถูกข่มสมบูรณ์

รูปแบบที่	พ่อ	แม่	จีโนไทป์ลูก	ฟีโนไทป์ลูก
1	RR	RR	RR ทั้งหมด	สีขาว-ดำทั้งหมด
2	RR	RR'	1/2 RR : 1/2 RR'	สีขาว-ดำทั้งหมด
3	RR	R'R'	RR' ทั้งหมด	สีขาว-ดำทั้งหมด
4	RR'	RR	1/2 RR : 1/2 RR'	สีขาว-ดำทั้งหมด
5	RR'	RR'	1/4 RR : 2/4 RR' : 1/4 R'R'	3/4 สีขาว-ดำ : 1/4 สีแดง
6	RR'	R'R'	1/2 RR' : 1/2 R'R'	1/2 สีขาว-ดำ : 1/2 สีแดง
7	R'R'	RR	RR' ทั้งหมด	สีขาว-ดำทั้งหมด
8	R'R'	RR'	1/2 RR' : 1/2 R'R'	1/2 สีดำ : 1/2 สีแดง
9	R'R'	R'R'	R'R' ทั้งหมด	สีแดงทั้งหมด

จะเห็นว่าสิ่งที่เรากล่าวถึงในต้นเรื่องก็คือ รูปแบบที่ 5 คือเราเห็นรูปในแคตตาล็อกว่าพ่อพันธุ์เป็นสีขาวดำและแม่โคของเราก็มีสีขาวดำแน่ ๆ แต่ลูกออกมาเป็นสีแดง แสดงว่าทั้งพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์นั้นเป็นลักษณะเด่นไม่แท้จึงมีโอกาสให้ลูกออกมาเป็นสีแดง โดยความจริงแล้วโคสีแดงนี้ไม่ได้มีผลต่อการให้ผลผลิตน้ำนมแต่อย่างใด มีข้อมูลยืนยันแล้วว่าความสามารถในการให้น้ำนมก็ไม่ได้แตกต่างอะไรกับโคสีขาวดำเลย อย่าไปยึดกับคำว่ายีนด้อยหรือลักษณะด้อย เพราะจริงๆ แล้วไม่ได้ด้อยอะไรเป็นวิธีการเรียกให้เข้าใจง่ายเท่านั้นเองตัวอย่างที่เห็นได้ เช่น พ่อพันธุ์โคนมหมายเลข TH376 มีสีของขนเป็นขาว-ดำ (มียีนแฝงของขนสีแดง) จึงมีโอกาสให้ลูกที่มีขนสีแดง (รูปภาพที่ 3-13)



A. พ่อพันธุ์โคนมหมายเลข TH376



B. ลูกสาว

รูปภาพที่ 3-13 แสดงลูกโคที่เกิดจากพ่อโคที่มียีนแฝงของขนสีแดง

แต่ถ้าฟาร์มใดมีโคนมสีแดง ($R'R'$) เกิดขึ้นในฟาร์ม และต้องการได้ลูกที่เกิดมาในรุ่นต่อไปมีสีขาวดำก็สามารถจัดการกับปัญหานี้ได้โดยผสมกับพ่อที่ยีนเป็นเด่นแท้ (RR) (รูปแบบที่ 3 ในตารางที่ 3-1) ลูกที่ได้ออกมาทุกตัวจะเป็นลักษณะเด่น คือมีสีขาวดำทุกตัว แต่ถ้าแม่โคของเราเป็นเด่นแท้ (RR) ก็ไม่ต้องกังวลเรื่องใดทั้งสิ้น ไม่ว่าพ่อโคจะเป็นเด่นแท้ เด่นไม่แท้ หรือด้อยก็ตาม ลูกโคออกมาจะเป็นสีขาวดำแน่นอน อย่างไรก็ตามเราไม่มีทางรู้เลยว่าแม่โคที่เราเห็นเป็นสีขาวดำนั้นเป็นเด่นแท้หรือเปล่า แต่ให้คิดว่าแม่โคของเราเป็นเด่นไม่แท้ ($R'R'$) ดังนั้นถ้าต้องการลูกสีขาวดำทุกตัว ก็มีทางเดียวคือต้องเลือกพ่อโคที่เป็นเด่นแท้ (RR) เท่านั้น (รูปแบบที่ 2 ในตารางที่ 3-1) สำหรับการหาพ่อโคที่เป็นเด่นแท้ก็พอจะหาได้ ที่เห็นว่ามีแน่ ๆ ก็คือ พ่อโคที่ทำการพิสูจน์ในอเมริกาซึ่งตีพิมพ์ในสมุดพ่อพันธุ์ (ในอนาคตในสมุดพ่อพันธุ์ของกรมปศุสัตว์ก็จะมีรายละเอียดของการตรวจยีนแฝงของขนสีแดงด้วย) ในนั้นจะบอกรายละเอียดเรื่องนี้ไว้ในบางตัวที่มีข้อมูล ไม่ใช่ทุกตัว โดยตัวที่เป็นเด่นแท้จะมีตัวอักษร **TR** ซึ่งย่อมาจาก Tested free of red hair color แปลว่าทดสอบแล้วว่าไม่มียีนด้อยที่ทำให้ขนสีแดง ส่วนตัวที่เป็นยีนเด่นไม่แท้จะมีตัวอักษร **RC** ซึ่งย่อมาจาก Red hair color แปลว่ามียีนที่ทำให้ขนสีแดงแฝงอยู่ ส่วนตัวที่เป็นยีนด้อยตัวมันเองมีสีขนแดงนั้นจะถูกคัดทิ้งไปตั้งแต่เล็กๆแล้วจะไม่คัดเอามาทำพ่อพันธุ์

ในการตรวจหายีนแฝงของขนสีแดงนั้น เป็นการตรวจวิเคราะห์โดยใช้เทคโนโลยีดีเอ็นเอ ซึ่งตรวจหาการกลายพันธุ์ของยีน Melanocortin 1 receptor (MC1R) ที่อยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 18 ในส่วนของ Exon เพียงหนึ่งเบสในระดับนิวคลีโอไทด์ บนตำแหน่ง Extension Locus (SNPs) ลำดับที่ 296 667 และ 748 โดยเปลี่ยนลำดับเบสของนิวคลีโอไทด์จาก Cytosine (C) เป็น Thymine (T) ยีน MC1R นี้เป็นยีนที่มีบทบาทสำคัญในการควบคุมกระบวนการสร้างเม็ดสี และควบคุมการแสดงออกของสีขน ประกอบด้วย 3 อัลลีล คือ Wild-type E^+ ควบคุมสีขนหลากหลายสีที่แตกต่างกัน Dominant E^D ควบคุมสีขนสีดำ Recessive e ควบคุมสีขนแดงหรือเหลือง ดังนั้นการวิเคราะห์ผลการตรวจยีนแฝงของขนสีแดง สามารถสรุปได้ดังตารางที่ 3-2

ตารางที่ 3-2 สรุปการวิเคราะห์ผลการตรวจยีนแฝงบนสีแดงในโคนม

Genotype	Phenotype	อัลลีลที่ 296	อัลลีลที่ 667	อัลลีลที่ 748	หมายเหตุ
E ^D	ดำ	CC	CC	TT	E ^D /E ^D
e	แดง	TT	CC	CC	e/e
E ¹	แดง	TT	TT	TT	E ¹ /E ¹
E ²	แดง	TT	CC	TT	E ² /E ²

3.3 กิจกรรมการทดสอบพ่อโคหนุ่ม (Young bull test)

3.3.1 การทดสอบสมรรถภาพ (Performance test)

การทดสอบสมรรถภาพ เป็นกระบวนการในการเก็บข้อมูลและวิเคราะห์ข้อมูลลักษณะสมรรถภาพที่สำคัญทางเศรษฐกิจ ภายใต้ระบบการผลิตที่กำหนด โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อการอธิบายลักษณะและการประเมินสมรรถภาพของสายพันธุ์ภายใต้สภาวะของระบบการผลิตที่กำหนด นอกจากนี้การทดสอบสมรรถภาพยังมีส่วนช่วยในการปรับปรุงพันธุ์ตามวัตถุประสงค์การคัดเลือกที่กำหนด (Peters and Thorpe, 1989) ประโยชน์ของการทดสอบสมรรถภาพและการทดสอบความสามารถของลูกหลานต่อการประเมินพันธุ์กรรมและการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ได้มีการศึกษามาตั้งแต่ช่วงต้นปี ค.ศ.1940s (Dickerson and Hazel, 1944) การทดสอบสมรรถภาพช่วยในการเปรียบเทียบโคเพศผู้ที่มาจากต่างฝูงภายใต้สภาวะการเลี้ยงดูที่คล้ายกัน โดยการชั่ง และวัดลักษณะที่สนใจซึ่งสามารถถ่ายทอดไปสู่รุ่นถัดไปได้ โดยในการคัดเลือกพ่อโคควรตั้งอยู่ในพื้นฐานของความดีเลิศของลักษณะต่างๆ ซึ่งมีความจำเป็นสำหรับรุ่นลูกเพื่อเพิ่มผลกำไรสูงสุด โดยมีเป้าหมายในการสร้างโคเพศผู้ที่มีค่าการผสมพันธุ์ดีเยี่ยมในอนาคต (Dalton and Morris, 1978)

การทดสอบสมรรถภาพถือเป็นหนึ่งในกิจกรรมการทดสอบโคพ่อพันธุ์หนุ่ม สำหรับการพัฒนาโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ โดยลูกโคเพศผู้อายุประมาณ 1 เดือน ที่เกิดจากพ่อและแม่พันธุ์ชั้นเลิศจากการวางแผนผสมพันธุ์ในฟาร์มเกษตรกรทั่วประเทศที่เข้าร่วมในโครงการผลิตพ่อโคหนุ่มทรอปิคอลโฮลสไตน์ และได้รับมอบจากศูนย์วิจัยการผสมเทียมและเทคโนโลยีชีวภาพ จะถูกนำเข้ามาเลี้ยงดูและทดสอบสมรรถภาพในโรงเรือน (รูปภาพที่ 3-14 และรูปภาพที่ 3-15) ที่สถานีทดสอบกลาง (National performance test station) (สถานีทดสอบสมรรถภาพฯ สระบุรี สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์) ในระหว่างการทดสอบ โคจะได้รับระดับการจัดการด้านต่างๆ เช่น การเลี้ยงดู การให้อาหาร ที่เหมือนกัน ตามมาตรฐานที่กำหนดตามช่วงอายุของโค ในการทดสอบสมรรถภาพแต่ละครั้งจะทำการเสร็จสิ้นภายในวันเดียวกันด้วยเจ้าหน้าที่ที่มีทักษะและประสบการณ์ โดยจะทำการชั่งน้ำหนัก วัดความสูง วัดความยาวรอบอก วัดความยาวลำตัว และวัดขนาดอวัยวะ ทุกเดือนๆ ละ 1 ครั้ง ตั้งแต่เริ่มต้นการทดสอบ (โคอายุประมาณ 1 - 4 เดือน) จนถึงสิ้นสุดการทดสอบ (โคอายุประมาณ 12 - 15 เดือน) และทำการประเมินลักษณะรูปร่างเมื่อลูกโคเพศผู้มีอายุได้ 12 เดือน พร้อมทั้งเริ่มฝึกการรีดเก็บน้ำเชื้อ ซึ่งลูกโคเพศผู้ทั้งหมดจะได้รับการประเมินผลการทดสอบและคัดเลือกโดยคณะทำงานพิจารณาคัดเลือกโคพ่อพันธุ์ฯ ทั้งนี้พ่อโคหนุ่มที่ผ่านการทดสอบสมรรถภาพแล้วจะนำส่งไป

ทดสอบคุณภาพน้ำเชื้อ และทดสอบความสามารถในการให้ผลผลิตของลูกสาวต่อไป ส่วนพ่อโคที่ไม่ผ่านการทดสอบให้จำหน่ายตามระเบียบกรมปศุสัตว์ว่าด้วยการตรวจคัดสัตว์และจำหน่ายสัตว์ พ.ศ. 2550 ข้อ 5,6,7 ประกอบระเบียบสำนักนายกรัฐมนตรีว่าด้วยการพัสดุ พ.ศ. 2535 แก้ไขเพิ่มเติม ข้อ 157

รายละเอียดข้อมูลการทดสอบสมรรถภาพ ประกอบด้วย

- 1) ข้อมูลการเจริญเติบโต เช่น น้ำหนักตัว (กก.) (รูปภาพที่ 3-16)
- 2) ข้อมูลขนาดร่างกาย เช่น ความสูงที่ไหล่ (ซม.) ความยาวรอบอก (ซม.) และความยาวของลำตัว (ซม.) (รูปภาพที่ 3-17)
- 3) ข้อมูลขนาดอวัยวะ เช่น ความยาวเส้นรอบวง (ซม.) ความกว้าง (ซม.) ความยาว (ซม.) (รูปภาพที่ 3-18)



รูปภาพที่ 3-14 แสดงโรงเรือนสำหรับทดสอบสมรรถภาพ (ลูกโคเพศผู้)



รูปภาพที่ 3-15 แสดงโรงเรือนสำหรับทดสอบสมรรถภาพ (โคหนุ่มเพศผู้)



รูปภาพที่ 3-16 แสดงการชั่งน้ำหนักตัว



ก) ความสูงที่ไหล่



ข) ความยาวลำตัว



ค) ความยาวรอบอก

รูปภาพที่ 3-17 แสดงการวัดความสูง ความยาวลำตัว และรอบอก



ก) ความยาวเส้นรอบวง



ข) ความยาว



ค) ความกว้าง

รูปภาพที่ 3-18 แสดงการวัดขนาดอวัยวะ

การประเมินลักษณะรูปร่างโคนมเพศผู้จะใช้วิธีการประเมินรูปร่างโคนมแบบเส้นตรงเช่นเดียวกันกับโคนม + เพศเมีย แต่ให้น้ำหนักความสำคัญของลักษณะรูปร่างต่างกัน ซึ่งเป็นการวัดหรือให้คะแนนที่ละลักษณะตามขนาด หรือ ความมากน้อยของลักษณะที่ปรากฏ โดยไม่คำนึงถึงความดีเด่น หรือความเหมาะสมของลักษณะนั้นๆ โดยโคนมเพศผู้ มีการให้น้ำหนักความสำคัญของลักษณะรูปร่างตามจูริรัตน์ (2552) (ตารางที่ 3-3) ด้วย 4 กลุ่มลักษณะหลักดังนี้

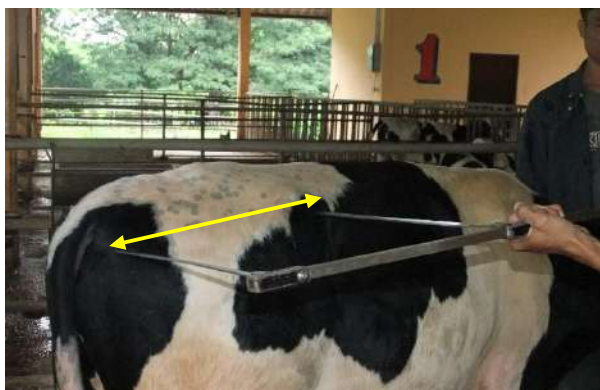
ตารางที่ 3-3 แสดงการให้น้ำหนักความสำคัญของลักษณะรูปร่างพ่อพันธุ์โคนม

ลักษณะหลัก	ลักษณะย่อย	คะแนน
1. โครงสร้าง (Frame) (35 คะแนน)	1.1 ความยาวสะโพก (Rump length)	12
	1.2 ความกว้างสะโพก (Rump width)	
	1.3 มุมสะโพก (Rump angle)	
	1.4 โคนหาง (Tail head)	
	1.5 ไหล่ (Shoulder)	10
	1.6 ความสูงสัมพัทธ์ (Relative height of front end)	
	1.7 เอว (Loin)	
	1.8 หัว (Head)	8
	1.9 ความสูง (Stature)	
	1.10 อัณฑะ (Testis)	5
2. ขาและกีบ (Feet and leg) (25 คะแนน)	2.1 ขาหลังด้านข้าง (Rear leg side view)	15
	2.2 ตำแหน่งขาหลัง (Rear leg position)	
	2.3 ขาหลังด้านหลัง (Rear leg rear view)	
	2.4 การเดิน (Mobility)	
	2.5 มุมกีบ (Foot angle)	10
	2.6 ข้อกีบ (Patterns)	
	2.7 กีบ (Toes)	
3. ลักษณะโคนม (Dairy character) (25คะแนน)	3.1 ลักษณะความเป็นโคนม (Angularity)	15
	3.2 ผิวหนังและขน (Hair and skin)	10
4. ความจุของร่างกาย (Body capacity) (20 คะแนน)	4.1 ความลึกของลำตัว (Body depth)	10
	4.2 ความลึกของอก (Chest depth)	5
	4.3 ความกว้างของอก (Chest width)	5

ที่มา: จูริรัตน์ (2552)

1. ลักษณะโครงสร้าง (Frame) (35%) ประกอบด้วย 10 ลักษณะย่อย ดังนี้

1.1 ความยาวสะโพก เป็นการวัดความยาวจากปุ่มกระดูกสะโพกถึงปุ่มกระดูกก้นกบ ความยาวสะโพกจะมีความสัมพันธ์กับลักษณะความจุร่างกายและขนาดของเต้านมคู้หน้าในโคเพศเมีย โดยโคนมที่มีความยาวสะโพกยาว จะมีลักษณะลำตัวยาว และขนาดของเต้านมคู้หน้าที่ยาว จึงกล่าวได้ว่า ความยาวสะโพกเป็นลักษณะที่ส่งผลโดยตรงกับความสามารถในการให้ผลผลิตน้ำนมของโคเพศเมีย (รูปภาพที่ 3-19)



รูปภาพที่ 3-19 แสดงลักษณะโครงสร้าง (ความยาวสะโพก)

1.2 ความกว้างสะโพก เป็นการวัดระยะห่างระหว่างปุ่มกระดูกสะโพกด้านซ้ายและขวา ความกว้างสะโพกจะมีความสัมพันธ์กับความกว้างของกระดูกเชิงกราน ซึ่งมีความสัมพันธ์โดยตรงกับการคลอดยากในโคเพศเมีย กล่าวคือ โคเพศเมียที่ความกว้างสะโพกน้อยจะเป็นโคที่มีเชิงกรานแคบ และมีแนวโน้มจะเกิดปัญหาการคลอดยากมากกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับโคเพศเมียตัวอื่นๆ ที่ให้ลูกที่มีขนาดเท่ากัน นอกจากนี้ ความกว้างสะโพกยังมีความสัมพันธ์กับความกว้างของเต้านมอีกด้วย จึงเป็นลักษณะที่ส่งผลต่อความสามารถในการให้ผลผลิตน้ำนมของโคเพศเมีย (รูปภาพที่ 3-20)



รูปภาพที่ 3-20 แสดงลักษณะโครงสร้าง (ความกว้างสะโพก)

1.3 มุมสะโพก เป็นการวัดความแตกต่างระหว่างแนวสมมุติจากปุ่มกระดูกสะโพกถึงพื้นกับปุ่มกระดูกก้นกบถึงพื้น มุมสะโพกมีความสัมพันธ์กับสุขภาพทางระบบสืบพันธุ์ในโคเพศเมีย โดยโคที่มีสะโพกยกสูง (ปุ่มกระดูกสะโพกต่ำกว่าปุ่มกระดูกก้นกบ) มีแนวโน้มเกิดการติดเชื้อทางระบบสืบพันธุ์มากกว่าโคที่มีมุมสะโพกแนวระนาบ (ปุ่มกระดูกสะโพกอยู่ในระนาบเดียวกับปุ่มกระดูกก้นกบ) หรือมีมุมสะโพกลาดลง (ปุ่มกระดูกสะโพกสูงกว่าปุ่มกระดูกก้นกบ) เนื่องจากมีของเหลวเหลืออยู่ในอวัยวะสืบพันธุ์ อาจเกิดการติดเชื้อในระบบสืบพันธุ์ได้ง่าย (รูปภาพที่ 3-21)



รูปภาพที่ 3-21 แสดงลักษณะโครงสร้าง (มุมสะโพก)

1.4 โคนหาง เป็นลักษณะที่มีความสัมพันธ์กับสุขภาพทางระบบสืบพันธุ์ในโคเพศเมีย โดยพิจารณาเปรียบเทียบตำแหน่งของโคนหางกับกระดูกก้นกบ โคนหางจะต้องไม่จมลึกลงไประหว่างกระดูกก้นกบ หรือยกสูงเกินไป เพราะจะทำให้ปากช่องคลอดเปื้อนอุจจาระทุกครั้งที่โคถ่าย อาจมีโอกาสเสี่ยงที่จะติดเชื้อในระบบสืบพันธุ์ ซึ่งลักษณะโคนหางที่จมลึกลงไประหว่างกระดูกก้นกบจะให้คะแนนต่ำ ขณะที่โคนหางที่ยกสูงมากจะให้คะแนนสูง โดยลักษณะที่เหมาะสม คือ โคนหางที่ขนานไปกับแนวสันหลัง (รูปภาพที่ 3-22)

1.5 ไหล่ เป็นลักษณะที่บ่งชี้ถึงความแข็งแรงของร่างกายส่วนหน้าของโค พิจารณาจากความแนบชิดของกระดูกหัวไหล่กับลำตัวของโค โคที่มีร่างกายส่วนหน้าไม่แข็งแรง จะมีลักษณะกระดูกหัวไหล่ที่กางมากซึ่งจะให้คะแนนต่ำ ขณะที่ลักษณะกระดูกหัวไหล่ที่แนบชิดไปกับลำตัวโคซึ่งเป็นลักษณะที่เหมาะสม จะให้คะแนนสูง (รูปภาพที่ 3-22)



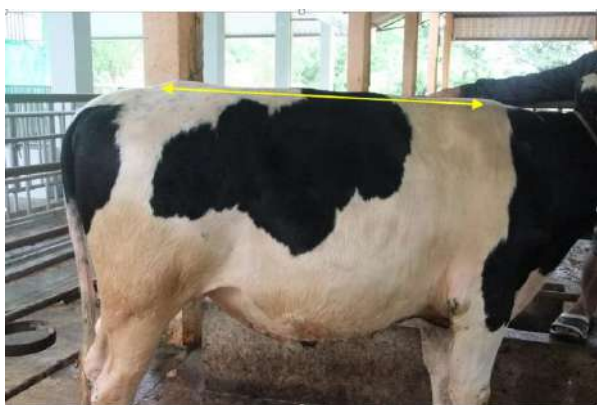
โคนหาง

ไหล่

รูปภาพที่ 3-22 แสดงลักษณะโครงสร้าง (โคนหาง และไหล่)

1.6 ความสูงสัมพัทธ์ เป็นการพิจารณาแนวเส้นตรงจากไหล่ไปจนถึงกระดูกสะโพก หากโคนมีด้านหน้าต่ำกว่าด้านหลังจะให้คะแนนต่ำ ขณะที่ถ้าโคนมีด้านหน้าสูงกว่าด้านหลัง ก็จะทำให้คะแนนสูง โดยลักษณะที่เหมาะสม คือ โคที่มีแนวเส้นตรงจากไหล่จนถึงสะโพกในระดับเดียวกัน หรือลาดลงไปด้านหลังเล็กน้อย เนื่องจากส่วนท้ายของโคจะสามารถรับน้ำหนักจากกระเพาะอาหาร มดลูก (ขณะที่โคอุ้มท้อง) และเต้านมได้ดี (รูปภาพที่ 3-23)

1.7 เอว เป็นการพิจารณาแนวกล้ามเนื้อบริเวณเอว เนื่องจากเป็นบริเวณที่ต้องรับน้ำหนักของอวัยวะที่สำคัญในโคเพศเมีย คือ เต้านม และมดลูก โดยโคที่มีเอวแข็งแรงควรมีก้ามเนื้อเอวตรง หรือนูนขึ้นมาเล็กน้อย ซึ่งโคที่มีก้ามเนื้อเอวหย่อน จะให้คะแนนต่ำ ขณะที่โคที่มีเอวแข็งแรง มีก้ามเนื้อนูนขึ้นมาเล็กน้อย จะให้คะแนนสูง (รูปภาพที่ 3-23)



ความสูงสัมพัทธ์



เอว

รูปภาพที่ 3-23 แสดงลักษณะโครงสร้าง (ความสูงสัมพัทธ์ และเอว)

1.8 หัว เป็นการพิจารณาลักษณะของหัว ซึ่งลักษณะหัวที่เหมาะสมในโคนม คือ ไม่กว้าง ไม่ยาวเกินไป มีความสมส่วนกับความยาวลำตัว (รูปภาพที่ 3-24)

1.9 ความสูง เป็นการวัดในแนวตั้งจากปุ่มกระดูกสะโพกถึงพื้นดินขณะที่โคยืนท่าปกติ โดยลักษณะความสูงมีความสัมพันธ์กับความลึกของเต้านมในโคเพศเมีย ซึ่งโคที่เตี้ยหรือสูงเกินไป จะมีตำแหน่งของเต้านมที่ต่ำหรือสูงเกินไป ซึ่งอาจอยู่ในตำแหน่งที่ไม่เหมาะสมกับการใช้เครื่องรีดนม จึงอาจส่งผลให้เกษตรกรไม่สามารถใช้ระบบการรีดนมแบบอัตโนมัติได้อย่างเต็มศักยภาพ (รูปภาพที่ 3-24)

1.10 อันตะ เป็นการวัดความยาวของเส้นรอบวงอันตะ โดยพิจารณาพร้อมกับความสมบูรณ์ของลูกอันตะทั้งสองข้าง ซึ่งความยาวของเส้นรอบวงอันตะเป็นลักษณะที่แสดงถึงความสามารถในการผลิตน้ำเชื้อของโคเพศผู้ กล่าวคือโคที่มีอันตะขนาดเล็กสามารถผลิตน้ำเชื้อได้ในปริมาณที่น้อยกว่าโคที่มีขนาดอันตะที่ใหญ่ (รูปภาพที่ 3-24)



หัว



ความสูง



อันทะ

รูปภาพที่ 3-24 แสดงลักษณะโครงสร้าง (หัว ความสูง และอันทะ)

2 ลักษณะขาและกีบ (25%)

2.1 ลักษณะขาหลังมองด้านข้าง เป็นการพิจารณาความลาดเอียงของขาหลัง โดยดูจากแนวเส้นสมมุติที่ลากจากข้อเข่าจนถึงสันกีบ ลักษณะขาหลังมองด้านข้างเป็นลักษณะที่แสดงถึงความสามารถในการรับน้ำหนักตัว และความยืดหยุ่นของขาหลัง หากแนวเส้นสมมุติตั้งฉากกับพื้น แสดงว่าโคตัวนั้นมีลักษณะขาตรง จะให้คะแนนน้อย และคะแนนจะเพิ่มขึ้นเรื่อยตามการลดลงของขนาดมุมแนวเส้นสมมุติ ซึ่งลักษณะที่เหมาะสม คือ ลักษณะขาหลังจะทำมุมพอดี ไม่ตรงหรือลาดจนเกินไป โคที่มีขาตรงเกินไปหรือมีขาโค้งมากเกินไปจะก่อให้เกิดอาการบาดเจ็บของขาได้ง่าย (รูปภาพที่ 3-25)

2.2 ตำแหน่งขาหลัง เป็นการพิจารณาแนวเส้นสมมุติจากบริเวณข้อต่อสะโพกลงมาตั้งฉากกับพื้นขณะที่โคยืนท่าปกติ หากแนวเส้นสมมุติตกลงด้านหน้าของกีบ แสดงว่าโคมีลักษณะขาตรง จะให้คะแนนน้อย ถ้าแนวเส้นสมมุติตกลงด้านหลังของกีบ แสดงว่าโคมีลักษณะขาโค้งจะให้คะแนนมาก โดยตำแหน่งของขาหลังที่เหมาะสม แนวเส้นสมมุติควรตกลงกลางกีบ ทำให้น้ำหนักตัวของโคกระจายลงไปที่กีบทั้งสองข้างอย่างสม่ำเสมอ (รูปภาพที่ 3-25)

2.3 ลักษณะขาหลังมองด้านหลัง เป็นลักษณะที่มีความสัมพันธ์กับความสามารถในการรับน้ำหนักตัว เช่นเดียวกับลักษณะขาหลังมองด้านข้าง โดยพิจารณาจากตำแหน่งของข้อเข่ากับกีบทั้งสองข้าง ซึ่งลักษณะที่เหมาะสม ตำแหน่งของข้อเข่ากับกีบทั้งสองข้างควรมีลักษณะค่อนข้างเป็นสี่เหลี่ยมผืนผ้า จะให้คะแนนสูง หากข้อเข่าชิดจนเห็นลักษณะขาหลังเป็นรูปสี่เหลี่ยมคางหมู จะให้คะแนนต่ำ ทำให้โคมีปัญหาในการรับน้ำหนักตัว และทำให้ขาหลังเปื่อยดื่มนมหลังโดยเฉพาะเวลาเดิน (รูปภาพที่ 3-25)



ขาหลังมองด้านข้าง



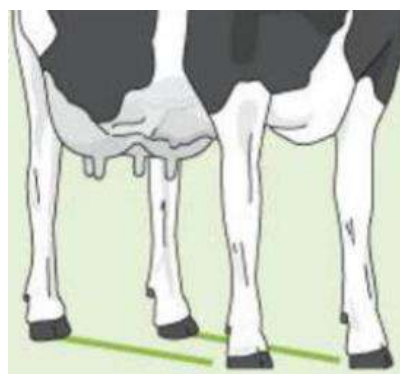
ตำแหน่งขาหลัง



ขาหลังมองด้านหลัง

รูปภาพที่ 3-25 แสดงลักษณะขา

2.4 การเดิน จะพิจารณาขณะโคเดิน โคที่มีโครงสร้างและตำแหน่งของกระดูกขาปกติ ก้าวเดินมีความมั่นคง รอยเท้าหลังจะทับรอยเท้าหน้า การก้าวเดินจะก้าวตรงโดยไม่เหวี่ยงเท้าออกด้านข้าง ไม่มีอาการขาสั้นเวลาเดิน โดยลักษณะการเดินไม่ถูกต้อง ไม่มั่นคง หรือมีอาการกล้ามเนื้อสั่นมากขณะก้าวเดิน จะให้คะแนนน้อย หากโคเดินอย่างกระฉับกระเฉง มีความมั่นคง ว่องไว จะให้คะแนนมาก (รูปภาพที่ 3-26)

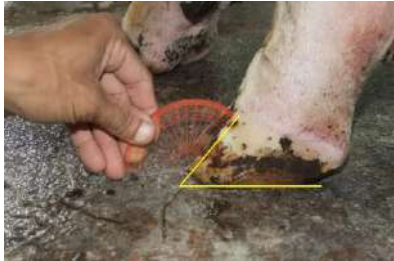


รูปภาพที่ 3-26 แสดงลักษณะการเดิน

2.5 มุมกีบ เป็นการวัดมุมของกีบด้านหน้า ลักษณะมุมกีบมีความสัมพันธ์กับความสามารถในการรับน้ำหนักตัวเช่นเดียวกับลักษณะขาหลังมองด้านข้าง ซึ่งส่งผลต่อการยืน การเดิน และสุขภาพโดยทั่วไปของโค โดยลักษณะกีบที่ดี ควรทำมุมกับพื้นประมาณ 45 - 50 องศา ซึ่งเป็นกีบที่ต้องการการดูแลเอาใจใส่น้อย (รูปภาพที่ 3-27)

2.6 ข้อกีบ เป็นการวัดความยาวของข้อกีบ ข้อกีบมีลักษณะที่บ่งชี้ถึงความแข็งแรงของข้อกีบ โดยข้อกีบที่ยาวมากจะอ่อนแอ รับน้ำหนักตัวไม่ค่อยได้ ซึ่งข้อกีบที่มีความแข็งแรงจะมีความยาวประมาณ 5 - 6 เซนติเมตร (รูปภาพที่ 3-27)

2.7 กีบชิด เป็นการพิจารณาความชิด - ห่างของกีบ กีบที่ห่างมากจะมีโอกาสบาดเจ็บ ขณะเดินมากกว่า โคที่มีกีบชิด เนื่องจากเศษวัสดุอาจทิ่มแทงเนื้อเยื่อระหว่างกีบได้ง่าย โดยกีบที่ห่างมาก จะให้คะแนนน้อย และกีบที่ชิด ติดกันดีจะให้คะแนนมาก (รูปภาพที่ 3-27)



มุมกีบ



ข้อกีบ



กีบชิด

รูปภาพที่ 3-27 แสดงลักษณะกีบ

3 ลักษณะโคนม (20%)

3.1 ลักษณะความเป็นโคนม เป็นลักษณะที่พิจารณาหลายๆ ลักษณะประกอบกัน ได้แก่ ลักษณะความ ชัดเจนและความแบนของกระดูก ความกว้างของกระดูกซี่โครงและทอดยาวไปด้านหลังของลำตัว ลำคอเรียวยาว โดยรวมเมื่อมองจากด้านข้างหรือมองจากด้านบนจะมีลักษณะเป็นสามเหลี่ยม หากโคมีลักษณะคอสั้น หนา ผิวหนัง หนา ต้นขาใหญ่ กระดูกกลม มองด้านข้างมีลักษณะสี่เหลี่ยมซึ่งเป็นลักษณะของโคนเนื้อ จะให้คะแนนน้อย ในขณะที่ โค ที่มีลักษณะลำตัวเป็นสามเหลี่ยม กระดูกขาหลังแบน เรียบ กลมกลืน ซี่โครงกว้าง คอระหง จะให้คะแนนมาก (รูปภาพที่ 3-28)



รูปภาพที่ 3-28 แสดงลักษณะโคนม (ลักษณะความเป็นโคนม)

3.2 ผิวหนังและขน ควรมีผิวหนังลักษณะบาง เนียน หย่อนและหลวม ไม่มีไขมันสะสมใต้ผิวหนัง และมีขนเรียบสั้น ซึ่งแสดงถึงสุขภาพที่สมบูรณ์ (รูปภาพที่ 3-29)



ผิวหนัง

ขน

รูปภาพที่ 3-29 แสดงลักษณะโคนม (ผิวหนัง และขน)

4 ลักษณะความจุลำตัว (20%)

4.1 ความลึกของลำตัว เป็นการวัดระยะห่างจากหลังถึงท้องตรงบริเวณกระดูกซี่โครงซี่สุดท้าย โดยพิจารณาร่วมกับการกางของกระดูกซี่โครง ซึ่งลักษณะความลึกของลำตัวจะมีความสัมพันธ์กับความสามารถในการกินอาหารหยาบของโค ส่งผลให้โคที่มีลำตัวลึกและมีซี่โครงกางมากจะสามารถกินอาหารหยาบแต่ละครั้งได้ในปริมาณที่มากกว่าโคที่มีลำตัวตื้นและมีซี่โครงกางน้อย (รูปภาพที่ 3-30)



รูปภาพที่ 3-30 แสดงลักษณะความจุร่างกาย (ความลึกของลำตัว)

4.2 ความลึกของอก เป็นการวัดระยะห่างจากปุ่มกระดูกไหปลาร้าถึงพื้นอก เป็นลักษณะที่มีความสัมพันธ์กับสุขภาพและปริมาณการให้ผลผลิตน้ำนมของโคเพศเมีย เนื่องจากบริเวณช่องอกเป็นที่อยู่ของปอด และหัวใจ ซึ่งทำหน้าที่สูบฉีดโลหิตไปเลี้ยงส่วนต่างๆ ของร่างกาย โดยเฉพาะเต้านมในระยะที่โคให้นม ซึ่งโคที่มีความลึกของช่องอกมาก จะเป็นโคที่มีแนวโน้มสุขภาพดี และสามารถให้ผลผลิตน้ำนมดี (รูปภาพที่ 3-31)

4.3 ความกว้างของอก เป็นการวัดระยะห่างของซอกขาหน้าซ้ายและขวา เป็นลักษณะที่มีความสัมพันธ์กับสุขภาพและปริมาณการให้ผลผลิตน้ำนมของโคเพศเมียเช่นเดียวกับความลึกของช่องอก โดยโคที่มีลักษณะดีควรมีความกว้างของช่องอกมาก (รูปภาพที่ 3-31)



ความลึกของอก



ความกว้างของอก

รูปภาพที่ 3-31 แสดงลักษณะความรูปร่างกาย (ความลึก และความกว้างของอก)

3.3.2 การทดสอบคุณภาพน้ำเชื้อ (Semen Quality test)

พ่อโคหนุ่มที่ผ่านการทดสอบสมรรถภาพจะถูกส่งไปที่ศูนย์ผลิตน้ำเชื้อแช่แข็งพ่อพันธุ์ผสมเทียม (ลำพญากลาง) เพื่อฝึกรีด และทดสอบคุณภาพน้ำเชื้อ โดยทั่วไปการทดสอบคุณภาพน้ำเชื้อจะทำการทดสอบด้วยการวิเคราะห์คุณภาพน้ำเชื้อทั้งก่อนการผลิตน้ำเชื้อแช่แข็ง (น้ำเชื้อสด) และน้ำเชื้อที่ผ่านกระบวนการผลิตเพื่อใช้ในการผสมเทียม (น้ำเชื้อแช่แข็ง) ตามหัวข้อดังต่อไปนี้

3.3.2.1 การตรวจวิเคราะห์คุณภาพน้ำเชื้อก่อนการผลิตน้ำเชื้อแช่แข็ง (น้ำเชื้อสด)

ก. การตรวจวิเคราะห์คุณภาพน้ำเชื้อเบื้องต้น (Macroscopic examination)

เป็นการตรวจคุณสมบัติทั่วไปของน้ำเชื้อสดอย่างคร่าวๆ ได้แก่

- 1) ปริมาตร (Volume)
- 2) สี (Color)
- 3) ความหนาแน่น (Density)
- 4) ความหนืด (Consistency หรือ Viscosity)
- 5) ความเป็นกรดและด่าง (pH)
- 6) ความเข้มข้น (Concentration)

ข. การตรวจวิเคราะห์คุณภาพน้ำเชื้อด้วยกล้องจุลทรรศน์ (Microscopic examination)

เมื่อตรวจวิเคราะห์คุณภาพน้ำเชื้อเบื้องต้นแล้ว จึงตรวจวิเคราะห์คุณภาพด้วยกล้องจุลทรรศน์ ได้แก่

- 1) การเคลื่อนไหวหมู่ (Mass movement)

- 2) การเคลื่อนไหวยาวตัว (Individual movement)
- 3) เปอร์เซ็นต์การเคลื่อนที่ของตัวอสุจิ (Motility)
- 4) ความผิดปกติของรูปร่างตัวอสุจิ (Abnormal morphology)
- 5) การนับจำนวนตัวอสุจิมีชีวิตและตาย ใช้วิธี Eosin-nigrosin staining
- 6) การตรวจเซลล์อื่นๆ ที่ปะปนมาในน้ำเชื้อ
- 7) การตรวจความสมบูรณ์ของเยื่อหุ้มตัวอสุจิด้วยวิธี Hypo-osmotic swelling test (HOS test)

3.2.2.2 การตรวจวิเคราะห์คุณภาพน้ำเชื้อที่ผ่านกระบวนการผลิต (น้ำเชื้อแช่แข็ง)

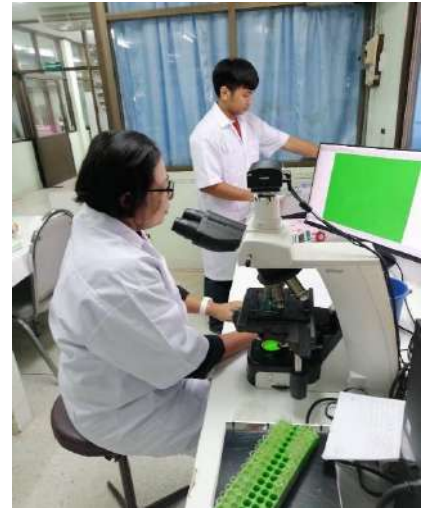
การตรวจวิเคราะห์คุณภาพน้ำเชื้อที่ผ่านกระบวนการผลิตเพื่อใช้ในการผสมเทียม เป็นการควบคุมคุณภาพน้ำเชื้อหลังการผลิตก่อนที่จะนำไปใช้ผสมเทียม เช่น น้ำเชื้อแช่แข็งของโคนมสามารถเก็บไว้ได้ไม่ต่ำกว่า 10 ปี โดยคุณภาพไม่เปลี่ยนแปลงหากมีการเก็บรักษาที่ถูกต้อง การตรวจวิเคราะห์คุณภาพน้ำเชื้อที่ผ่านกระบวนการผลิตเพื่อนำไปใช้ผสมเทียม ต้องตรวจตัวชี้วัดต่างๆ ดังนี้

- 1) การตรวจเปอร์เซ็นต์การเคลื่อนที่ของตัวอสุจิ
- 2) การตรวจความสมบูรณ์ของเยื่อหุ้มตัวอสุจิด้วยวิธี HOS test
- 3) การตรวจจำนวนตัวอสุจิทั้งหมด
- 4) การตรวจจำนวนตัวอสุจิที่มีชีวิต
- 5) การปนเปื้อนของจุลชีพในน้ำเชื้อ
- 6) การตรวจด้วยเครื่องตรวจวิเคราะห์คุณภาพน้ำเชื้อ (Computer Assisted Semen Analyzer, CASA)

รายละเอียดของการทดสอบคุณภาพน้ำเชื้อในแต่ละหัวข้อเป็นไปตามคู่มือการทดสอบคุณภาพน้ำเชื้อของรพีพรรณ (2552) หากพ่อโคผ่านการทดสอบในขั้นตอนนี้ส่วนหนึ่งจะนำไปทดสอบความสามารถในการให้ผลผลิตของลูกสาวในขั้นตอนต่อไป และก็จะรีดเก็บน้ำเชื้อ และทำการแช่แข็งไว้ในสต็อกให้ได้จำนวนที่ต้องการ



การรีดเก็บน้ำเชื้อพ่อพันธุ์โคนม



การตรวจ % การเคลื่อนที่ของตัวอสุจิ



การเจือจางน้ำเชื้อ



การพิมพ์หลอดบรรจุน้ำเชื้อ



การบรรจุน้ำเชื้อ

รูปภาพที่ 3-32 แสดงขบวนการรีดเก็บน้ำเชื้อ และการทดสอบคุณภาพน้ำเชื้อในห้องปฏิบัติการ

3.3.3 การทดสอบความสามารถในการให้ผลผลิตของลูกสาว (Progeny test)

พ่อโคที่ผ่านการทดสอบทั้งการทดสอบสมรรถภาพ และการทดสอบคุณภาพน้ำเชื้อจะถูกนำไปทดสอบความสามารถในการให้ผลผลิตของลูกสาวของพ่อโคโดยใช้ผลผลิตการให้น้ำนม ความสมบูรณ์พันธุ์ และลักษณะรูปร่างของลูกโคเพศเมียที่เรียกว่า Progeny Test ซึ่งวิธีการนี้ได้นำไปใช้ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์โคนมในประเทศที่พัฒนาแล้ว และหามาน้ำเชื้อที่เก็บไว้ในสต็อกมาใช้งานกระทั่งได้มีการประเมินค่าทางพันธุกรรมครั้งแรก

ในการทดสอบสกุลสัตว์ สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์กำหนดแผนการจ่ายน้ำเชื้อพ่อพันธุ์โคนมที่จะทดสอบสำหรับผสมเทียมแม่โคทั่วไปของเกษตรกร เพื่อให้มีลูกโคตัวเมียเกิดจากพ่อทดสอบจำนวนประมาณ 100 ตัว/พ่อพันธุ์ทดสอบ 1 ตัว โดยผสมเทียมกับแม่โคนมในฟาร์มเกษตรกรทั่วประเทศ โดยมีศูนย์วิจัยเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ เป็นผู้ควบคุมติดตามการใช้น้ำเชื้อ การผสมเทียม ตรวจท้อง และลูกเกิดจนกระทั่งลูกสาวของพ่อโคทดสอบสามารถให้ผลผลิตน้ำนม แล้วสุ่มเก็บตัวอย่างน้ำนม และวัดลักษณะรูปร่างของลูกสาวตามกิจกรรมสถิติการให้ผลผลิตน้ำนม และประเมินลักษณะรูปร่างต่อไป ภายใต้หลักเกณฑ์ดังนี้

หลักเกณฑ์ในการใช้น้ำเชื้อพ่อพันธุ์โคนมที่กำลังทดสอบ

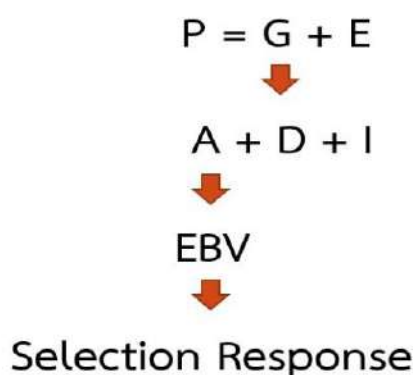
1. คัดเลือกฟาร์มโคนมที่ได้รับการเก็บสถิติน้ำนมในโครงการ หรือฟาร์มใกล้เคียงกับฟาร์มที่เก็บน้ำนมอยู่ก่อนแล้ว และเป็นฟาร์มที่เลี้ยงโคนมยั่งยืน ไม่มีการขายโคในฟาร์มออก ซึ่งสามารถติดตามเก็บสถิติน้ำนมของลูกสาวของพ่อโคทดสอบอย่างน้อยจนกระทั่งการให้นมในระยะการให้นมครั้งแรกสมบูรณ์ ข้อมูลที่เก็บได้จะถูกนำไปใช้ในการคัดเลือกและประเมินพ่อพันธุ์
2. ใช้น้ำเชื้อพ่อพันธุ์ทุกๆ ตัวพร้อมๆ กันผสมกับแม่โคท้องว่างแบบสุ่ม โดยไม่คัดเลือกปริมาณน้ำนมและสายพันธุ์ แต่ต้องเป็นแม่โคที่มีความสมบูรณ์พันธุ์ดี ไม่มีปัญหาการผสมติดยาก
3. ควรใช้น้ำเชื้อผสมเทียมแม่โค ให้เสร็จสิ้นภายใน 3 เดือน นับจากได้รับน้ำเชื้อเพื่อให้ลูกโคสาวเกิดในระยะใกล้เคียงกัน
4. ควรใช้น้ำเชื้อแบบหมุนเวียน เช่น ในกรณีมีน้ำเชื้อทดสอบจากพ่อพันธุ์ 10 ตัว ให้ใช้ดังนี้

1) วันที่ 1 ใช้น้ำเชื้อตัวที่ 1	วันที่ 2 ใช้น้ำเชื้อตัวที่ 2
2) วันที่ 3 ใช้น้ำเชื้อตัวที่ 3	วันที่ 4 ใช้น้ำเชื้อตัวที่ 4
3) วันที่ 5 ใช้น้ำเชื้อตัวที่ 5	วันที่ 6 ใช้น้ำเชื้อตัวที่ 6
4) วันที่ 7 ใช้น้ำเชื้อตัวที่ 7	วันที่ 8 ใช้น้ำเชื้อตัวที่ 8
5) วันที่ 9 ใช้น้ำเชื้อตัวที่ 9	วันที่ 10 ใช้น้ำเชื้อตัวที่ 10
6) วันที่ 11 ใช้น้ำเชื้อตัวที่ 1	วันที่ 12 ใช้น้ำเชื้อตัวที่ 2
7) วันที่ 13 ใช้น้ำเชื้อตัวที่ 3	วันที่ 14 ใช้น้ำเชื้อตัวที่ 4 ฯลฯ

5. เพื่อให้ได้สถิติการให้น้ำนมของลูกโคตัวเมียเกิดจากพ่อทดสอบ จำนวน 100 ตัว/พ่อพันธุ์ 1 ตัว จะต้องผสมเทียมแม่โคเพื่อให้ติดตั้งท้องจำนวน 400 ตัว/พ่อพันธุ์ 1 ตัว โดยใช้ปริมาณน้ำเชื้อ 1,200 โด๊ส/พ่อพันธุ์ 1 ตัว (3 โด๊ส/การติดตั้งท้อง) กรณีที่ต้องผสมครั้งที่ 2 หรือครั้งที่ 3 ให้ใช้น้ำเชื้อพ่อพันธุ์ตัวเดิมเสมอ
6. เมื่อผสมเทียมแม่โคแล้ว ตรวจท้องหลังผสมเทียม 2 เดือน รายงานการผสมเทียม และติดตามลูกเกิด
7. ทำทะเบียนประวัติลูกโคเพศเมียที่เกิดจากพ่อทดสอบ
8. ลูกโคเพศเมียเหล่านี้ เจริญเติบโตเข้าสู่วัยเจริญพันธุ์ ให้ผสมเทียมกับพ่อพันธุ์โคนมตามแผนการผสมของสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์
9. ติดตามผลการผสมเทียม และตรวจท้อง เก็บน้ำนมหลังคลอดทันที เป็นรายตัว แล้วนำมาตรวจที่ห้องปฏิบัติการหน่วยวิเคราะห์คุณภาพ ผลการตรวจคุณภาพน้ำนมของแม่โค ซึ่งจะต้องนำมาคัดเลือกพ่อพันธุ์ (Testing Bulls) นำมาบันทึกลงในเครื่องคอมพิวเตอร์เป็นฐานข้อมูลสำหรับการประเมินค่าทางพันธุกรรม

3.4 กิจกรรมการประเมินพันธุกรรมสัตว์ (Animal Genetic Evaluation)

การประเมินพันธุกรรมสัตว์โดยทั่วไปจะหมายถึงการประมาณค่าพันธุกรรมของสัตว์ โดยมีวัตถุประสงค์หลักเพื่อประมาณค่าพันธุกรรมในรูปตัวเลขสำหรับใช้เป็นเครื่องมือในการคัดเลือกและจัดลำดับสัตว์ (เรียงลำดับ) หรือเรียกว่าค่าการผสมพันธุ์ (EBV) ทั้งนี้เนื่องจากเราไม่สามารถทราบพันธุกรรมที่แท้จริงของสัตว์ได้ (True breeding value, TBV) ดังนั้นจึงต้องอาศัยความรู้ทางด้านคณิตศาสตร์ และสถิติเข้ามาช่วยในการวิเคราะห์และประมาณค่าการผสมพันธุ์ โดยค่าที่วิเคราะห์ได้จะแสดงถึงความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะที่สนใจจากรุ่นพ่อแม่ไปสู่รุ่นลูก โดยถ่ายทอดผ่านทางพ่อและแม่อย่างละครึ่ง ซึ่งค่าดังกล่าวมีลักษณะใกล้เคียงกับอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม (Additive gene effect) ดังนั้นจึงกล่าวได้ว่ายีนแบบบวกสะสม และค่าการผสมพันธุ์ คือสิ่งที่เราต้องวิเคราะห์เพื่อนำไปปรับปรุงให้ดีขึ้นในรุ่นต่อไป ดังแสดงในภาพที่ 3-33



ภาพที่ 3-33 แสดงไดอะแกรมของผลตอบสนองทางพันธุกรรม

ความสำคัญของการประเมินพันธุ์กรรมโคนม

1. ช่วยให้การคัดเลือกมีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น เนื่องจากการคัดเลือกจากคาพันธุ์กรรมของตัวสัตว์โดยตรง
2. ช่วยให้ทราบว่าแหล่งพันธุ์กรรมที่ดีอยู่ที่ใดบ้างซึ่งจะเป็นประโยชน์ในการวางแผนการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป เช่น วางแผนกระจายพันธุ์กรรม เช่น ในรูปน้ำเชื้อ ตัวอ่อน หรือวางแผนสร้างพ่อพันธุ์ชั้นเลิศ (Proven young bulls or Elite bulls)
3. ช่วยในการประเมินว่าแต่ละพื้นที่ที่มีโคนมอยู่มีความดีเด่น หรือจุดด้อยในเรื่องใดบ้าง เช่น ผลผลิตน้ำนมต่ำ ความสมบูรณ์ต่ำ โรคระบาด เป็นต้น เพื่อที่จะได้วางแผนการถ่ายโอนพันธุ์กรรมหรืออนุรักษ์พันธุ์กรรมที่ดีให้คงอยู่ต่อไป
4. ช่วยในการตัดสินใจว่าควรวางแผนการคัดเลือกและคัดทิ้งโคออกจากฝูงเท่าใด
5. ช่วยเพิ่มมูลค่า และเพิ่มความมั่นใจว่าโคนมที่ปรับปรุงพันธุ์ขึ้นมานั้นมีค่าการผสมพันธุ์ที่ดี โดยสามารถอธิบายโดยใช้หลักวิชาการอ้างอิง

ค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์โคนมที่ประมาณได้ และปรากฏอยู่ในสมุดพ่อพันธุ์ของประเทศต่างๆ ทั่วโลก ในปัจจุบันนี้ส่วนใหญ่จะใช้เทคนิค BLUP โดยใช้ชื่อเรียกแตกต่างกันไป ในแต่ละประเทศ เนื่องจากมีค่ามาตรฐานของประชากรโคนม วิธีการคำนวณ และแหล่งที่มาของข้อมูลของแต่ละประเทศแตกต่างกัน ตัวอย่างเช่น ค่าความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะของพ่อพันธุ์ (Predicted transmitting ability, PTA หรือ Estimated transmitting ability, ETA) ค่าคาดคะเนค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะหนึ่งที่มีอยู่ในตัวพ่อพันธุ์ (Estimated breeding value, EBV) ค่าทำนายทางพันธุ์กรรมของลักษณะหนึ่งในลูกที่เกิดจากพ่อพันธุ์ (Expected progeny difference, EPD) หรือค่าความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะมาตรฐานของพ่อพันธุ์ (Standard transmitting ability, STA) โดยค่า PTA, ETA หรือ EPD จะมีค่าเท่ากับ ½ ของค่า EBV ในขณะที่ค่า STA มีค่าอยู่ในช่วง -3 ถึง +3 ฯลฯ สำหรับประเทศไทยค่าการผสมพันธุ์ที่ปรากฏอยู่ในสมุดพ่อพันธุ์จะใช้ EBV และ STA

ข้อดีของการประเมินพันธุ์กรรมโคนมด้วยเทคนิค BLUP

1. สามารถใช้ข้อมูลจากทุกแหล่งโดยอาศัยความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างตัวสัตว์ (Genetic relationship) (บันทึกตัวเอง บรรพบุรุษ พี่น้อง และบันทึกลูก) เข้าวิเคราะห์ร่วมกันได้ ทำให้ค่าการผสมพันธุ์ที่ได้มีความแม่นยำสูง
2. สามารถประเมินค่าการผสมพันธุ์ได้แม้สัตว์จะไม่มีข้อมูล หรือเกิดข้อมูลสูญหาย โดยใช้วิธีการประเมินผ่านทางพันธุ์ประวัติ (Pedigree)
3. สามารถเปรียบเทียบสัตว์จากต่างปศุสัตว์ หรือสัตว์ที่อยู่ต่างฝูงกันได้ ด้วยเทคนิคการประเมินพันธุ์กรรมข้ามฝูง (Across-herd evaluation) จะมีการประเมินค่าอิทธิพลของสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันมาปรับข้อมูลที่นำมาใช้ในการวิเคราะห์ทำให้ได้ค่าการผสมพันธุ์ที่ปราศจากอคติ (Unbiased) และสามารถนำมา

เปรียบเทียบกับกันได้ ซึ่งเป็นประโยชน์อย่างยิ่งในการประเมินพันธุกรรมระดับประเทศ (National genetic evaluation)

4. เป็นที่ยอมรับว่าเป็นวิธีการทางสถิติที่มีความคลาดเคลื่อนของการทำนายต่ำสุด

วิธีการประเมินค่าการผสมพันธุ์

การประเมินค่าการผสมพันธุ์มีด้วยกันหลายวิธีโดยสามารถจำแนกได้ตามแหล่งของข้อมูลที่มีการเก็บบันทึก ดังนั้นในขั้นต้นเราสามารถวิเคราะห์ค่าการผสมพันธุ์ได้ 4 วิธี เช่น การประเมินจากข้อมูลบันทึกของตนเอง (Performance record or Mass record) การประเมินจากข้อมูลบันทึกของบรรพบุรุษ (Pedigree record) การประเมินจากข้อมูลบันทึกของญาติพี่น้อง (Collateral relatives or Sib record) และการประเมินจากข้อมูลบันทึกของลูกสาว (Progeny record) (มนต์ชัย, 2548)

1. การประเมินจากข้อมูลบันทึกของตนเอง (Performance record or Mass record)

เป็นวิธีการประเมินค่าการผสมพันธุ์ที่สะดวก มีความแม่นยำสูงและเป็นที่นิยมมากที่สุด โดยเฉพาะอย่างยิ่งกับลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูง แต่จุดด้อยคือไม่สามารถนำไปประมาณ ค่าการผสมพันธุ์ในลักษณะที่จำกัดการแสดงออกในเพศใดเพศหนึ่ง เช่น หากต้องประมาณค่า การผสมพันธุ์ของลักษณะปริมาณน้ำนมในพ่อพันธุ์โคนมในกรณีนี้จะไม่สามารถทำได้เพราะพ่อ พันธุ์ไม่มีข้อมูลการให้ผลผลิตน้ำนม หรือในทางตรงกันข้ามหากต้องการประมาณค่าการผสมพันธุ์ของคุณภาพน้ำเชื้อในแม่พันธุ์ก็ไม่สามารถทำได้ นอกจากนี้จุดด้อยอีกประการคือต้องรอให้สัตว์แสดงออกในลักษณะที่ต้องการประมาณค่าการผสมพันธุ์เพื่อนำข้อมูลดังกล่าวมาใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานของการวิเคราะห์ ซึ่งจะทำให้ใช้เวลาในการเก็บข้อมูลยาวนานกว่าจะสามารถคัดเลือกสัตว์ได้โดยมีรูปแบบสมการดังนี้

$$\text{กรณีมีข้อมูลบันทึกเดียว} \quad EBV = h^2(y - \mu)$$

$$\text{กรณีมีข้อมูลหลายบันทึก} \quad EBV = \left(\frac{n}{1+(n-1)t} \right) h^2(\bar{y} - \mu)$$

เมื่อ h^2 = ค่าอัตราพันธุกรรม; y = ข้อมูลของสัตว์ที่ต้องการประมาณค่าการผสมพันธุ์; $\bar{y}$ = ค่าเฉลี่ยข้อมูลของสัตว์ที่ต้องการประมาณค่าการผสมพันธุ์; μ = ค่าเฉลี่ยข้อมูลทั้งหมดของฝูง; n = จำนวนข้อมูลของสัตว์ที่ต้องการประมาณค่าการผสมพันธุ์; t = ค่าอัตราซ้ำ

2. การประเมินจากข้อมูลบันทึกของบรรพบุรุษ (Pedigree record)

เป็นวิธีการประเมินค่าการผสมพันธุ์สำหรับใช้ในกรณีที่ไม่มีข้อมูลของโคนมที่ต้องการประเมิน ซึ่งสามารถใช้ได้ดีในกรณีที่ต้องการประเมินค่าการผสมพันธุ์ในลักษณะที่ปรากฏในอีกเพศหนึ่งได้ เช่น ประเมินค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการให้น้ำนมในโคนมพ่อพันธุ์ โดยพบว่าวิธีการดังกล่าวจะช่วยย่นระยะเวลาในการประเมินโคนมได้ตั้งแต่อายุน้อยโดยไม่ต้องรอให้โคนมให้ผลผลิตแล้วจึงเก็บข้อมูลดังเช่นข้อมูลที่ได้จากบันทึกของตนเอง นอกจากนี้ยังสามารถใช้ประเมินได้ดีกับลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูงรวมทั้งลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ เช่น ลักษณะคุณภาพซาก ลักษณะด้านการสืบพันธุ์ และลักษณะที่เกี่ยวข้องกับการเกิดโรคต่างๆในโคนม เป็นต้น โดยทั่วไปบรรพบุรุษจะหมายถึง

ชั่วรุ่นตั้งแต่รุ่นพ่อแม่ย้อนกลับขึ้นไป ปัจจุบันนิยมใช้ข้อมูลบรรพบุรุษย้อนกลับขึ้นไปไม่เกิน 3 ชั่วรุ่น (Parents -> Grandparents -> Great grandparents) ในการประเมินค่าการผสมพันธุ์โคนมโดยมีรูปแบบสมการดังนี้

$$\text{กรณีมีข้อมูลบันทึกเดียว} \quad EBV = A_{ij}h^2(y - \mu)$$

$$\text{กรณีมีข้อมูลหลายบันทึก} \quad EBV = A_{ij}\left(\frac{n}{1+(n-1)t}\right)h^2(\bar{y} - \mu)$$

เมื่อ A_{ij} = ค่าสัมประสิทธิ์ความสัมพันธ์ระหว่างแหล่งข้อมูลที่ใช้กับตัวสัตว์ที่ต้องการประเมิน; h^2 = ค่าอัตราพันธุกรรม; y = ข้อมูลของสัตว์ที่ต้องการประมาณค่าการผสมพันธุ์; $\bar{y}$ = ค่าเฉลี่ยข้อมูลของสัตว์ที่ต้องการประมาณค่าการผสมพันธุ์; μ = ค่าเฉลี่ยข้อมูลทั้งหมดของฝูง; n = จำนวนข้อมูลของสัตว์ที่ต้องการประมาณค่าการผสมพันธุ์; t = ค่าอัตราซ้ำ

3. การประเมินจากข้อมูลบันทึกของญาติพี่น้อง (Collateral relatives or Sib record)

เป็นวิธีการประเมินค่าการผสมพันธุ์ที่เหมาะสมกับลักษณะทางด้านคุณภาพซาก รวมทั้งลักษณะที่แสดงออกในเพศใดเพศหนึ่ง นอกจากนี้การที่มีข้อมูลญาติพี่น้องจำนวนมากยังช่วยเพิ่มความแม่นยำในการคัดเลือกได้อีกทางหนึ่ง โดยทั่วไปญาติพี่น้องจะหมายถึงชั่วรุ่นที่ไม่มีความสัมพันธ์ทางสายเลือดโดยตรงดังเช่นบรรพบุรุษซึ่งได้แก่ พี่ น้อง ลูก ป้า น้า อา หลาน เป็นต้น โดยรูปแบบสมการจะเหมือนกับการประเมินโดยใช้ข้อมูลจากบันทึกของบรรพบุรุษ โดยแตกต่างกันเพียงค่าสัมประสิทธิ์ความสัมพันธ์ระหว่างแหล่งข้อมูลที่ใช้กับตัวสัตว์ที่ต้องการประเมินเท่านั้น

4. การประเมินจากข้อมูลบันทึกของลูก (Progeny record)

เป็นวิธีการประเมินค่าการผสมพันธุ์ที่เหมาะสมสำหรับการประเมินพ่อพันธุ์โคนม รวมทั้งสัตว์ใหญ่ทุกชนิด เช่น โคเนื้อ กระบือ เป็นต้น เนื่องจากพ่อพันธุ์หนึ่งตัวสามารถกระจายพันธุกรรมได้จำนวนมาก (ผสมพันธุ์กับแม่พันธุ์ได้หลายตัว) จึงทำให้ได้ลูกจำนวนมากเพื่อนำมาใช้ในการประเมินนั่นเอง นอกจากนี้การมีจำนวนข้อมูลลูกมากจะช่วยในด้านการเพิ่มความแม่นยำให้กับค่าประมาณค่าการผสมพันธุ์ได้ด้วยโดยมีรูปแบบสมการดังนี้

$$\text{กรณีมีข้อมูลบันทึกเดียว} \quad EBV = \frac{1}{2}h^2(y - \mu)$$

$$\text{กรณีมีข้อมูลหลายบันทึก} \quad EBV = \frac{1}{2}\left(\frac{n}{1+(n-1)t}\right)h^2(\bar{y} - \mu)$$

โมเดลทางสถิติสำหรับประเมินพันธุกรรมโคนม

ในการประเมินพันธุกรรมโคนมในปัจจุบันนิยมใช้เทคนิค BLUP (Henderson, 1984) สำหรับวิเคราะห์และประมาณค่าการผสมพันธุ์สัตว์ ซึ่งเทคนิคดังกล่าวได้รับการยอมรับว่ามีความถูกต้องและมีประสิทธิภาพมากที่สุด ส่งผลให้ค่าประมาณมีความใกล้เคียงกับค่าพันธุกรรมที่แท้จริงของตัวสัตว์ การประเมินพันธุกรรมโคนมในลักษณะต่างๆ พบว่าการเลือกโมเดลทางสถิติให้เหมาะสมกับลักษณะที่ศึกษานั้นมีความสำคัญมากซึ่งจะช่วยให้การประเมินพันธุกรรมมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้นโดยโมเดลที่ใช้ในปัจจุบันมีด้วยกันหลายโมเดล ตัวอย่างโมเดลที่จำเป็นสำหรับ

ประเมินพันธุ์กรรมโคนมในประเทศไทยประกอบด้วย 305-day lactation model (305LM), Test day model (TDM), Multiple-trait model (MTM), Threshold model (THM) และ Survival model (SVM)

1. 305-day lactation model (305LM)

เป็นโมเดลสำหรับประเมินพันธุ์กรรมโคนมโดยใช้ร่วมกับข้อมูลผลผลิตน้ำนมรวมที่ 305 วัน (ระยะการให้นมมาตรฐานของโคนมประมาณ 305 วัน และระยะพักรีดมาตรฐานประมาณ 60 วัน) ซึ่งเป็น โมเดลแรกที่ใช้สำหรับประเมินพันธุ์กรรมของลักษณะการให้นมในโคนม อย่างไรก็ตามโมเดลดังกล่าวยังมีข้อจำกัดหลายประการเช่น มีการปรับด้วยอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมเพียงอิทธิพลเดียวนั้นคืออิทธิพลเนื่องจากฝูง-ปี-ฤดูกาล (Herd-year-season) ในโคนมแต่ละตัวในขณะที่การได้มาของข้อมูลมาจากการรวมบันทึกผลผลิตน้ำนมในแต่ละครั้งที่สูมเก็บน้ำนม (Test-day milk records) ซึ่งในแต่ละครั้งของการสูมอาจ มีความแตกต่างกันไปเช่น สภาพภูมิอากาศที่มีความแตกต่างกันในแต่ละวัน ความแตกต่างเนื่องจากคนรีดนม รวมทั้งการจัดการที่ต่างกันในแต่ละวัน (Jamrozik and Schaeffer, 1997) นอกจากนั้นหากโคให้ผลผลิตน้ำนมไม่ถึง 305 วัน จะต้องมีการปรับข้อมูลผลผลิตน้ำนมให้เป็นมาตรฐานเดียวกันเพื่อให้สามารถนำมาวิเคราะห์และเปรียบเทียบกันได้ซึ่งวิธีการปรับข้อมูลมีด้วยกันหลายวิธี เช่น Test interval method, Linear interpolation (Wilmink, 1987; Schaeffer and Jamrozik, 1996) การปรับข้อมูลแต่ละวิธีล้วนมีผลกระทบต่อ การประเมินพันธุ์กรรม โดยเฉพาะในส่วนของค่าความคลาดเคลื่อนจะแตกต่างกันไปในแต่ละวิธี สำหรับปัญหาในการวิเคราะห์ข้อมูลพบว่าต้องรอให้โคหยุดรีดนมหรือให้ผลผลิตน้ำนมครบระยะการให้นมจึงจะสามารถประเมินพันธุ์กรรมได้ส่งผลให้สูญเสียค่าใช้จ่ายรวมทั้งเวลาในการเลี้ยงดูโดยเฉพาะกับโคนมที่มีพันธุ์กรรมไม่ดี (Pander et al., 1992) อย่างไรก็ตามปัจจุบันยังมีการใช้ 305LM ในหลายประเทศ เช่น ประเทศสหรัฐอเมริกา แคนาดา รวมทั้งประเทศไทย (สายัณห์, 2543; วุฒิไกร, 2546; Lee et al., 2008) เนื่องจากการจัดเตรียมข้อมูลไม่ยุ่งยากซับซ้อนและสะดวกต่อการนำไปวิเคราะห์ต่อไป

2. Test day model (TDM)

เป็นโมเดลซึ่งช่วยแก้ไขปัญหาซึ่งเกิดขึ้นเมื่อใช้กับ 305LM โดยใช้ร่วมกับข้อมูลที่มีการเก็บบันทึกอย่างต่อเนื่อง (Longitudinal data) เช่น ผลผลิตน้ำนมรายเดือน ซึ่ง TDM จะพิจารณาข้อมูลที่สูมเก็บในแต่ละครั้งแยกเป็นแต่ละลักษณะทำให้การประเมินพันธุ์กรรมมีความแม่นยำมากขึ้นเนื่องจากมีจำนวนข้อมูลมากกว่าและเป็นข้อมูลผลผลิตน้ำนมจริงของโคนมเนื่องจากไม่ต้องใช้วิธีการปรับข้อมูลแต่อย่างใด สำหรับการปรับอิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมพบว่าพิจารณาปรับแยกเช่นเดียวกับข้อมูลผลผลิตน้ำมนั้นคืออิทธิพลเนื่องจาก ฝูง-วันทดสอบ (Herd-test date) ทำให้มีความละเอียดและถูกต้องมากกว่าการปรับด้วยอิทธิพลฝูง-ปี-ฤดูกาลตลอดดังเช่น 305-day lactation model (Jamrozik et al., 1997a) นอกจากนั้น TDM ยังสามารถประเมินพันธุ์กรรมโคนมได้ตั้งแต่วัยแรกของการให้นมจึงทำให้สามารถคัดเลือกโคนมได้เร็วยิ่งขึ้นโดยไม่ต้องรอให้แม่โคหยุดรีดนม และสามารถใช้ร่วมกับฟังก์ชันการให้ผลผลิตน้ำนมตามวันให้นม (DIM function) เพื่อสร้างกราฟพันธุ์กรรมของการให้นมสำหรับทำนายค่าการผสมพันธุ์เพื่อใช้ในการตัดสินใจคัดเลือกโคนมรายตัวตามวัตถุประสงค์ที่ต้องการได้ เช่น โคนมที่ให้นมคงทนและยาวนาน หรือโคนมที่

ให้ผลผลิตสูงในระยะเวลาสั้น (Peak) เป็นต้น ปัจจุบันการใช้ TDM ได้แพร่หลายไปในหลายประเทศ เช่น ในแถบยุโรป ประกอบด้วยประเทศแคนาดา โปแลนด์ อิตาลี เดนมาร์ก สเปน ออสเตรีย นิวซีแลนด์ ฟินแลนด์ เป็นต้น (Jamrozik et al., 1997a, 1997b; Jakobsen et al., 2002; Strabel et al., 2005; Strabel and Jamrozik, 2006; Muir et al., 2007) ในประเทศสหรัฐอเมริกา (Wiggans and Goddard, 1997; Misztal et al., 2000; Sawalha et al., 2005) ในแถบเอเชีย ได้แก่ ประเทศญี่ปุ่น (Togashi et al., 2007) และประเทศไทย สำหรับประเทศไทยมีการศึกษาวิจัยโดยใช้ TDM มากขึ้นเป็นลำดับ (สายัณห์, 2543; วรางคณา, 2545; วริษา, 2545; วุฒิไกร, 2546; ปิยะนันท์, 2551; ภาควัฒ, 2552; Buaban and Sanpote, 2010; สายัณห์ และคณะ, 2556, 2563; 2564; Buaban et al., 2016; Jattawa et al., 2016) และได้นำมาประยุกต์ใช้ในการประเมินพันธุ์กรรมในระดับชาติซึ่งช่วยให้มั่นใจได้ว่าการประเมินพันธุ์กรรมโคนมของประเทศไทยจะมีประสิทธิภาพและก้าวหน้ามากยิ่งขึ้น

3. Multiple-trait model (MTM)

เป็นโมเดลซึ่งใช้ประเมินพันธุ์กรรมโคนมโดยพิจารณาหลายลักษณะพร้อมกัน (Multiple traits) โดยค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้จะมีการปรับด้วยค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างลักษณะนอกเหนือจากการปรับด้วยปัจจัยคงที่ต่างๆดังที่มีโมเดลทั่วไปซึ่งช่วยให้สามารถประเมินพันธุ์กรรมโคนมต่างฝูงหรือต่างพื้นที่ได้ จากการที่โมเดลดังกล่าวสามารถปรับปรุงพันธุ์กรรมโคนมในหลายลักษณะได้พร้อมกัน (มนต์ชัย, 2548) จึงช่วยเพิ่มความแม่นยำในการคัดเลือกโดยเฉพาะกับลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ โดยนำมาศึกษาและวิเคราะห์ร่วมกับลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูง (Schaeffer, 1984) ซึ่งลักษณะที่จะนำมาวิเคราะห์ร่วมกันควรมีสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมไม่สูงหรือต่ำเกินไป ($0.2 < r_g < 0.8$) เพื่อให้ผลตอบแทนของ การคัดเลือกและความแม่นยำของการคัดเลือกสูงขึ้น (Mrode, 1996) อย่างไรก็ตามข้อจำกัดของการใช้ MTM ในการประเมินพันธุ์กรรมโคนมคือใช้เวลาในการคำนวณค่าพารามิเตอร์นาน (Computing cost) ซึ่งต้องใช้เครื่องมือที่มีประสิทธิภาพสูงจึงจะสามารถวิเคราะห์ได้ โดยลักษณะที่มีการศึกษาวิจัยด้วยโมเดลดังกล่าวได้แก่ การประเมินพันธุ์กรรมลักษณะการให้นมร่วมกับลักษณะองค์ประกอบน้ำนม ลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ ลักษณะโครงสร้างในโคนม เป็นต้น (วิชัย, 2547; วิโรจ, 2550; Schaeffer and Jamrozik, 1996; Mark and Sullivan, 2006; Buaban et al., 2019)

4. Threshold model (THM)

เป็นโมเดลซึ่งใช้ร่วมกับข้อมูลที่ไม่ต่อเนื่องหรือข้อมูลที่สามารถจัดเป็นกลุ่มได้ (Discrete data or Categorical data) นำเสนอครั้งแรกโดย Gianola (1982) ซึ่ง THM จะใช้หลักการของการแจกแจงแบบปกติเข้ามาช่วย (Normal distribution) โดยนำข้อมูลที่มีลักษณะไม่ต่อเนื่องมาปรับให้อยู่ในรูปตัวแปรต่อเนื่อง (Liability) ทำให้สามารถใช้ร่วมกับการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนด้วยเทคนิค REML และ Bayesian ได้ (Heringstad et al., 2001, 2006) และหากสามารถจำแนกกลุ่มข้อมูลได้ละเอียดมากขึ้นจะช่วยให้การประเมินค่าการผสมพันธุ์โคนมมีความแม่นยำมากยิ่งขึ้นเช่นกัน (Abdel-Azim and Berger, 1999) ปัจจุบันมีการประยุกต์ใช้ THM ร่วมกับข้อมูลที่มีลักษณะไม่ต่อเนื่องต่างๆ เช่น ข้อมูลโรคเต้านมอักเสบ (Mastitis), ข้อมูลการคลอดยาก (Calving difficulty)

ข้อมูลการตายในครรภ์ (Stillbirth) และข้อมูลการผสมติด เป็นต้น (Van Tassell et al., 2003; Carlén et al., 2006; Buaban et al., 2015a, b)

5. Survival model (SVM)

เป็นโมเดลซึ่งใช้ร่วมกับข้อมูลไม่ต่อเนื่องหรือข้อมูลที่สามารถจัดเป็นกลุ่มได้ เช่นเดียวกับ THM แต่ SVM มีการนำปัจจัยเนื่องจากเวลาเข้ามาพิจารณาร่วมด้วย เช่น การศึกษาอายุการใช้งานจนถึงคัดออกจากฝูง (Longevity) (Neerhof et al., 2000; Caraviello et al., 2004, 2005) ซึ่ง SVM ใช้หลักการหาความสัมพันธ์ระหว่างระยะเวลา กับสาเหตุที่ทำให้อายุการใช้งานและ/หรือระยะเวลาการให้ผลผลิตช้าหรือเร็วรวมถึงการให้ผลผลิตสั้นหรือยาวนาน (Productive life) ซึ่งช่วยให้โคมีอายุการใช้งานยาวนานขึ้น

การเลือกโมเดลให้เหมาะสมกับลักษณะที่ศึกษาย่อมนำมาซึ่งความแม่นยำของผลการวิเคราะห์เช่นกัน โดย แนวทางการเลือกใช้แต่ละโมเดลควรพิจารณาดังนี้ หากเป็นข้อมูลผลผลิตน้ำนมควรใช้ TDM เนื่องจากการเก็บข้อมูล ของฟาร์มเกษตรกร และหน่วยงานของรัฐต่างๆได้หันมาใช้ข้อมูลรายเดือนแทนการใช้ผลผลิตน้ำนมรวมซึ่งจะช่วยให้ การประเมินพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมมีความถูกต้องแม่นยำมากขึ้น นอกจากนั้นยังสามารถประยุกต์ใช้กับ ข้อมูลอื่นที่มีรูปแบบการเก็บข้อมูลคล้ายกับข้อมูลผลผลิตน้ำนมรายเดือนได้เช่นกัน และหากต้องการปรับปรุงพันธุ์ ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมร่วมกับข้อมูลลักษณะอื่นควรใช้ MTM ซึ่งช่วยให้สามารถปรับปรุงพันธุกรรมของทุก ลักษณะที่ศึกษาได้พร้อมกัน สำหรับ THM และ SVM จะเหมาะสมกับข้อมูลที่มีการเก็บบันทึกเป็นตัวเลขไม่ต่อเนื่อง เช่น ข้อมูลการเป็นโรคเต้านมอักเสบ ข้อมูลอายุการใช้งานจนกระทั่งคัดออกจากฝูง และข้อมูลการผสมติด ซึ่งข้อมูล เหล่านี้ล้วนสัมพันธ์กับข้อมูลการให้ผลผลิต ดังนั้นสามารถนำไปวิเคราะห์ร่วมกันโดยใช้ MTM ได้ อย่างไรก็ตามใน ประเทศไทยการใช้ SVM ยังมีค่อนข้างจำกัดซึ่งเป็นผลมาจากการบันทึกข้อมูลไม่ถูกต้องและเหมาะสม ส่วน THM ได้นำมาใช้กับข้อมูลการผสมติด (Buaban et al., 2015a, b)

ในปัจจุบันนี้โมเดลที่ใช้สำหรับการประเมินค่าทางพันธุกรรมของโคในงานประจำของสำนัก เทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ได้ใช้โมเดลตามลักษณะที่จะประเมินที่สำคัญ 3 โมเดลหลัก ได้แก่ 305LM, TDM และ MTM โดย TDM จะใช้ประเมินลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม (ปริมาณ และองค์ประกอบน้ำนม) และลักษณะสุขภาพเต้านม (SCS) 305LM จะใช้ประเมินลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ และ MTM จะใช้ประเมินลักษณะ รูปร่าง ซึ่งมีรายละเอียดของโมเดลทางสถิติสำหรับแต่ละลักษณะตามภาคผนวกที่ 3

ขั้นตอนการประเมิน

1. ขั้นตอนก่อนการประเมิน (Pre-genetic evaluation step)
 - 1) วางแผนการจัดเก็บรวบรวมข้อมูลรายตัวระดับฟาร์ม
 - 2) การบันทึกข้อมูลและการปรับแก้ไขข้อมูลเบื้องต้น
 - 3) การเตรียมการทางสถิติของข้อมูล เช่น การกำหนดมาตรฐาน
 - 4) การปรับข้อมูลก่อนการประเมิน

- 5) การจัดทำไฟล์ข้อมูลชุดสุดท้าย และการสร้าง Input ไฟล์สำหรับใช้ในโปรแกรมการประเมินค่าทางพันธุกรรม
2. ขั้นตอนการประเมิน (Genetic evaluation step)
 - 1) การเลือกปัจจัยทางพันธุกรรม และสภาพแวดล้อม สำหรับกำหนดโมเดลการประเมินทางพันธุกรรม
 - 2) การตรวจสอบโครงสร้างของความสัมพันธ์เชื่อมโยง (Connectedness) ของประชากร
 - 3) การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน และพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม
 - 4) การประเมินค่าการผสมพันธุ์
3. ขั้นตอนหลังการประเมิน (Post-genetic evaluation step)
 - 1) สรุปผลการการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ไว้ผลิตลูกในรุ่นต่อไป
 - 2) เผยแพร่ค่าที่คำนวณได้ในรูปของแคตตาล็อก หรือสมุดพ่อพันธุ์โคนม

สรุปวิธีการดำเนินงานสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์

1. จัดตั้งเกษตรกรเครือข่ายโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์
2. เก็บข้อมูลสถิติและวิเคราะห์ตัวอย่างน้ำนมของแม่โคนมในฟาร์มเครือข่ายจำนวน 150,000 ตัวอย่าง/ปี เพื่อให้การทดสอบและคัดเลือกพันธุ์มีความแม่นยำสูง พร้อมทั้งเก็บน้ำเชื้อตัวผู้ และเก็บตัวอย่างเลือดตัวเมียสำหรับตรวจวิเคราะห์ข้อมูลจีโนไทป์
3. ผสมเทียม และย้ายฝากตัวอ่อนแม่พันธุ์โคนมชั้นเลิศ ด้วยน้ำเชื้อของพ่อพันธุ์โคนมชั้นเลิศ (ที่ผ่านทดสอบ และประเมินทางพันธุกรรม) และติดตามผลการตั้งท้องจำนวน 150 ตัว/ปี
4. คัดเลือกแม่โคนมชั้นเลิศ (Bull dams) โดยพิจารณาจากปริมาณน้ำนมรวมต่อระยะการให้นมไม่น้อยกว่า 6,000 กิโลกรัม หรือค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะปริมาณน้ำนมไม่น้อยกว่า +700 กิโลกรัม ซึ่งเป็นแม่โคนมลูกผสมที่มีระดับสายเลือด HF ไม่เกิน 93.75 % สำหรับใช้ในแผนการผสมพันธุ์กับน้ำเชื้อพ่อโคนมชั้นเลิศ (Top bulls) ที่ผ่านการพิสูจน์แล้ว เพื่อผลิตลูกโคเพศผู้
5. เลี้ยงลูกโคเพศผู้ตามมาตรฐานเพื่อทดสอบสมรรถภาพการเจริญเติบโต ลักษณะรูปร่าง และคุณภาพน้ำเชื้อที่สถานีทดสอบสมรรถภาพฯ จำนวน 40 ตัว/ปี
6. คัดเลือกพ่อพันธุ์หนุ่ม (Young bulls) จำนวน 10 ตัว/ปี โดยพิจารณาผลทดสอบคุณภาพน้ำเชื้อ และลักษณะรูปร่างของพ่อพันธุ์รุ่นแต่ละตัว คิดเป็น 25 % จากโคที่เข้าทดสอบสมรรถภาพฯ
7. รีดเก็บน้ำเชื้อพ่อพันธุ์หนุ่มที่ผ่านการทดสอบสมรรถภาพและคุณภาพน้ำเชื้อ จำนวนพ่อละ 2,000-3,000 โดส เพื่อนำไปผสมกับแม่โคนมทั่วไปในฟาร์มเครือข่าย จำนวน 8,000 ตัว เพื่อสร้างลูกสาวของพ่อพันธุ์หนุ่ม จำนวน 1,000 ตัว (100 ลูกสาว/โคพ่อพันธุ์หนุ่ม 1 พ่อ)

8. ติดตามผสมเทียมลูกสาว (1,000 ตัว) ของโคพ่อพันธุ์หนุ่มให้ตั้งท้อง ติดตามการคลอด เก็บข้อมูลสถิติ และตัวอย่างน้ำนม วิเคราะห์คุณภาพน้ำนม วัดประเมินและให้คะแนนรูปร่างของลูกสาวและโคที่ให้ นมในฟาร์มเครือข่ายของโครงการ จำนวน 1,000 ตัว (100 ลูกสาว/โคพ่อพันธุ์หนุ่ม 1 พ่อ)
9. รวบรวมข้อมูลที่เกี่ยวข้อง (ข้อมูลลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจ ข้อมูลพันธุ์ประวัติ และข้อมูล จีโนม) สำหรับใช้ในการประเมินค่าการผสมพันธุ์จากฐานข้อมูลโคนมกรมปศุสัตว์
10. ประเมินค่าการผสมพันธุ์เพื่อคัดเลือกพ่อโคนมพันธุ์ดีที่มีค่าการผสมพันธุ์มากกว่าค่าการผสมพันธุ์ เฉลี่ยของประชากรไว้ผลิตน้ำเชื้อบริการผสมเทียมปรับปรุงพันธุ์โคนมต่อไป เฉลี่ยปีละ 5 ตัว
11. เผยแพร่ข้อมูลค่าการผสมพันธุ์ของพ่อและแม่พันธุ์โคนมผ่านสมุดพ่อพันธุ์ แผ่นพับ และเว็บไซต์ของ กรมปศุสัตว์ เพื่อให้เกษตรกรและเจ้าหน้าที่ที่เกี่ยวข้องได้ใช้ประโยชน์จากข้อมูลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์
12. ทุกขั้นตอน (1-10) ใช้เวลาประมาณ 6-7 ปีกว่าจะได้พ่อพันธุ์ที่ผ่านการทดสอบแต่ละรุ่น

- กิจกรรมการสร้างลูกโคเพศผู้	1	ปี
- กิจกรรมการทดสอบพ่อโครุ่น	5-6	ปี
1) การทดสอบสมรรถภาพการเจริญเติบโต	1.5	ปี
2) การทดสอบคุณภาพน้ำเชื้อ	0.5	ปี
3) การทดสอบการให้ผลผลิตของลูกสาว	3-3.5	ปี
- กิจกรรมการประเมินค่าทางพันธุกรรม	0.5	ปี
รวมเวลาประมาณ	6-7	ปี

(รูปภาพที่ 3-34)

กิจกรรม 1: การทำทะเบียนประวัติ & การบันทึกข้อมูล

การทำทะเบียนประวัติ 1,500 ตัว/ปี

การจัดเก็บตัวอย่างน้ำนม 150,000 ตัวอย่าง/ปี

การประเมินรูปร่าง 1,000 ตัว/ปี

การจัดเก็บตัวอย่างเลือด และสกัดดีเอ็นเอ 800 ตัว/ปี



กิจกรรม 2: การสร้างลูกโคนมเพศผู้

สร้างลูกโคนมเพศผู้ตามแผนการผสมพันธุ์ 40 ตัว/ปี



กิจกรรม 3: การทดสอบพ่อโคนม

การทดสอบสมรรถภาพการเจริญเติบโต 40 ตัว/ปี

การทดสอบคุณภาพน้ำเชื้อ 20 ตัว/ปี

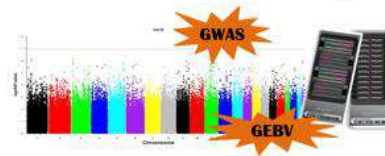
การทดสอบความสามารถให้ผลผลิตของลูกสาว 10 ตัว/ปี



กิจกรรม 4: การประเมินพันธุกรรม

พ่อพันธุ์ที่ผ่านการพิสูจน์ 5 ตัว/ปี

การผลิตน้ำเชื้อจากพ่อพันธุ์ที่ผ่านการพิสูจน์ 175,000 โดส/ปี



รูปภาพที่ 3-34 สรุปกิจกรรมการดำเนินงานสร้างพ่อโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์

4

การคัดเลือกด้วยจีโนม
Genomic Selection

4.1 ความสำคัญของการคัดเลือกด้วยจีโนม

โดยทั่วไปพ่อพันธุ์โคนมที่ใช้ผลิตน้ำเชื้อสำหรับบริการผสมเทียมที่ผ่านมาจะต้องเป็นพ่อพันธุ์ที่ผ่านการทดสอบและคัดเลือกด้วยวิธีการตามหลักสากล คือ การทดสอบการให้ผลผลิตของลูกสาว (Progeny test) แล้วทำนายค่าการผสมพันธุ์ (EBV) ของพ่อและแม่พันธุ์โคนมโดยใช้โปรแกรมทางสถิติที่เป็นสากล ได้แก่ เทคนิค BLUP โดยใช้ข้อมูล ฟีนোটป์ (Phenotype) ร่วมกับข้อมูลพันธุ์ประวัติ (Pedigree) ของโคนมแต่ละตัว ซึ่งเป็นวิธีที่นิยม และเป็นเครื่องมือสำคัญในการประเมินพันธุ์กรรมและคัดเลือกสายพันธุ์โคนมอย่างต่อเนื่อง ในกระบวนการนี้ต้องมีเจ้าหน้าที่ของกรมปศุสัตว์ดำเนินการจัดเก็บพันธุ์ประวัติ และลักษณะเศรษฐกิจต่างๆ ที่เป็นตามเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์โคนมของไทย เช่น ปริมาณและคุณภาพน้ำนม ความสมบูรณ์พันธุ์ ลักษณะรูปร่าง และความทนโรคทนร้อน ของกลุ่มลูกสาวที่กระจายอยู่ในฟาร์มเกษตรกรในจำนวนที่มากพออย่างถูกต้องต่อเนื่อง เพื่อนำไปใช้ในการคำนวณค่า EBV ของโคนมแต่ละตัว

หากต้องการเพิ่มความแม่นยำของการประเมินพันธุ์กรรมโดยการทดสอบลูกสาวแบบดั้งเดิมดังกล่าวข้างต้นสามารถทำได้โดยการเพิ่มอัตรากำลังเจ้าหน้าที่เพื่อเก็บบันทึกข้อมูล และใช้น้ำเชื้อพ่อพันธุ์ทดสอบ (Testing bulls) จำนวนเพิ่มขึ้น เพื่อผลิตให้มีจำนวนลูกสาวต่อพ่อพันธุ์มากขึ้น จำเป็นต้องเพิ่มงบประมาณในการจัดจ้างเจ้าหน้าที่ วัสดุอุปกรณ์ และยานพาหนะ เป็นเงินมหาศาลในการติดตามเก็บข้อมูลฟีนোটป์ ในขณะที่รัฐบาลมีข้อจำกัดในการเพิ่มอัตรากำลัง และงบประมาณ และยังเป็นการเพิ่มความเสี่ยงแก่เกษตรกรผู้ให้ความร่วมมือในการใช้น้ำเชื้อพ่อพันธุ์ที่ยังอยู่ระหว่างการทดสอบเพื่อสร้างลูกสาวที่จะให้ข้อมูลผลผลิตน้ำนม รูปร่าง ความสมบูรณ์พันธุ์ และลักษณะอื่นๆ ตามวัตถุประสงค์ของการปรับปรุงพันธุ์ นอกจากนี้ในบางลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุ์กรรมต่ำ หรือการวัดค่าของฟีนোটป์ทำได้ยาก เช่น ลักษณะรูปร่าง และลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ ทำให้ข้อมูลมีจำนวนน้อย ความแม่นยำในการประเมินพันธุ์กรรมจึงต่ำเช่นกัน

แต่ด้วยความก้าวหน้าของเทคโนโลยีดีเอ็นเอในปัจจุบัน ส่งผลให้การจำแนกข้อมูลของความผันแปรทางพันธุกรรมในระดับนิวคลีโอไทด์ (SNPs) ที่มีการกระจายอยู่ทั่วทั้งจีโนมของโคนมรายตัวสามารถทำได้ครั้งละจำนวนมาก และมีราคาถูกลงอย่างต่อเนื่อง โดยสามารถจำแนกรูปแบบทางพันธุกรรมของโคนมแต่ละตัวได้ตั้งแต่ระดับ 2,900

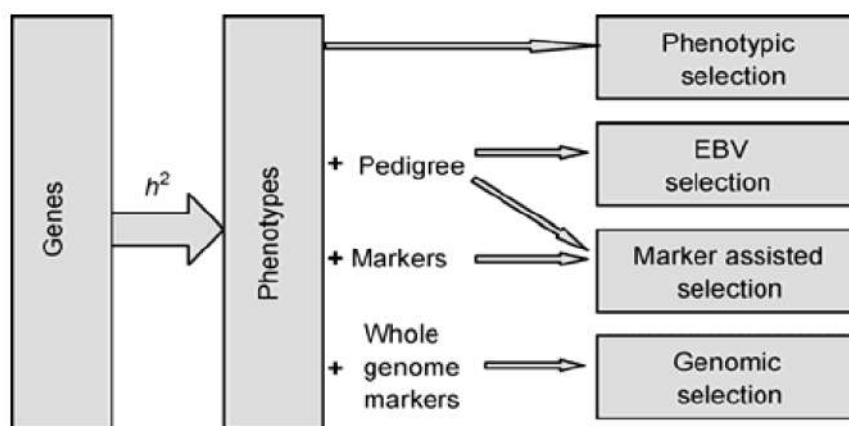
SNPs (Bovine3K Genotyping Beadchip, Illumina®) ถึงระดับ 777,000 SNPs (BovineHD Genotyping BeadChip, Illumina®) ครอบคลุมทั่วทั้งจีโนมของโคนม ทำให้การคัดเลือกด้วยจีโนม (Genome selection, GS) ซึ่งหมายถึงการคัดเลือกด้วยค่าพันธุกรรมจีโนม (GEBV) โดยใช้ข้อมูลจีโนไทป์ (SNPs) ร่วมกับข้อมูลพันธุ์ประวัติของสัตว์แต่ละตัวและเครือญาติ และข้อมูลฟีโนไทป์ ได้กลายมาเป็นเครื่องมือมาตรฐานที่สำคัญที่ใช้กันอย่างแพร่หลายสำหรับการปรับปรุงพันธุ์โคนมแทนการคัดเลือกแบบดั้งเดิม จนทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงครั้งใหญ่ในอุตสาหกรรมโคนมทั่วโลก โดยเฉพาะในประเทศที่ผลิตโคนมเป็นอุตสาหกรรมหลายประเทศได้นำการคัดเลือกด้วยจีโนมมาใช้ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์จนเกิดความสำเร็จในการพัฒนา เช่น ประเทศสหรัฐอเมริกา แคนาดา สหราชอาณาจักร นิวซีแลนด์ ออสเตรเลีย ฝรั่งเศส เนเธอร์แลนด์ เยอรมนี และประเทศสแกนดิเนเวีย (Silva et al., 2014)

การคัดเลือกด้วยจีโนมมีข้อดีหลายอย่างเมื่อเปรียบเทียบกับวิธีการคัดเลือกแบบดั้งเดิม เช่น 1) ช่วยเพิ่มความแม่นยำของค่าทางพันธุกรรมได้ถึงประมาณ 30-70% (VanRaden et al., 2009; Harris and Johnson, 2010) 2) สามารถทำนายค่าทางพันธุกรรมของสัตว์แต่ละตัวได้ตั้งแต่แรกเกิดด้วยความแม่นยำสูงทั้งที่ยังไม่ข้อมูลฟีโนไทป์ของตัวเอง หรือข้อมูลของลูกหลาน (Pryce and Daetwyler, 2012) และ 3) สามารถคัดเลือกและผสมพันธุ์พ่อโคที่อายุน้อย (2 ปี จากมากกว่า 5 ปี) (Schaeffer, 2006) ส่งผลให้ช่วงอายุ (generation interval) ลดลง ข้อดีเหล่านี้ทำให้มีศักยภาพในการเพิ่มอัตราความก้าวหน้าทางพันธุกรรมเป็นสองเท่า จาก 50 ถึง 100% สำหรับลักษณะการให้ผลผลิต (García-Ruiz et al., 2016) นอกจากนี้ยังมีหลักฐานสามารถลดต้นทุนในการปรับปรุงพันธุกรรมโคนมภายในประชากรได้ เมื่อเทียบกับแผนการทดสอบลูกหลานแบบดั้งเดิม (Schaeffer, 2006; König et al., 2009; VanRaden et al., 2009; Boichard et al., 2016)

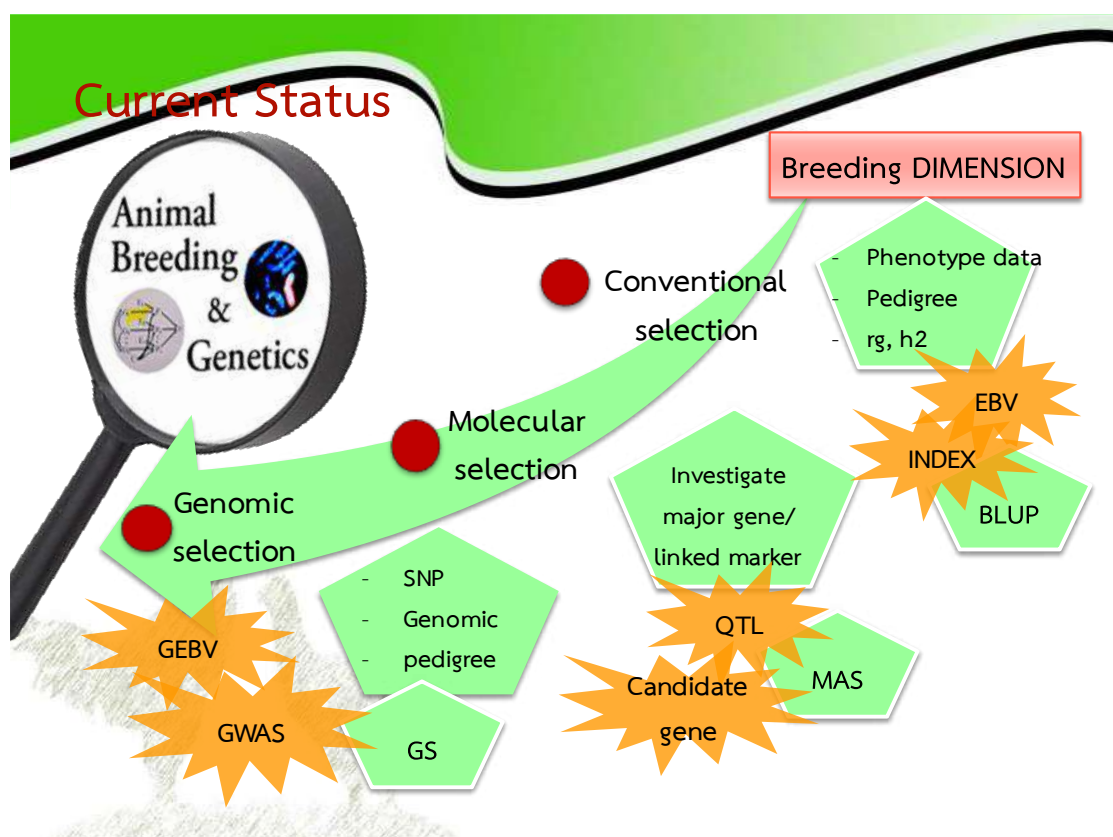
อย่างไรก็ตาม ความน่าเชื่อถือของการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนมขึ้นอยู่กับหลายปัจจัย เช่น จำนวนของสัตว์ที่มีข้อมูลฟีโนไทป์ และข้อมูลจีโนไทป์ในประชากรอ้างอิง (ประชากรอ้างอิงขนาดใหญ่ เพิ่มความแม่นยำ) (Hayes et al., 2009a; VanRaden et al., 2009) ความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์ในประชากรอ้างอิง (ความสัมพันธ์ต่ำ เพิ่มความแม่นยำ) และความสัมพันธ์ระหว่างประชากรอ้างอิง และประชากรที่จะคัดเลือก (ความสัมพันธ์สูง เพิ่มความแม่นยำ) (Pszczola et al., 2012) นอกจากนี้ การคัดเลือกด้วยจีโนมมีข้อจำกัดคือการประมาณค่าอิทธิพลของ SNPs ที่คำนวณจากสายพันธุ์ หรือประชากรหนึ่งไม่สามารถคาดการณ์ได้ว่าจะมีความแม่นยำสำหรับสายพันธุ์หรือประชากรอื่นๆ (Hayes et al., 2009a) อีกทั้งการคัดเลือกด้วยจีโนมเป็นเทคโนโลยีที่ใหม่จึงยังต้องมีการศึกษาวิธีการประเมิน GEBV เพื่อหาวิธีการที่เพิ่มความแม่นยำให้ได้มากที่สุดในการประเมิน GEBV เป็นต้น ในการประเมิน GEBV ถ้า SNPs ที่นำมาประเมิน GEBV ไม่ถูกต้อง หรือไม่มีอิทธิพลต่อลักษณะที่ศึกษาจะส่งผลทำให้ความแม่นยำในการประเมินลดลงได้

4.2 การพัฒนาการคัดเลือกจากแบบดั้งเดิมสู่การคัดเลือกด้วยจีโนม

การคัดเลือกสัตว์ในอดีตเดิมที่ทำการคัดเลือกโดยดูจากฟีโนไทป์ของสัตว์ (Phenotypic selection) แล้วคัดเลือกสัตว์ที่มีฟีโนไทป์ที่ดีเก็บไว้ ซึ่งวิธีนี้ไม่สามารถคัดเลือกสัตว์จากพันธุกรรมได้โดยตรง ต่อมาจึงได้มีการพัฒนานำพันธุ์ประวัติมาใช้ร่วมในการประเมินพันธุกรรมของสัตว์ เพื่อให้สามารถคัดเลือกสัตว์ได้จากพันธุกรรมโดยตรง โดยอาศัยการคัดเลือกจากการประเมินค่าการผสมพันธุ์ (EBV) หรือหมายถึงการคัดเลือกด้วยวิธีแบบดั้งเดิม (Conventional selection) โดยใช้เทคนิค BLUP แม้ว่าการคัดเลือกด้วยวิธีนี้จะเป็นวิธีการที่มีประสิทธิภาพ มีความน่าเชื่อถือสูงแต่ในการคัดเลือกสัตว์มักใช้ระยะเวลานาน ได้ผลช้า และไม่สามารถระบุตำแหน่งที่ตั้งของยีนที่ควบคุมลักษณะดังกล่าวบนโครโมโซมได้ (Dekkers, 2004; Berry et al., 2011; ศุภมิตร, 2555) จึงมีการพัฒนาเครื่องหมายทางพันธุกรรมขึ้นมาเพื่อเป็นเครื่องมือช่วยในการคัดเลือก (Marker assisted selection, MAS) ซึ่งสามารถลดระยะเวลาในการคัดเลือกสัตว์ได้ อย่างไรก็ตามแม้ว่า MAS จะสามารถช่วยลดระยะเวลาในการคัดเลือกได้ แต่เครื่องหมายทางพันธุกรรมที่นำมาใช้จำเป็นต้องมีความจำเพาะต่อลักษณะที่สนใจคัดเลือกอย่างมาก และการนำเครื่องหมายทางพันธุกรรมมาใช้ทำนายค่าการผสมพันธุ์เพียงไม่กี่ตำแหน่งทำให้ความแม่นยำในการคัดเลือกอาจยังไม่มากพอ ปัจจุบันวิทยาการด้านจีโนมิกส์ (Genomics) และอณูพันธุศาสตร์ (Molecular genetics) มีความก้าวหน้ามาก จึงได้มีการพัฒนาวิธีการคัดเลือกสัตว์ขึ้นมาใหม่โดยอาศัยการคัดเลือกสัตว์จากเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่ครอบคลุมทั้งจีโนมซึ่งหมายถึงการคัดเลือกด้วยจีโนม (GS) เพื่อเพิ่มความแม่นยำในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ในรูปแบบจีโนม ซึ่งเรียกว่าค่าพันธุกรรมจีโนม (GEBV) รายละเอียดตาม รูปภาพที่ 4-1 และ รูปภาพที่ 4-2



รูปภาพที่ 4-1 แสดงแผนผังของวิธีการคัดเลือกในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์
ที่มา: Zhang et al. (2011)



รูปภาพที่ 4-2 แสดงการพัฒนาการคัดเลือกจากวิธีการแบบดั้งเดิมสู่การคัดเลือกด้วยจีโนม
ที่มา: มนต์ชัย (2562)

2.3.1 การคัดเลือกด้วยวิธีแบบดั้งเดิม (Conventional selection)

ในช่วงไม่กี่ทศวรรษที่ผ่านมาการประเมินค่าทางพันธุกรรมเพื่อการคัดเลือกและจัดลำดับพ่อแม่พันธุ์สัตว์เป็นรายตัวของลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจนั้นนิยมประเมินโดยใช้วิธีการทางสถิติขั้นสูงด้วยเทคนิค BLUP เนื่องจากเป็นวิธีการประเมินค่าทางพันธุกรรมที่มีประสิทธิภาพ โดยนำข้อมูลพันธุ์ประวัติของสัตว์แต่ละตัวและเครือญาติมาใช้ร่วมกับข้อมูลฟีโนไทป์ ในการประมาณค่าการผสมพันธุ์ (EBV) เพื่อให้สามารถคัดเลือกสัตว์ได้จากพันธุกรรมโดยตรง (Zhang et al., 2011) หรือคัดเลือกหลายๆ ลักษณะพร้อมกันด้วยการสร้างดัชนีการคัดเลือก (Selection index) (มนต์ชัย, 2548) ซึ่งสามารถช่วยเพิ่มความก้าวหน้าทางพันธุกรรม และเพิ่มความสามารถในการให้ผลผลิตของลักษณะที่ทำการคัดเลือกในระยะยาวได้ แต่อย่างไรก็ตามการคัดเลือกด้วยวิธีนี้ยังคงมีข้อจำกัดในการใช้งานอยู่ ได้แก่ ไม่สามารถรู้ค่าการผสมพันธุ์ที่แท้จริงได้ ลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ (เช่น ลักษณะด้านการสืบพันธุ์) อาจทำให้การประเมินพันธุกรรมมีความแม่นยำลดลงได้ ประสิทธิภาพในการคัดเลือกจะลดลงเมื่อใช้กับลักษณะที่วัดได้ยาก (เช่น การต้านทานโรค) ลักษณะที่ถูกจำกัดด้วยเพศ (เช่น ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และขนาดครอก) หรือลักษณะที่แสดงออกในช่วงท้ายของอายุ (เช่น ลักษณะคุณภาพซาก และคุณภาพเนื้อ) นอกจากนี้ในการ

คัดเลือกสัตว์มักใช้ระยะเวลานาน ได้ผลช้า และไม่สามารถระบุตำแหน่งที่ตั้งของยีนที่ควบคุมลักษณะดังกล่าวบนโครโมโซมได้ (Dekkers, 2004; Berry et al., 2011; ศุภมิตร, 2555)

สำหรับโคโคนมข้อมูลฟีโนไทป์ที่เกี่ยวข้องกับการให้ผลผลิตส่วนใหญ่จะใช้ข้อมูลการให้ผลผลิตน้ำนมในระยะการให้นม (Lactation records, LR) หรือข้อมูลการให้ผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ (Test-day records, TDR) และคัดเลือกและทดสอบพ่อโคโดยใช้ข้อมูลของลูกสาว วิธีการนี้ได้นำไปใช้ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์โคโคนมในประเทศที่พัฒนาแล้วส่วนใหญ่ในช่วงต้นในปี ค.ศ. 1950 (พ.ศ. 2493) ถึงแม้ว่าการทดสอบด้วยวิธีนี้จะมีความน่าเชื่อถือสูงแต่มีข้อเสียคือ แม้ว่าพ่อโคจะมีความเจริญพันธุ์เต็มที่แล้วเมื่ออายุ 1 ปี แต่ก็จะต้องรอนกว่าจะมีข้อมูลของลูกสาวรุ่นแรกสำหรับทดสอบซึ่งจะต้องรอนกว่าพ่อโคจะมีอายุประมาณ 5-6 ปี ซึ่งใช้เวลานานกว่าจะสามารถใช้พ่อพันธุ์นั้นได้ และที่สำคัญมีค่าใช้จ่ายสูงในการดำเนินโครงการทดสอบเพื่อให้ได้ค่าความเชื่อมั่นเป็นที่ยอมรับ ซึ่งจะต้องอาศัยจำนวนข้อมูลของลูกสาวที่เกิดจากพ่อแต่ละตัว และการกระจายของข้อมูลที่ครอบคลุมพื้นที่ที่มีสภาพแวดล้อมต่างกันทั่วประเทศจำนวนมาก นอกจากนี้ในบางลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ หรือการวัดค่าของฟีโนไทป์ทำได้ยาก เช่น ลักษณะรูปร่าง และลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ ทำให้ข้อมูลมีจำนวนน้อย ความน่าเชื่อถือในการประเมินพันธุกรรมจึงต่ำ (Berry et al., 2011; Dekkers, 2004)

2.3.2 การคัดเลือกด้วยเทคโนโลยีทางอนุพันธุศาสตร์ (Molecular selection) หรือเครื่องหมายพันธุกรรม (Marker assisted selection, MAS)

เนื่องข้อจำกัดดังกล่าวข้างต้นบางอย่างจากการคัดเลือกด้วยวิธีแบบดั้งเดิม จึงได้มีการนำเอาเทคโนโลยีทางอนุพันธุศาสตร์เข้ามาช่วย โดยการศึกษาหาตำแหน่งของยีน หรือเครื่องหมายพันธุกรรม (Genetic markers) ที่เกี่ยวข้องกับลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจด้วยวิธี Quantitative trait loci (QTL) (Hansen et al., 2005) ซึ่งมีประโยชน์อย่างมากในการทำแผนที่ตำแหน่ง QTL บนโครโมโซม (QTL mapping) อีกทั้งยังมีประโยชน์ในการค้นหายีนที่เกี่ยวข้องกับลักษณะที่สนใจศึกษา (Candidate gene) เพื่อช่วยในการคัดเลือกด้วยเครื่องหมายพันธุกรรม (MAS) มีความแม่นยำมากยิ่งขึ้น โดยพิจารณาจากข้อมูลเครื่องหมายพันธุกรรมในระดับดีเอ็นเอ (DNA markers) ซึ่งไม่เปลี่ยนแปลงตามอิทธิพลของสิ่งแวดล้อม การใช้ MAS จึงเป็นการนำเครื่องหมายพันธุกรรมที่ทราบแล้วว่ามีความสำคัญอยู่ใกล้กับยีนหรือคือตำแหน่งยีนที่ควบคุมลักษณะมาช่วยในการคัดเลือกพันธุ์สัตว์ที่คาดว่าจะมีลักษณะนั้น ๆ โดยไม่จำเป็นต้องดูฟีโนไทป์ของสัตว์ที่ต้องการ ไม่ต้องทราบว่ายีนที่ควบคุมลักษณะเหล่านั้นมีการทำงานหรือให้ผลผลิตอะไร ไม่ต้องทราบลำดับเบสของยีน หรือตำแหน่งที่แน่นอนบนโครโมโซม โดยเครื่องหมายพันธุกรรมที่ใช้สำหรับการคัดเลือกนั้นต้องอยู่ใกล้กับยีนที่สนใจ ยิ่งอยู่ใกล้มากเท่าใด ประสิทธิภาพในการใช้เพื่อช่วยคัดเลือกลักษณะก็ยิ่งสูง และมีความแม่นยำมากขึ้น ทั้งนี้เครื่องหมายพันธุกรรมดังกล่าวต้องสามารถถ่ายทอดพันธุกรรมไปสู่ลูกหลานรุ่นถัดไป (ศุภมิตร, 2555)

กลยุทธ์ในการใช้ข้อมูล MAS ในการคัดเลือกสัตว์สามารถทำได้ 3 วิธี ได้แก่ 1) การคัดเลือกจากข้อมูล Molecular score เพียงอย่างเดียว 2) การคัดเลือกจากข้อมูล Molecular score แล้วตามด้วยการคัดเลือกจาก

ข้อมูลฟีโนไทป์ และ 3) การสร้างดัชนีการคัดเลือกจากข้อมูล Molecular score ร่วมกับข้อมูลฟีโนไทป์ (Dekkers and Hospital, 2002) ซึ่งวิธีการค้นหาเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณที่ผ่านมาและเป็นที่ยอมรับ มี 2 วิธี ได้แก่ Genome wide searches หรือ QTL และ Candidate gene approaches

การนำเครื่องหมายทางพันธุกรรมมาใช้เป็นเครื่องมือในการคัดเลือกดูเหมือนจะเป็นเครื่องมือที่มีแนวโน้มสำหรับการรวมข้อมูลเครื่องหมายทางพันธุกรรมเข้าไปด้วยกันในการตัดสินใจเกี่ยวกับการปรับปรุงพันธุ์ และคัดเลือกสัตว์พันธุ์ที่อายุน้อยในช่วงต้นของชีวิตด้วยความน่าเชื่อถือสูงขึ้นเมื่อเทียบกับการใช้ค่าเฉลี่ยของพันธุ์ประวัติแบบเดิมเพียงอย่างเดียว ซึ่งจะช่วยเพิ่มประสิทธิภาพของการคัดเลือก โดยการเพิ่มความแม่นยำ และระยะเวลาของการปรับปรุงพันธุ์ (Collard et al., 2005) ส่งผลต่อความก้าวหน้าในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ให้ไปถึงเป้าหมายได้รวดเร็วยิ่งขึ้น อย่างไรก็ตามวิธีการ QTL และ Candidate gene ยังมีข้อจำกัดในด้านเครื่องหมายพันธุกรรมที่ศึกษาเป็นเพียงบางส่วนของจีโนม หรืออาจเป็นเพียงบางส่วนของกลุ่มยีนที่ควบคุมลักษณะดังกล่าวเท่านั้น แต่ลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจส่วนใหญ่เป็นลักษณะเชิงปริมาณที่ถูกควบคุมด้วยยีนหลายคู่ (Polygene) ดังนั้นการที่จะตรวจพบตำแหน่งของเครื่องหมายพันธุกรรมที่มีอิทธิพลสูง (Major gene effect) ต่อลักษณะนั้นจึงพบได้ไม่บ่อยนัก อีกทั้ง QTL marker ยังนำไปใช้ได้ค่อนข้างยากและลงทุนสูง และที่สำคัญการใช้ MAS จะต้องออกแบบกลุ่มลูกสาว (Grandsire daughters) ที่มีขนาดใหญ่เพื่อที่จะให้ได้มาซึ่งความผันแปรทางพันธุกรรมผ่านการตรวจสอบ QTL ที่มีประสิทธิภาพ สิ่งนี้จะเป็นไปได้ในประชากรโคขนาดเล็ก นอกจากนี้การใช้ MAS กำลังเผชิญกับปัญหาหลักสองประการ คืออิทธิพลของ QTL ที่มากที่สุดมักจะถูกประเมินค่าสูงเกินไป และ QTL ที่มีอิทธิพลเล็กน้อยนั้นยากต่อการตรวจสอบ ทั้งสองปัญหาส่วนใหญ่จะแก้ไขโดยใช้การคัดเลือกด้วยจีโนม การประยุกต์ใช้เครื่องหมายทางพันธุกรรมในการคัดเลือกสัตว์ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์เชิงพาณิชย์มีเพียงไม่กี่โปรแกรมที่ได้ดำเนินการ (Boichard et al., 2012)

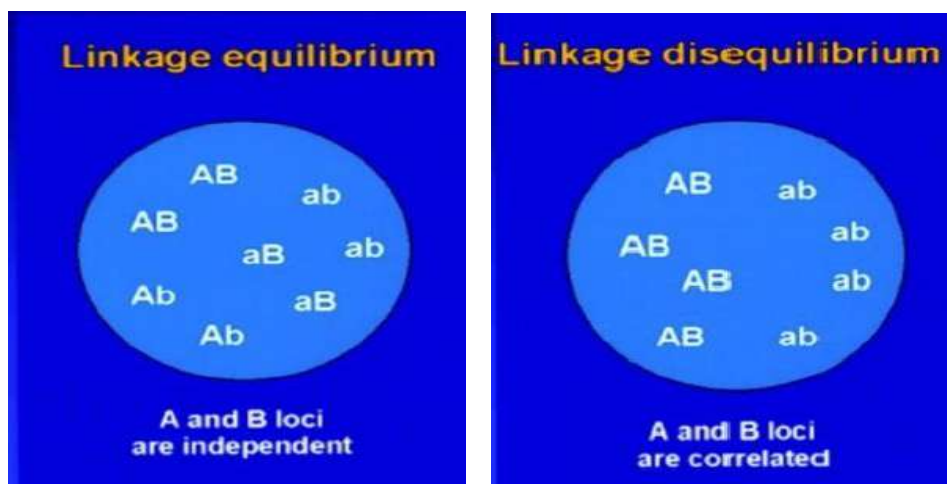
เครื่องหมายพันธุกรรม (Genetic marker)

เครื่องหมายพันธุกรรมเป็นส่วนของดีเอ็นเอที่แตกต่างกันไปในสัตว์แต่ละตัว หรือเรียกว่า เครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA markers) เช่น Microsatellites, Randomly amplified polymorphic DNA (RAPD), Amplified fragment length polymorphisms (AFLP), Restriction fragment length polymorphism (RFLPs), Single nucleotide polymorphism (SNP) เป็นต้น (Dodgson et al., 1997; Beuzen et al. 2000; Emara and Kim, 2003) สามารถแบ่งออกได้เป็น 2 ประเภท คือ 1) Direct marker และ 2) Indirect marker หรือ Linkage marker

Direct marker หมายถึงเครื่องหมายพันธุกรรมที่เป็นส่วนหนึ่งของยีนที่ทราบตำแหน่งและหน้าที่ และมีอิทธิพลต่อการแสดงออกของลักษณะนั้นๆ โดยตรง ดังนั้นหากใช้ Direct marker ในการคัดเลือกสัตว์ในรุ่นพ่อแม่เพื่อปรับปรุงพันธุ์ลักษณะที่สนใจ รุ่นลูกจะได้รับพันธุกรรมที่ดีจากพ่อแม่ด้วย ซึ่งถือว่าเครื่องหมายพันธุกรรมที่มีประสิทธิภาพสูงสุดในการคัดเลือก ในกรณีนี้อาจเรียกว่าเป็น Gene-assisted selection (GAS) (สุรินทร์, 2552) ซึ่งในปัจจุบันมีการศึกษากันมาก นอกจากนี้การมีจำนวนเครื่องหมายโมเลกุลหลาย ๆ ตำแหน่งที่วางอยู่บนแผนที่ยีนสามารถใช้เป็นเครื่องมือที่จะช่วยให้นักปรับปรุงพันธุ์สัตว์ได้ทราบถึงตำแหน่ง และอิทธิพลของยีนที่มีความสำคัญทาง

เศรษฐกิจ ใช้เป็นแนวทางในการรวบรวมยีนที่ดีเด่นต่าง ๆ เข้ามาอยู่ในพืชและสัตว์พันธุ์ใหม่ที่มีลักษณะตามที่ต้องการ ได้อย่างรวดเร็ว ถูกต้อง และแม่นยำ เช่น การคัดเลือกสุกรด้วยเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่ได้จากการศึกษาเกี่ยวกับ ยีน Halothane ต่อความเครียด พบว่าสุกรจะมีความเครียดลดลง

Indirect marker หมายถึงเครื่องหมายพันธุกรรมที่อยู่ใกล้ตำแหน่งยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณ (QTL) แต่ไม่ใช่ส่วนหนึ่งของยีนที่มีอิทธิพลต่อลักษณะดังกล่าวโดยตรง ซึ่งในการใช้ Indirect marker จำเป็นต้องคำนึงถึง ระยะที่เกิดการแลกเปลี่ยนสารพันธุกรรมระหว่างโครโมโซม (Crossing over) ในกระบวนการ meiosis ของระยะห่าง ระหว่างเครื่องหมายทางพันธุกรรม กับ QTL และต้องมั่นใจว่าเครื่องหมายทางพันธุกรรมกับ QTL จะถ่ายทอดไปด้วยกัน ดังนั้นในการใช้ Indirect marker ต้องทราบว่าเครื่องหมายทางพันธุกรรมมีความสัมพันธ์กับลักษณะที่สนใจ แบบสุ่มหรือสมดุลของการเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายทางพันธุกรรม Linkage equilibrium (LE marker) หรือแบบ ไม่สุ่มหรือไม่สมดุล Linkage disequilibrium (LD marker) (Kinghorn et al., 1993) LD marker ถือเป็นเครื่องหมาย ที่มีประสิทธิภาพสูงในการใช้เพื่อคัดเลือกพันธุ์ โดยเป็นเครื่องหมายที่มีตำแหน่งอยู่ใกล้ยีนที่สนใจมาก และจะถ่ายทอด ไปพร้อมกับยีนนั้นเนื่องจากอยู่บนโครโมโซมเดียวกัน แต่ก็อาจจะถูกแยกจากกันได้ถ้าเกิดการแลกเปลี่ยนชิ้นส่วน โครโมโซม และมีการรวมตัวกันใหม่ของยีน เครื่องหมายพันธุกรรมที่อยู่ใกล้กับยีนที่สนใจยิ่งมากเท่าไร โอกาสที่จะเกิด การแลกเปลี่ยนชิ้นส่วนโครโมโซม และแยกตัวออกจากกันก็น้อย ส่วน LE marker เป็นเครื่องหมายที่อยู่ห่างจากยีนจะ เกิดการแยกตัวออกจากกันได้แบบสุ่มหรือสมดุล ซึ่งถือว่ามีประสิทธิภาพต่ำในการใช้เพื่อคัดเลือกพันธุ์ (รูปภาพที่ 4-3)



ประชากรที่ 1

ประชากรที่ 2

รูปภาพที่ 4-3 แสดงลักษณะการเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายทางพันธุกรรมแบบแบบสุ่มหรือสมดุล (Linkage equilibrium, LE) และแบบไม่สุ่มหรือไม่สมดุล (Linkage disequilibrium, LD)

ที่มา: Nancy (2001)

เมื่อพิจารณาจากรูปภาพที่ 4-3 ประชากรสองกลุ่มถูกแสดงด้วยความหลากหลายที่ตำแหน่ง A และ ตำแหน่ง B ในประชากรกลุ่มแรกสถานะของอัลลีลที่ตำแหน่ง A ไม่ขึ้นอยู่กับอัลลีลที่ตำแหน่ง B จีโนไทป์ที่ตำแหน่งทั้งสองมีความเป็นอิสระ ดังนั้นประชากรจึงอยู่ในสภาวะสมดุลของการเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายทางพันธุกรรม (Linkage equilibrium) ในประชากรกลุ่มที่สอง อัลลีล A จับคู่กับ อัลลีล B และ อัลลีล a จับคู่กับ อัลลีล b บ่อยกว่าที่คาดไว้ หากมีความเป็นอิสระ ความสัมพันธ์ระหว่างตำแหน่งดังกล่าวเรียกว่า การเชื่อมโยงระหว่างเครื่องหมายทางพันธุกรรม แบบไม่สุมหรือไม่สมดุล (LD) การเชื่อมโยงแบบนี้มีความสำคัญในจีโนม เนื่องจากตำแหน่งของเครื่องหมายอาจมีความสัมพันธ์เกี่ยวข้องกับตัวแปรเชิงหน้าที่ (เช่น เกี่ยวข้องกับโรค) สิ่งนี้ระบุยีนที่เกี่ยวข้องกับโรค และการทำนายความเสี่ยงของโรค

Quantitative trait loci (QTL)

ลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจส่วนใหญ่เป็นลักษณะเชิงปริมาณที่ถูกควบคุมด้วยยีนหลายคู่ โดยยีนแต่ละคู่หนึ่งจะมีอิทธิพลต่อลักษณะเล็กน้อยแตกต่างกันไป การหาว่ายีนใดบ้างที่มีผลต่อลักษณะนั้นทำได้ยาก ดังนั้นที่ผ่านมาจึงมีการศึกษา Genome scan เพื่อหาตำแหน่ง QTL ซึ่งเป็นตำแหน่งที่ควบคุมลักษณะปริมาณ คือสามารถระบุตำแหน่งและที่ตั้งของยีนที่ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณหรือลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจได้ (Koning et al., 2003; Nones et al., 2005) โดยการศึกษา QTL คือการหาความสัมพันธ์ของเครื่องหมายพันธุกรรมที่มีผลต่อลักษณะที่ โดยความสัมพันธ์ของเครื่องหมายพันธุกรรมกับลักษณะสนใจศึกษาอาจมีการเกิด Genetic linkage แบบ LD marker ที่สามารถใช้ข้ามครอบครัวได้ หรือ LE marker ที่ใช้ได้เฉพาะในบางครอบครัวเท่านั้น ปัจจุบันมีการรายงานจำนวน QTL ที่มีการศึกษาในโคนม ตั้งแต่ปี 2533 ถึงปี 2554 มีประมาณ 2,736 QTL โดยลักษณะที่ศึกษาได้แก่ ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม ลักษณะรูปร่าง ลักษณะความต้านทานโรค ลักษณะด้านอาหาร และลักษณะการเจริญเติบโต รวมถึงลักษณะอื่นๆ โดยกลุ่มลักษณะที่มีการศึกษา QTL มากที่สุดสามกลุ่มแรกคือการให้ผลผลิตน้ำนม รูปร่าง และความต้านทานโรค ตามลำดับ

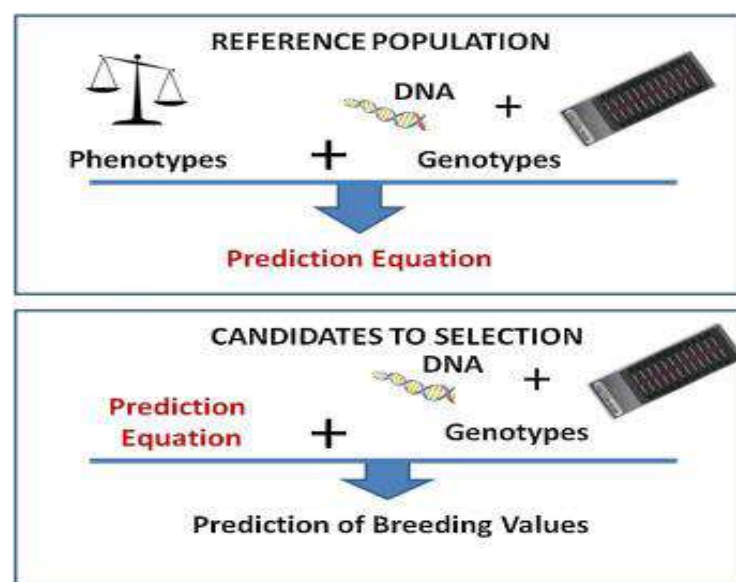
Candidate gene approach

Candidate gene คือยีนที่มีอิทธิพลหรือเกี่ยวข้องกับลักษณะที่สนใจศึกษาสำหรับใช้เป็นเครื่องหมายยีนในการคัดเลือกตัวสัตว์ โดยยีนที่ศึกษาอาจจะไม่มีหน้าที่ในการควบคุมลักษณะที่สนใจศึกษาโดยตรง แต่ยีนดังกล่าวไปมีอิทธิพลต่อการแสดงออกของลักษณะที่สนใจศึกษา (Parmentier et al., 2001; Kuhnlein et al., 2003) ดังนั้นการศึกษา Candidate gene จึงจำเป็นจะต้องทราบกลไกทางสรีรวิทยาที่เกี่ยวข้องกับลักษณะที่สนใจ วิธีการศึกษา Candidate gene หรือ Direct marker อาศัยรูปแบบของความผันแปรหรือความหลากหลายทางพันธุกรรมของสัตว์แต่ละตัว เช่น การเกิดการเปลี่ยนแปลงเบสเพียงหนึ่งเบส หรือเกิดจากจำนวนเบสในบางตำแหน่งของยีนที่ไม่เท่ากัน (Insertion, Deletion) (Fulton, 2008) วิธีการที่ศึกษาความผันแปรของยีนส่วนใหญ่ใช้วิธี PCR, PCR- RFLP หรือ PCR-SSCP เป็นต้น ปัจจุบันได้มีการใช้ Candidate gene ศึกษาลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจในโคนม เช่น ลักษณะทางด้านการให้ผลผลิตน้ำนม ลักษณะทางการสืบพันธุ์ และความต้านทานต่อโรค เป็นต้น

2.3.3 การคัดเลือกด้วยจีโนม (Genomic selection, GS)

การคัดเลือกด้วยจีโนม (GS) จะตรงกันข้ามกับ MAS และเป็นวิธีการคัดเลือกสัตว์รูปแบบใหม่ที่มีการบูรณาการเทคโนโลยีทางด้านอนุพันธุศาสตร์ร่วมกับการประเมินค่าพันธุกรรม โดยใช้ข้อมูลจีโนไทป์ (SNPs) ที่มีการกระจายอยู่ทั่วทั้งจีโนม ร่วมกับข้อมูลฟีโนไทป์ และข้อมูลพันธุ์ประวัติ ในการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนมเพื่อตัดสินใจในการคัดเลือกสัตว์แต่ละตัว ค่าทำนายที่ได้นี้มีชื่อเรียกที่หลากหลาย เช่น Whole-genome breeding values (GEBV) (Avendaño et al., 2010) หรือ Genome-wide predicted breeding values (GEBV) หรือ Genomic breeding values (GEBV) เป็นต้น (Muir, 2007) แต่ในคู่มือเล่มนี้จะใช้เรียกค่าทำนายที่ได้จากการใช้ข้อมูลจีโนมนี้ว่า Genomic estimated breeding value (GEBV)

แนวคิดในการคัดเลือกด้วยจีโนมนี้คิดค้นโดย Meuwissen et al. (2001) เป็นครั้งแรก โดยมีหลักการทั่วไปคือ สัตว์ที่มีทั้งข้อมูลฟีโนไทป์และข้อมูลจีโนไทป์เรียกว่าประชากรอ้างอิง (Reference population) จะใช้เป็นชุดข้อมูลศึกษา (Training data) ด้วยโมเดลทางสถิติเพื่อสร้างสมการทำนาย และประมาณค่าอิทธิพลของ SNPs (SNP effect) ที่สัมพันธ์กับการแสดงออกของฟีโนไทป์ ค่าประมาณอิทธิพลของ SNPs ที่ได้สามารถใช้ในการประเมินค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ที่จะคัดเลือก (Candidate animals) ที่มีเพียงข้อมูลของเครื่องหมายพันธุกรรม ในปัจจุบันถือว่าเป็นวิธีการมาตรฐานที่สำคัญในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์สัตว์สมัยใหม่ แทนการคัดเลือกแบบดั้งเดิม และเป็นที่ยอมรับกันแพร่หลายในหลายประเทศ โดยประเทศสหรัฐอเมริกาเป็นประเทศแรกที่มีการนำเทคโนโลยีนี้มาใช้ในการคัดเลือกโคนม เมื่อปี ค.ศ. 2009 (พ.ศ. 2552) รายละเอียดเป็นไปตาม รูปภาพที่ 4-4



รูปภาพที่ 4-4 แสดงแนวคิดในการคัดเลือกด้วยจีโนม

ที่มา: Boichard et al. (2016)

วิธีการจีโนไทป์ (Genotyping methods)

SNPs เป็นข้อมูลที่มีความสำคัญเป็นอย่างมากต่อการคัดเลือกด้วยจีโนม เนื่องจาก SNPs เป็นการเปลี่ยนแปลงของเบสเพียงหนึ่งเบส เช่น การเปลี่ยนจากเบส A (อะดีนีน) ไปเป็น G (กวานีน) C (ไซโทซีน) หรือ T (ไทมีน) และเป็นรูปแบบหนึ่งที่มีความเกี่ยวข้องกับความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมากที่สุดในจีโนม

การคัดเลือกด้วยจีโนมจะอาศัยหลักการที่สำคัญคือ การใช้ SNPs จำนวนมาก และกระจายทั่วทั้งจีโนม (ทุกโครโมโซม) (เช่น dense SNP panel เช่น 50,000 SNPs) ในการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนม (GEBV) ซึ่งจะส่งผลให้ SNPs แต่ละตัวอยู่ใกล้กัน (เนื่องจากความหนาแน่นสูง) ทำให้เกิดความเชื่อมโยงแบบไม่สมดุลของเครื่องหมายทางพันธุกรรม (Linkage disequilibrium, LD) ระหว่าง SNPs และตำแหน่งที่ควบคุมลักษณะปริมาณหรือลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจ (Quantitative trait loci, QTL) หรือยีนมีค่าสูงขึ้น จึงถือได้ว่าค่า LD เป็นค่าที่จำเป็นที่จะต้องพิจารณาในการคัดเลือกด้วยจีโนม ดังนั้นอาจกล่าวได้ว่าการใช้ SNPs จำนวนมากครอบคลุมทั่วทั้งจีโนมนั้นสามารถเพิ่มโอกาสที่ QTL หรือยีนจะถูกติดตามโดย SNPs อย่างน้อย 1 SNP ด้วยเหตุนี้การคัดเลือกด้วยจีโนมจึงสามารถประสบความสำเร็จได้โดยไม่ต้องรู้ตำแหน่งของ QTL หรือยีนที่ควบคุมลักษณะนั้นๆ ดังเช่นที่เคยใช้ในวิธีการคัดเลือกด้วยเครื่องหมายทางพันธุกรรม (MAS) ที่ได้พัฒนามาก่อนที่จะมีการนำการคัดเลือกด้วยจีโนมมาใช้ในปัจจุบัน

ชุดจีโนไทป์ BovineSNP50 ที่มี SNPs ประมาณ 54,000 SNPs ได้นำมาใช้กันอย่างแพร่หลายสำหรับการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนมของโคนมทั่วโลก (Matukumalli et al., 2009) เริ่มใช้งานครั้งแรกในปี 2007 และถูกใช้ในการปรับปรุงพันธุ์โคเพื่อตรวจหาบริเวณจีโนมซึ่งมีส่วนช่วยทำให้มีการผันแปรลักษณะฟีโนไทป์ (Sherman et al., 2009) ความหนาแน่นของเครื่องหมาย SNPs มีผลต่อความถูกต้อง (Meuwissen, 2009, Habier et al., 2009) ในทางทฤษฎีความหนาแน่นที่สูงขึ้นควรนำไปสู่ความถูกต้องที่สูงขึ้น แต่จะนำไปสู่ต้นทุนที่เพิ่มขึ้นสำหรับการจีโนไทป์ (Ma et al., 2013) บางประเทศมีพ่อโคที่ได้จีโนไทป์ด้วยชิปที่มีความหนาแน่นสูงถึง 777,000 เครื่องหมาย (777K; ความหนาแน่นสูง, HD) โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อเพิ่มความถูกต้อง (Su et al., 2012) นอกจากนี้ชิปที่มีความหนาแน่นต่ำที่มีเครื่องหมาย 6,900 และ 2,900 เครื่องหมาย (BovineLD และ Bovine3K) ได้รับการพัฒนาซึ่งจะเหมาะสมกว่าสำหรับประชากรขนาดใหญ่และมีต้นทุนจีโนไทป์ที่ต่ำลง (Boichard et al., 2012)

เมื่อมีการใช้ชิปหลายชนิดในการคัดเลือกพันธุกรรมจีโนม การคาดการณ์ (Imputation) จีโนไทป์ที่ขาดหายไปจากจีโนไทป์อ้างอิงจึงมีความสำคัญ เพื่อที่จะใช้ประโยชน์จากข้อมูลเครื่องหมายทั้งหมดที่มีอยู่ การคาดการณ์ยังเป็นประโยชน์ในการเพิ่มค่าอัตราการเรียกฐานข้อมูลทางพันธุกรรม (Call rate) ของสัตว์ที่จีโนไทป์เมื่อใช้ชิปตัวเดียวกัน (Ma et al., 2013) การคาดการณ์จาก 3K ถึง 54K ให้ความถูกต้องในการคาดการณ์ (93.5-97.1%) ต่ำกว่าการคาดการณ์จาก 54K ถึง 777K (97.1-99.3%)

4.3 วิธีการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนม

การคัดเลือกด้วยจีโนมซึ่งหมายถึงการคัดเลือกจากการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนม (GEBV) สามารถทำได้โดยใช้วิธีการทางสถิติที่มีหลากหลายวิธี ซึ่งแต่ละวิธีการมีความซับซ้อนที่แตกต่างกันออกไป ประสิทธิภาพของการใช้แต่ละวิธีไม่ได้ขึ้นอยู่กับคุณสมบัติตามทฤษฎีของแต่ละวิธีการเท่านั้น แต่ยังขึ้นอยู่กับสถานการณ์ที่ถูกนำไปใช้ด้วย เช่น พันธุ์ที่แตกต่างกัน ประชากรที่แตกต่างกัน และลักษณะที่สนใจที่แตกต่างกัน โดยทั่วไปนี้วิธีการคัดเลือกด้วยจีโนมสามารถแบ่งได้เป็นสองวิธีใหญ่ๆ ได้แก่ วิธีการที่ใช้ความสัมพันธ์ของจีโนม (Genomic relationship-based methods) (เช่น GBLUP) และวิธีการที่ใช้อิทธิพลของ SNPs (SNP effect-based methods) (เช่น SNP-BLUP หรือ Ridge regression BLUP และ Bayesian methods) โดยวิธีการที่ใช้ความสัมพันธ์ของจีโนมจะใช้ SNPs เพื่อหาความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์แต่ละตัว (ทดแทนการใช้ข้อมูลพันธุ์ประวัติ) จากนั้นจะแก้สมการโมเดลแบบผสม (Mixed model equation, MME) เพื่อประมาณค่า GEBV สำหรับสัตว์แต่ละตัวโดยตรง ส่วนวิธีการที่ใช้อิทธิพลของ SNPs จะเริ่มจากการประมาณอิทธิพลของ SNPs แล้วคำนวณค่า GEBV จากการรวมกันเชิงเส้นของอิทธิพลของ SNPs และจีโนไทป์แต่ละตำแหน่ง

วิธีการที่ใช้ความสัมพันธ์ของจีโนม

GBLUP (Meuwissen et al., 2001) ได้รับการดัดแปลงจากวิธีการทำนายด้วย BLUP แบบดั้งเดิมที่ใช้พันธุ์ประวัติเพื่อที่จะรวมข้อมูลจีโนมเข้าด้วยกัน GBLUP เหมือนกับโมเดล BLUP ดั้งเดิมที่อธิบายโดย (Henderson, 1984) แต่แทนที่เมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางเครือญาติจากพันธุ์ประวัติ (Numerator relationship matrix, **A**) ด้วยเมตริกซ์ความสัมพันธ์จีโนม (Genomic relationship matrix, **G**) ซึ่งความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์แต่ละตัวนั้นคำนวณโดยใช้ข้อมูลเครื่องหมายพันธุกรรมมากกว่าพันธุ์ประวัติ

วิธีการที่ใช้อิทธิพลของ SNPs

SNP-BLUP เป็นวิธีที่ใช้กันทั่วไปซึ่งเทียบเท่ากับ GBLUP แต่เหมาะกับเวกเตอร์ของอิทธิพล SNPs แต่ละตัวภายในโมเดล BLUP และตรงข้ามกับอิทธิพลของสัตว์แต่ละตัวใน GBLUP ทั้งสองโมเดลมีข้อสมมติฐานว่า SNPs นั้นมีการกระจายตัวแบบปกติด้วยความแปรปรวนที่เท่ากัน และ SNPs ทั้งหมดมีผลต่อลักษณะที่สนใจเล็กน้อยและเท่ากัน

Bayesian methodologies วิธีเบย์หลายวิธีได้มีการพัฒนาโดยเฉพาะสำหรับการคัดเลือกด้วยจีโนมเพื่อที่จะใช้ประโยชน์จากข้อมูลก่อนหน้านี้ให้ดีที่สุดที่อาจส่งผลกระทบต่อลักษณะที่น่าสนใจ ความแตกต่างหลักระหว่างโมเดลเบย์ที่แตกต่างกันคือการกระจายตัวอิทธิพลของเครื่องหมาย (SNPs effect) ก่อนหน้า ในโมเดล เช่น BayesA (Meuwissen et al., 2001) SNPs ทั้งหมดจะถือว่ามีส่วนต่อลักษณะที่สนใจ ในขณะที่โมเดลต่างๆ เช่น BayesB และ BayesC ถือว่าสัดส่วนของ SNPs เพียงบางส่วนเท่านั้นที่ส่งผลกระทบต่อลักษณะที่สนใจ Habier et al. (2011) อธิบายโมเดล BayesCTπ ที่ขยายมาจากโมเดล BayesC โดยที่ π (สัดส่วนของ SNPs ที่คาดว่าจะไม่มีผลต่อลักษณะ หรือมีผลเท่ากับ 0) ซึ่งสามารถประมาณได้จากข้อมูลที่ใช้วิเคราะห์ (Nadaf et al., 2012) โมเดล GBLUP ถูกนำมาใช้กันอย่างแพร่หลายในแอปพลิเคชันเชิงพาณิชย์ของการคัดเลือกด้วยจีโนมกับชุดข้อมูลขนาดใหญ่ เนื่องจาก

มีความเข้มข้นในการคำนวณน้อยกว่าวิธีเบย์ อย่างไรก็ตามความถูกต้องของ GEBV ที่ได้จากการใช้ GBLUP นั้นไม่ตอบสนองต่อจำนวน QTL ที่มีผลต่อลักษณะ (Daetwyler et al., 2010) ดังนั้นจึงแนะนำว่าวิธีการทำนายแบบเบย์อาจทำงานได้ดีกว่าสำหรับลักษณะที่ควบคุมโดย QTL จำนวนน้อยที่มีอิทธิพลมาก (Hayes et al., 2009b)

การประเมินค่าความสามารถทางพันธุกรรมด้วยจีโนมทั้งวิธีการที่ใช้ความสัมพันธ์ของจีโนม และวิธีการที่ใช้อิทธิพลของ SNPs จะใช้การประเมินที่เรียกว่า วิธีสองขั้นตอน (**Two-step approach**) หรือ วิธีการหลายขั้นตอน (**Multi-step approach**) (VanRaden, 2008; Hayes et al., 2009a; VanRaden et al., 2009; Lund et al., 2011; Wiggans et al., 2011) ซึ่งจะขึ้นอยู่กับประชากรอ้างอิงที่มีทั้งข้อมูลฟีโนไทป์ และข้อมูลจีโนไทป์ ดังนั้นการดำเนินการคัดเลือกด้วยจีโนมจึงมักจะเกี่ยวข้องกับการประเมินค่าความสามารถทางพันธุกรรมแบบดั้งเดิมซึ่งให้ค่า EBV แล้วคำนวณให้ได้ค่า De-regressed EBV, **dEBV** หรือ Daughter yield deviations, **DYD** หรือ Yield deviations, **YD** (ในกรณีที่เป็นแม่โค) และถือว่าค่าเหล่านี้เป็น “Pseudo-phenotype” เพื่อที่จะนำไปทำนายค่าความสามารถทางพันธุกรรมด้วยจีโนม

สำหรับการประเมินค่าความสามารถทางพันธุกรรมด้วยจีโนมวิธี GBLUP (Meuwissen et al., 2001) ซึ่งเป็นวิธีการทำนายจีโนมเชิงเส้นตรงที่ดีที่สุดไม่มีอคตินั้นสามารถทำนายได้ทั้งแบบหลายขั้นตอน (Multiple-step GBLUP, **msGBLUP**) และแบบขั้นตอนเดียว (Single-step GBLUP, **ssGBLUP**) โดยในช่วงเริ่มแรกโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์สุสัวส่วนใหญ่ที่ใช้การคัดเลือกด้วยจีโนมจะดำเนินการด้วยวิธีการแบบ msGBLUP ซึ่งมีขั้นตอนดังนี้คือ 1) การประมาณค่า EBV โดยใช้ BLUP แบบดั้งเดิม (ข้อมูลที่มีทั้งหมด) 2) ทำการคำนวณค่า dEBV หรือ DYD หรือ YD อย่างใดอย่างหนึ่ง 3.1) ประมาณค่าอิทธิพลของ SNPs จากทุกตำแหน่งรวมเป็นค่าจีโนมโดยตรง (Direct genomic values) (DGV; Gao et al., 2013; Koivula et al., 2015; Winkelman et al., 2015) สำหรับโคนมที่มีข้อมูลจีโนไทป์ด้วยโมเดลทางสถิติ หรือ 3.2) การประเมิน GEBV โดยใช้ GBLUP โดยตรง 4) รวมค่า DGV กับค่าเฉลี่ย EBV ของพ่อและแม่ ซึ่งเรียกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ (Parent average, PA) (Hayes et al., 2009a) โดยทั่วไปแล้ว dEBV มักจะถูกนำมาใช้มากกว่าเมื่อเทียบกับ DYD เพราะความพร้อมใช้งานง่ายกว่า โดยเฉพาะอย่างยิ่งเมื่อประชากรอ้างอิงขึ้นอยู่กับจีโนไทป์จากประเทศต่างๆ (Mäntysaari et al., 2012) การประมาณค่า dEBV มีอยู่หลายวิธีด้วยกัน เช่น วิธีของ Garrick et al. (2009), VanRaden et al (2009) และ Wiggans et al. (2011)

โดยปกติแล้ว DGV สามารถสร้างขึ้นมาได้หลายวิธี เช่น Meuwissen et al. (2001), VanRaden (2008) และ Makgahlela et al. (2013) โดยการใช้การประมาณอิทธิพลของเครื่องหมายทางพันธุกรรม (SNPs) หรือใช้สมการโมเดลแบบผสม (MME) กับ เมตริกซ์ความสัมพันธ์จีโนม (**G**) (Meuwissen et al., 2001; VanRaden, 2008; Goddard, 2009) วิธี SNP-BLUP จะประมาณอิทธิพลของ SNPs ด้วยเทคนิค BLUP โดยใช้โมเดลที่มีข้อสมมุติฐานให้ค่าประมาณอิทธิพลของ SNPs มีการกระจายตัวแบบปกติ (Normally distribution) หรือทุก SNPs ส่งผลต่อความแปรปรวนฟีโนไทป์เล็กน้อย และเท่ากัน ต่อจากนั้น DGV สามารถคำนวณโดยการรวมอิทธิพลของอัลลีลในเครื่องหมาย SNPs ทั้งหมด Goddard (2009) แสดงให้เห็นว่า SNP-BLUP เทียบเท่ากับโมเดลที่ค่าการผสมพันธุ์ประมาณได้จากข้อมูล

โดยตรงเหมือนกับการประมาณด้วยเทคนิค BLUP แบบดั้งเดิม แต่ใช้เมตริกซ์ **G** แทน เมตริกซ์ **A** ซึ่งเราเรียกวิธีนี้ว่า GBLUP อย่างไรก็ตามเพื่อเพิ่มความแม่นยำของการประเมินพันธุ์กรรมด้วยจีโนมมักจะรวม DGV กับ PA เพื่อสร้างค่า GEBV (VanRaden, 2008)

ต่อมาได้มีการประเมินค่า GEBV โดยวิธี ssGBLUP (Misztal et al., 2009; Aguilar et al., 2010; Christensen and Lund, 2010) ด้วยการรวมพีโนไทป์ บันทึกพันธุ์ประวัติ และข้อมูลจีโนม พร้อมกันในช่วงขั้นตอนเดียว เมื่อเปรียบเทียบกับวิธี msGBLUP พบว่าวิธี ssGBLUP มีข้อดีกว่าหลายประการ (Christensen and Lund, 2010; Kang et al., 2017) เช่น 1) มีกระบวนการที่ง่ายกว่าเนื่องจากมีการวิเคราะห์เพียงครั้งเดียว และสามารถใช้โมเดลทางสถิติแบบเดียวกันกับที่ใช้ในการประเมินทางพันธุกรรมทั่วไป (Lourenco et al., 2014; Misztal et al., 2014) 2) สามารถทำนายสัตว์ที่มีจีโนไทป์และไม่มีจีโนไทป์ทั้งหมดพร้อมกัน และการประเมินมีอคติน้อยกว่า (Aguilar et al., 2010; Tsuruta et al., 2011; Vitezica et al., 2011; Christensen et al., 2012) 3) ช่วยลดปัญหาการนับซ้ำของข้อมูลซึ่งพบในการประเมินแบบหลายขั้นตอนเมื่อรวมจีโนไทป์จากพ่อพันธุ์ และลูกสาวของมันในประชากรอ้างอิง และอาจมีการใช้วิธีการที่ไม่เหมาะสมในการประมาณค่า DRP (Uemoto et al., 2017) และ 4) วิธี ssGBLUP ให้การประเมินที่เชื่อถือได้มากกว่า (Tsuruta et al., 2013; Lourenco et al., 2014) และมีคุณสมบัติที่สามารถทำนายลักษณะที่เป็นข้อมูลแบบ Longitudinal ด้วยโมเดลวันทดสอบรีเกรสชันแบบสุ่ม (Random regression test-day model, RR-TDM) (Kang et al., 2017)

หลักการโดยทั่วไปของวิธี ssGBLUP จะแทนที่เมตริกซ์ **A** ที่ใช้ในสมการโมเดลแบบสุ่ม (MME) ด้วยเมตริกซ์ **H** ซึ่งเป็นการรวมเมตริกซ์ความสัมพันธ์ **A** และ **G** (Misztal et al., 2009; Legarra et al., 2014) อย่างไรก็ตามส่วนกลับเมตริกซ์ **H** (H^{-1}) จะมีโครงสร้างที่เรียบง่าย (Aguilar et al., 2010; Christensen and Lund, 2010) สามารถเขียนในรูปผกผันได้ดังนี้:

$$H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \tau(\alpha G + \beta A_{22})^{-1} - \omega A_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

เมื่อ **G** คือ เมตริกซ์ของความสัมพันธ์ทางทางจีโนม A^{-1} คือ ส่วนกลับเมตริกซ์ของความสัมพันธ์ทางเครือญาติจากพันธุ์ประวัติ A_{22}^{-1} คือ ส่วนกลับเมตริกซ์ของความสัมพันธ์ทางเครือญาติจากพันธุ์ประวัติเฉพาะตัวสัตว์ที่มีจีโนไทป์ (Aguilar et al., 2010) พารามิเตอร์ α และ β ใช้เพื่อทำให้ **G** กลับด้าน หรือ Non-singular (Koivula et al., 2015) และพารามิเตอร์ τ และ ω คือ ปัจจัยปรับเพื่อใช้อธิบายความแปรปรวนทางพันธุกรรมที่ลดลง และพันธุ์ประวัติที่แตกต่างกัน ตามลำดับ เพื่อให้ G^{-1} และ A_{22}^{-1} มีความสอดคล้องกัน (Misztal et al., 2017) มีงานวิจัยหลายเรื่องที่แสดงให้เห็นว่าการปรับ G^{-1} ให้สอดคล้องกับค่าที่คาดไว้ใน A_{22}^{-1} จะลดปัญหาการปรับสเกลซึ่งสามารถเพิ่มความแม่นยำและลดอคติในการทำนายในเวลาเดียวกัน (เช่น Vitezica et al., 2011; Christensen et al., 2012)

ความแม่นยำในการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนม (Accuracy of genomic evaluations)

ตารางที่ 4-1 แสดงปัจจัยที่มีผลต่อความแม่นยำของค่าพันธุกรรมจีโนม

ปัจจัย	คำอธิบาย	ผลกระทบ
ปัจจัยที่เปลี่ยนแปลงไม่ได้		
ขนาดประชากรที่มีประสิทธิภาพ	ประชากรเฉพาะ และขึ้นอยู่กับประวัติศาสตร์ของวิวัฒนาการ	สัตว์จำนวนมากมีความแม่นยำสูงกว่าสัตว์จำนวนน้อย
ขนาดของจีโนม	มีความเฉพาะแต่ละสายพันธุ์	ขนาดเล็กมีความแม่นยำสูงกว่าขนาดใหญ่
โครงสร้างทางพันธุกรรมของลักษณะที่สนใจ	สามารถอธิบายได้ตามความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรมและจำนวน QTL ที่มีผลต่อลักษณะ	ลักษณะที่มีการถ่ายทอดทางพันธุกรรมต่ำมีความแม่นยำสูงกว่าลักษณะที่มีการถ่ายทอดทางพันธุกรรมสูง
ปัจจัยที่เปลี่ยนแปลงได้		
จำนวนของยีนเครื่องหมาย	ยิ่งจำนวนของยีนเครื่องหมายมีหนาแน่นสูงเท่าใดความแม่นยำก็จะยิ่งสูงขึ้นเท่านั้น	จำนวนของยีนเครื่องหมายที่มีความหนาแน่นสูงมีความแม่นยำสูงกว่าเครื่องหมายที่มีความหนาแน่นต่ำ
ขนาด และโครงสร้างของประชากรอ้างอิง	จำนวนข้อมูลฟีโนไทป์ที่มีอยู่	ข้อมูลฟีโนไทป์จำนวนมากจะให้ความแม่นยำสูง
วิธีการที่ใช้ในการประเมิน GEBV	ประสิทธิภาพของวิธีการไม่เพียงขึ้นอยู่กับคุณสมบัติทางทฤษฎีของวิธีการเท่านั้น แต่ยังขึ้นอยู่กับสถานการณ์ที่นำไปใช้ด้วย	ประสิทธิภาพของวิธีการขึ้นอยู่กับสถานการณ์ที่นำไปใช้ (เช่น สิ่งมีชีวิตที่แตกต่างกัน ประชากรที่แตกต่างกัน และลักษณะที่แตกต่างกัน)

ที่มา: Hayes et al. (2009a); Ibanez-Escriche and Gonzalez-Recio. (2011); Zhang et al. (2011)

โดยทั่วไปค่าความแม่นยำของการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนมมักขึ้นอยู่กับความสัมพันธ์ระหว่างค่า GEBV โดยตรงกับค่า DEBV หรือค่าฟีโนไทป์ที่ได้มีการปรับในชุดข้อมูลการตรวจสอบความถูกต้อง เมื่อใช้ค่าฟีโนไทป์ที่ได้มีการปรับแล้ว ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์จะถูกหารด้วยรากที่สองของค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะเพื่อที่จะวัดความสัมพันธ์ระหว่างค่าความสามารถทางพันธุกรรมที่ทำนายได้และค่าความสามารถทางพันธุกรรมที่แท้จริง (Legarra et al., 2008; Pryce et al., 2012) ค่าความแม่นยำของการประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะต่างๆ ในโคนมในประเทศที่พัฒนาแล้วอยู่ในช่วง 0.20 ถึง 0.50 สำหรับลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ และลักษณะการอยู่รอดที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ ถึงในช่วง 0.50 ถึง 0.85 สำหรับลักษณะการให้ผลผลิตที่มีค่าอัตราพันธุกรรมปานกลางถึงสูง

(Moser et al., 2010; Wiggans et al., 2017) ในกรณีของประเทศกำลังพัฒนา ค่าความแม่นยำของการประเมินด้วยจีโนมค่อนข้างต่ำถึงปานกลางซึ่งอยู่ในช่วง 0.21 ถึง 0.60 ปัจจัยสำคัญที่ทำให้ช่วงความแม่นยำของการประเมินมีค่าต่ำนั้นเนื่องจาก มีประชากรอ้างอิงขนาดเล็ก และองค์ประกอบของแม่โคส่วนใหญ่ที่มีความถูกต้องของข้อมูลฟีโนไทป์ต่ำกว่าพ่อโคที่ผ่านการทดสอบด้วยข้อมูลของลูกสาวในประเทศที่พัฒนาแล้ว หรือเป็นปัจจัยตามตารางที่ 4-1

ค่าความเชื่อมั่น (กำลังสองของค่าความแม่นยำ) ของค่า GEV มีการรายงานไว้สำหรับลักษณะทางเศรษฐกิจหลายลักษณะ เช่น ลักษณะการให้ผลผลิต หรือ ลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ โดยเปรียบเทียบค่าความเชื่อมั่นของค่า GEV กับค่า EBV (ตารางที่ 4-2)

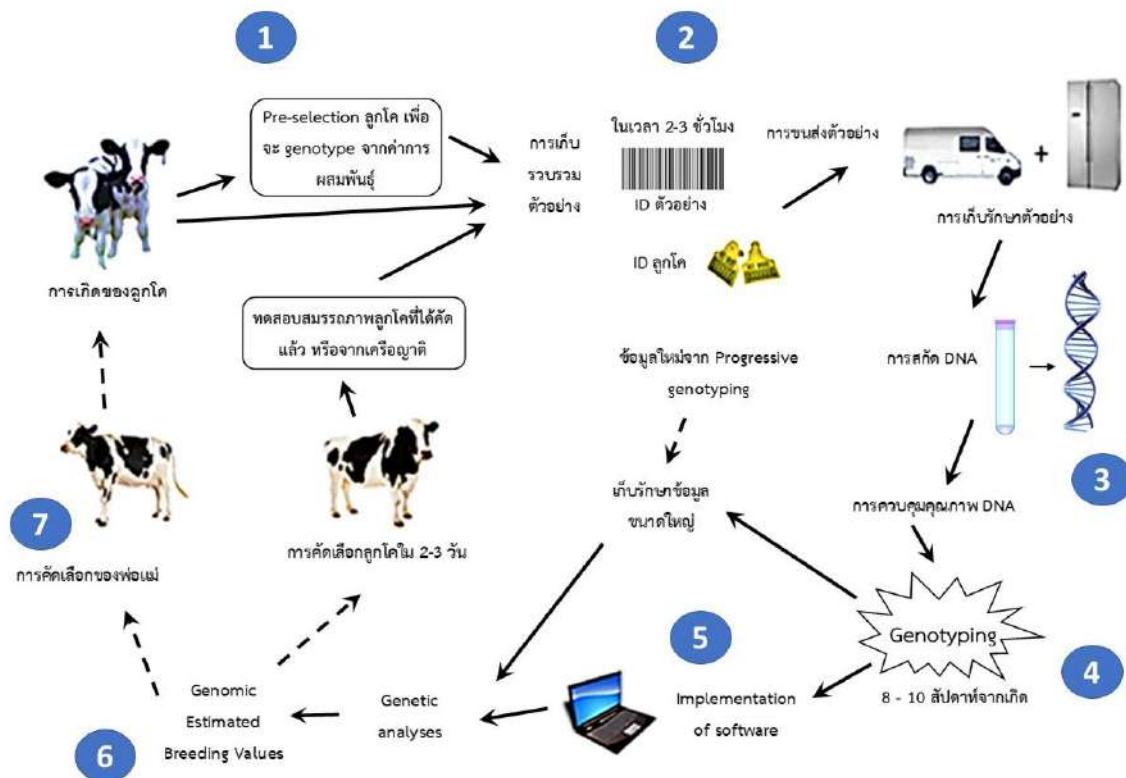
ตารางที่ 4-2 แสดงการเปรียบเทียบระหว่างความเชื่อมั่นของ GEV และ EBV สำหรับบางลักษณะในโคนม

ลักษณะ	ค่าอัตราพันธุกรรม	ค่าความเชื่อมั่น		เอกสารอ้างอิง
		EBV	GEV	
ปริมาณน้ำนม	0.30	0.35	0.69	VanRaden et al. (2009)
ปริมาณไขมัน	0.30	0.35	0.69	VanRaden et al. (2009)
ปริมาณโปรตีน	0.30	0.35	0.69	VanRaden et al. (2009)
ความสมบูรณ์พันธุ์	0.02	0.22	0.56	Su et al. (2010)
อัตราการตั้งท้องของลูกสาว	0.04	0.25	0.41	VanRaden et al. (2009)

4.4 ขั้นตอนของโปรแกรมการคัดเลือกด้วยจีโนม (Step of genomic selection program)

การใช้โปรแกรมการคัดเลือกด้วยจีโนมในโคนมนั้น มีขั้นตอนต่างๆ ดังแสดงในรูปภาพที่ 4-5 ดังนี้คือ

1. การเลือกสัตว์มาทำการจีโนไทป์
2. การจัดเก็บตัวอย่างน้ำเชื้อ และตัวอย่างเลือดของพ่อแม่โคเพื่อสกัดดีเอ็นเอ
3. การสกัดสารพันธุกรรมหรือดีเอ็นเอ และการตรวจวัดความเข้มข้นและความบริสุทธิ์
4. การทำจีโนไทป์ หรือการตรวจหาข้อมูลความผันแปรทางพันธุกรรมในระดับจีโนม
5. การรวบรวมข้อมูลฟีโนไทป์ และพันธุ์ประวัติ
6. การประเมินค่าพันธุกรรมจีโนม
7. การคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์



รูปภาพที่ 4-5 แสดงขั้นตอนของโปรแกรมการคัดเลือกด้วยจีโนม

1. การเลือกสัตว์มาทำการจีโนไทป์

ระบุสัตว์ที่จะทำการจีโนไทป์โดยจะเก็บน้ำเชื้อพ่อโคที่ผ่านการพิสูจน์แล้วที่มีข้อมูลฟีโนไทป์ของลูกสาว และเก็บตัวอย่างเลือดจากลูกโคเพศผู้เกิดใหม่ พ่อโคหนุ่ม และแม่โคที่ได้จากการประเมินค่าทางพันธุกรรม

2. การจัดเก็บตัวอย่างน้ำเชื้อ และตัวอย่างเลือดของพ่อแม่โคเพื่อสกัดดีเอ็นเอ

เก็บตัวอย่างน้ำเชื้อแช่แข็งพ่อโคที่มีข้อมูลฟีโนไทป์ ของลูกสาว และพันธุ์ประวัติ (พ่อละ 3 หลอด พร้อมทั้งเก็บตัวอย่างเลือดลูกโคเพศผู้เกิดใหม่ พ่อโคหนุ่ม และแม่โคที่ได้จากการประเมินค่าทางพันธุกรรม (รูปภาพที่ 4-6) โดยเก็บตัวอย่างเลือดปริมาณ 4-6 มิลลิลิตรจากเส้นเลือดดำบริเวณโคนหางของแม่โค ใส่ในหลอดที่บรรจุสารป้องกันเลือดแข็งตัว EDTA นำไปเก็บรักษาที่ 4 องศาเซลเซียส เพื่อรอการสกัดดีเอ็นเอต่อไป



รูปภาพที่ 4-6 แสดงการจัดเก็บตัวอย่างน้ำเชื้อพ่อพันธุ์ และตัวอย่างเลือดของพ่อแม่โคเพื่อสกัดดีเอ็นเอ

3. การสกัดสารพันธุกรรมหรือดีเอ็นเอ และการตรวจวัดความเข้มข้นและความบริสุทธิ์

สกัดดีเอ็นเอจากตัวอย่างน้ำเชื้อแช่แข็งพ่อพันธุ์ และตัวอย่างเลือดจากพ่อโคหนุ่ม หรือลูกโคเพศผู้เกิดใหม่ และแม่โค ด้วยชุดสกัดดีเอ็นเอสำเร็จรูป QIAamp DNA Kits (QIAGEN ,Germany) และทำการตรวจสอบปริมาณและคุณภาพของดีเอ็นเอ (รูปภาพที่ 4-7) ซึ่งพิจารณาจากความเข้มข้น และความบริสุทธิ์ของดีเอ็นเอที่สกัดได้ด้วยเครื่อง DeNovix (United States) โดยใช้ค่าความเข้มข้นไม่น้อยกว่า 50 นาโนกรัม/ไมโครลิตร และค่าความบริสุทธิ์ (ค่าอัตราส่วนการดูดกลืนแสงที่ 260/280) อยู่ระหว่าง 1.8-2.0



รูปภาพที่ 4-7 แสดงการสกัดดีเอ็นเอ และการตรวจวัดความเข้มข้นและความบริสุทธิ์

4. การทำจีโนไทป์ หรือการตรวจหาข้อมูลความผันแปรทางพันธุกรรมในระดับจีโนม

ดีเอ็นเอที่สกัดจากน้ำเชื้อแช่แข็งพ่อพันธุ์ และเลือดจากแม่โคนม พร้อมทั้งได้ตรวจสอบความเข้มข้น ความบริสุทธิ์ตามที่กำหนดเรียบร้อยแล้ว (ในขั้นตอนที่ 3) แล้วนำไปวิเคราะห์ตรวจหาข้อมูลความผันแปรทางพันธุกรรมในระดับจีโนม (SNPs) ด้วยชุดตรวจวิเคราะห์ Illumina BovineSNP50 และอ่านวิเคราะห์ด้วยเครื่องวิเคราะห์สารพันธุกรรมแบบ BeadChips ไมโครอะเรย์ (iScan™ system) (Illumina INC., San Diego, CA, USA) หลังจากนั้นข้อมูลผลการวิเคราะห์ที่ได้ (Final report) จะนำไปแปลงเป็นข้อมูลเครื่องหมายทางพันธุกรรมจีโนม (จีโนไทป์) ด้วยโปรแกรม Illumina2pregs (Mistal et al., 2018) สำหรับใช้เป็นข้อมูลเบื้องต้นในการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนมในขั้นตอนต่อไป (รูปภาพที่ 4-8)

เก็บรวบรวมข้อมูลฟิโนไทป์ (ตัวอย่างเช่น ข้อมูลลักษณะผลผลิตน้ำนม ลักษณะรูปร่าง ลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ และอื่นๆ) ที่ได้รวบรวมไว้ในระบบฐานข้อมูลของสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ โดยระบบการจัดเก็บข้อมูลน้ำนม (Milk recording program) การประเมินลักษณะรูปร่าง (Type appraisal) และการบันทึกข้อมูลผสมเทียม (AI recording) ตั้งแต่อดีต ถึง ปัจจุบัน และข้อมูลพันธุ์ประวัติที่สามารถย้อนกลับไปที่เพาท์ที่จะย้อนกลับไปได้ หรืออย่างน้อย 3 ช่วงอายุ (รูปภาพที่ 4-9)

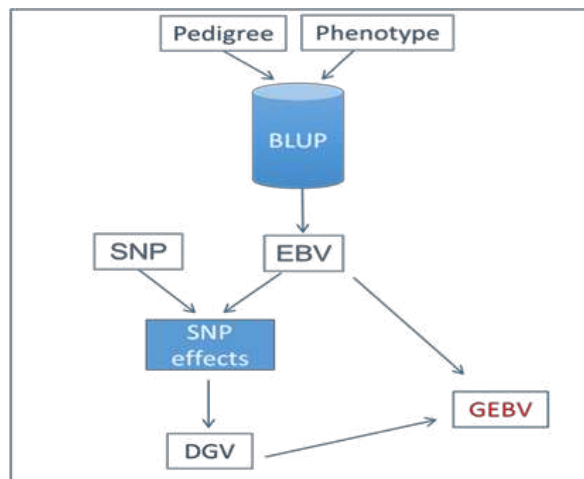
ข้อมูลการให้ผลผลิตน้ำนม และข้อมูล
รูปร่าง

index	chr	pos	transcript	index
1	1	1303080	ARHGAP45437-5T4-101873	1
2	1	2679400	ARHGAP18-AS1-16546	2
3	1	2837476	ARHGAP18-AS1-10260	3
4	1	3992480	ARHGAP34444-BES1_Combig27_19074	4
5	1	4710708	ARHGAP18-AS1-98142	5
6	1	5164014	ARHGAP18-AS1-1018582	6
7	1	5713140	ARHGAP18-AS1-604449	7
8	1	685413	ARHGAP18-AS1-51647	8
9	1	9481904	ARHGAP18-AS1-52302	9
10	1	880498	ARHGAP18-AS1-670067	10
11	1	906032	ARHGAP18-AS1-31487	11
12	1	920817	ARHGAP18-AS1-32302	12
13	1	950841	ARHGAP18-AS1-346032	13
14	1	974580	ARHGAP18-AS1-39664	14
15	1	1002904	ARHGAP18-AS1-96183	15
16	1	1079256	ARHGAP18-AS1-36489	16
17	1	1144422	ARHGAP18-AS1-23276	17
18	1	1182882	ARHGAP18-AS1-31722	18
19	1	1209308	BTA-49204-nm3	19
20	1	1241742	ARHGAP18-AS1-65557	20
21	1	1261959	ARHGAP18-AS1-71196	21
22	1	1269510	ARHGAP18-AS1-12931	22
23	1	1312223	ARHGAP18-AS1-6648	23
24	1	1393031	ARHGAP18-AS1-14077	24
25	1	1389061	Homo sapiens chr7:66,466,645,150	25

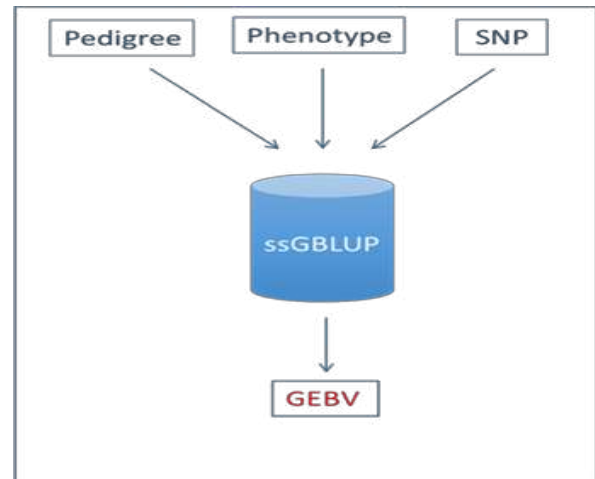
[illegible]

ANIMAL	SIRE	DAM	BD	BREED	SEX
50520478	93TH294	50450367	2009	92.1875	F
75402752	875TH215	77461528	2009	87.5	F
50502840	177HF	50474106	2007	89.8438	F
50511090	93TH316	50480791	2008	89.0625	F
50490032	137HF	50461923	2006	84.375	F
50531225	MADAWI	50490506	2010	97.2656	F
50531879	HALO	50491554	2010	99.2188	F
20480717	75TH228	20460356	2005	81.25	F
50511627	93TH272	50491580	2008	95.3125	F
20470421	75TH229	20390009	2004	81.25	F

เมื่อได้จัดเตรียมข้อมูลฟิโนไทป์ ข้อมูลพันธุประวัติ และข้อมูลจีโนมไป์เรียบร้อยแล้ว ต่อจากนั้นจะเป็นขั้นตอนการเลือกวิธีการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนม ในปัจจุบันการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนมที่นิยมใช้กันทั่วไปตามวิธีการ GBLUP จะมีด้วยกัน 2 วิธี คือ วิธีการแบบหลายขั้นตอน และวิธีการแบบขั้นตอนเดียว (รูปภาพที่ 4-10)



วิธีการแบบหลายขั้นตอน



วิธีการแบบขั้นตอนเดียว

รูปภาพที่ 4-10 แสดงการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนมตามวิธีการ GBLUP

7. การคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์

ผลจากการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนม จะได้ค่า GEBV ซึ่งสามารถนำไปใช้ในการคัดเลือกและจัดลำดับพ่อและแม่พันธุ์สำหรับการผลิตลูกในรุ่นต่อไป หรือการใช้ผลจากการประเมินของพ่อโคที่อายุน้อย และยังไม่มีข้อมูลฟิโนไทป์ของลูกสาวสำหรับเข้าทดสอบสมรรถภาพต่อไป และที่สำคัญกรมปศุสัตว์ได้มีการเผยแพร่ผลการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนมในรูปแบบสมุดพ่อพันธุ์ (Sire summary) มาแล้วตั้งแต่ปี 2559 จนถึงปัจจุบัน (พ. ศ. 2563) จำนวน 5 เล่ม และคัดเลือกพ่อและแม่โคด้วยค่า GEBV มาแล้ว 5 รุ่น (รูปภาพที่ 4-11)

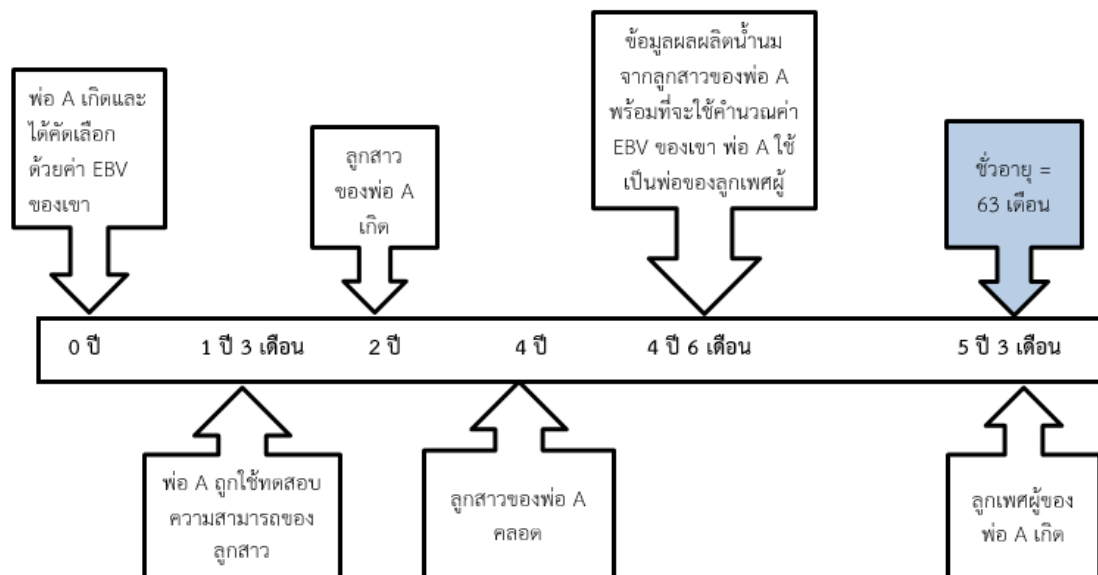


รูปภาพที่ 4-11 แสดงตัวอย่างสมุดพ่อพันธุ์ กรมปศุสัตว์จากการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนม

4.5 การประยุกต์ใช้การคัดเลือกด้วยจีโนมในโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์

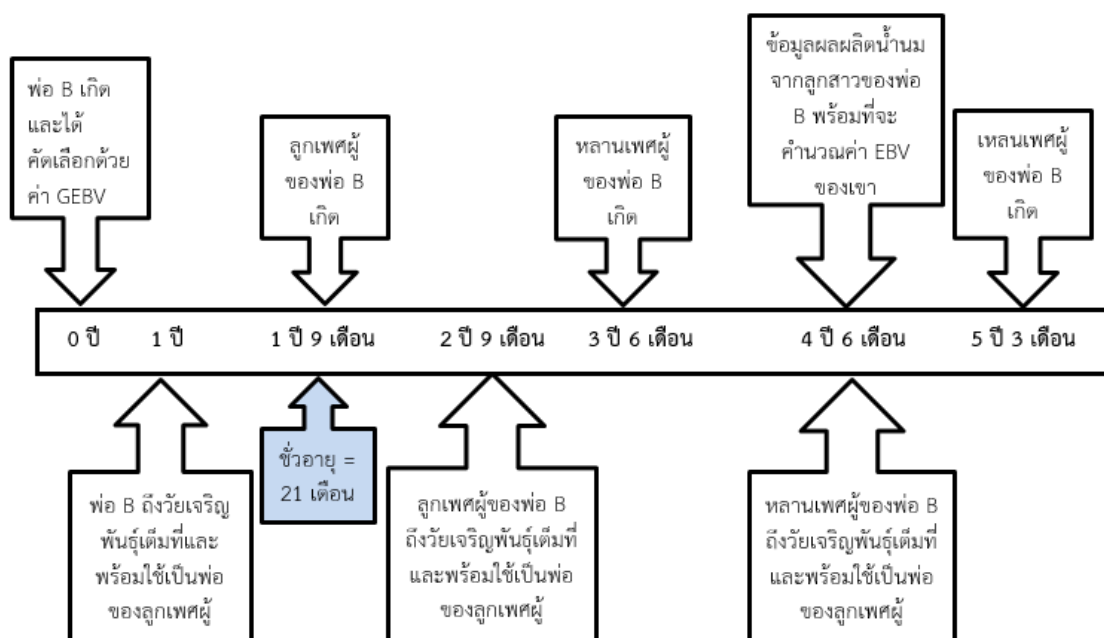
โดยทั่วไปในการประยุกต์ใช้การคัดเลือกด้วยจีโนมในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์โคนมนั้นสามารถดำเนินการได้ 4 แนวทาง ได้แก่ 1) ใช้ในการคัดเลือกพ่อโคหนุ่มล่วงหน้าก่อนเข้าสู่ขบวนการทดสอบความสามารถในการให้ผลผลิตของลูกสาว 2) ใช้ในการคัดเลือกพ่อโคอายุ 3 ปี เพื่อเป็นพ่อพันธุ์ของพ่อโค (Sire of bull, SB) และพ่อพันธุ์ของแม่โค (Sire of cow, SC) 3) ใช้แนวทางที่ 1 ร่วมกับแนวทางที่ 2 ซึ่งพ่อโคหนุ่มจะถูกคัดเลือกตอนปี 3 และ 4) ใช้ในการคัดเลือกด้วยจีโนมเต็มรูปแบบ ซึ่งพ่อโคถูกเลือกด้วย GEBV เพียงอย่างเดียวโดยไม่ผ่านกระบวนการทดสอบความสามารถในการให้ผลผลิตของลูกสาว

สำหรับในประเทศไทยนั้น ในช่วงแรก (พ.ศ.2547 ถึง 2558) ของการคัดเลือกโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ กรมปศุสัตว์ได้นำวิธีการทดสอบการให้ผลผลิตน้ำนมของลูกสาว ซึ่งเป็นวิธีที่นิยมตามหลักสากลมาเป็นเครื่องมือสำคัญในการประเมินพันธุ์และคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์โคนมที่มีพันธุกรรมดีเลิศมาอย่างต่อเนื่อง โดยจะทำนายพันธุกรรมทุกลักษณะที่มีผลกระทบต่อกำไรของการทำฟาร์มโคนม ได้แก่ ผลผลิตน้ำนม คุณภาพน้ำนม (โปรตีน ไขมัน และของแข็งทั้งหมดในนม) ลักษณะรูปร่าง ความสมบูรณ์พันธุ์ และสุขภาพเต้านมของโคนม โดยใช้เทคนิค BLUP ซึ่งอาศัยข้อมูลฟีโนไทป์ ร่วมกับข้อมูลพันธุ์ประวัติ ของโคนมแต่ละตัวเพื่อทำนายค่าการผสมพันธุ์ (EBV) โดยใช้โมเดลรอบการให้นม (LM) ในช่วงปีระหว่างปี พ.ศ.2547 ถึง 2556 และใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรชันสุ่ม (RR-TDM) ในช่วงปี พ.ศ.2557 ถึง 2558 สำหรับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม แต่ในช่วงหลังตั้งแต่ปี พ.ศ.2559 เป็นต้นมาจนถึงปัจจุบัน ได้นำข้อมูลข้อมูลจีโนมไทป์ คือ SNPs ทั้งจีโนม ประมาณ 50,000 SNPs ร่วมกับข้อมูลฟีโนไทป์ และข้อมูลพันธุ์ประวัติ ทำนายค่าพันธุกรรมจีโนม (GEBV) ด้วยวิธีการแบบขั้นตอนเดียว ที่พัฒนาขึ้นโดยมหาวิทยาลัยจอร์เจีย ประเทศสหรัฐอเมริกา ที่เรียกว่า Single-step GBLUP (ssGBLUP) โดยใช้โมเดล RR-TDM ในการประเมินค่า GEBV สำหรับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และใช้โมเดล LM สำหรับลักษณะอื่นๆ และจากการศึกษาของ Buaban et al., (2021) หรือ สายันท์ และคณะ (2564) ที่ได้ใช้การคัดเลือกด้วยจีโนม โดยการประเมินค่า GEBV ที่ใช้ข้อมูลจีโนมไทป์ ร่วมกับข้อมูลพันธุ์ประวัติและข้อมูลฟีโนไทป์ ด้วยโมเดลและวิธีการประเมินดังกล่าวสำหรับประชากรโคนมไทย พบว่าให้ความแม่นยำของการประเมินพ่อพันธุ์มีค่ามากขึ้นกว่าการคัดเลือกด้วยการประเมิน EBV แบบดั้งเดิม ที่ใช้เพียงข้อมูลพันธุ์ประวัติ และข้อมูลฟีโนไทป์ ตัวอย่างเช่น การประเมินค่า GEBV ของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมให้ความแม่นยำเชิงทฤษฎีสูงกว่าการประเมินค่าพันธุกรรมด้วยวิธีการแบบดั้งเดิมโดยค่าเฉลี่ย 50 เปอร์เซนต์ (การประเมินจากวิธีการแบบดั้งเดิม (0.48) เป็น การประเมินด้วยจีโนม (0.72)) นอกจากนี้การคัดเลือกด้วยจีโนมยังสามารถใช้ในการคัดเลือกพ่อโคหนุ่มได้ล่วงหน้า (Pre-selection young bull) โดยไม่ต้องรอเก็บบันทึกข้อมูลฟีโนไทป์จากลูกสาว ซึ่งจะช่วยร่นระยะเวลาการสร้างพ่อพันธุ์ และคัดเลือกพ่อโคสำหรับผลิตน้ำเชื้อได้เร็วขึ้นจาก 5-6 ปีเหลือเพียงประมาณ 2 ปี โดยที่ไม่ต้องรอการให้ผลผลิตน้ำนมของลูกสาว (รูปภาพที่ 4-12 และ รูปภาพที่ 4-13)



รูปภาพที่ 4-12 แสดงช่วงเวลาของโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์แบบดั้งเดิมโดยการใช้พ่อพันธุ์ที่มีการทดสอบลูกหลาน; EBV = ค่าการผสมพันธุ์

ที่มา: Schefers and Weigel (2012)



รูปภาพที่ 4-13 แสดงช่วงเวลาของโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์เชิงรุกโดยการใช้พ่อพันธุ์ที่มีข้อมูลจีโนมเป็นพ่อพันธุ์ของลูกเพศผู้; EBV = ค่าการผสมพันธุ์; GEBV = ค่าทางพันธุกรรมจีโนม

ที่มา: Schefers and Weigel (2012)

ค่าความแม่นยำที่เพิ่มขึ้น และการร่นระยะเวลาในการคัดเลือกสัตว์โดยการคัดเลือกด้วยจีโนมในพ่อพันธุ์ที่อายุน้อย และยังไม่มีข้อมูลของลูกสาวนี้ ช่วยให้การคัดเลือกพ่อพันธุ์มีประสิทธิภาพมากขึ้น ส่งผลดีต่อเกษตรกรสามารถใช้ประโยชน์น้ำเชื้อจากพ่อโคที่ประเมินได้อย่างถูกต้องมากขึ้น ลดความเสี่ยงต่อการให้ผลผลิตที่มีความแปรปรวน โดยลดปัญหาที่ต้นทุนการผลิตที่ส่งผลโดยตรงต่อเกษตรกรและผู้บริโภค โดยเฉพาะอย่างยิ่งลดการนำเข้าน้ำเชื้อพ่อพันธุ์ราคาแพงจากต่างประเทศ เพิ่มขีดความสามารถในการแข่งขันทางเศรษฐกิจ และที่สำคัญส่งผลทำให้เกิดความก้าวหน้าทางพันธุกรรมเพิ่มมากขึ้นกว่าการคัดเลือกด้วยวิธีการดั้งเดิม

ตารางที่ 4-3 แสดงความก้าวหน้าทางพันธุกรรมโดยรวมที่ได้รับเมื่อใช้การคัดเลือกด้วยจีโนมสำหรับโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์โคนมในระบบการเลี้ยงของประเทศไทย

เส้นทางของการคัดเลือก	การคัดเลือก		ความแม่นยำ	ชั่วอายุ	$i \times r_{AC}$
	%	i	r_{AC}	L	
พ่อของพ่อโค (SB)	0.075 (3/40)	2.06	0.71	1.75	1.4626
พ่อของแม่โค (SC)	0.125 (5/40)	1.75	0.71	1.75	1.2425
แม่ของพ่อโค (DB)	0.020 (200/10,000)	2.67	0.71	2.00	1.8957
แม่ของแม่โค (DC)	0.900 (90/100)	0.20	0.50	4.25	0.1000
รวมทั้งหมด				9.75	4.7008
อัตราความก้าวหน้าทางพันธุกรรม (ΔG)/ปี = $(4.7008/9.75) \times 595$ = $0.4821 \times 595 = 286.86$					

การคัดเลือก (%) = สัดส่วนของสัตว์ที่ได้คัดเลือกจากประชากรโคนมทั้งหมด; i = ความเข้มข้นของการคัดเลือก หรือ ความแตกต่างของการคัดเลือกมาตรฐานตาม DeZetter (2021); r_{AC} = ความแม่นยำของการคัดเลือก; L = ชั่วอายุ (ปี); $i \times r_{AC}$ = ความแตกต่างในการเลือกที่อธิบายตามเป็นฟังก์ชันของความเข้มข้นการเลือกคูณด้วยความแม่นยำในการเลือก; ΔG = อัตราความก้าวหน้าทางพันธุกรรม; ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของฐานพันธุกรรม (σ_a) สำหรับลักษณะปริมาณน้ำนมของประชากรโคนมกลุ่มนี้คือ 595 กก.

จากตารางที่ 4-3 เป็นการคัดเลือกด้วยจีโนมในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์โคนมทรอปิคอลโฮลสไตน์ในระบบการเลี้ยงในประเทศไทยที่ได้ใช้การคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ด้วยจีโนม และมีการคัดเลือกพ่อพันธุ์ที่อายุน้อย และยังไม่มีข้อมูลของลูกสาว สามารถเพิ่มความก้าวหน้าทางพันธุกรรมได้ถึง 286.86 กิโลกรัมต่อปี (ตัวเลขนี้ได้ประยุกต์มาจาก Schaeffer (2006) และได้มีการปรับปรุงเพื่อให้เข้ากับระบบการปรับปรุงพันธุ์ในประเทศไทย) แสดงให้เห็นว่าการคัดเลือกด้วยจีโนมสำหรับการปรับปรุงพันธุ์นั้นมีประสิทธิภาพมากกว่าวิธีการทดสอบโดยใช้ข้อมูลของลูกหลานแบบดั้งเดิม โดยสามารถคัดเลือกพ่อโคและแม่โคในการผสมพันธุ์ได้เปอร์เซ็นต์มากขึ้น ชั่วอายุลดน้อยลง จากตัวอย่างนี้เราสามารถสรุปได้ว่าการคัดเลือกด้วยจีโนมโดยการประเมินค่า GEBV สามารถใช้เป็นวิธีการมาตรฐานที่สำคัญใน

การคัดเลือกและจัดลำดับสัตว์เพื่อการปรับปรุงพันธุ์กรรมในประชากรโคนมทรอปิคอลโฮลสไตน์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ

ปัจจุบันการคัดเลือกด้วยจีโนมได้กลายมาเป็นวิธีการหลักที่ใช้ในการคัดเลือกโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ โดยนำมาใช้คัดเลือกแม่โคนมชั้นเลิศ (Bull dams) คัดเลือกโคเพศผู้แรกเกิด (Pre-selection) ก่อนเข้าสู่กระบวนการทดสอบลูกหลาน และการประเมินเพื่อคัดเลือกพ่อพันธุ์ชั้นเลิศ (Proven sire) พร้อมทั้งได้นำโปรแกรม BLUPF90 family program (Misztal et al., 2018) ซึ่งพัฒนาโดยมหาวิทยาลัยจอร์เจีย ประเทศสหรัฐอเมริกา มาใช้ในการประเมินพันธุกรรมสัตว์ อย่างไรก็ตามเพื่อให้ง่ายต่อการประเมินค่าพันธุกรรมจีโนม จึงได้พัฒนาโปรแกรมสำเร็จรูปชื่อ ProGnome (สายพันธ์ และคณะ, 2563) ขึ้น โดยเชื่อมโยงระบบฐานข้อมูลโคนมของประเทศ และการประเมินพันธุกรรมเข้าด้วยกัน ทำให้การทำงานด้านการพัฒนาปรับปรุงพันธุ์เป็นไปอย่างมีประสิทธิภาพมากขึ้น ในอนาคตกรมปศุสัตว์มีแผนดำเนินงานในการใช้การคัดเลือกด้วยจีโนมอย่างต่อเนื่องในการพัฒนาโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ โดยการพัฒนาโมเดล การเก็บข้อมูลจีโนมไทป์ พีโนไทป์ที่มากขึ้น เพื่อเพิ่มขนาดของประชากรอ้างอิง อันจะส่งผลทำให้การประเมินค่าพันธุกรรมจีโนมของสัตว์แต่ละตัวมีความแม่นยำมากขึ้น

5

การประยุกต์ใช้ประโยชน์จากข้อมูลปรากฏและข้อมูลทางพันธุกรรม Application of phenotypic and genetic data

5.1 ความสำคัญของการจดบันทึกข้อมูล

หัวใจความสำเร็จในการเลี้ยงโคนมไม่ว่าจะเป็นการเลี้ยงโคนมพันธุ์แท้ หรือโคนมพันธุ์ลูกผสมขึ้นอยู่กับความเหมาะสมของตัวโคกับสภาพแวดล้อม และวัตถุดิบที่เกษตรกรจะสามารถหาได้ เราจะหาจุดที่เหมาะสมนี้ได้ด้วยการ หาความสัมพันธ์ระหว่างความต้องการของโคและวัตถุดิบที่มีในท้องถิ่นหรือสามารถจะจัดหาให้ได้ วิธีเดียวในปัจจุบันที่เราจะทราบความสัมพันธ์ดังกล่าวได้ก็ด้วยการจดบันทึกเหตุการณ์ และการปฏิบัติงานต่างๆที่เกิดขึ้นภายในฟาร์มซึ่งเรียกว่า “การจดบันทึกข้อมูล” การบันทึกข้อมูลต่างๆ ไม่ได้เป็นเพียงแค่การบันทึกวันผสม วันคลอด หรือปริมาณน้ำนมเท่านั้น แต่จะรวมไปถึงทุกเหตุการณ์ และการปฏิบัติที่มีต่อโคนมในฟาร์มนั้นๆ ดังนั้นการจดบันทึกข้อมูลอย่างเป็นระบบ ถูกต้อง ทันสมัย ต่อเนื่อง และเป็นปัจจุบัน จึงมีความจำเป็น เพราะจะช่วยให้เจ้าของฟาร์ม และเจ้าหน้าที่ ผู้ให้บริการที่เกี่ยวข้องสามารถสังเกตเห็นความผิดปกติที่มี หรือเกิดขึ้นในโคนมแต่ละตัว ตลอดจนใช้เป็นแนวทาง ในการวินิจฉัยในการประเมินผลการเลี้ยงที่ผ่านมาแล้วสำหรับการวางแผนปรับปรุงการจัดการทั้งด้านพันธุ์ และสภาพแวดล้อม (เช่น อาหาร การสุขาภิบาล) เพื่อให้เกิดความเหมาะสมดังกล่าวข้างต้น

5.2 การบันทึกข้อมูล

ความจริงแล้วการจดบันทึกข้อมูลได้เกิดขึ้นเสมอภายในฟาร์ม ฟาร์มขนาดเล็กมีการบันทึกโดยการจดจำ ฟาร์มที่มีการจัดการดีมากขึ้นมีการจดบันทึกโดยการจดลงกระดาษ ปฏิทิน หรือสมุดบันทึก และในฟาร์มขนาดใหญ่ที่ทันสมัยมากขึ้นอาจใช้เครื่องคอมพิวเตอร์เข้ามาช่วยในการบันทึกข้อมูล ตลอดจนใช้โปรแกรมสำเร็จรูปที่มีจำหน่ายทั่วไปช่วยในการวิเคราะห์ข้อมูล โดยทั่วไปแล้วในฟาร์มที่มีการจัดการที่ดี จะมีการบันทึกข้อมูลที่เป็นระบบ ซึ่งสามารถจำแนกข้อมูลได้เป็น 2 ประเภทคือ

5.2.1 ข้อมูลในขณะปฏิบัติงาน (Working records)

ข้อมูลในขณะปฏิบัติงาน จะถูกนำมาใช้เพื่อการตัดสินใจในการจัดการผสมพันธุ์วันต่อวัน ซึ่งสามารถแบ่งตามเหตุการณ์ที่เกิดขึ้นได้ 2 ลักษณะ

ก. ประวัติของเหตุการณ์ที่ผ่านมา

- 1) วันเป็นสัดของแม่โคแต่ละตัว
- 2) วันผสม
- 3) วันคลอด
- 4) วันหยุดให้นม
- 5) การให้วัคซีนและการรักษา
- 6) เหตุการณ์สำคัญอื่นๆ

ข. เหตุการณ์ที่คาดว่าจะเกิดขึ้น

- 1) กำหนดวันคลอด
- 2) กำหนดวันหยุดรีดนม
- 3) กำหนดวันเป็นสัด
- 4) กำหนดการให้อาหาร

5.2.2 ข้อมูลถาวร (Permanent records)

ข้อมูลถาวรเป็นข้อมูลที่จะมีประโยชน์ในระยะยาว ซึ่งจะช่วยให้การตัดสินใจสำหรับการคัดเลือก ที่มีรายละเอียดที่ควรบันทึกประกอบไปด้วย

ก. ประวัติของตัวโค

- 1) หมายเลขประจำตัวโค
- 2) ประวัติบรรพบุรุษ
- 3) วันเดือนปีเกิด ฯลฯ

ข. ประวัติการผสมพันธุ์

- 1) วันผสม
- 2) หมายเลขพ่อพันธุ์ที่ใช้ผสม
- 3) วันคลอด
- 4) เจ้าหน้าที่ผสมเทียม

ค. ประวัติการให้ผลผลิต

- 1) จำนวนของระยะการให้น้ำนม
- 2) วันหยุดรีดนม ผลผลิตรายตัว
- 3) ผลผลิตตลอดระยะการให้น้ำนม
- 4) ผลผลิตตลอดชั่วชีวิต ฯลฯ

ง. ประวัติสุขภาพ

- 1) การให้วัคซีนและการรักษา
- 2) การเกิดโรคเต้านมอักเสบ ฯลฯ

1.3 ข้อมูลลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจในโคนม

1.3.1 ข้อมูลการเจริญเติบโต

- 1) น้ำหนักแรกเกิด (Birth weight)
- 2) น้ำหนักเมื่อหย่านม (Weaning weight)
- 3) น้ำหนักตัวรายเดือน (Monthly body weight)
- 4) ค่าคะแนนน้ำหนักตัว (Body condition score)

1.3.2 ข้อมูลการให้ผลผลิต

- 1) ผลผลิตน้ำนมรวมที่ 305 วัน (305-d milk yield)
- 2) ผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบ (Test day milk)
- 3) องค์ประกอบน้ำนม (Milk composition: %Fat, %Protein, %Solid not fat, %Total solid)

1.3.3 ข้อมูลทางด้านระบบสืบพันธุ์

- 1) คุณภาพน้ำเชื้อ (Semen quality)
- 2) ช่วงห่างการให้ลูก (Calving interval; CI)
- 3) จำนวนวันที่ท้องว่าง (Days open; DO)
- 4) จำนวนครั้งที่ผสมต่อการผสมติด (Number of service per conception; NSC)
- 5) อายุเมื่อคลอดลูกตัวแรก (Age at first calving; AFC)
- 6) อายุเมื่อผสมครั้งแรก (Age at first service; AFS)
- 7) การคลอดง่าย (Calving ease; CE)
- 8) ระยะเวลาในการตั้งท้อง (Gestation length; GL)
- 9) อัตราการไม่กลับสัด ณ 56 วัน (Non return rate at 56 d; NRR)
- 10) การตายก่อนคลอด (Stillbirth)
- 11) ช่วงห่างระหว่างคลอดจนกระทั่งผสมครั้งแรก (Interval from calving to first service)
- 12) ช่วงห่างระหว่างผสมครั้งแรกจนกระทั่งผสมติด (Interval from first service to conception)
- 13) อัตราการตั้งท้อง (Pregnancy rate) = $21 / (\text{Days open} - \text{Voluntary waiting period} + 11) = 0.25 \times (233 - \text{days open})$

1.3.4 ข้อมูลที่สัมพันธ์กับการให้ผลผลิต

ก. ข้อมูลลักษณะรูปร่าง (Conformation trait or Type trait)

- 1) ความสูง (Stature)
- 2) ความกว้างอก (Chest width)
- 3) ความลึกลำตัว (Body depth)
- 4) มุมสะโพก (Rump angle)
- 5) ความกว้างสะโพก (Rump width)
- 6) ความโค้งของขาหลัง (Rear legs set)
- 7) มุมกีบ (Foot angle)
- 8) ขนาดหัวนม (Teat size)
- 9) ความลึกของเต้านม (Udder depth)
- 10) ความสูงเนื้อเยื่อเต้านมด้านหลัง (Rear udder height)
- 11) ลักษณะโคนม (Dairy form)
- 12) ความตรงของขาหลัง (Rear legs rear view)
- 13) การเกาะยึดเต้านมหน้า (Fore udder attachment)
- 14) ความกว้างเต้านมหลัง (Udder width)
- 15) ความยาวเต้านมหน้า (Fore udder length)
- 16) เอ็นยึดเต้านมหลัง (Udder cleft)
- 17) ความสมดุลเต้านม (Udder balance)

ข. ข้อมูลเกี่ยวกับอายุการใช้งาน

- 1) ความสามารถในการปรับตัว (Environmental adaptability)
- 2) ช่วงชีวิตการให้ผลผลิต (Productive life; PL)
- 3) อายุการใช้งาน (Longevity)
- 4) อัตราการมีชีวิตรอด (Survival rate)
- 5) ความทนทานต่อความเครียดเนื่องจากความร้อน (Heat tolerance)

ค. ข้อมูลทางด้านโรค

- 1) โรคไข้เห็บ (Tick fever or tick-borne disease)
- 2) โรคเต้านมอักเสบ (Mastitis resistance)
- 3) โรคทางพันธุกรรม (Genetic disease)

1.3.5 ข้อมูลต้นทุน-กำไร

- 1) ปริมาณการกินได้ (Feed intake)
- 2) ปริมาณอาหารเหลือจากการกิน (Residual feed intake)
- 3) ความไม่สมดุลของพลังงาน (Negative energy balance)

1.3.6 ข้อมูลอื่นๆ ที่จำเป็น (พันธุ์ประวัติ)

- 1) หมายเลขเบอร์สัตว์
- 2) สายพันธุ์
- 3) หมายเลขเบอร์พ่อ/แม่ของสัตว์
- 4) วัน/เดือน/ปี ที่เกิด และให้ผลผลิต
- 5) เพศและอายุ
- 6) ฟาร์ม เช่น ที่ตั้ง รูปแบบโรงเรือน
- 7) สภาพแวดล้อม อุณหภูมิ และความชื้น
- 8) รูปแบบการจัดการเลี้ยงดู เช่น อาหาร น้ำ การดูแล โรงเรือน
- 9) วัน/เดือน/ปี ที่เก็บบันทึกข้อมูล

5.3 การบันทึกข้อมูลเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการจัดการฟาร์ม (Herd management)

ข้อมูลโคนมที่ได้จากการบันทึกภายในฟาร์มเบื้องต้น เช่น ข้อมูลปริมาณผลผลิตน้ำนม คุณภาพน้ำนม (โปรตีน ไขมัน แลคโตส ของแข็งในน้ำนมทั้งหมด ยูเรียในน้ำนม และโซมาติกเซลล์) ลักษณะรูปร่าง คะแนนร่างกาย และข้อมูลทางด้านระบบสืบพันธุ์ เป็นข้อมูลที่สามารถนำมาประยุกต์ใช้เพื่อช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการจัดการฟาร์ม (Herd management decisions) ทั้งการจัดการเลี้ยงดู การจัดการให้อาหาร และการจัดการระบบสืบพันธุ์ รวมทั้งเมื่อใช้ข้อมูลดังกล่าวร่วมกับข้อมูลพันธุ์ประวัติไปเป็นข้อมูลเบื้องต้นในการประเมินค่าทางพันธุกรรมสัตว์ จะเป็นประโยชน์ในการตัดสินใจในการคัดทิ้งโค (Culling decisions) การคัดเลือก และการจัดลำดับสัตว์ (Selection and ranking decisions) ตามความสามารถทางพันธุกรรมทั้งในระดับตัวสัตว์ และระดับฝูงที่มีความถูกต้องได้อีกด้วย (Australian Dairy Herd Improvement Scheme, 2008)

5.3.1 บันทึกข้อมูลปริมาณผลผลิตน้ำนม (Milk yield)

ข้อมูลบันทึกปริมาณผลผลิตน้ำนมรายตัวตลอดทั้งรอบการให้นมถือเป็นข้อมูลที่สำคัญมากที่สามารถใช้ในการประมวลผล เพื่อนำมาช่วยในการวิเคราะห์ประสิทธิภาพการจัดการฟาร์มให้แม่นยำขึ้น ยกตัวอย่างเช่น หากปริมาณผลผลิตน้ำนมเฉลี่ยของฟาร์มต่ำกว่าศักยภาพของสายพันธุ์ เช่น ปริมาณน้ำนมรายวันน้อยกว่า 14 กิโลกรัมต่อตัว ซึ่งเป็นค่าเฉลี่ยของโคนมพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ (กรมปศุสัตว์, 2562) อาจมีสาเหตุมาจากโคไม่สมบูรณ์เนื่องจากการจัดการด้านอาหารไม่ดี (เช่น ให้อาหารข้นไม่เพียงพอตามระยะการให้นม) มีปัญหาสุขภาพ เช่น เต้านมอักเสบ ปัญหาภิเษบ เป็นต้น หรือหากจำนวนวันให้นมของฝูงยาว (เช่น มากกว่า 305 วัน) อาจเกิดจากปัญหาการผสมติดต่ำ หรือ

การผสมติดล่าช้า เป็นต้น ดังนั้นข้อมูลปริมาณการให้ผลผลิตน้ำนมสามารถนำมาใช้ในการวิเคราะห์ปัญหาที่เกิดขึ้นภายในฟาร์ม ช่วยให้สามารถหาแนวทางการแก้ไขได้อย่างมีประสิทธิภาพ (สำนักควบคุมป้องกัน และบำบัดโรคสัตว์ กรมปศุสัตว์, 2562)

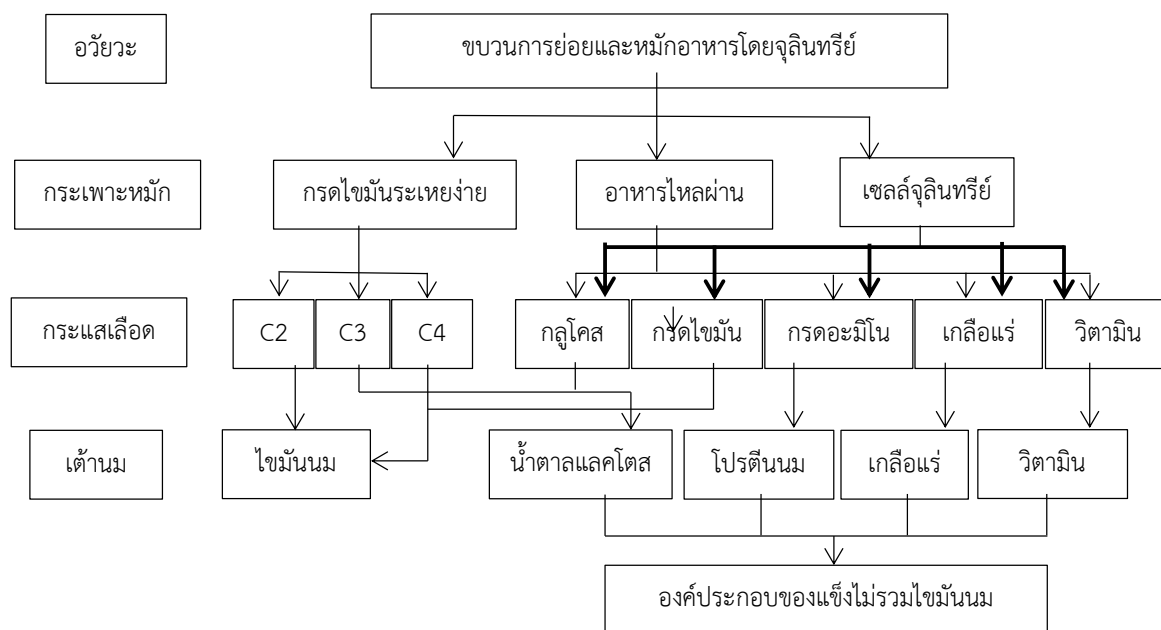
นอกจากนี้ข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมสามารถใช้การติดตามดูว่าแม่โคตัวใดให้ผลผลิตดีที่สุด หรือแย่ที่สุด ซึ่งทำให้สามารถตัดสินใจในการคัดทิ้งโคที่ให้ผลผลิตต่ำ การคัดเลือกโคตัวที่ให้ผลผลิตดีไว้คงอยู่ในฝูงต่อไป รวมถึงโคที่เหมาะสมในการเป็นแม่พันธุ์เพื่อผลิตโคสาวทดแทนในฝูง เป็นต้น (The Irish Cattle Breeding Federation, 2021)

ปริมาณน้ำนมในโคนมที่ให้ลูกครั้งแรก (First-calf heifers) ยังสามารถใช้การประเมินว่าการจัดการเลี้ยงดูโคเพศเมียทดแทน (Replacements) ตั้งแต่เกิดจนกระทั่งคลอดลูกครั้งแรกเป็นอย่างไร โดยปกติแล้วการจัดการฝูงโคนมทดแทนที่ไม่ดีจะส่งผลให้แม่โคท้องแรกให้ปริมาณน้ำนมได้ไม่ดี ดังนั้นข้อมูลบันทึกปริมาณน้ำนมของฟาร์มจึงมีประโยชน์ในการตรวจสอบจุดบกพร่อง/จุดอ่อนในด้านการจัดการภายในฟาร์มได้ (Australian Dairy Herd Improvement Scheme, 2008)

5.3.2 บันทึกข้อมูลองค์ประกอบในน้ำนม (Milk component)

ค่าที่วัดได้จากการสุ่มเก็บตัวอย่างน้ำนมตรวจในห้องปฏิบัติการน้ำนม ประกอบด้วย ค่าองค์ประกอบน้ำนม (ไขมันนม โปรตีนนม น้ำตาลนม และ เกลือแร่) ค่าเซลล์โซมาติก (Somatic cell count, SCC) ค่ายูเรียในน้ำนม (Milk urea nitrogen, MUN) ฯลฯ ค่าต่างๆ เหล่านี้ขึ้นอยู่กับปัจจัยทางพันธุกรรม ระยะให้นมในรอบการให้น้ำนม การจัดการ สิ่งแวดล้อม สุขภาพ และความถี่ของการให้อาหาร โดยเฉพาะค่าองค์ประกอบน้ำนมที่เปลี่ยนแปลงเป็นผลเนื่องมาจากพันธุกรรมประมาณ 50 เปอร์เซ็นต์ ที่เหลือเกิดจากปัจจัยอื่นๆ ได้แก่ อาหารและการให้อาหาร

โคนมจะได้รับโภชนาอะไรในปริมาณเท่าใดจะขึ้นอยู่กับกรย่อยและการหมักของจุลินทรีย์ในกระเพาะหมักเป็นหลัก หรืออาจกล่าวได้ว่าโภชนาที่โคได้รับเป็นผลพลอยได้จากขบวนการย่อยและหมักโดยจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก ซึ่งสัตว์เคี้ยวเอื้องใช้ประโยชน์ของอาหารเยื่อใยจากการทำงานร่วมกันของเชื้อจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก โดยจุลินทรีย์เหล่านี้มีหน้าที่ในการสังเคราะห์ผลผลิตสุดท้ายให้กับสัตว์ คือ กรดไขมันระเหยง่าย (Volatile fatty acid, VFA) โปรตีนจากจุลินทรีย์ (Microbial protein) และวิตามินบีรวม (Vitamin B complex) เป็นต้น VFA ประกอบด้วย กรดอะซิติก (Acetic acid, C2) กรดโพรพิโอนิก (Propionic acid, C3) และกรดบิวไทริก (Butyric acid, C4) โดยโภชนาเหล่านี้สัตว์ดูดซึมนำไปใช้ประโยชน์ในกระบวนการเผาผลาญอาหาร (Metabolism) ในร่างกาย และสร้างเป็นผลผลิตออกมา เช่น เนื้อ และน้ำนม (รูปภาพที่ 5-1)



รูปภาพที่ 5-1 แสดงแผนผังการเชื่อมโยงของโภชนาที่เป็นผลพลอยได้ที่เกิดจากขบวนการย่อยและหมักอาหารของจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก โภชนาที่หมุนเวียนในกระแสเลือด และโภชนาตั้งต้นขององค์ประกอบน้ำนม (C2: กรดอะซิติก C3: กรดโพรพิโอนิก C4: กรดบิวไทริก)

โดยทั่วไปในน้ำนมจะมีองค์ประกอบน้ำนมที่ประกอบไปด้วย

$$\begin{aligned} \text{ของแข็งทั้งหมด} &= \text{ของแข็งไม่รวมไขมัน} + \text{ไขมันนม} \\ &= \text{โปรตีนนม} + \text{น้ำตาลแลคโตส} + \text{เกลือแร่และวิตามิน} + \text{ไขมันนม} \\ \text{ค่าปกติ (12.5)} &= (3.2) + (4.5) + (0.8) + (4.0) \end{aligned}$$

อย่างไรก็ตามนอกจากปัจจัยทางพันธุกรรมที่มีผลต่อผลผลิตและองค์ประกอบน้ำนมของแม่โคแต่ละตัวแล้ว ปัจจัยทางสิ่งแวดล้อม เช่น ระยะเวลาในรอบการให้น้ำนม การเลี้ยงการจัดการการให้อาหาร และสุขภาพ ก็มีผลต่อองค์ประกอบน้ำนม ความผันแปรของผลผลิตน้ำนมและองค์ประกอบน้ำนมถูกควบคุมโดยพันธุกรรม 30-55 เปอร์เซ็นต์ และสิ่งแวดล้อมอีก 70-45 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ถ้าปริมาณการกินได้เพิ่มขึ้นจะทำให้ผลผลิตน้ำนมมากขึ้นแต่มีผลกระทบต่อเปอร์เซ็นต์โปรตีนนมลดลง การให้อาหารที่มีสัดส่วนของอาหารหยาบหรือเยื่อใย NDF ในอาหารเพิ่มขึ้น ทำให้ผลผลิตน้ำนมและเปอร์เซ็นต์น้ำตาลแลคโตสต่ำ แต่เปอร์เซ็นต์ไขมันนมและโปรตีนนมมีแนวโน้มเพิ่มขึ้น และน้ำตาลแลคโตสเป็นตัวจำกัดปริมาณน้ำนม (ถ้ามีการสังเคราะห์น้ำตาลแลคโตสมากทำให้มีการหลั่งน้ำเข้ามาในน้ำนมมากขึ้นเพื่อรักษาความดันออสโมซิสของน้ำนม) (ผลอง, 2546)

องค์ประกอบในน้ำนมที่มีความไวต่อการเปลี่ยนแปลงน้อยไปมากคือ เปอร์เซ็นต์น้ำตาลแลคโตส เปอร์เซ็นต์โปรตีนนม และเปอร์เซ็นต์ไขมันนม โดยทั่วไปถ้าเปอร์เซ็นต์ไขมันนมเพิ่มขึ้น จะมีผลต่อเปอร์เซ็นต์น้ำตาลแลคโตสลดลง แต่ทำให้ของแข็งทั้งหมดในนมเพิ่มขึ้น และเปอร์เซ็นต์โปรตีนนมมีผลตรงข้ามกับเปอร์เซ็นต์น้ำตาลแลคโตส

1) เปอร์เซ็นต์ไขมันนม (Fat Percentage)

ไขมันในน้ำนมมีการสังเคราะห์ที่ต่อมน้ำนม โดยใช้ผลผลิตสุดท้ายที่ได้จากการย่อยและการหมักของจุลินทรีย์ในกระเพาะหมักที่เรียกว่า กรดไขมันระเหยง่าย (Volatile fatty acid, VFA) สายสั้นโดยเฉพาะอย่างยิ่งกรดอะซิติก (Acetic acid, C2) และกรดบิวไทริก (Butyric acid, C4) และกรดไขมันสายกลางและสายยาวที่ได้จากการดูดซึมกรดไขมันที่ลำไส้เล็ก และอาจมีบ้างได้จากการสลายไขมันที่สะสมในเนื้อเยื่อไขมัน (Adipose tissue) ไขมันในน้ำนมมีความสัมพันธ์กับสัดส่วนของอาหารหยাবต่ออาหารชั้นที่แม่โคได้รับเป็นหลัก โดยไขมันนมจะเปลี่ยนแปลงได้ง่ายขึ้นกับการจัดการด้านอาหารเป็นหลัก โดยทั่วไปเปอร์เซ็นต์ไขมันนมจะมีค่าปกติอยู่ในช่วง 3.00 ถึง 5.50 หากปริมาณและคุณภาพของอาหารหยাবไม่เพียงพอ สัดส่วนของปริมาณอาหารชั้นและอาหารหยাবไม่เหมาะสม หรือแม่โคเครียดจากอุณหภูมิภายในโรงเรือนสูง จะทำให้เปอร์เซ็นต์ไขมันนมน้อยลง (เช่น เปอร์เซ็นต์ไขมันต่ำกว่า 3 เปอร์เซ็นต์ ในโคพันธุ์ทรอปิคอลโฮลสไตน์ หรือต่ำกว่า 5 เปอร์เซ็นต์ ในโคพันธุ์เจอร์ซี่) เนื่องจากเมื่อแม่โคได้รับปริมาณและคุณภาพอาหารหยাবไม่เพียงพอ หรือให้สัดส่วนอาหารชั้นมากเกินไป หรือให้อาหารหยাবน้อยเกินไป จะทำให้กรดไขมันระเหยง่าย (Volatile fatty acid, VFA) โดยเฉพาะอย่างยิ่งกรดอะซิติก และกรดบิวไทริก ที่ผลิตในกระเพาะหมักลดลง ส่งผลทำให้ปริมาณไขมันในน้ำนมลดลง นอกจากนี้ขนาดชิ้นอาหารหยাবก็มีผลโดยตรงทั้งต่อปริมาณการกิน และการรักษาสมดุลในกระเพาะหมัก โดยขนาดของอาหารหยাবไม่ควรสับให้มีขนาดต่ำกว่า 1 นิ้ว ถ้าสับอาหารหยাবให้มีขนาดเล็กลงจะช่วยให้โปรตีนนมสูงขึ้น แต่ไขมันนมจะต่ำ (เมธา, 2546)

ดังนั้นการให้อาหารหยাবที่เพียงพอจะช่วยให้ไขมันนมสูงขึ้น แต่อย่างไรก็ตามจะต้องพิจารณาถึงคุณภาพของอาหารหยাবที่ให้แม่โค หรือความเครียดของแม่โคที่เกิดจากอุณหภูมิภายในโรงเรือนด้วย เนื่องจากหากคุณภาพของอาหารหยাব (หญ้าหรือพืชอาหารสัตว์) ที่แม่โคได้รับมีคุณภาพต่ำลง หรือแม่โคเกิดความเครียด จะทำให้แม่โคกินอาหารได้น้อยลง การย่อยได้น้อยลง โภชนะที่แม่โคจะได้รับก็จะยิ่งน้อยลงไป การผลิตไขมันนมก็จะลดลงตามมา (สำนักควบคุม ป้องกัน และบำบัดโรคสัตว์ กรมปศุสัตว์, 2562)

2) เปอร์เซ็นต์โปรตีนนม (Protein percentage)

โปรตีนนมในน้ำนมมีการสังเคราะห์ที่ต่อมน้ำนม โดยใช้ผลผลิตสุดท้ายที่ได้จากการย่อยและการหมักของจุลินทรีย์ในกระเพาะหมักซึ่งหมายถึงโปรตีนจากจุลินทรีย์ และใช้กรดอะมิโนที่ได้จากการย่อยและดูดซึมที่ลำไส้เล็กของโปรตีนจากโปรตีนไหลผ่าน (By-pass protein) โดยปกติเปอร์เซ็นต์โปรตีนนมจะมีค่าอยู่ในช่วง 2.80 ถึง 4.00 เปอร์เซ็นต์ ถ้ามีค่าน้อยกว่า 2.80 เปอร์เซ็นต์ แสดงว่าปริมาณและคุณภาพของอาหารชั้นไม่พอเพียง สัดส่วนของปริมาณอาหารชั้นและอาหารหยাবไม่เหมาะสม หรือแม่โคเครียดจากอุณหภูมิภายในโรงเรือนที่สูงขึ้น

3) เปอร์เซ็นต์น้ำตาลแลคโตส (Lactose percentage)

น้ำตาลแลคโตส เป็นคาร์โบไฮเดรตประเภทน้ำตาลโมเลกุลคู่ (Disaccharide) พบเฉพาะในน้ำนมของสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม จึงอาจเรียกว่าน้ำตาลนม (Milk sugar) ประกอบด้วยน้ำตาลโมเลกุลเดี่ยว 2 ชนิดคือ น้ำตาลกลูโคส (Glucose) และน้ำตาลกาแลคโตส (Galactose) น้ำตาลแลคโตสนี้สังเคราะห์ขึ้นจากสารตั้งต้นในเลือดคือกลูโคส ซึ่ง

กลูโคสได้มาจากการสังเคราะห์ในตับจากกรดไขมันระเหยได้ในกลุ่มกรดโปรพิโอนิก (C3) ที่ได้จากกระบวนการหมักในกระเพาะรูเมน อัตราการสังเคราะห์ขึ้นกับโปรตีนเฉพาะชื่อ α -Lactalbumin ที่เป็นองค์ประกอบของ Lactose synthase การผลิตน้ำตาลแลคโตสต้องอาศัย Mn^{2+} Mn^{++} และมี α -Lactalbumin คอยกระตุ้นให้ปฏิกิริยาทำงานได้ ไม่เช่นนั้นการรวมตัวของกลูโคสกับกาแลคโตสจะเกิดได้ช้า ปริมาณแลคโตสที่สังเคราะห์ได้จะมีการเคลื่อนที่ผ่านเซลล์เข้าไปภายในกระเพาะรูเมน โดยกระบวนการ Osmotic pressure จากที่มีความเข้มข้นสูงในเซลล์ไปยังที่มีความเข้มข้นต่ำภายในกระเพาะรูเมน โดยทั่วไปน้ำตาลแลคโตสจะมีอยู่ในน้ำนมประมาณ 2.4-6.1%

การปล่อยให้แม่โคขาดสารอาหารประเภทโปรตีนจึงมีผลการสังเคราะห์แลคโตสด้วย นอกเหนือจากการขาดพลังงานซึ่งมีส่วนโดยตรงต่อปริมาณกลูโคสในเลือด ขณะเดียวกันการปล่อยให้แม่โคน้ำกินก็มีส่วนทำให้การสร้างน้ำตาลแลคโตสช้า เพราะต้องมึนน้ำจากเซลล์มาช่วยปรับสมดุลระหว่างเซลล์และภายในกระเพาะรูเมน ขณะที่โคป่วยแต่นมอีกเสบปริมาณของน้ำตาลแลคโตสในน้ำนมจะลดลงเพราะบางส่วนซึมกลับออกจากกระเพาะรูเมนเข้าไปยังเลือด โดยผ่านรอยต่อระหว่างเซลล์ในกระบวนการ Osmotic pressure ทำให้มีการปรับสมดุลกับในเลือด นอกจากนั้นก็เกิดจากการสังเคราะห์น้ำตาลแลคโตสลดลงเมื่อโคป่วยแต่นมอีกเสบ (วีโรจน์, 2546)

4) สัดส่วนไขมันต่อโปรตีน (Fat-to-protein ratio)

การเปลี่ยนแปลงของสัดส่วนไขมันต่อโปรตีน (Fat to protein ratio, FPR) ในช่วงการให้นมเป็นตัวบ่งชี้ให้เห็นถึงสถานะพลังงานว่าแม่โคได้รับพลังงานจากอาหารที่กินเข้าไปเพียงพอหรือไม่ (Heuer et al., 1999) หรือแสดงถึงความเหมาะสมของปริมาณอาหารหยาบ และอาหารข้นที่โคนมได้รับ โดยเฉพาะในการเกิดภาวะขาดสมดุลพลังงาน (Negative energy balance) ซึ่งเป็นหนึ่งในวิถีทางชีวภาพและกระบวนการทางสรีรวิทยาที่สำคัญที่อยู่เบื้องหลังปัญหาความสมบูรณ์พันธุ์ ที่มักเกิดขึ้นในช่วงต้น (เช่น 4 – 6 สัปดาห์หลังคลอด) ของการให้นมของแม่โค (Veerkamp et al., 2000; Wathes et al., 2007) โดยในช่วงนี้แม่โคมักได้รับปริมาณอาหารหรือพลังงานไม่เพียงพอสำหรับที่จะนำไปใช้ในการผลิตน้ำนมปริมาณมากในช่วงแรกของการให้นมและใช้สำหรับการรักษาสภาพร่างกาย และพบว่าเมื่อเกิดภาวะขาดสมดุลพลังงานในช่วงแรกหลังคลอด ความเข้มข้นของไขมันนมมีแนวโน้มเพิ่มขึ้น ส่วนโปรตีนนมมีแนวโน้มลดลง

ค่าปกติของ FPR ในน้ำนมของโคนมแต่ละประชากรมีค่าแตกต่างกันไป เช่น 1.2-1.4 (Haas and Hofreik, 2004) และ 1-1.5 (Toni et al., 2011) และจากการศึกษาของ Puangdee et al. (2016) พบว่า FPR ที่เหมาะสมในประชากรโคนมไทยจะมีค่าอยู่ในช่วง 0.9- 1.9 ดังนั้นแม่โคที่มีค่าต่ำกว่านี้มีแนวโน้มที่จะนำไปสู่ภาวะการเป็นกรดในกระเพาะหมักแบบไม่แสดงอาการ (Subclinical rumen acidosis) ซึ่งอาจเป็นอันตรายต่อประสิทธิภาพการสืบพันธุ์ของแม่โค และมีความเป็นไปได้ที่จะทำให้เกิดการเผาผลาญผิดปกติ ถ้า FPR สูงกว่า 1.9 จะส่งสัญญาณของภาวะขาดพลังงาน (Energy deficiency) และเกิดภาวะการสะสมคีโตน (Ketone bodies) ในร่างกาย (Subclinical ketosis) ซึ่งเป็นภาวะที่ร่างกายจะเผาผลาญไขมันที่ถูกสะสมไว้มากำใช้เพื่อเป็นแหล่งพลังงาน และยังเพิ่มความเสี่ยงของการเกิด

กระเพาะพลิก (Displaced abomasum) ซีสต์ในรังไข่ (Ovarian cyst) กีบเจ็บ (Lameness) เต้านมอักเสบ รวมทั้งส่งผลให้ประสิทธิภาพทางการสืบพันธุ์ลดลง มีปัญหาผสมไม่ติด (Heuer et al., 1999)

ดังนั้นข้อมูลผลวิเคราะห์น้ำนมในวันทดสอบ (Test day milk record) โดยเฉพาะค่า FPR ของแม่โคแต่ละตัว ช่วงแรกหลังคลอดจึงสามารถใช้ในการประเมินภาวะขาดสมดุลพลังงาน อย่างไรก็ตามการป้องกันที่ดีสามารถทำได้โดยการจัดการเพื่อเพิ่มการกินได้ของวัตถุดิบ (Dry matter intakes, DMI) โดยในช่วง 3 สัปดาห์ก่อนคลอดควรเสริมอาหารที่มีพลังงานสูง ประมาณ 5 - 7% ของปริมาณ DMI เช่น ใช้กากน้ำตาล (Molasses) ซึ่งเป็นแหล่งพลังงานและยังช่วยเพิ่มการกินได้ของแม่โค เป็นต้น (Farmer Weekly reporter, 2017)

5.3.3 บันทึกข้อมูลปริมาณโซมาติกเซลล์ (Somatic cell count)

โรคเต้านมอักเสบ (Mastitis) เป็นโรคที่เกิดจากการอักเสบของเนื้อเยื่อเต้านม ถือเป็นปัญหาที่สำคัญในการเลี้ยงโคนมของไทย โรคนี้มีทั้งแบบแสดงอาการ (Clinical mastitis) และไม่แสดงอาการ (Subclinical mastitis) ทำให้เต้านมและ/หรือน้ำนมเกิดการเปลี่ยนแปลงผิดไปจากปกติ ซึ่งมีผลทำให้ปริมาณและคุณภาพน้ำนมลดลง ส่งผลทำให้เกษตรกรสูญเสียรายได้จากการจำหน่ายน้ำนม (ปริมาณน้ำนมลดลง หรือไม่สามารถส่งนมจำหน่ายได้ หรือถูกตัดราคาซื้อ) และยังเพิ่มค่าใช้จ่ายในการรักษาโคที่เป็นโรค และสุดท้ายอาจต้องคัดโคทิ้งอีกด้วยส่งผลทำให้อายุการใช้งานของแม่โคลดลงด้วย (Nielsen, 2009)

ข้อมูลผลการวิเคราะห์คุณภาพน้ำนม คือจำนวนเซลล์เม็ดเลือดขาว หรือปริมาณโซมาติกเซลล์ (Somatic cell count, SCC, cells/ml) ที่มีการตรวจเป็นประจำ (เช่น ทุกเดือน) สามารถนำมาใช้เพื่อสังเกตภาวะโรคเต้านมอักเสบภายในฟาร์มโคนม น้ำนมปกติมีปริมาณโซมาติกเซลล์ น้อยกว่า 200,000 เซลล์ต่อมิลลิลิตร ($180,000 \pm 9,900$ เซลล์ต่อมิลลิลิตร) หากปริมาณโซมาติกเซลล์มีปริมาณสูงกว่า 500,000 เซลล์ต่อมิลลิลิตร จะบ่งบอกถึงภาวะเต้านมอักเสบแบบไม่แสดงอาการ และหากมีค่าสูงถึง 1,200,000-5,000,000 เซลล์ต่อมิลลิลิตร จะบ่งบอกถึงภาวะเต้านมอักเสบแบบแสดงอาการ (วิริยาพร และคณะ, 2563) ซึ่งข้อมูลจำนวนเซลล์เม็ดเลือดขาวนี้จะใช้ประกอบการวินิจฉัยภาวะเต้านมอักเสบร่วมกับการตรวจอาการของโค ลักษณะเต้านมและน้ำนม รวมทั้งร่วมกับการใช้น้ำยาซีเอ็มที (California Mastitis Test, CMT) ค่าความเป็นกรด-ด่าง (pH) และการเพาะเชื้อในน้ำนม เป็นต้น เมื่อเกษตรกรติดตามค่าปริมาณโซมาติกเซลล์ของโครายตัวเป็นประจำ จะช่วยให้ทราบสถานะของโรคเต้านมอักเสบของฟาร์ม หากพบค่าปริมาณโซมาติกเซลล์สูงกว่าปกติ เกษตรกรสามารถตรวจสอบถึงสาเหตุของปัญหาเพื่อหาแนวทางการป้องกันและรักษาได้อย่างทันท่วงที เช่น การปรับเปลี่ยนการจัดการฟาร์ม ความสะอาดของฟืนคอก ความแออัดในการเลี้ยง สุขศาสตร์การรีดนม และตรวจสอบประสิทธิภาพเครื่องรีดนม การจัดการแยกโคที่ป่วยเพื่อรักษา หรือแยกรีดนมเป็นกลุ่มสุดท้ายเพื่อป้องกันการแพร่กระจายของโรคภายในฟาร์ม หรือช่วยในการตัดสินใจพักรีดนม (Dry-off) และการเลือกใช้ยาตราเป็นต้น (สถาบันสุขภาพสัตว์แห่งชาติ, 2020) การติดตามปริมาณโซมาติกเซลล์ของโครายตัวจะช่วยให้การจัดการแก้ไขและป้องกันปัญหาเต้านมอักเสบภายในฟาร์มเป็นไปอย่างมีประสิทธิภาพ อันจะทำให้ค่าปริมาณโซมาติกเซลล์ในถังรวม

(Bulk tank SCC) ของฟาร์มลดลงอย่างเห็นได้ชัด และทำให้เกษตรกรขายน้ำนมได้ราคาสูงขึ้นจากคุณภาพน้ำนมที่ดีขึ้น (The Irish Cattle Breeding Federation, 2021)

5.3.4 บันทึกข้อมูลปริมาณยูเรียในน้ำนม (Milk urea nitrogen)

ปริมาณยูเรียในน้ำนม (Milk urea nitrogen, MUN) เป็นอีกหนึ่งเครื่องมือในการประเมินสถานะสมดุลของโปรตีนและพลังงานของกลุ่มโคนม และระบบต่างๆ ในกระเพาะหมัก โดยทั่วไปในการตรวจวิเคราะห์คุณภาพน้ำนมด้วยเครื่องวิเคราะห์ห้องค์ประกอบน้ำนมอัตโนมัติ (MilkoScan™, FOSS) ในห้องปฏิบัติการปัจจุบัน สามารถจะทดสอบหาค่า MUN สำหรับตัวอย่างน้ำนมจากแม่โคนมโดยรวม (Bulk milk) และแม่โคนมรายตัว ค่า MUN นี้มีความสัมพันธ์อย่างใกล้ชิดกับความเข้มข้นของปริมาณยูเรียที่พบในเลือด (Blood urea nitrogen, BUN) และสามารถประเมินร่วมกับข้อมูลบันทึกการให้ผลผลิตน้ำนม เพื่อเป็นแนวทางในการจัดการการให้อาหาร และการกินได้ของวัตถุดิบแห้ง (Dry matter intake) โปรตีนที่ย่อยสลายได้ (Degradable protein) โปรตีนที่ย่อยสลายไม่ได้ (Undegradable protein) คาร์โบไฮเดรตที่ไม่ใช่โครงสร้าง (Nonstructural carbohydrates) และการบริโภคน้ำของโค ดังนั้นค่า MUN จึงเป็นเครื่องมือที่มีประโยชน์ต่อเกษตรกรผู้เลี้ยงโคนมสำหรับใช้ในการตรวจสอบ 1) สูตรอาหารของโคนม 2) สาเหตุที่ทำให้ผลผลิตน้ำนมลดลง และ 3) ปัญหาการผสมไม่ติด

โดยทั่วไปเมื่อโคนมกินโปรตีนเข้าไป โคสามารถย่อยสลายเป็นแอมโมเนียในกระเพาะรูเมน ดูดซึมในรูปของกรดอะมิโนและเพปไทด์ในลำไส้เล็ก หรือขับออกทางอุจจาระ อย่างไรก็ตามแอมโมเนียส่วนเกินถูกดูดซึมผ่านผนังกระเพาะรูเมน และส่งผ่านไปยังตับทางหลอดเลือดดำโดยที่แอมโมเนียถูกแปลงเป็นยูเรีย จากนั้นยูเรียสามารถนำกลับมาใช้อีกครั้งสู่กระเพาะรูเมนผ่านทางน้ำลาย หรือถูกขับออกทางปัสสาวะ สิ่งสำคัญที่ต้องรู้ก็คือปริมาณและอัตราการย่อยได้ของคาร์โบไฮเดรตในกระเพาะรูเมนซึ่งเป็นตัวควบคุมหลักของการสังเคราะห์โปรตีนของจุลินทรีย์ ในการจับแอมโมเนียแบคทีเรียในกระเพาะอาหารต้องการแหล่งพลังงานคือคาร์โบไฮเดรตที่หมักได้ (Nonstructural carbohydrates) ดังนั้นจึงต้องจัดให้มีคาร์โบไฮเดรตที่หมักได้ในปริมาณที่เพียงพอ แต่ไม่มากเกินไปเพื่อการทำงานของกระเพาะรูเมนและการสังเคราะห์จุลินทรีย์ที่เหมาะสม การขับถ่ายยูเรียส่วนเกินเป็นกระบวนการที่ต้องใช้พลังงาน เนื่องจากแม่โคต้องใช้พลังงาน 2 Mcal ขึ้นไปเพื่อขับยูเรียส่วนเกินออกทางปัสสาวะ ค่าใช้จ่ายนี้คาดว่าจะเทียบเท่ากับนม 0.5 กก. ต่อหน่วยที่เพิ่มขึ้นของ MUN

ยูเรียเป็นสารไนโตรเจนที่ไม่ใช่โปรตีน (Non-protein nitrogen, NPN) ซึ่งโดยปกติแล้วจะมีการใช้เป็นแหล่งธาตุไนโตรเจนส่วนหนึ่งในอาหารสัตว์กระเพาะรูเมน แต่อย่างไรก็ตามอาหารที่มีโปรตีนสูงเกินไปจะเป็นอันตรายต่อประสิทธิภาพการผสมติดโดยเฉพาะอย่างยิ่งในอาหารที่ย่อยสลายได้ง่ายในกระเพาะรูเมนกับอาหารที่ไม่ย่อยในกระเพาะรูเมน

ระดับความเข้มข้นของ MUN ไม่แน่นอนมีค่าแตกต่างกันไปขึ้นอยู่กับแม่โค ฤดูกาล และพันธุ์โค (โคนมพันธุ์เจอร์ซีย์สูงกว่าพันธุ์โฮลสไตน์) อย่างไรก็ตาม นักวิทยาศาสตร์ให้ค่าปกติในแต่ละกลุ่มของแม่โคไว้แตกต่างกัน โดยทั่วไปค่าเฉลี่ยของ MUN ของฝูงจะอยู่ระหว่าง 10-16 มก./ดล. หากระดับเฉลี่ยของค่า MUN อยู่นอกค่าปกตินี้ ควรจะ

ตรวจสอบหาสาเหตุ การตรวจหาค่า MUN ควรเก็บตัวอย่างจากแม่โคอย่างน้อย 10 ตัวเพื่อหาค่าเฉลี่ยของ MUN ของแม่โคทั้งกลุ่ม โดยค่า MUN ที่มากเกินไป (มากกว่า 18 มก./ดล.) เป็นสัญญาณที่บ่งชี้ถึงความไม่สมดุลของโปรตีน ซึ่งเป็นปัญหาการขาดแคลนคาร์โบไฮเดรต หรือสภาพแวดล้อมของจุลินทรีย์ที่ไม่ดีในกระเพาะรูเมน อาจส่งผลกระทบต่อ การลดลงของการให้ผลผลิตน้ำนม ประสิทธิภาพทางการสืบพันธุ์ (อัตราการตั้งท้อง) การรอดชีวิตของตัวอ่อน การทำงานของระบบภูมิคุ้มกัน และสิ่งแวดล้อม

สิ่งแรกที่ต้องตรวจสอบก็คือ ผลผลิตน้ำนม ถ้าแม่โคให้ผลผลิตน้อยกว่าที่ควรจะเป็นอาจเกิดจากการให้กินโปรตีนมากเกินไปซึ่งจะไปทำให้ระดับของ MUN เพิ่มขึ้น การให้ผลผลิตน้ำนมที่ลดลงอาจเกิดจากการให้อาหารที่มีระดับของ MUN สูงเกินไป (เช่น หญ้าที่มีเปอร์เซ็นต์โปรตีนสูงเกินไป หรือ ฟางหญ้าที่มีหญ้าสดมากเกินไป) อันเป็นผลมาจากการจัดการให้อาหารที่ไม่ถูกต้อง มีโปรตีนที่ย่อยสลายได้ง่ายมากเกินไป หรือมีพลังงานที่หมักได้ในสูตรอาหารไม่เพียงพอ ในขณะที่เดียวกันการให้อาหารที่มีโปรตีนที่ย่อยสลายไม่ค่อยได้มากเกินไปทำให้ไม่สามารถสร้างแอมโมเนียให้ออกมาได้ในปริมาณที่เหมาะสมสำหรับการสังเคราะห์โปรตีนของจุลินทรีย์ในกระเพาะรูเมน ซึ่งก็อาจทำให้ระดับของ MUN ลดลงได้เช่นกัน ปริมาณของน้ำที่แม่โคดื่มก็มีผลต่อระดับของ MUN โดยปริมาณน้ำที่ไม่เพียงพอ (เช่น ในรายที่ขาดน้ำ) อาจทำให้ BUN และ MUN เพิ่มขึ้น

5.3.5 บันทึกข้อมูลคะแนนร่างกาย (Body condition score, BCS)

แม่โคหลังคลอดควรมีคะแนนร่างกายอยู่ในช่วง 3.00 - 3.50 (ระบบคะแนน 1 - 5) โดยช่วงหลังคลอดแม่โคจะให้ผลผลิตน้ำนมมาก และหากการจัดการให้อาหารที่ไม่เหมาะสมจะส่งผลให้แม่โคมีสภาพร่างกายผอมเนื่องจากไม่สามารถกินอาหารเพื่อชดเชยพลังงานที่ใช้ในการสร้างน้ำนม แม่โคจะดึงอาหารที่สะสมไว้ในร่างกายโดยเฉพาะไขมันออกมาช่วยในการผลิตน้ำนม ทำให้แม่โคผอมลงหลังคลอด และส่งผลทำให้เกิดสภาวะขาดสมดุลของพลังงาน (NEB) และเกิดปัญหาต่างๆ ตามมาได้ เช่น การเป็นสัดหลังคลอดช้า ผสมติดยาก เป็นต้น (วิริยาพร และคณะ 2563) การประเมินสภาพร่างกายตามระยะการให้นม ช่วงแห้งนม สามารถใช้ในการประเมินผลการจัดการให้อาหารแม่โคได้ เช่น ช่วงท้ายของการรีดนม (1 - 1.5 เดือนสุดท้าย) ปริมาณการให้น้ำนมจะลดลงอย่างมาก แต่ลูกในท้องกำลังเจริญเติบโต การจัดการอาหารควรให้อาหารหยากที่คุณภาพดี ให้อาหารชั้นในปริมาณที่เหมาะสมกับปริมาณการให้น้ำนมที่ลดลง แต่ไม่ควรให้เกิดความจำเป็นซึ่งจะทำให้โคอ้วนและสิ้นเปลือง ส่วนในช่วงพักรีดนม (Dry period) ประมาณ 2 เดือนก่อนคลอด ควรรักษาสุขภาพของร่างกายโคให้สมบูรณ์แต่ไม่อ้วน ให้อาหารหยากคุณภาพดี และเสริมด้วยอาหารชั้นในปริมาณที่เพียงพอสำหรับรักษาสุขภาพของร่างกายให้สมบูรณ์ตามปกติ หากโคอ้วนมากจะส่งผลเสียต่อประสิทธิภาพในการสืบพันธุ์และอาจเกิดภาวะคลอดยากตามมา (กรมปศุสัตว์, 2552)

5.4 การบันทึกข้อมูลเพื่อการวางแผนการผสมพันธุ์ (Mating design) หรือ การจับคู่ผสมพันธุ์ (Mate Matching)

การบันทึกข้อมูลผลผลิตของโคนมรายตัวนั้น นอกจากเกษตรกรจะได้รับประโยชน์โดยตรงในการจัดการต่างๆ ภายในฟาร์มแล้ว ข้อมูลบันทึกต่างๆ ยังนำไปใช้โปรแกรมการประเมินพันธุ์กรรมพ่อและแม่พันธุ์โคนม ระดับชาติ โดย

สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ซึ่งโคที่มีข้อมูลบันทึกผลผลิตต่างๆ จะสามารถทราบค่าการผสมพันธุ์ (EBV) หรือค่าทางพันธุกรรมจีโนม (GEBV) เกษตรกรที่เป็นผู้ผลิตแม่พันธุ์ (Breeders) หรือเกษตรกรทั่วไปจะได้รับประโยชน์ คือทำให้ทราบว่าโคภายในฟาร์มมีระดับพันธุกรรมที่ดีหรือไม่ และยังสามารถใช้ค่า EBV/GEBV ในการเปรียบเทียบกับสัตว์ในฝูงอื่นๆ ได้ ซึ่งหากแม่โคมีค่าการผสมพันธุ์ที่ดี จะช่วยให้เกษตรกรสามารถขายแม่โคดังกล่าวได้ในราคาสูงตามระดับพันธุกรรม นอกจากนี้ เกษตรกรยังสามารถใช้ค่าการผสมพันธุ์ในการตัดสินใจในการคัดทิ้ง หรือเลือกแม่โคเพื่อใช้ผสมพันธุ์เพื่อผลิตแม่โคทดแทนที่ให้ผลผลิตน้ำนมสูง เพื่อการปรับปรุงพันธุกรรมภายในฟาร์ม (Australian Dairy Herd Improvement Scheme, 2008)

ข้อมูลบันทึกลักษณะต่างๆ ยังมีประโยชน์แก่เกษตรกรในการวางแผนการผสมพันธุ์เพื่อปรับปรุงพันธุกรรมของโคภายในฝูง ในกรณีที่แม่โคมีค่าการผสมพันธุ์ เกษตรกรสามารถเลือกจับคู่ผสมกับพ่อพันธุ์ (น้ำเชื้อ) เพื่อให้ได้ลูกโคที่ให้ผลผลิตหรือมีลักษณะตรงตามเป้าหมายของฟาร์มในอนาคต เช่น ในฟาร์มที่มีเป้าหมายในการเพิ่มปริมาณผลผลิตน้ำนมและลดปริมาณไขมันในนม หากแม่โคมีค่าการผสมพันธุ์สำหรับปริมาณน้ำนมสูง และค่าการผสมพันธุ์สำหรับปริมาณไขมันในนมสูง การเลือกจับคู่ผสมกับพ่อพันธุ์ที่ให้ผลผลิตปานกลางแต่ค่าไขมันในนมต่ำย่อมเป็นตัวเลือกที่ดีกว่าการเลือกพ่อพันธุ์ที่ให้ผลผลิตสูงแต่มีค่าไขมันในนมสูง ในกรณีที่แม่โคไม่มีค่าการผสมพันธุ์ เกษตรกรสามารถจับคู่ผสมพันธุ์กับพ่อโคได้เช่นกัน ยกตัวอย่างเช่น หากเกษตรกรต้องการปรับปรุงลักษณะรูปร่างของโคภายในฟาร์ม หากแม่โคมีลักษณะขาหลังตรง ควรเลือกจับคู่กับพ่อพันธุ์ที่มีค่าการผสมพันธุ์ในลักษณะขาหลังโค้ง ซึ่งจะทำให้ค่าเฉลี่ยของลูกโคที่เกิดมามีลักษณะขาหลังโค้งพอเหมาะ เป็นต้น

การที่โคภายในฟาร์มมีข้อมูลพันธุ์ประวัติที่ครบถ้วนและถูกต้อง ข้อมูลเหล่านี้จะช่วยให้เกษตรกรตัดสินใจจับคู่ผสมพันธุ์เพื่อหลีกเลี่ยงการเกิดการผสมเลือดชิด (Inbreeding, การผสมพันธุ์ระหว่างเครือญาติ) ซึ่งมักส่งผลเสียทำให้สัตว์ที่เกิดจากการผสมพันธุ์มีลักษณะเลือดชิด (Inbred) ซึ่งสัตว์ที่มีภาวะเลือดชิดจะมีประสิทธิภาพการผลิตและระบบสืบพันธุ์โดยรวมต่ำลง รวมถึงการเกิดโรคทางพันธุกรรมจากยีนด้อยแฝง (Inbreeding depression) (Falconer and Mackay, 1996) ซึ่งจะส่งผลทำให้กำไรของฟาร์มลดลง เกษตรกรสามารถเลือกจับคู่ผสมพันธุ์เพื่อลดโอกาสการเกิดการสะสมของภาวะเลือดชิดภายในฝูงโดยการเลือกผสมระหว่างพ่อแม่พันธุ์ที่มีค่าความสัมพันธ์ทางสายเลือดต่ำ เพื่อหลีกเลี่ยงการเกิดภาวะเลือดชิดในลูกสัตว์ที่จะเกิดมาในอนาคต

กล่าวโดยสรุป การบันทึกข้อมูลต่างๆ ในฟาร์มอย่างถูกต้อง สมบูรณ์ และต่อเนื่อง ไม่เพียงช่วยให้เกษตรกรและเจ้าหน้าที่ผู้ปฏิบัติงานภายในฟาร์มมีข้อมูลเพื่อใช้ประกอบการตัดสินใจต่างๆ เกี่ยวกับการจัดการฟาร์ม สุขภาพสัตว์ การให้อาหาร การคัดทิ้ง และการผสมพันธุ์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ ยังมีส่วนช่วยให้กรมปศุสัตว์สามารถคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ชั้นเลิศ (Elite bulls/cows) ได้อย่างถูกต้อง อันจะส่งผลให้เกษตรกรได้รับน้ำเชื้อ รวมถึงพ่อแม่สัตว์ที่มีพันธุกรรมดีสำหรับการเพิ่มผลผลิตและคุณภาพน้ำนม เพิ่มความสมบูรณ์พันธุ์ รวมทั้งโคนมที่อายุการให้ผลผลิตที่ยาวนาน อันจะส่งผลให้เกษตรกรมีกำไรมากขึ้นต่อไป ทั้งหมดนี้จะนำไปสู่ความสำเร็จในการเลี้ยงโคของเกษตรกรอย่างยั่งยืน

5.5 การอ่านแคตตาล็อก หรือสมุดพ่อพันธุ์โคนม (Dairy sire catalogues or sire summary reading)

การเลือกพ่อพันธุ์ในการผสมพันธุ์โดยเฉพาะการผสมเทียมเป็นการตัดสินใจด้านการจัดการที่สำคัญมากอย่างหนึ่งของผู้เลี้ยงโคนม ซึ่งจะส่งผลต่อการให้ผลผลิตในอนาคต สุขภาพและผลตอบแทนทางเศรษฐกิจของแม่โคนมในฝูงโคนมในรุ่นต่อไป ในทางกลับกันการตัดสินใจเลือกพ่อพันธุ์ที่ไม่ดีอาจมีผลกระทบต่อความสามารถในการทำกำไรในอนาคตของฝูงสัตว์เช่นกัน โดยทั่วไปพ่อพันธุ์โคนมได้รับการประเมินทางพันธุกรรมหลายลักษณะประกอบด้วยลักษณะการให้ผลผลิต สุขภาพ การเจริญพันธุ์ และรูปร่าง ข้อมูลทางพันธุกรรมนี้ได้รับการรวบรวมและเผยแพร่เป็นบทสรุปในรูปแบบของสมุดพ่อพันธุ์ (Sire summaries) อย่างสม่ำเสมอ อย่างน้อยปีละครั้ง หรือมากกว่า 1 ครั้ง ในบางประเทศ ปัจจุบันฟาร์มโคนมหลายแห่งในประเทศไทยมีการสั่งซื้อน้ำเชื้อพ่อพันธุ์โคนมมาจากต่างประเทศเพื่อนำมาใช้ผสมเทียมกับแม่พันธุ์โคนมของตนเองมากขึ้น จากแหล่งพันธุกรรมของพ่อพันธุ์โคนมในต่างประเทศได้แก่ประเทศ สหรัฐอเมริกา แคนาดา เนเธอร์แลนด์ ออสเตรเลีย เป็นต้น รวมถึงใช้พ่อพันธุ์โคนมภายในประเทศ โดยพิจารณาจากค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้ อย่างไรก็ตามการตัดสินใจในการเลือกพ่อพันธุ์ได้อย่างเหมาะสมจำเป็นจะต้องมีความเข้าใจ และสามารถอ่านรายละเอียดในสมุดพ่อพันธุ์ ได้อย่างถูกต้อง

5.5.1 แนวคิดหลักพื้นฐานที่สำคัญของการเลือกพ่อพันธุ์ในแคตตาล็อกพ่อพันธุ์

โดยทั่วไปในแคตตาล็อกพ่อพันธุ์ หรือสมุดพ่อพันธุ์โคนมจะแสดงค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากการประเมินพันธุกรรม ดังนั้นก่อนอ่านแคตตาล็อกพ่อพันธุ์โคนม หรือสมุดพ่อพันธุ์ จำเป็นจะต้องพิจารณาทำความเข้าใจแนวคิดหลักบางประการเพื่อสามารถอ่านรายละเอียดในสมุดพ่อพันธุ์ได้อย่างถูกต้อง และทำการตัดสินใจเลือกพ่อพันธุ์อย่างเหมาะสม แนวคิดหลักเหล่านี้ประกอบด้วย ค่าพันธุกรรมพื้นฐาน (Genetic base) ความสามารถทางพันธุกรรม (Genetic ability) ความน่าเชื่อถือ หรือความแม่นยำ (Reliability or Accuracy) และค่าถ่วงน้ำหนัก (Weight)

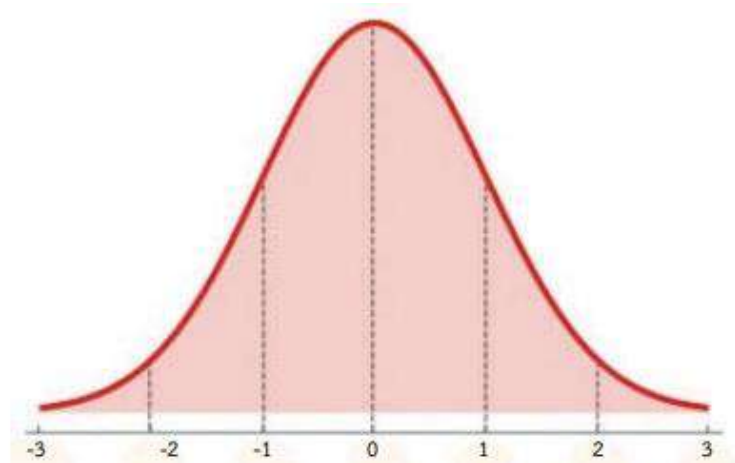
1. ค่าพันธุกรรมพื้นฐาน (Genetic base)

ค่าพันธุกรรมพื้นฐาน หมายถึงค่าเฉลี่ยของลักษณะ (เช่น ปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน ปริมาณโปรตีน ฯลฯ) ของประชากรทั้งหมด ณ เวลาใดเวลาหนึ่ง เป็นค่าที่ใช้สำหรับเปรียบเทียบความแตกต่างกับค่าเฉลี่ยของข้อมูลของลักษณะที่ศึกษาจากแหล่งข้อมูลต่างๆ เช่น ข้อมูลผลผลิตจากตัวเอง (Performance records) ข้อมูลจากผลผลิตของลูก (Progeny records) รวมถึงข้อมูลจากบรรพบุรุษ (Pedigree records) สำหรับประมาณความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรม ซึ่งจะเห็นได้ว่าค่าพันธุกรรมที่แสดงในแคตตาล็อกพ่อพันธุ์ หรือสมุดพ่อพันธุ์ในแต่ละประเทศจะมีใช้ค่าพันธุกรรมพื้นฐานที่แตกต่างกัน เช่น ในประเทศแคนาดาจะใช้ค่ามาตรฐานแบบปีฐานเคลื่อนที่ (Rolling base year) เป็นความก้าวหน้าทางพันธุกรรมปีต่อปี จึงมักจะมีค่าน้อยกว่าการวัดความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรมที่เทียบกับค่ามาตรฐานแบบปีฐานคงที่ (Fixed base year) ของประเทศสหรัฐอเมริกา

2. ความสามารถทางพันธุกรรม (Genetic ability)

ความสามารถทางพันธุกรรม เป็นค่าประมาณทางพันธุกรรมของสัตว์ที่ประเมินได้ ซึ่งมักเรียกกันว่าค่าการผสมพันธุ์ (Breeding values) โดยค่าที่ประมาณได้จะแสดงถึงความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะที่สนใจจากรุ่นพ่อ

แม่ไปสู่รุ่นลูก โดยถ่ายทอดผ่านทางพ่อและแม่อย่างละครึ่งซึ่งค่าดังกล่าวมีลักษณะใกล้เคียงกับอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสม (Additive gene effect) และใช้ในการตัดสินใจเลือกพ่อพันธุ์ ค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์โคนมที่ปรากฏอยู่ในแคตตาล็อกพ่อพันธุ์ หรือสมุดพ่อพันธุ์ของประเทศต่างๆทั่วโลกในปัจจุบันนี้ส่วนใหญ่จะทำนายโดยใช้เทคนิค BLUP แล้วเปรียบเทียบความแตกต่างจากพันธุกรรมพื้นฐาน ค่านี้จึงเป็นค่าสัมพัทธ์หรือ ค่าเปรียบเทียบ (Relative value) ไม่ใช่ค่าสมบูรณ์หรือค่าปริมาณจริง (Absolute value) อาจมีค่าเป็นบวกหรือลบ เมื่อค่าการผสมพันธุ์สูงกว่าหรือต่ำกว่าค่าเฉลี่ยของประชากร และมีหน่วยตามหน่วยของลักษณะที่วัด เช่น ลักษณะปริมาณน้ำนม ปริมาณไขมัน และปริมาณโปรตีน มีหน่วยเป็น กิโลกรัม ลักษณะเปอร์เซ็นต์ไขมัน และเปอร์เซ็นต์โปรตีน มีหน่วยเป็นเปอร์เซ็นต์ ลักษณะอายุเมื่อคลอดลูกตัวแรก มีหน่วยเป็นเดือน โดยใช้ชื่อเรียกแตกต่างกันไปในแต่ละประเทศ เช่น EBV (Estimated breeding value หรือ Expected breeding value), PTA (Predicted transmitting ability), EPD (Expected progeny difference), STA (Standard transmitting ability) โดยค่า EBV คือค่าคาดคะเนค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะที่มีอยู่ในตัวพ่อพันธุ์ PTA คือค่าความสามารถในการถ่ายทอดลักษณะของพ่อพันธุ์ไปสู่ลูก EPD คือค่าทำนายทางพันธุกรรมของลักษณะในลูกที่เกิดจากพ่อพันธุ์ และ STA คือค่าความสามารถในการถ่ายทอดของลักษณะที่ถูกปรับให้อยู่ในรูปแบบมาตรฐานเพื่อสะดวกในการเปรียบเทียบ ค่า PTA หรือ EPD = $1/2$ EBV ส่วน STA มีค่าอยู่ในช่วง -3 ถึง +3 ดังแสดงในรูปภาพที่ 5-2



รูปภาพที่ 5-2 แสดงการกระจายของค่าการผสมพันธุ์จีโนมมาตรฐาน

จากตัวเลขในรูปภาพข้างบนแสดงให้เห็นถึงการกระจายของค่าการผสมพันธุ์จีโนมมาตรฐานสำหรับลักษณะเชิงเส้นตรง (Linear traits) ซึ่งมีการกระจายแบบปกติ (Normal distribution) หรือเป็นรูประฆังคว่ำลักษณะสำคัญในโคนมส่วนมากจะมีการกระจายในรูปแบบนี้ จำนวนมากที่สุดของพ่อพันธุ์จะเห็นอยู่ที่ค่าเฉลี่ย (SGBV=0) พ่อพันธุ์ส่วนมาก (68%) จะอยู่ภายใน ± 1 SGBV เมื่อค่า SGBV เบี่ยงเบนห่างออกไปจากค่าเฉลี่ยทั้งด้าน + และ - จะมีพ่อพันธุ์ที่แสดงลักษณะนั้นจำนวนน้อยตัวลง ดังนั้นค่าการผสมพันธุ์จีโนมมาตรฐานจึงแสดงถึงขนาดสัมพัทธ์ของค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์ในแต่ละลักษณะให้สามารถเทียบกันได้โดยตรงว่าพ่อพันธุ์แสดงลักษณะใดมากน้อยกว่ากันโดยไม่

จำเป็นต้องทราบค่าที่แท้จริง และที่สำคัญต้องทำความเข้าใจด้วยว่าค่าการผสมพันธุ์จีโนมมาตรฐานสำหรับลักษณะรูปร่างที่เบี่ยงเบนห่างออกไปจากค่าเฉลี่ยในด้านบวก (+) อาจจะไม่ใช้เป็นลักษณะที่ดีเสมอไป ลักษณะที่ดีของโคนมอาจจะอยู่ในด้านลบ (-) หรืออยู่กลางๆ (ใกล้ 0) ก็ได้

3. ความน่าเชื่อถือ (Reliability, REL or %R) หรือ ความแม่นยำ (Accuracy, ACC)

ความน่าเชื่อถือ หรือความแม่นยำ เป็นค่าที่ชี้ให้เห็นถึงระดับความเชื่อมั่น และความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์แต่ละตัวที่ประเมินได้ว่ามีความน่าเชื่อถือ หรือมีความแม่นยำมากน้อยเพียงใด ซึ่งจะแสดงเป็นเปอร์เซ็นต์ และมีค่าตั้งแต่ 1 ถึง 99 (สำหรับ REL) มีค่าอยู่ระหว่าง 0 ถึง 1 (สำหรับ ACC) (ตารางที่ 5-1)

ตารางที่ 5-1 แสดงการแปลความหมายจากค่าความแม่นยำ

ค่าความถูกต้อง	ความหมาย
น้อยกว่า 0.50	มีความแม่นยำต่ำ ค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้ในตอนแรกสามารถเปลี่ยนแปลงตามข้อมูลการทดสอบที่เพิ่มมากขึ้นในอนาคต
0.50 - 0.74	มีความแม่นยำปานกลาง โดยปกติจะอยู่บนพื้นฐานข้อมูลที่ได้จากตัวสัตว์เอง และพันธุ์ประวัติ
0.75 - 0.90	มีความแม่นยำปานกลางถึงสูง ค่าการผสมพันธุ์อาจเปลี่ยนแปลงเพียงเล็กน้อยด้วยข้อมูลจากลูกสาวหรือเครือญาติที่มากขึ้น
มากกว่า 0.90	มีความแม่นยำสูง

ในทางเทคนิคแล้วค่า REL จะกำหนดให้เป็นความสัมพันธ์กำลังสองระหว่างความสามารถในการถ่ายทอดที่แท้จริง และความสามารถในการถ่ายทอดที่คาดการณ์ไว้ของสัตว์ และเป็นฟังก์ชันของการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม (ค่าอัตราพันธุกรรม) และจำนวนข้อมูลที่มีอยู่สำหรับสัตว์ตัวนั้นๆ (ทั้งข้อมูลฟีโนไทป์ และข้อมูลจีโนไทป์) ดังนั้นค่านี้จึงผันแปรได้ตามค่าอัตราพันธุกรรมของแต่ละลักษณะ จำนวนและการกระจายข้อมูลบันทึกของตัวสัตว์เอง ลูกสาวของสัตว์ตัวนั้น และสัตว์ตัวอื่นๆที่มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมหรือเป็นเครือญาติกับพ่อพันธุ์ที่พิจารณา ยิ่งค่าความน่าเชื่อถือเข้าใกล้ 100 หรือค่าความแม่นยำเข้าใกล้ 1 ก็ยิ่งมีความแม่นยำมากขึ้น ซึ่งทำให้ความน่าจะเป็นของการเปลี่ยนแปลงค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์น้อยลงหรือไม่เปลี่ยนแปลงเมื่อมีบันทึกข้อมูลการทดสอบมากขึ้น จึงสามารถมั่นใจได้ว่าพ่อพันธุ์ที่เลือกใช้จะมีคุณสมบัติตามที่แสดงไว้ในสมุดพ่อพันธุ์ ในทางตรงกันข้ามถ้าความแม่นยำมีค่าต่ำจะทำให้มีความเสี่ยงต่อการเปลี่ยนแปลงของค่าการผสมพันธุ์ของพ่อพันธุ์เมื่อมีข้อมูลการทดสอบมากขึ้น โดยพ่อพันธุ์ที่เคยมีค่าการผสมพันธุ์สูงอาจจะลดลงและที่เคยมีค่าการผสมพันธุ์ต่ำอาจจะสูงขึ้นในอนาคตได้ ดังนั้นพ่อโคจึงมีค่าการผสมพันธุ์ที่น่าเชื่อถือได้สำหรับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมมากกว่าลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ เพราะลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมมีความสามารถในการถ่ายทอดทางพันธุกรรมสูงกว่า ในทำนองเดียวกันพ่อโคที่มีลูกสาวหลายตัวจะมีค่าการผสมพันธุ์ที่น่าเชื่อถือสำหรับลักษณะที่กำหนดดีกว่าพ่อโคที่ไม่มีหรือมีลูกสาวเพียงไม่กี่ตัว เราไม่ควรเลือก

ดังนั้นในหัวข้อนี้จึงได้นำเสนอวิธีการอ่านรายละเอียดของสมุดพ่อพันธุ์โคนมกรมปศุสัตว์ (รูปภาพที่ 5-4) ดังนี้

พันธุ์ประวัติ

ลักษณะรูปร่าง

ผลการทดสอบโรคทางพันธุกรรม

ลักษณะการให้ผลผลิต

ลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์

รูปภาพที่ 5-4 แสดงพันธุ์ประวัติ ค่าพันธุกรรมจีโนมสำหรับลักษณะที่สำคัญของพ่อพันธุ์

ผลผลิตน้ำนมของลูกสาว

ผลผลิตน้ำนมของลูกสาว

รูปภาพที่ 5-5 แสดงประวัติการให้ผลผลิตน้ำนมของลูกสาวของพ่อพันธุ์

1) ข้อมูลประจำตัวของพ่อพันธุ์ และพันธุ์ประวัติ (Animal identification and Pedigree)

ขั้นตอนเริ่มต้นต้องอ่านข้อมูลประจำตัวของพ่อพันธุ์โคนมก่อน ได้แก่ หมายเลขพ่อพันธุ์ พันธุ์ วันเกิด แหล่งกำเนิด ที่อยู่ การทดสอบโรคทางพันธุกรรม รวมทั้งพันธุ์ประวัติ (พ่อ แม่ ตา ยาย) เพื่อตรวจสอบว่าพ่อพันธุ์ที่เราต้องการนั้นมีระดับเลือดเท่าใด และมีความน่าเชื่อถือของข้อมูลหรือไม่ เนื่องจากเกษตรกรอาจเคยได้ยินชื่อเสียงฟาร์ม เป็นต้น รวมถึงข้อมูลการให้ผลผลิตของแม่ และยาย ว่าเป็นอย่างไร นอกจากนี้ยังได้มีการทดสอบโรคทางพันธุกรรมที่สามารถถ่ายทอดทางกรรมพันธุ์จากพ่อแม่สู่ลูกโดยตรง คือ BLAD (Bovine Leukocyte Adhesion Deficiency) และ CVM (Complex vertebral malformation)

Bovine Leukocyte Adhesion Deficiency (BLAD) เป็นโรคทางพันธุกรรมที่เกิดจากยีนด้อย CD18 ชนิดโฮโมไซกัส (homozygous) ทำให้เป็นโรคบกพร่องภูมิคุ้มกัน และขาดความสมบูรณ์พันธุ์ พบในโคนมสายพันธุ์โฮลสไตน์ และมักจะตายตั้งแต่อายุน้อย 1-2 เดือน แต่โคนมที่มียีนด้อยแบบเฮเทอโรไซกัส (heterozygous) จะมีอาการปกติ และเป็นตัวที่แพร่ยีนด้อยนี้ไปในฝูงโคนมที่มีสายเลือดโฮลสไตน์

Complex vertebral malformation (CVM) เป็นกลุ่มอาการของโรคทางพันธุกรรมที่พบในโคนมสายพันธุ์โฮลสไตน์ ซึ่งจะตอบสนองต่อลูกโคส่งผลให้มีลักษณะที่ผิดปกติของร่างกาย หรือการตายแรกเกิดที่เป็นผลมาจากการกลายพันธุ์ของยีน SLC35A3

ANIMAL ID TH362 (AXE)

หมายเลข TH362 (AXE)	
พันธุ์ (Breed)	96.875%HF
วันเกิด (Birth Date)	2 พฤศจิกายน 2552 2 November 2009
แหล่งกำเนิด (Birth Place)	1911000253 วิชัย เชิดจะโปะ 1911000253 Wichai Cherd Cha-Po
ที่อยู่ (Address)	56 ม.2 ต.มิตรภาพ อ.มวกเหล็ก จ.สระบุรี 56 M.2 Tumbon Mittraphap, Muak Lek District, Saraburi Province

พันธุ์ประวัติ (Pedigree)	
หมายเลขพ่อ (Sire ID)	1HO2639
หมายเลขแม่ (Dam ID)	MC472680
2-03 2x 305d 6,801M 341F 3.96%F 280P 3.25%P 12.75%TS 1.22FP	
3-11 2x 305d 6,744M 256F 3.70%F 206P 2.97%P 12.21%TS 1.25FP	
5-02 2x 305d 7,419M 294F 3.94%F 216P 2.90%P 12.36%TS 1.36FP	
6-03 2x 305d 7,942M 206F 3.51%F 163P 2.77%P 11.95%TS 1.27FP	
หมายเลขตา (MGS ID)	9HO1619
หมายเลขยาย (MGD ID)	MC452757
3-01 2x 305d 8,427M 231F 3.33%F 198P 2.87%P 11.83%TS 1.16FP	

รูปภาพที่ 5-6 แสดงรายละเอียดข้อมูลประจำตัว และพันธุ์ประวัติของพ่อพันธุ์

1. หมายเลขพ่อพันธุ์ (Animal ID): หมายถึง หมายเลขของพ่อพันธุ์ซึ่งแต่ละหน่วยงานที่เป็นเจ้าของทั้งภายในประเทศ และต่างประเทศเป็นผู้กำหนด และปรากฏบนหลอดน้ำเชื้อแช่แข็ง หมายเลขพ่อพันธุ์จากต่างประเทศที่ใช้ อาจจะเป็น หมายเลขประจำตัวพ่อพันธุ์ หรือรหัสผู้ผลิต + หมายเลข พ่อพันธุ์ตาม NAAB (เช่น 11HO1479) เช่น TH362

2. ชื่อ: หมายถึง ชื่อพ่อพันธุ์ซึ่งแต่ละหน่วยงานที่ เป็นเจ้าของทั้งภายในประเทศและต่างประเทศเป็นผู้กำหนดหากเป็นพ่อพันธุ์ของกรมปศุสัตว์ในส่วนนี้อาจจะ หมายถึงหมายเลขบนเบอร์หูทองเหลืองที่ติดมาตั้งแต่เป็นลูกโค สำหรับตัวอย่างในที่นี้คือ AXE
3. พันธุ์: หมายถึง ระดับสายเลือดของพ่อพันธุ์ที่ เป็นทั้งพันธุ์แท้และพันธุ์ลูกผสมที่ยึดพันธุ์โฮลสไตน์ฟรีเซียน (HF) เป็นพันธุ์หลัก เช่น 96.875%HF
4. วันเกิด: หมายถึง วัน เดือน ปี ที่พ่อพันธุ์เกิด เช่น 2 พฤศจิกายน 2522
5. แหล่งกำเนิด: หมายถึง ชื่อประเทศที่เป็นแหล่ง กำเนิดพ่อพันธุ์ (แสดงด้วยตัวอักษรภาษาอังกฤษ 3 ตัว เช่น JAP = ประเทศญี่ปุ่น CAN = ประเทศแคนาดา) พร้อมด้วยปีที่นำเข้า (แสดงด้วย IMnn เมื่อ nn คือ ปี พ.ศ. ที่นำเข้า) หรือชื่อเจ้าของฟาร์มที่พ่อพันธุ์ได้กำเนิด (แสดงด้วยชื่อ - นามสกุลของเจ้าของฟาร์ม และที่ตั้งของฟาร์มในพื้นที่ของศูนย์วิจัยการผสมเทียมฯ (RCn) เมื่อ n = ศูนย์วิจัยการผสมเทียมฯ ที่ 1 - 7 และหน่วยผสมเทียม) เช่น 1911000253 ที่อยู่ วิชัย เฉิดจะโปะ 56 ม.2 ต.มิตรภาพ อ.มวกเหล็ก จ.สระบุรี

2) ค่าความสามารถทางพันธุกรรม (Genetic ability)

ค่าความสามารถทางพันธุกรรมที่นำเสนอในสมุดพ่อพันธุ์โคนมของกรมปศุสัตว์ในปัจจุบันทำนายค่าทางพันธุกรรมด้วยข้อมูลพีโนไทป์ ข้อมูลพันธุ์ประวัติ และข้อมูลจีโนม จึงเรียกค่านี้ว่าค่าพันธุกรรมจีโนม (GEBV) และมีค่าความแม่นยำ (Accuracy, ACC) กำกับควบคู่ไปด้วยเสมอ

1. ค่าพันธุกรรมจีโนม และค่าความแม่นยำ: หมายถึง ค่าคาดคะเนพันธุกรรมจีโนมของลักษณะหนึ่งที่มีอยู่ในตัวพ่อพันธุ์ พร้อมทั้งค่าความแม่นยำที่บอกให้ทราบถึงระดับความผันแปรของพันธุกรรมที่แสดงออกเมื่อนำสัตว์ตัวนั้นไปเป็นพ่อพันธุ์ หรือบอกให้ทราบว่าค่าพันธุกรรมจีโนมของพ่อพันธุ์แต่ละตัวที่ทำนายได้มีความน่าเชื่อถือมากน้อยเพียงใด ในสมุดพ่อพันธุ์โคนมของกรมปศุสัตว์ได้นำเสนอค่าพันธุกรรมจีโนมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ของพ่อพันธุ์ในรูปแบบของ GEBV ส่วนลักษณะรูปร่างนั้นได้แสดงในรูปแบบของค่าพันธุกรรมจีโนมมาตรฐาน (Standard genomic breeding value; SGBV) เพื่อสะดวกในการเปรียบเทียบค่าพันธุกรรมจีโนมของแต่ละลักษณะแม้ว่าจะมีหน่วยต่างกัน
2. จำนวนลูกสาว: หมายถึง จำนวนลูกสาวของพ่อพันธุ์ที่มีบันทึกข้อมูลของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม หรือบันทึกข้อมูลของลักษณะรูปร่าง โดยจำนวนลูกสาวนี้มีส่วนเกี่ยวข้องกับค่าความแม่นยำของค่าพันธุกรรมจีโนมของพ่อพันธุ์
3. จำนวนฝูง: หมายถึง จำนวนฝูงที่ลูกสาวของพ่อพันธุ์ที่มีบันทึกข้อมูลของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม หรือบันทึกข้อมูลของลักษณะรูปร่างกระจายอยู่

4. จำนวนข้อมูลผลผลิตน้ำนมต่อลูกสาวต่อตัว: หมายถึง จำนวนข้อมูลผลผลิตน้ำนมในวันทดสอบเฉลี่ยต่อลูกสาว 1 ตัว

3) ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และความสามารถพันธุ์ (Milk production and fertility trait)

ค่าความสามารถทางพันธุกรรมของพ่อพันธุ์ในสมุดพ่อพันธุ์ของกรมปศุสัตว์สำหรับลักษณะการให้ผลผลิต และความสามารถพันธุ์จะแสดงในรูปแบบของค่าพันธุกรรมจีโนม (GEBV) ประกอบด้วย 7 ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม คือ ปริมาณน้ำนมที่ 305 วัน (กก.) ปริมาณไขมันที่ 305 วัน (กก.) ปริมาณโปรตีนที่ 305 วัน (กก.) เปอร์เซ็นต์ไขมัน เปอร์เซ็นต์โปรตีน เปอร์เซ็นต์ของแข็งในน้ำนมทั้งหมด และสัดส่วนไขมันต่อโปรตีน ส่วนลักษณะความสามารถพันธุ์ ประกอบด้วย 1 ลักษณะ คืออายุเมื่อคลอดครั้งแรก นอกจากนี้ยังมีรายละเอียดเพิ่มเติมของจำนวนลูกสาว จำนวนฝูง และจำนวนข้อมูลผลผลิตน้ำนมต่อลูกสาวต่อตัว ดังรายละเอียดตามรูปภาพที่ 5-7

ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม (Milk Production Traits)		
ลักษณะ (Traits)	GEBV	ค่าความแม่นยำ (Accuracy)
น้ำนมรวมที่ 305 วัน (กก.) (305-D Milk Yields; kg)	575.46	0.94
ไขมันรวมที่ 305 วัน (กก.) (305-D Fat Yields; kg)	8.64	0.93
โปรตีนรวมที่ 305 วัน (กก.) (305-D Protein Yields; kg)	16.93	0.95
เปอร์เซ็นต์ไขมัน (%) (Fat Percentage; %)	-0.20	0.90
เปอร์เซ็นต์โปรตีน (%) (Protein Percentage; %)	-0.04	0.94
เปอร์เซ็นต์ของแข็งในนม (%) (Total Solid Percentage; %)	-0.24	0.93
สัดส่วนไขมันต่อโปรตีน (Fat Protein Ratio)	-0.04	0.83
จำนวนลูกสาว (Daughters)		55
จำนวนฝูง (Herds)		38
จำนวนข้อมูลผลผลิตน้ำนมต่อลูกสาวต่อตัว (Number of Test Day Records per Daughter)		9

ลักษณะความสามารถพันธุ์ (Fertility Traits)		
ลักษณะ (Traits)	GEBV	ค่าความแม่นยำ (Accuracy)
อายุเมื่อคลอดลูกครั้งแรก (เดือน) (Age at First Calving; Month)	-1.52	0.92

รูปภาพที่ 5-7 แสดงรายละเอียดของค่าพันธุกรรมจีโนมของพ่อพันธุ์โคนมสำหรับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และความสามารถพันธุ์

ลักษณะรูปร่าง (Type Traits)									
ลักษณะ	SGBV		-3	-2	-1	0	1	2	3
ลักษณะรูปร่างโดยรวม (Total Score, TOS)	-0.69								
ลักษณะเต้านม (Udder Composition, UDC)	0.30								
ลักษณะขาและเท้า (Feet and Leg, FAL)	-0.22								
ความสูง (Stature, ST)	-0.16	เตี้ย Short							สูง High
ความกว้างอก (Chest Width, CW)	0.58	แคบ Narrow							กว้าง Wide
ความลึกลำตัว (Body Depth, BD)	0.10	ตื้น Shallow							ลึก Deep
ลักษณะโคนม (Dairy Form, DF)	0.00	ต่ำ Low							สูง High
มุมสะโพก (Ramp Angle, RA)	-0.69	ชัน Steep							ลาด Sloped
ความกว้างสะโพก (Ramp Width, RW)	1.18	แคบ Narrow							กว้าง Wide
ความโค้งของขาหลัง (Rear Leg Rear View, RLR)	-0.12	ตรง Straight							โค้ง Curved
ความตรงของขาหลัง (Rear Leg Set, RLS)	0.19	โค้ง Curved							ตรง Straight
ความสูงเหนือเต้านมหลัง (Rear Udder Height, UH)	-5.84	ต่ำ Low							สูง High
ความกว้างเต้านมหลัง (Udder Width, UW)	0.98	แคบ Narrow							กว้าง Wide
การเกาะยึดเต้านมหน้า (Fore Udder Attachment, FUA)	-1.52	อ่อนแอ Weak							แข็งแรง Strong
เอ็นยึดเต้านมหลัง (Udder Cleft, UC)	2.14	อ่อนแอ Weak							แข็งแรง Strong
ความลึกเต้านม (Udder Depth, UD)	-0.12	ตื้น Shallow							ลึก Deep
ขนาดหัวนม (Teat Size, TS)	0.56	เล็ก small							ใหญ่ Big
ความยาวเต้านมหน้า (Fore Udder Length, FUL)	0.75	สั้น Short							ยาว Long
ความสมดุลเต้านม (Udder Balance, UB)	1.50	เต้านมหลังต่ำ Low Rear Udder							เต้านมหน้าต่ำ Low Front Udder
จำนวนลูกสาว (ตัว/ฝูง) Daughters (Heads/Herds)	32/12		ค่าความแม่นยำ (Accuracy)				0.42		

รูปภาพที่ 5-8 แสดงรายละเอียดของค่าพันธุกรรมจีโนมมาตรฐานสำหรับลักษณะรูปร่างของพ่อกุ้ง

ตัวอย่างพ่อพันธุ์ TH362 ชื่อ AXE (รูปภาพที่ 5-8) มีค่า SGBV ของลักษณะเอ็นยัดเต้านมหลังเท่ากับ +2.14 แสดงว่าเป็นพ่อพันธุ์ที่ให้ลูกสาวที่มีเอ็นยัดเต้านมหลังที่แข็งแรง ค่า +2.14 จึงบอกให้เราทราบว่าพ่อพันธุ์ตัวนี้มีพันธุกรรมด้านความแข็งแรงของเอ็นยัดเต้านมหลังสูงกว่าค่าเฉลี่ยของประชากร ค่า SGBV สามารถใช้ในการกำหนดเป้าหมายการปรับปรุงพันธุ์ด้านลักษณะรูปร่างสำหรับโคนมในฝูงโดยเกษตรกรเจ้าของฟาร์มอาจกำหนดค่า SGBV ขั้นต่ำของลักษณะที่ต้องการปรับปรุงและเลือกใช้พ่อพันธุ์ที่มีค่า SGBV ตามที่กำหนดจะทำให้ได้ลูกสาวที่มีลักษณะรูปร่างที่ดีขึ้นในฝูงในรุ่นต่อไป

5) ผลผลิตน้ำนมของลูกสาว

นอกจากรูปภาพที่แสดงลักษณะรูปร่างของลูกสาวของพ่อพันธุ์แต่ละตัวแล้ว รายละเอียดการแสดงผลของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมของลูกสาวก็ได้ถูกนำเสนอในสมุดพ่อพันธุ์ด้วยดังแสดงในรูปภาพที่ 5-9

1-11 2x 305d 5,168M 193F 3.86%F 158P 3.16%P 12.38%TS 1.22FP
2-10 2x 305d 5,041M 132F 3.39%F 121P 3.12%P 11.87%TS 1.09FP

รูปภาพที่ 5-9 แสดงรายละเอียดการแสดงผลของการให้ผลผลิตน้ำนมของลูกสาวของพ่อพันธุ์

รายละเอียดของการให้ผลผลิตน้ำนมของลูกสาวของพ่อพันธุ์ในแต่ละรอบการให้นม (รูปภาพที่ 5-9) ประกอบด้วย อายุของลูกสาว (ปี-เดือน) (1-11 หรือ 2-10) จำนวนครั้งของการรีดนมต่อวัน (2x) ผลผลิตน้ำนมที่ 305 วัน (305d) ปริมาณน้ำนม (5,168M หรือ 5,041M, กก.) ปริมาณไขมัน (193F หรือ 132F, กก.) เปอร์เซ็นต์ไขมัน (3.86%F หรือ 3.39%F) ปริมาณโปรตีน (158P หรือ 121P, กก.) เปอร์เซ็นต์โปรตีน (3.16%P หรือ 3.12%P) เปอร์เซ็นต์ของแข็งในน้ำนมทั้งหมด (12.38%TS หรือ 11.87%TS) และสัดส่วนไขมันต่อโปรตีน (1.22FP หรือ 1.09FP)

5.5.2 การพิจารณาเลือกใช้น้ำเชื้อจากพ่อพันธุ์ในสมุดพ่อพันธุ์

ในการเลือกใช้หรือซื้อน้ำเชื้อพ่อพันธุ์จากแคตาล็อก หรือสมุดพ่อพันธุ์โคนม สิ่งแรกที่เราต้องคำนึงถึงคือวางแผนเลือกลักษณะที่ต้องการปรับปรุงหรือแก้ปัญหาโคนมของเราในส่วนใดในฟาร์มเสียก่อนจึงพิจารณาเลือกใช้น้ำเชื้อที่มีคุณลักษณะตามต้องการต่อไป เช่น หากต้องการยกระดับผลผลิตปริมาณน้ำนมของฟาร์มให้สูงขึ้นจำเป็นต้องเลือกใช้พ่อพันธุ์ที่มีความสามารถทางพันธุกรรมที่มีค่าการผสมพันธุ์จีโนมของลักษณะปริมาณการให้ผลผลิตน้ำนมสูง แต่ถ้าต้องการปรับลักษณะรูปร่างของโคนมให้เป็นในลักษณะโคนมที่ดีซึ่งอาจมีผลต่อการให้ผลผลิตน้ำนม ความสมบูรณ์พันธุ์ และการมีอายุยืนนานของแม่โคในรุ่นต่อไป จำเป็นต้องเลือกใช้น้ำเชื้อพ่อพันธุ์ที่มีค่าทางพันธุกรรมของลักษณะที่ต้องการปรับปรุง ตัวอย่างเช่น หากต้องการปรับปรุงความกว้างสะโพก (RW) ของแม่โคที่แคบ หรือเอ็นยัดเต้านมหลัง (UC) ที่อ่อนแอ เพื่อให้ลูกสาวที่เกิดในรุ่นต่อมามีความกว้างสะโพกที่กว้างขึ้นเพื่อช่วยให้คลอดง่าย หรือเอ็นยัดเต้านมหลังที่แข็งแรงขึ้นเพื่อช่วยให้อายุการใช้งานของแม่โคยืนนาน จำเป็นต้องเลือกใช้น้ำเชื้อพ่อพันธุ์ที่มีความสามารถในการ

ถ่ายทอดลักษณะความกว้างสะโพกที่กว้าง และเอ็นยึดเต้านมหลังที่แข็งแรงมากๆ เป็นต้น อย่างไรก็ตามให้เปรียบเทียบการคัดเลือกน้ำเชื้อพ่อพันธุ์เพื่อใช้ผสมเทียมระหว่างพ่อพันธุ์ที่มาจากประเทศเดียวกัน

จากรูปภาพที่ 5-7 ซึ่งเป็นตัวอย่างรายละเอียดของค่าพันธุกรรมจีโนมของพ่อพันธุ์โคนมที่ผ่านการประเมินของกรมปศุสัตว์ (พ่อพันธุ์หมายเลข TH362 ชื่อ AXE) ที่มีค่าการผสมพันธุ์จีโนมของปริมาณน้ำนมที่ 305 มีค่าเท่ากับ 575.46 หมายความว่าพ่อพันธุ์ตัวดังกล่าวจะให้ผลผลิตปริมาณน้ำนมสูงกว่าค่าเฉลี่ยของฝูงเท่ากับ 575.46 กิโลกรัม (โดยคำนวณจากข้อมูลจากลูกสาว และญาติพี่น้อง) และมีความน่าเชื่อถือของข้อมูลดังกล่าว 94% หมายความว่าถ้าค่าเฉลี่ยปริมาณน้ำนมของประชากรในปีนี้เท่ากับ 4,310 กก. แสดงว่าพ่อโคตัวนี้มีความสามารถในการให้ผลผลิตปริมาณน้ำนมเท่ากับ $4,310 + 575.46 = 4,885.46$ กก.) อย่างไรก็ตามค่าการผสมพันธุ์จีโนมขององค์ประกอบน้ำนมจากพ่อโคตัวนี้มีค่าที่ต่ำกว่าค่าเฉลี่ยฝูงในทุกลักษณะ (จากตารางค่าดังกล่าวเป็นค่าติดลบ) ดังนั้นพ่อพันธุ์ตัวนี้จึงมีความสามารถทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณการให้ผลผลิตน้ำนม แต่องค์ประกอบน้ำนมอาจไม่ดีเท่าที่ควรเนื่องจากมีค่าเป็นลบ เกษตรกรที่เลือกใช้น้ำเชื้อพ่อพันธุ์ตัวนี้อาจจะมีผลต่อองค์ประกอบน้ำนมในลูกสาวที่จะเกิดในรุ่นถัดมา

ในส่วน of ลักษณะรูปร่าง ถ้าต้องการปรับความกว้างสะโพก (RW) ของแม่โคที่แคบ หรือเอ็นยึดเต้านมหลัง (UC) ที่อ่อนแอ พบว่าพ่อพันธุ์ AXE มีค่าบวกทั้งลักษณะความกว้างสะโพก ($RW = 1.18$) และเอ็นยึดเต้านมหลัง ($UC = 2.14$) ซึ่งหมายถึงลักษณะดังกล่าวมีค่าสูงกว่าค่าเฉลี่ยประชากร จึงสามารถช่วยปรับให้ความกว้างสะโพกและเอ็นยึดเต้านมในรุ่นถัดมา ทำให้ลูกสาวที่เกิดในรุ่นต่อมามีความกว้างสะโพกที่กว้างขึ้น หรือเอ็นยึดเต้านมหลังที่แข็งแรงขึ้น

บรรณานุกรม

Reference

- กรมปศุสัตว์. 2534. การประชุมสัมมนาข้าราชการกรมปศุสัตว์ที่ปฏิบัติภารกิจในโครงการพัฒนาโคนม กิจกรรมพัฒนาและผลิตน้ำเชื้อพ่อโคนมพันธุ์ดี (Master Bull Project), 5-6 สิงหาคม 2534 ณ โรงแรมแมนดาริน เขตปทุมวัน, กรุงเทพฯ.
- กรมปศุสัตว์. 2547. สมุดพ่อพันธุ์กรมปศุสัตว์ 2547. สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์. พิมพ์ที่ชุมนุมสหกรณ์การเกษตรแห่งประเทศไทย 50 หน้า. Available from URL: https://biotech.dld.go.th/webnew/images/Sire_Summary/2547/Sire_Summary2547.pdf [26 June 2021].
- กรมปศุสัตว์. 2552. ข้อควรพิจารณาในการจัดการให้อาหารโคนม. Available from URL: <http://km.dld.go.th/th/index.php/th/research-system/knowledge-office/82-present-general/153-2009-12-24-02-24-28> [7 November 2020].
- กรมปศุสัตว์. 2559. สมุดพ่อพันธุ์กรมปศุสัตว์ 2559. สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์. พิมพ์ที่ชุมนุมสหกรณ์การเกษตรแห่งประเทศไทย 79 หน้า. Available from URL: https://biotech.dld.go.th/webnew/images/Sire_Summary/S2559/Sire-Summary-2559.pdf [26 June 2021].
- กรมปศุสัตว์. 2560. สมุดพ่อพันธุ์กรมปศุสัตว์ 2560. สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์. พิมพ์ที่ชุมนุมสหกรณ์การเกษตรแห่งประเทศไทย 79 หน้า. Available from URL: https://biotech.dld.go.th/webnew/images/Sire_Summary/2560/Sire_Summary-2560.pdf [26 June 2021].
- กรมปศุสัตว์. 2561. สมุดพ่อพันธุ์กรมปศุสัตว์ 2561. สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์. พิมพ์ที่ชุมนุมสหกรณ์การเกษตรแห่งประเทศไทย 81 หน้า. Available from URL: https://biotech.dld.go.th/webnew/images/Sire_Summary/2561/Sire_Summary2561.pdf [26 June 2021].

- กรมปศุสัตว์. 2562. สมุดฟ่อนพันธุ์กรมปศุสัตว์ 2562. สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์. พิมพ์ที่ชุมนุมสหกรณ์การเกษตรแห่งประเทศไทย. 87 หน้า.
- จิระชัย กาญจนพถพิพงศ์. 2542. Introduction to Dairy Nutrition in the Tropical Environment. โครงการฝึกอบรมเชิงปฏิบัติการ การจัดการดูแลและบำบัดโรคที่สำคัญในโคนมเพื่อเพิ่มผลผลิต. 14-17 มิถุนายน 2542.
- จूरรัตน์ แสนโกชน์ และ สายัณห์ บัวบาน. 2546. การประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะผลผลิตน้ำนมสำหรับโคนมในประเทศไทย. เวชสารสัตวแพทย์ 33:80-90.
- จूरรัตน์ แสนโกชน์. 2552. คู่มือการประเมินและคัดเลือกกรูปร่างโคนม. สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์. 84 หน้า. Available from URL: http://biotech.dld.go.th/webnew/Data/Download/Work_Manual/Type%20traits%20manual%20230810.pdf [26 June 2021].
- จूरรัตน์ แสนโกชน์. 2555. ทิศทางการพัฒนาพันธุ์โคนม TROPICAL HOLSTEIN. แก่นเกษตร. 40(ฉบับพิเศษ 2):104-109.
- ฉลอง วชิราภกร. 2546. การจัดการด้านอาหารโคนมต่อผลผลิตและองค์ประกอบน้ำนม. เอกสารประกอบการประชุมวิชาการโคนม น้ำนมโคคุณภาพสู่ผู้บริโภค. 23-24 มกราคม 2546.
- เชิดชาย โยธารินทร์, ฉลอง วชิราภกร, เณิมพล เยื้องกลาง, ณพพงศ์พจน์สุภาพ และ จันทิรา วงศ์เนตร. 2556. ผลของการเสริมกรดอะมิโนในสูตรอาหารผสมสำเร็จที่มีการใช้กากมันสำปะหลังแห้งต่อปริมาณการกินได้ การกินได้ การย่อยได้ ผลผลิตน้ำนม และองค์ประกอบน้ำนมในโคให้นม. สัตวแพทย์มหานครสาร. 8(2):53-69.
- ณรงค์ เลี้ยงเจริญ, อนนท์ เทืองสันเทียะ, บุญชู ศรีสุข และ มาลี อภิเมธีธำรง. 2547. การเก็บโอโอไซด์โคพื้นเมืองภาคใต้ผ่านทางผนังช่องคลอดโดยไม่ใช้เครื่องอัลตราซาวด์. ประชุมสัมมนาวิชาการปศุสัตว์ ครั้งที่ 19. วันที่ 26-30 พฤษภาคม 2547 ณ พิพิธภัณฑ์การเกษตรเฉลิมพระเกียรติ, ปทุมธานี. ซีดีรอม.
- ปิยะนันท์ นวลหนูปล้อง. 2551. การประมาณกราฟพันธุกรรมการให้น้ำนมโดยโมเดลวันทดสอบรีเกรสชันสุ่มที่มีการปรับอิทธิพลของ heterogeneous variance ในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์. วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- ภาคภูมิ เสาวภาคย์. 2552. การศึกษาโมเดลรีเกรสชันสุ่มเพื่อประเมินพันธุกรรมลักษณะความคงทนของการให้น้ำนมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์ฟรีเซียนที่ให้ลูกครั้งแรก. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตสัตว์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี, นครราชสีมา.

- มนต์ชัย ดวงจินดา. 2548. การประเมินพันธุกรรมสัตว์. ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น จังหวัดขอนแก่น. 341 หน้า.
- มนต์ชัย ดวงจินดา. Genetic Improvement Perspectives 2562. การฝึกอบรม “การประเมินพันธุกรรมสัตว์ด้วย ข้อมูลจีโนมโปรแกรม PGE (Pig genetic evaluation) และ BLUPF90”. 22-28 มิถุนายน 2562 โรงแรม ราชาวดี อ. เมือง, จังหวัดขอนแก่น.
- เมธา วรรณพัฒน์. 2546. จุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก: หัวใจของความสำเร็จในการผลิตโคนม. เอกสารประกอบการ สัมมนา-เสวนาโคนม อาหาร สุขภาพ การสืบพันธุ์ และคุณภาพน้ำนมโค. 29-30 กันยายน 2546.
- รพีพรรณ เอื้อเวชนิชกุล. 2552. การตรวจวิเคราะห์คุณภาพน้ำเชื้อ. Available from URL: <http://km.dld.go.th/th/images/stories/document/division/biotech/documents/Semen/semenqcmanual.pdf> [26 June 2021].
- วรางคณา กิจพิพิธ. 2545. การประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะความคงทนในการให้นมในโคนมลูกผสมโดยใช้ โมเดลถดถอยเชิงสุ่ม. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ภาควิชา สัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, กรุงเทพฯ.
- วิรัช สันทวีวรกุล. 2545. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการให้น้ำนมของโคนมลูกผสม โฮลสไตน์ฟรีเชียนโดยใช้ Multiple-trait model และ random regression test day model ด้วย วิธีrestricted maximum likelihood (REML). วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรดุษฎีบัณฑิต สาขา เทคโนโลยีการผลิตสัตว์มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี, นครราชสีมา.
- วิชัย ทิพย์วงศ์. 2547. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ในโคนมลูกผสม โฮลสไตน์ฟรีเชียน. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- วิริยาพร ศิริกุล อภิขญา ดวงรัตนประทีป อัจฉราภรณ์ สุขเจริญ และน้ำทอง ชำนิจ. 2563. การรักษาโรคเต้านมอักเสบ ในปศุสัตว์. ศูนย์การศึกษาต่อเนื่องทางเภสัชศาสตร์ สภาเภสัชกรรม. Available from URL: https://ccpe.pharmacycouncil.org/index.php?option=article_detail&subpage=article_detail&id=792 [21 March 2021].
- วิโรจ สันตะละ. 2550. การประมาณค่าทางพันธุกรรมและคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะโครงร่างในโคนมลูกผสม โฮลสไตน์ฟรีเชียน. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.

- วุฒิไกร บุญคุ้ม. 2546. การประมาณกราฟการให้นมเนื่องจากอิทธิพลทางพันธุกรรมในโคนมลูกผสมโฮลสไตน์โดยใช้ตัวแบบวันทดสอบรีเกรซชันสุ่มและพหุตัวแปร. วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น.
- ศกร คุณวุฒิฤทธิ์. 2560. การประเมินพันธุกรรมสัตว์. ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กรุงเทพฯ 178 หน้า.
- ศุภมิตร เมฆฉาย. 2555. การประยุกต์ใช้เครื่องหมายทางพันธุกรรมในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์. เก่งเกษตร. 40(ฉบับพิเศษ 2): 51-54.
- สถาบันสุขภาพสัตว์แห่งชาติ. เต้านมอักเสบ (Mastitis). กรมปศุสัตว์. Available from URL: <http://niah.dld.go.th/th/AnimalDisease/index.html> [7 November 2020].
- สายัณห์ บัวบาน เกียรติศักดิ์ เหล็งหนูดำ วุฒิไกร บุญคุ้ม และ เพราพิลาส ภักดีดินแดน. 2564. การศึกษาความสัมพันธ์เชื่อมโยงในจีโนมสำหรับลักษณะสุขภาพเต้านมของโคนมไทยโดยใช้วิธีการแบบขั้นตอนเดียวที่มีการถ่วงน้ำหนักด้วยโมเดลวันทดสอบการถดถอยแบบสุ่ม. เก่งเกษตร. 49 (2):491-508.
- สายัณห์ บัวบาน จุริรัตน์ แสนโกชน มนต์ชัย ดวงจินดา และ วุฒิไกร บุญคุ้ม. 2556. การเปรียบเทียบโมเดลทางพันธุกรรมระหว่างค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนแบบคงที่และไม่คงที่ในโคนมลูกผสมไทยโฮลสไตน์โดยใช้โมเดลวันทดสอบรีเกรซชันสุ่ม. เก่งเกษตร. 41:143-152.
- สายัณห์ บัวบาน จุริรัตน์ แสนโกชน และ มนต์ชัย ดวงจินดา. 2561. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมสำหรับลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ในโคนมลูกผสม เก่งเกษตร. 46(4):767-778.
- สายัณห์ บัวบาน มนต์ชัย ดวงจินดา วุฒิไกร บุญคุ้ม สมศักดิ์ เปรมปรีดิ์ เกียรติศักดิ์ เหล็งหนูดำ และ ณัฐนันท์ ศิริรัตนัญญะกุล. 2563. รายงานฉบับสมบูรณ์การประเมินพันธุกรรมจีโนมเพื่อการปรับปรุงพันธุ์โคนมทรอปิคอลโฮลสไตน์ในประเทศไทย. สำนักงานพัฒนาการวิจัยการเกษตร (องค์การมหาชน). 217 หน้า
- สายัณห์ บัวบาน, เกียรติศักดิ์ เหล็งหนูดำ และ มนต์ชัย ดวงจินดา. 2563. การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและค่าแนวโน้มทางพันธุกรรมสำหรับลักษณะความต้านทานเต้านมอักเสบของแม่โคนมไทยโดยใช้ข้อมูลในวันทดสอบ. เก่งเกษตร. 48 (1): 23-34.
- สายัณห์ บัวบาน, สมศักดิ์ เปรมปรีดิ์ และ มนต์ชัย ดวงจินดา. 2564. การทำนายค่าพันธุกรรมจีโนมของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมสำหรับโคนมไทยโดยใช้วิธีการแบบขั้นตอนเดียวด้วยโมเดลวันทดสอบการถดถอยแบบสุ่ม. วารสารเทคโนโลยีชีวภาพ. 5:33-59.
- สายัณห์ บัวบาน. 2543. การประเมินค่าทางพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมในโคนมลูกผสมโดยใช้บันทึกผลผลิตในวันทดสอบ. วิทยานิพนธ์ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, กรุงเทพฯ.

สำนักควบคุม ป้องกัน และบำบัดโรคสัตว์. คู่มือหลักการจัดการสุขภาพและผลผลิตในฟาร์มโคนม. กรมปศุสัตว์. 2562.

Available from URL:

<http://dcontrol.dld.go.th/webnew/images/stories/news/executive/hhufonmaiya.pdf>

[22 March 2021].

สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์. 2547. คู่มือผสมเทียม 50 หน้า.

สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์. 2559. 60 ปี งานผสมเทียมในประเทศไทย. กรมปศุสัตว์. 247 หน้า.

สุรินทร์ ปิยะโชคณากุล. 2552. เครื่องหมายดีเอ็นเอ: จากพื้นฐานสู่การประยุกต์. ภาควิชาพันธุศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ. 269 หน้า.

Abdel-Azim, G. A., and P. J. Berger. 1999. Properties of threshold model predictions. *J. Anim Sci.* 77:582–590.

Aguilar, I., I. Misztal, D. L. Johnson, A. Legarra, S. Tsuruta, and T. J. Lawlor. 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J. Dairy Sci.* 93:743–752.

Australian Dairy Herd Improvement Scheme. 2008. The benefits of herd recording. Tech note No. 7. September 2008, Ver. 1. Available from URL: <https://genaustr.com.au/sites/default/files/resources/technical-article-pdfs/adhis%20technote%207.pdf> [7 November 2020].

Avendaño, S., K. A. Watson, and A. Kranis. 2010. Genomics in poultry breeding – From utopias to deliverables. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Leipzig, Germany, August 1-6, 2010.

Berry, D. P., K. G. Meade, M. P. Mullen, S. Butler, M. G. Diskin, D. Morris and C. J. Creevey. 2011. The integration of ‘omic’ disciplines and systems biology in cattle breeding. *Anim.* 5(4):493–505.

Beuzen, N. D., M. J. Stear, and K. C. Chang. 2000. Molecular markers and their use in animal breeding. *Vet. J.* 160:42–52.

Boichard, D., H. Chung, R. Dasonneville, X. David, A. Eggen, S. Fritz, and G. R. Wiggans. 2012. Design of a bovine low-density SNP array optimized for imputation. *PloS one.* 7(3):e34130.

Boichard, D., V. Ducrocq, P. Croiseau, and S. Fritz. 2016. Genomic selection in domestic animals: Principles, applications and perspectives. *C. R. Biol.* 339:274–277.

- Buaban, S. and J. Sanpote. 2010. Comparison of breeding values predicted with lactation model and test-day model in crossbred dairy cattle. *J. Biotech. Livest. Prod.* 5:33–59.
- Buaban, S., K. Kuchida, M. Suzuki, Y. Masuda, W. Boonkum and M. Duangjinda. 2015b. Genetic analysis of the rates of conception using a longitudinal threshold model with random regression in dairy crossbreeding within a tropical environment. *Anim. Sci. J.* 87:961–971
- Buaban, S., M. Duangjinda, M. Suzuki, Y. Masuda, J. Sanpote, and K. Kuchida. 2015a. Short communication: Genetic analysis for fertility traits of heifers and cows from smallholder dairy farms in a tropical environment. *J. Dairy Sci.* 98:1592–1596.
- Buaban, S., M. Duangjinda, M. Suzuki, Y. Masuda, W. Boonkum and K. Kuchida. 2016. Genetic relationships of fertility traits with test-day milk yield and fat-to-protein ratio in tropical smallholder dairy farms. *Anim. Sci. J.* 87:627–637.
- Buaban, S., S. Prempre, P. Sumreddee, M. Duangjinda, and Y. Masuda. 2021. Genomic prediction of milk production traits and somatic cell score using single-step genomic BLUP with random regression test-day model in Thai dairy cattle. *J. Dairy Sci* (Inpress)
- Buaban, S., S. Puangdee, M. Duangjinda, and W. Boonkum. 2019. Genetic parameters and trends for production traits of dairy cattle in Thailand using a multiple-trait multiple-lactation test day model. *Asian-Australas J Anim Sci.* 33(9):1387–1399.
- Caraviello, D. Z., K. A. Weigel, and D. Gianola. 2004. Prediction of Longevity Breeding Values for US Holstein Sires Using Survival Analysis Methodology. *J. Dairy Sci.* 87: 3518–3525.
- Caraviello, D. Z., K. A. Weigel, G. E. Shook, and P. L. Ruegg. 2005. Assessment of the Impact of Somatic Cell Count on Functional Longevity in Holstein and Jersey Cattle Using Survival Analysis Methodology. *J. Dairy Sci.* 88: 804–811.
- Carlén, E., U. Emanuelson, and E. Strandberg. 2006. Genetic Evaluation of Mastitis in Dairy Cattle Using Linear Models, Threshold Models, and Survival Analysis: A Simulation Study. *J. Dairy Sci.* 89: 4049–4057.
- Christensen O. F., and M. S. Lund. 2010. Genomic prediction when some animals are not genotyped. *Genet Sel Evol.* 42:1–8.

- Christensen, O. F., P. Madsen, B. Nielsen, T. Ostensen, and G. Su. 2012. Single-step methods for genomic evaluation in pigs. *Animal* 6:1565–1571.
- Collard B. C. Y, Jahufer M. Z. Z, Brouwer J. B, Pang E. C. K. 2005 An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: the basic concepts. *Euphytica*. 142:169–196.
- Creighton, K.W., Wilson, C.B., Klopfenstein, T.J. and Adams, D.C. 2003. Undegradable intake protein supplementation of compensating spring-born steers and summer-born steers and during summer grazing. *J. Anim. Sci.* 79: 1944-1953.
- Daetwyler, H. D., J. M. Hickey, J. M. Henshall, S. Dominik, B. Gredler, J. H. J. Van Der Werf, and B. J. Hayes. 2010. Accuracy of estimated genomic breeding values for wool and meat traits in a multi-breed sheep population. *Anim. Prod. Sci.* 50:1004–1010.
- Dalton, C. D. and C. A. Morris. A review of central performance testing of beef bulls and of recent research in New Zealand. *Livest. Prod. Sci.* 5(2):147-157.
- Dekkers, J. C. M. 2004. Commercial application of marker-and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons. *J. Anim. Sci.* 82: E313–E328.
- Dekkers, J. C. M., and F. Hospital. 2002. The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nat. Rev. Genet.* 3:22–32.
- Dezetter, C. 2021. Intensity of selection. In: *Genetics of dairy production*. Available from URL: https://www.groupe-esa.com/ladmec/bricks_modules/brick05/co/ZBO_Brick05_28.html. [18 January 2021].
- Dickerson, G. E., and L. N. Hazel, 1944. Effectiveness of selection on progeny performance as a supplement to earlier culling in livestock. *J. Agr. Res.* 69: 459-476.
- Dodgson, J. B., H. H. Cheng, and R. Okimoto. 1997. DNA marker technology: A revolution in animal genetics. *Poult. Sci.* 76: 1108–1114.
- Eldridge, F. E. 1985. Banding of Chromosomes and Karyotyping. In: *Cytogenetics of Livestock*, Eldridge, F. E. (Ed.). The AVI Publ. Co., Inc., Westport, CT., pp: 45-55.
- Emara, M. G., and H. Kim. 2003. Genetic markers and their application in poultry breeding. *Poult. Sci.* 82: 952–957.

- Estrada-León, R. J., J. G. Magana, and J. C. Segura-Correa. 2008. Genetic parameters for reproductive traits of Brown Swiss cows in the tropics of Mexico. *J. Anim. Vet. Adv.* 7:124–129.
- Falconer, D. S., and T. F. C. Mackay. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. Longmans Green, Harlow, Essex, UK.
- Farmer Weekly reporter. 23 November 2017. Available from URL: <https://www.fwi.co.uk/livestock/livestock-feed-nutrition/how-prevent-negative-energy-balance-dairy-cows> [22 March 2021].
- Ferré, L. B., M. E. Kjelland, L. B. Strøbech, P. Hyttel, P. Mermillod and P. J. Ross. 2020. Review: Recent advances in bovine in vitro embryo production: reproductive biotechnology history and methods. *Animal*. 14(5):991–1004.
- Fulton, J. E. 2008. Molecular genetics in a modern poultry breeding organization. *World's Poult. Sci. J.* 64: 171–176.
- Gao, H., G. Su, L. Janss, Y. Zhang, and M. S. Lund. 2013. Model comparison on genomic predictions using high-density markers for different groups of bulls in the Nordic Holstein population. *J. Dairy Sci.* 96:4678–4687.
- García-Ruiz, A., J. B. Cole, P. M. VanRaden, and G. R. Wiggans. 2016. Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. Article in *Proc Natl. Acad. Sci.* 113(28):E3995–E4004.
- Garrick, D. J., J. F. Taylor, and R. L. Fernando. 2009. Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. *Genet. Sel. Evol.* 41:55.
- Gengler, N., A. Tijani, G.R. Wiggans, and I. Misztal. 1999. Estimation of (co)variance function coefficient for test-day yield with expectation-maximization restricted maximum likelihood algorithm. *J. Dairy Sci.* 82:225.
- Ghavi Hossein-Zadeh, N. 2011. Genetic and phenotypic trends for age at first calving and milk yield and compositions in Holstein dairy cows. *Arch Tierz.* 54:338–347.
- Gianola, D. 1982. Theory and Analysis of Threshold Characters. *J. Anim Sci.* 54: 1079–1096.
- Goddard, M. 2009. Genomic selection: Prediction of accuracy and maximization of long-term response. *Genetica*. 136:245–257.

- Habier, D., R. L. Fernando, and J. C. Dekkers. 2009. Genomic selection using low-density marker panels. *Genetics*. 182(1):343-353.
- Habier, D., R. L. Fernando, K. Kizilkaya, and D. J. Garrick. 2011. Extension of the Bayesian alphabet for genomic selection. *BMC Bioinformatics* 12:12.
- Hansen, C., N. Yi, Y. M. Zhang, S. Xu, J. Gavora, and H. H. Cheng. 2005. Identification of QTL for production traits in chickens. *Anim. Biotechnol.* 16:67–79.
- Harris B, and D. Johnson. 2010. Genomic predictions for New Zealand dairy bulls and integration with national genetic evaluation. *J Dairy Sci.* 93(3):1243–1252.
- Hasler, J. F., W. B. Henderson, P. J. Hurtgen, Z. Q. Jin, A. D. McCauley, S. A. Mower, B. Neely, L. S. Shuey, J. E. Stokes, and S. A. Trimmer. 1995. Production, freezing and transfer of IVF embryos and subsequent calving results. *Theriogenology* 43:141–152.
- Hayes, B. J., P. J. Bowman, A. J. Chamberlain, and M. E. Goddard. 2009a. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *J. Dairy Sci.* 92:433–443.
- Hayes, B. J., P. J. Bowman, A.C. Chamberlain, K. Verbyla, and M. E. Goddard. 2009b. Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations. *Genet. Sel. Evol.* 41:51.
- Heger, A., M. Sator, and D. Pietrowski. 2012. Endometrial Receptivity and its Predictive Value for IVF/ICSI-Outcome. *Geburtshilfe Frauenheilkd* 72(8):710–715.
- Henderson, C. R. 1984. Applications of Linear Models in Animal Breeding. Can. Catal. Publ. Data. Univ. Guelph, Guelph, ON, Canada.
- Heringstad, B., R. Rekaya, D. Gianola, G. Klemetsdal, and K. A. Weigel. 2001. Bayesian Analysis of Liability of Clinical Mastitis in Norwegian Cattle with a Threshold Model: Effects of Data Sampling Method and Model Specification. *J. Dairy Sci.* 84:2337–2346.
- Heringstad, B., Y. M. Chang, I. M. Andersen-Ranberg, and D. Gianola. 2006. Genetic Analysis of Number of Mastitis Cases and Number of Services to Conception Using a Censored Threshold Model. *J. Dairy Sci.* 89:4042–4048.
- Heuer, C., Y. H. Schukken, and P. Dobbelaar. 1999. Postpartum body condition score and results from the first test day milk as predictors of disease, fertility, yield, and culling in commercial dairy herds. *J. Dairy Sci.* 82:295–304.

- Ibanez-Escriche, N. and O. Gonzalez-Recio. 2011. Review. Promises, pitfalls and challenges of genomic selection in breeding programs. *Spanish J. Agri. Res.* 9(2): 404–413.
- Intaratham, W., S. Koonawootrittriron, P. Sopannarath, H. U. Graser, and S. Tumwasorn. 2008. Genetic parameters and annual trends for birth and weaning weights of a northeastern Thai indigenous cattle line. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 21:478–483.
- 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., and L. R. Schaeffer. 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. *J. Dairy Sci.* 80:762–770.
- Jamrozik, J., G. J. Kistemaker, J. C. M. Dekkers, and L. R. Schaeffer. 1997a. Comparison of Possible Covariates for Use in a Random Regression Model for Analyses of Test Day Yields. *J. Dairy Sci.* 80: 2550–2556.
- Jamrozik, J., L. R. Schaeffer, and J. C. M. Dekkers. 1997b. Genetic Evaluation of Dairy Cattle Using Test Day Yields and Random Regression Model. *J. Dairy Sci* 80: 1217–1226.
- Jattawa D., M. Elzo, S. Koonawootrittriron, and T. Suwanasopee. 2016. Genomic-polygenic and polygenic evaluations for milk yield and fat percentage using random regression models with Legendre polynomials in a Thai multibreed dairy population. *Livest. Sci.* 188:133–141.
- Kadarmideen, H. N., and M. P. Coffey. 2001. Quality and validation of insemination data for national genetic evaluations for dairy cow fertility in the United Kingdom. *Proc of the INTERBULL Meeting, Budapest, Hungary.* INTERBULL Bull. 27:133–138.
- Kang, H., L. Zhou, R. Mrode, Q. Zhang, and J. F. Liu. 2017. Incorporating the single-step strategy into a random regression model to enhance genomic prediction of longitudinal traits. *Heredity.* 119:459–467.
- Keuhn, L. and T. Olson. Genetic diseases in cattle. *Cornell Applied Dairy Cattle Genetics.* Available from URL: <https://blogs.cornell.edu/dairygenetics/research/genetic-diseases/> [22 March 2021].

- Kinghorn, B. P., B. W. Kennedy, and H. C. Smith. 1993. A method of screening for genes of major effect. *Genetics*. 134:351–360.
- Koivula M., I. Strandén, J. Poso, G. P. Aamand, and E. A. Mäntysaari. 2015. Single-step genomic evaluation using multitrait random regression model and test-day data. *J Dairy Sci*. 98:2775–2784.
- Koivula, M., I. Strandén, G. Su, and E. A. Mäntysaari. 2012. Different methods to calculate genomic predictions comparisons of BLUP at the single nucleotide polymorphism level (SNP-BLUP), BLUP at the individual level (G-BLUP), and the one-step approach (H-BLUP). *J. Dairy Sci*. 95:4065–4073.
- König, S., H. Simianer, and A. Willam, 2009. Economic evaluation of genomic breeding programs. *J. Dairy Sci*. 92(1):382–391.
- Koning, D. J., D. Windsor, P. M. Hocking, D. W. Burt, A. Law, C. S. Haley, A. Morris, J. Vincent, and H. Griffin. 2003. Quantitative trait locus detection in commercial broiler lines using candidate regions. *J. Anim. Sci*. 81: 1158–1165.
- Kuhnlein, U., S. E. Aggrey, N. Kansaku, and D. Zadworny. 2003. DNA polymorphisms in functional genes. *Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology*. ©CAB International. eds W.M. Muir and S.E. Aggrey. P.647–663.
- Lee, J. K., P. M. VanRaden, H. D. Norman, G. R. Wiggans, and T. R. Meinert. 2008. Relationship of Yield During Early Lactation and Days Open During Current Lactation with 305-Day Yield. *J. Dairy Sci*. 80:771–776.
- Legarra A, C. R. Granié, E. Manfredi, J. M. Elsen. 2008. Performance of genomic selection in mice. *Genetics*. 180:611–618.
- Legarra, A., I. Aguilar, and I. Misztal. 2009. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *J. Dairy Sci*. 92:4656–4663.
- Legarra, A., O. F. Chistensen, I. Aguilar, and I. Misztal. 2014. Single step, a general approach for genomic selection. *Livest. Prod. Sci*. 166:54–65.

- Lopes, A. S., T. Martinussen, and H. Callesen. 2006. Effect of days post-partum, breed and ovum pick-up scheme on bovine oocyte recovery and embryo development. *Reprod. Dom. Anim.* 41:196–203.
- Lourenco, D. A. L., I. Misztal, S. Tsuruta, I. Aguilar, T. J. Lawlor, S. Forni, and J. I. Weller. 2014. Are evaluations on young genotyped animals benefiting from the past generations? *J. Dairy Sci.* 97:3930–3942.
- Lund, M. S., A. P. W. de Roos, A. G. de Vries, T. Druet, V. Ducrocq, S. Fritz, F. Guillaume, B. Guldbrandtsen, Z. Liu, R. Reents, C. Schrooten, F. Seefried, and G. Su. 2011. A common reference population from four European Holstein populations increases reliability of genomic predictions. *Genet. Sel. Evol.* 43:43.
- Ma, P., F. Brøndum, Q. Zhang, m. S. Lund, and G. Su. 2013. Comparison of different methods for imputing genome-wide marker genotypes in Swedish and Finnish red Cattle. *J. Dairy Sci.* 96:4666–4677.
- Makgahlela, M. L., T. Knürr, G. Aamand, I. Strandén, and E. Mäntysaari. 2013. Single stepevaluations using haplotype segments. *Interbull Bull.* 47:217–221.
- Mäntysaari, E. A. and M. Koivula. 2012. GEBV Validation Test Revisited. *Interbull Bull.* 45:1–5.
- Mark, T., and P. G. Sullivan. 2006. Multiple-Trait Multiple-Country Genetic Evaluations for Udder Health Traits. *J. Dairy Sci.* 89:4874–4885.
- Marketplus. 2016. พระบิดาแห่งการโคนมไทย อาชีพพระราชทานสู่ความยั่งยืน. Available from URL: <https://www.marketplus.in.th/content/detail.php?id=547> [22 May 2021].
- Matukumalli, L. K., C. T. Lawley, R. D. Schnabel, J. F. Taylor, M. F. Allan, M. P. Heaton, J. O'Connell, S. S. Moore, T. P. Smith, T. S. Sonstegard, and C. P. Van Tassell. 2009. Development and Characterization of a High-Density SNP Genotyping Assay for Cattle. *PLoS One.* 4(4):e5350.
- Meuwissen T. H. E., B. J. Hayes, and M. E. Goddard. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics.* 157:1819–1829.
- Meuwissen, T. H. 2009. Accuracy of breeding values of unrelated individuals predicted by dense SNP genotyping. *Genet Sel Evol.* 41(1): 35.

- Miglior, F., A. Fleming, F. Malchiodi, L. F. Brito, P. Martin, and C. F. Baes. 2017. A 100- Year Review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 100:10251–10271.
- Misztal, I., A. Legarra, and I. Aguilar. 2009. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *J Dairy Sci.* 92:4648–4655.
- Misztal, I., H. L. Bradford, D. A. L. Lourenco, S. Tsuruta, Y. Masuda, A. Legarra, and T. J. Lawlor. 2017. Studies on inflation of GEBV in single-step GBLUP for type. *Interbull Bull.* 51:38–42.
- 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 from: http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf [10 May 2014].
- Misztal, I., S. Tsuruta, D. Lourenco, Y. Masuda, I. Aguilar, A. Legarra, and Z. Vitezica. 2018. Manual for blupf90 family of programs. University of Georgia. Available from URL: http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all7.pdf [26 June 2021].
- Misztal, I., T. Strabel, J. Jamrozik, E. A. Mäntysaari, and T. H. E. Meuwissen. 2000. Strategies for Estimating the Parameters Needed for Different Test-Day Models. *J. Dairy Sci.* 83:1125–1134.
- Moser, G., M.S. Khatkar, B. J. Hayes, and H. W. Raadsma. 2010. Accuracy of direct genomic values in Holstein bulls and cows using subsets of SNP markers. *Genet. Sel. Evol.* 42:37.
- Mrode, R. A. 1996. Linear Model for the Prediction of Animal Breeding Values. CAB International, Wallingford UK.
- Muir, B. L., G. Kistemaker, J. Jamrozik, and F. Canavesi. 2007. Genetic Parameters for a Multiple Trait Multiple-Lactation Random Regression Test-Day Model in Italian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 90: 1564–1574.
- Muir, W. M. 2007. Comparison of genomic and traditional BLUP-estimated breeding value accuracy and selection response under alternative trait and genomic parameters. *J. Anim. Breed. Genet.* 124: 342–355.
- Müller, K.E., W. E. Bernadina, H. C. Kalsbeek, A. Hoek, V. P. M. G. Rutten, and G. H. Wentink. 1994. Bovine leukocyte adhesion deficiency clinical course and laboratory findings in eight

affected animals. *Vet Q.* 16(2):65-71. Available from URL:

<https://www.tandfonline.com/doi/pdf/10.1080/01652176.1994.9694420> [22 March 2021].

Nadaf, J., V. Riggio, T. P. Yu, and R. P. Wong. 2012. Effect of the prior distribution of SNP effects on the estimation of total breeding value. *BMC Proc.* 6:S6.

Nancy, A. E. 2001. Functional Evolutionary Genetics and Plant Adaptation: Linking Phenotype and Genotype. *Plant Cell.* 13:1249-1254.

Neerhof, H. J., P. Madsen, V. P. Ducrocq, A. R. Vollema, J. Jensen, and I. R. Korsgaard. 2000. Relationships Between Mastitis and Functional Longevity in Danish Black and White Dairy Cattle Estimated Using Survival Analysis. *J. Dairy Sci.* 83:1064–1071.

Nielsen, C. H. 2009. Economic impact of mastitis in dairy cows. PhD Thesis No. 2009:29. Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden.

Nones, K., M. C. Ledur, D. C. Ruy, E. E. Baron, C. M. R. Melo, A. S. A. M. T. Moura, E. L. Zanella, D. W. Burt, and L. L. Coutinho. 2005. Mapping QTLs on chicken chromosome 1 for performance and carcass traits in a broiler x layer cross. *Anim Genet.* 37: 95–100.

Oldenbroek, K. and V. D. W. Liesbeth. 2014. Textbook Animal Breeding and Genetics for BSc students. Centre for Genetic Resources and Animal Breeding and Genomics Group, Wageningen University and Research Centre, the Netherlands. Available from URL: <https://library.wur.nl/WebQuery/wurpubs/fulltext/365433> [26 June 2021].

Pander, B. L., W. G. Hill, and R. Thompson. 1992. Genetic parameters of test day records of British Holstein-Friesian heifers. *Anim. Prod.* 55:11–21.

Parmentier, I., D. Portetelle, C. Bertozzi, V. Haezebroeck, M. Pirard, and R. Renaville. 2001. Marker genes in farm animals. *Biotech. Anim. Husbandry.* 5:47-64.

Peter, K. J. and W. Thorpe. 1989. Trends in on-farm performance testing of cattle and sheep in sub-Saharan Africa. *ILCA Bulletin.* 35:12-21.

Philipsson, J. 2000. Sustainability of dairy cattle breeding systems utilizing artificial insemination in less developed countries-examples of problems and prospects. Galal S., Boyazoglu, J., and Hammond, K. (Eds.), *Developing Breeding Strategies for Lower Input Animal Production*

- Environments. Proceedings of a Workshop, 22–25 September 1999, Bella, Italy, International Committee for Animal Recording (ICAR), Rome, pp. 551–562.
- Pryce, J. E. and H. D. Daetwyler. 2012. Designing dairy cattle breeding schemes under genomic selection: a review of international research. *Anim. Prod. Sci.* 52:107–114.
- Pryce, J. E., J. Arias, P. J. Bowman, S. R. Davis, K. A. Macdonald, and G. C. Waghorn. 2012. Accuracy of genomic predictions of residual feed intake and 250-day body weight in growing heifers using 625,000 single nucleotide polymorphism markers. *J. Dairy Sci.* 95:2108–2119.
- Pszczola, M., T. Strabel, H. A. Mulder, H. A., and M. P. L. Calus. 2012. Reliability of genomic selection for animals with different relationships within and to the reference population *J. Dairy Sci.* 95:389–400.
- Puangdee, S., M. Duangjinda, W. Boonkum, S. Buaban, and S. Katawatin. 2016. Effect of milk fat to protein ratio on genetic variance for milk yield in Thai tropical Holstein cattle. *Can. J. Anim. Sci.* 96: 410–41.
- Sawalha, R. M., J. F. Keown, S. D. Kachman, and L. D. Van Vleck. 2005. Genetic Evaluation of Dairy Cattle with Test-Day Models with Autoregressive Covariance Structures and with a 305-d Model. *J. Dairy Sci.* 88:3346–3353.
- Schaeffer, L. R. 1984. Sire and Cow Evaluation under Multiple Trait Models. *J. Dairy Sci.* 67:1567–1580.
- Schaeffer, L. R. 2006. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle *J. Anim. Breed. Genet.* 123:218–223.
- Schaeffer, L. R., and J. Jamrozik. 1996. Multiple-Trait Prediction of Lactation Yields for Dairy Cows. *J. Dairy Sci.* 79:2044–2055.
- Schaeffer, J. M. and K. A. Weigel. 2012. Genomic selection in dairy cattle: Integration of DNA testing into breeding programs. *Anim. Front.* 2(1): 4–9.
- Sherman, E. L., J. D. Nkrumah, C. L. R. Bartusiak, B. Murdoch, and S. S. Moore. 2009. Fine mapping quantitative trait loci (QTL) for feed intake and efficiency in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 87:37–45.

- Silva, M. V. B., D. J. A. dos Santos, S. A. Boison, A. T. H. Utsunomiya, A. S. Carmo, T. S. Sonstegard, J. B. Cole, and C. P. Van Tassell. 2014. The development of genomics applied to dairy breeding. *Livest. Sci.* 166:66–75.
- Stetshwaelo, L. L. and A. O. Adebambo. 1992. Genetics conservation of domestic livestock. Vol.2: Ed. Lawrence Anderson l Mrs Bodo, CAB International, Wallingford. pp. 87–102.
- Strabel T., and J. Jamrozik. 2006. Genetic Analysis of Milk Production Traits of Polish Black and White Cattle Using Large-Scale Random Regression Test-Day Models. *J. Dairy Sci.* 89:3152–3163.
- Strabel, T., J. Szyda, E. Ptak, and J. Jamrozik. 2005. Comparison of Random Regression Test-Day Models for Polish Black and White Cattle. *J. Dairy Sci.* 88: 3688–3699.
- Su, G., P. Madsen, U. S. Nielsen, E. A. Mäntysaari, G. P. Aamand, O. F. Christensen, and M. S. Lund. 2012. Genomic prediction for Nordic Red cattle using one-step and selection index blending. *J. Dairy Sci.* 95:909–917.
- The Irish Cattle Breeding Federation. 2021. 10 things you need to know about milk recording. Available from URL: <https://www.icbf.com/wp/?p=7855>. [12 June 2021].
- Togashi, K., C. Y. Lin, Y. Atagi, K. Hagiya, J. Sato, and T. Nakanishi. 2007. Genetic characteristics of Japanese Holstein cows based on multiple lactation random regression test-day animal models. *Livest. Sci.* 114:194–201.
- Toni, F., Vincenti, L., Grigoletto, L., Ricci, A., and Schukken, Y.H. 2011. Early lactation ratio of fat and protein percentage in milk is associated with health, milk production, and survival. *J. Dairy Sci.* 94(4):1772–1783.
- Tsuruta, S., I. Misztal, and T. J. Lawlor. 2013. Short communication: Genomic evaluations of final score for US Holsteins benefit from the inclusion of genotypes on cows. *J. Dairy Sci.* 96(5).
- Tsuruta, S., I. Misztal, I. Aguilar, and T. J. Lawlor. 2011. Multiple-trait genomic evaluation of linear type traits using genomic and phenotypic data in US Holsteins. *J. Dairy Sci.* 94:4198–4204.
- Tumwasorn, S. 2014. Breeding Strategy to Enhance Domestic Milk Production and Productivity of Dairy Cattle/Buffalo - the Case of Thailand. Proceedings of the regional workshop on breeding for milk production in tropical/non-temperate environments. Chang Mai, Thailand 5 November 2014. pp 48–57.

- Uemoto, Y., T. Osawa, and J. Saburi. 2017. Effect of genotyped cows in the reference population on the genomic evaluation of Holstein cattle. *Animal*. 11:382–393.
- Van Tassell, C. P., G. R. Wiggans, and I. Misztal. 2003. Implementation of a Sire-Maternal Grandsire Model for Evaluation of Calving Ease in the United States. *J. Dairy Sci.* 86:3366–3373.
- VanRaden P., C. Van Tassell, G. Wiggans, T. Sonstegard, R. Schnabel, J. Taylor, and F. Schenkel. 2009. Invited review: reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. *J Dairy Sci.* 92(1):16–24.
- VanRaden, P. M. 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. *J. Dairy Sci.* 91:4414–4423.
- Vitezica, Z. G., I. Aguilar, I. Misztal, and A. Legarra. 2011. Bias in genomic predictions for populations under selection. *Genet Res* 93: 357–366.
- Wiggans G. R., and M. E. Goddard. 1997. A Computationally Feasible Test Day Model for Genetic Evaluation of Yield Traits in the United States. *J. Dairy Sci.* 80: 1795–1800.
- Wiggans, G. R., J. B. Cole, S. M. Hubbard, and T. S. Sonstegard. 2017. Genomic selection in dairy cattle: the USDA experience. *Annu. Rev. Anim. Biosci.* 5:309–322.
- Wiggans, G. R., T. Cooper, P. M. VanRaden, and J. B. Cole. 2011. Technical note: Adjustment of traditional cow evaluations to improve accuracy of genomic predictions. *J. Dairy Sci.* 94:6188–6193.
- Wilmink, J. B. M. 1987. Comparison of different methods of predicting 305-day milk yield using means calculated from within-herd lactation curves. *Livest. Prod. Sci.* 17: 1-17.
- Winkelman, A. M., D. Johnson, and B. Harris. 2015. Application of genomic evaluation to dairy cattle in New Zealand. *J. Dairy Sci.* 98:659–675.
- Zhang, Z., Q. Zhang, and X. D. Ding. 2011. Advances in genomic selection in domestic animals. *Chinese Sci. Bull.* 56:2655.

ภาคผนวก
Appendix

ภาคผนวก 1: บทบาท และความรับผิดชอบของหน่วยงานที่เกี่ยวข้องในโครงการฯ

ความรับผิดชอบของเจ้าหน้าที่ในโครงการได้สรุปไว้ดังนี้

1. กลุ่มงานวิจัยและประเมินพันธุกรรมสัตว์

- 1) จัดทำโครงการเสนอของบประมาณ
- 2) จัดทำแผนปฏิบัติงานระดับต่างๆ
- 3) จัดประชุมชี้แจงแผนการปฏิบัติงาน
- 4) จัดสรรงบประมาณตามแผนงานและจัดหาวัสดุอุปกรณ์สนับสนุน
- 5) จัดทำคู่มือปฏิบัติงานของเจ้าหน้าที่
- 6) ประสานงานกับหน่วยงานต่างๆที่เกี่ยวข้อง
- 7) เผยแพร่และประชาสัมพันธ์โครงการฯ
- 8) ติดตามและประเมินผลการปฏิบัติงาน
- 9) ดำเนินการจัดฝึกอบรมเจ้าหน้าที่ผู้ปฏิบัติงานโครงการฯ
- 10) ร่วมกับศูนย์วิจัยการผสมเทียม คัดเลือกโคแม่พันธุ์ (Bull dams) เข้าร่วมโครงการฯ ในขั้นตอนการสร้างพ่อพันธุ์ (Young bulls)
- 11) จัดหาน้ำเชื้อพ่อโคนมพันธุ์ดี (Top bulls) เพื่อใช้ในโครงการฯ
- 12) ร่วมกับกลุ่มงานวิจัยการผลิตและน้ำเชื้อ ศูนย์วิจัยการผสมเทียมสระบุรี และศูนย์ผลิตน้ำเชื้อแช่แข็ง พ่อพันธุ์ผสมเทียม (ลำพญากลาง) พิจารณาคัดเลือกพ่อพันธุ์ (Young bulls) ภายใต้หลักเกณฑ์ของการทำ Performance test, Semen quality test และ Progeny test
- 13) ประเมินค่าทางพันธุกรรมจีโนมของพ่อพันธุ์ที่ได้ทดสอบแล้ว (Proven sires) เพื่อคัดเลือกพ่อโคนมชั้นเลิศ (Top bulls) และแม่พันธุ์โคนมชั้นเลิศ (Bull dams)
- 14) จัดทำสมุดพ่อพันธุ์ (Sire summary) เพื่อแจกจ่ายให้เจ้าหน้าที่ในท้องที่ หรือหน่วยงานที่เกี่ยวข้องให้ได้ทราบคุณภาพของพ่อพันธุ์โคนมในปีนั้นๆ สำหรับเลือกใช้น้ำเชื้อในการผสมเทียม

2. กลุ่มวิจัยการผสมเทียมและความสมบูรณ์พันธุ์

- 1) ประเมินศักยภาพด้านการผสมเทียมของแม่โคนมชั้นเลิศ (Bull Dams)
- 2) ตรวจสอบความผิดปกติทางโครโมโซมของพ่อพันธุ์ที่เข้าทดสอบทุกตัว
- 3) ติดตามผลของโรคทางพันธุกรรมต่อประสิทธิภาพทางระบบสืบพันธุ์
- 4) สรุปข้อมูลประสิทธิภาพทางระบบสืบพันธุ์ของฟาร์มเกษตรกรที่เข้าร่วมโครงการฯ รายฟาร์ม

3. กลุ่มพัฒนาระบบข้อมูล

- 1) จัดเก็บข้อมูลพันธุ์ประวัติ ข้อมูลจีโนม ข้อมูลการให้ผลผลิตน้ำนมของโคนมรายตัว ข้อมูลความสมบูรณ์พันธุ์ และข้อมูลลักษณะรูปร่าง
- 2) ตรวจสอบความถูกต้องและดำเนินการแก้ไขข้อมูลที่มีข้อผิดพลาด

4. กลุ่มวิจัยและผลิตน้ำเชื้อ

- 1) ติดตามผลการฝึกรีดน้ำเชื้อพ่อพันธุ์หนุ่มที่ส่งไปยังศูนย์ผลิตน้ำเชื้อฯ ลำพูนกลาง
- 2) ตรวจสอบประเมิน Breeding soundness และ Semen quality test ของพ่อพันธุ์หนุ่ม
- 3) ประเมินประสิทธิภาพการผลิตน้ำเชื้อแช่แข็งของพ่อ Proven sires
- 4) ติดตามประเมินความพึงพอใจ และอัตราการผสมติดของพ่อ Proven sires

5. กลุ่มวิจัยและพัฒนาเทคโนโลยีชีวภาพการปศุสัตว์

- 1) สกัดดีเอ็นเอจากเลือด และขน
- 2) ตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอเพื่อยืนยันความเป็นพ่อ-แม่-ลูก
- 3) ตรวจยืนยันโรคทางพันธุกรรม เช่น BLAD, CVM
- 4) ตรวจหาพื้นที่ควบคุมการมีขนสีแดง
- 5) ตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากน้ำเชื้อของพ่อพันธุ์หนุ่มเพื่อยืนยันพันธุ์ประวัติ
- 6) ตรวจวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมจีโนม (SNPs)

6. สถานีทดสอบสมรรถภาพและฝึกสัตว์พ่อพันธุ์ผสมเทียมสระบุรี

- 1) เลี้ยงดูลูกโค และดำเนินการทดสอบ Performance Test ของพ่อโคหนุ่ม
- 2) ฝึกรีดเก็บน้ำเชื้อพ่อโคหนุ่ม
- 3) ร่วมกับคณะกรรมการพิจารณาคัดเลือกพ่อโคหนุ่มจากผล Performance test เพื่อเป็นพ่อพันธุ์สำหรับนำไปทดสอบ Semen quality Test

7. ศูนย์ผลิตน้ำเชื้อแช่แข็งพ่อพันธุ์ผสมเทียม (ลำพูนกลาง)

- 1) เลี้ยง และดำเนินการทดสอบ Semen quality Test ของพ่อพันธุ์หนุ่ม
- 2) พิจารณาคัดเลือกพ่อพันธุ์ตามหลักเกณฑ์ Semen quality test

- 3) รีดเก็บน้ำเชื้อ และผลิตน้ำเชื้อแช่แข็งจากพ่อโคที่ผ่านการทดสอบ Semen quality test แล้วเก็บรักษาน้ำเชื้อแช่แข็งของพ่อโคในตามข้อ 3 ไว้จนกว่าจะทราบผลการทดลอง Progeny test
- 4) ผลิต และเบิกจ่ายน้ำเชื้อแช่แข็งของพ่อ Testing Bulls และ Proven Sires

8. ศูนย์วิจัยและพัฒนาเทคโนโลยีย้ายฝากตัวอ่อน

- 1) ติดตามข้อมูล Bull Dams สำหรับทำ MOET พร้อมทั้งเป็นผู้ดำเนินการจัดเก็บ และย้ายฝากตัวอ่อนเอง
- 2) รายงานความก้าวหน้าของการทำ MOET ในแม่ Bull Dams
- 3) ติดตามผลการผสมเทียม และติดตั้งท้องในแม่ Bull Dam สำหรับทำ ET ที่ดำเนินการเก็บตัวอ่อนแล้ว
- 4) ติดตามการคลอดของลูกโคที่เกิดจากการทำ ET

9. ศูนย์วิจัยการผสมเทียม

- 1) สำรวจและคัดเลือกพื้นที่ดำเนินโครงการ
- 2) ควบคุมดูแลการดำเนินการโครงการฯ ในเขตความรับผิดชอบ
- 3) เบิก-จ่าย วัสดุอุปกรณ์ต่างๆที่เกี่ยวข้องตามโครงการ
- 4) บริหารงบประมาณตามกิจกรรมของโครงการ
- 5) ตรวจเยี่ยม และติดตามผลการปฏิบัติงาน
- 6) จัดประชุมสรุปผลงาน และปัญหา อุปสรรค
- 7) ตรวจสอบสถานะ และเตรียมความพร้อมแม่ Bull Dams
- 8) ติดตามผสมเทียมแม่ Bull Dams ด้วยน้ำเชื้อ Top bulls แล้วตรวจท้อง ติดตามการคลอด และจัดส่งลูกโคเพศผู้ที่เกิดจากการผสมเทียมดังกล่าวไปที่สถานีเลี้ยงและทดสอบพ่อพันธุ์กระบือ
- 9) ควบคุมดูแลการใช้น้ำเชื้อ Top bulls ให้เป็นไปตามกิจกรรมการสร้างลูกโคเพศผู้ (Young calves) และการใช้น้ำเชื้อ Testing bulls ให้เป็นไปตามกิจกรรมการทดสอบความสามารถในการให้ผลผลิตของลูกสาว (Progeny test)
- 10) ผสมเทียมแม่โคทั่วไปด้วย Testing Bulls ทำทะเบียนประวัติ ผสมเทียมลูกสาว ติดตามการคลอด และเก็บตัวอย่างน้ำนม Testing Bulls
- 11) ติดตามผลลูกเกิดเพศผู้จากแม่โคในโครงการฯ แล้วดำเนินการขอรับลูกโคจากเกษตรกร เพื่อส่งต่อไปยังสถานีเลี้ยงและทดสอบพ่อพันธุ์กระบือ

ศูนย์วิจัยการผสมเทียมกระบือภายใน 2 สัปดาห์หลังจากลูกเกิด

- 12) ติดตามผลลูกเกิดเพศเมียจากกิจกรรม Progeny test เพื่อจัดทำทะเบียนประวัติของลูก ผสมเทียม ติดตามการตั้งท้อง การคลอด และจัดทำสถิติต่อไป

13) จัดทำบัตรรับรองพันธุ์ สัติน้ำนมโครายตัว เพื่อมอบให้เกษตรกร

14) รวบรวมข้อมูลผลการปฏิบัติงาน และรายงานผลให้สำนักฯ ทราบ

10. หน่วยผสมเทียม

- 1) สำรวจและคัดเลือกฟาร์มเกษตรกรที่มีคุณสมบัติเข้าร่วมโครงการฯ
- 2) จัดประชุมชี้แจงเกษตรกรที่สนใจที่ได้รับคัดเลือกเข้าร่วมโครงการฯ
- 3) ควบคุมดูแลเจ้าหน้าที่ผู้ปฏิบัติงาน
- 4) ส่งเสริมและให้คำแนะนำการใช้ประโยชน์จากบัตรพันธุ์ประวัติ บัตรประจำตัวโคนม บัตรรับรองการให้น้ำนม และรายงานอื่นๆ แก่เกษตรกรในโครงการฯ
- 5) ส่งเสริมและให้คำแนะนำด้านการจัดการ อาหาร การสุขาภิบาลและอื่นๆ แก่เกษตรกรในโครงการฯ
- 6) รายงานผลการปฏิบัติงานของเจ้าหน้าที่ในโครงการฯ ให้ศูนย์วิจัยการผสมเทียมทราบ
- 7) ให้บริการผสมเทียมแก่แม่โคในโครงการฯ ด้วยน้ำเชื้อของพ่อโคในโครงการฯ ตามแผนการใช้น้ำเชื้อที่กำหนดทั้ง Top bulls และ Testing bulls
- 8) ให้บริการการทำทะเบียนประวัติและติดเบอร์หูแก่แม่โคในโครงการฯ

ภาคผนวก 2: คำอธิบายโมเดลทางสถิติ (Statistical model) สำหรับการประเมินค่าพันธุ์กรรมจีโนม

1. ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และ ลักษณะความต้านทานเต้านมอักเสบ

ข้อมูลฟีนไทป์ และพันธุ์ประวัติ

ข้อมูลในวันทดสอบรายเดือน (monthly test-day records) ของแม่โคนมในรอบการให้นมครั้งแรกที่คลอดลูกตั้งแต่ปี พ.ศ. 2536 เป็นต้นมา ได้มาจากรฐานข้อมูลโคนมของสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ หลังจากนั้นได้ตรวจสอบข้อมูลเพื่อให้เป็นไปตามเงื่อนไขดังต่อไปนี้คือ อายุคลอดลูกครั้งแรกอยู่ในช่วง 20 ถึง 48 เดือน วันให้นม (Day in milk, DIM) อยู่ในช่วง 5 ถึง 305 วัน วันทดสอบครั้งแรกอยู่ในช่วง 5 ถึง 60 วันหลังคลอด ปริมาณผลผลิตน้ำนมในแต่ละวันอยู่ในช่วง 1 ถึง 45 กิโลกรัม แม่โคแต่ละตัวต้องมีข้อมูลในวันทดสอบอย่างน้อย 5 บันทึก และกำหนดให้มีข้อมูลที่อยู่ในกลุ่มการจัดการเดียวกัน (Contemporary groups) อย่างน้อย 5 บันทึก ยิ่งกว่านั้นแม่โคทั้งหมดจะต้องทราบพ่อพันธุ์ ข้อมูลในวันทดสอบประกอบด้วยลักษณะข้อมูลการให้ผลผลิตน้ำนม 7 ลักษณะ ได้แก่ ปริมาณน้ำนม (Milk yield, MY, กก.) ปริมาณไขมัน (Fat yield, FY, กก.), ปริมาณโปรตีน (Protein yield PY, กก.) ปริมาณของแข็งทั้งหมด (Total solid yield, TY, กก.) เปอร์เซ็นต์ไขมัน (Fat percentage FP, %) เปอร์เซ็นต์โปรตีน (Protein percentage, PP, %) และเปอร์เซ็นต์ของแข็งทั้งหมด (Total solid percentage, TP, %) และลักษณะข้อมูลความต้านทานเต้านมอักเสบ 1 ลักษณะ ได้แก่ คะแนนเซลล์โซมาติก (SCS, 1,000 เซลล์ต่อซีซี) เพื่อให้ข้อมูลมีความเหมาะสมในการวิเคราะห์ และเนื่องจากในวันทดสอบเดียวกันบางลักษณะไม่มีการบันทึก ผู้วิจัยจึงแบ่งลักษณะที่ศึกษาออกเป็น 3 กลุ่มตามรูปแบบข้อมูลที่ขาดหายไป: ลักษณะปริมาณน้ำนม (MY) ลักษณะองค์ประกอบน้ำนม (FY, PY, TY, FP, PP และ TP) และลักษณะ SCS โดยแบ่งชุดข้อมูลทั้งหมดออกเป็น 3 ไฟล์ ตามกลุ่มลักษณะ โดยที่แต่ละชุดข้อมูลจะสับย้อนกลับพันธุ์ประวัติไปถึงสามชั่วอายุจากแม่โคที่มีข้อมูล

ข้อมูลจีโนไทป์

ข้อมูลจีโนไทป์ที่ได้จากการจำแนกข้อมูลของความผันแปรทางพันธุกรรมในระดับนิวคลีโอไทด์ (SNPs) ด้วย Illumina BovineSNP50 BeadChip (Illumina Inc., San Diego, CA, USA) ที่เป็นเวอร์ชัน 2 (มีจำนวน 54,609 SNPs) หรือ เวอร์ชัน 3 (มีจำนวน 53,218 SNPs) โดยทั้งสองเวอร์ชันมี SNPs ที่เหมือนกันจำนวน 50,908 SNPs และต้องผ่านการควบคุมคุณภาพ ที่พิจารณาด้วย Call rate > 0.9 สำหรับทั้ง SNPs และจีโนมส์ตัว MAF (Minor allele frequency) > 0.05 การออกจากสมดุล Hardy-Weinberg (ความแตกต่างระหว่างความถี่ที่คาดหวัง และความถี่ที่สังเกต) < 0.15 การทดสอบความขัดแย้งระหว่างคู่พ่อแม่ลูกหลาน (Parent-progeny conflict) โดยโปรแกรม PREGSF90 (Misztal, 2018) ได้นำมาใช้ในการควบคุมคุณภาพ SNPs และตัวอย่าง

โมเดล

ในการประเมินค่าพันธุ์กรรมจีโนมสำหรับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และ SCS จะประมาณที่ละลักษณะโดยใช้วิธีการแบบขั้นตอนเดียวด้วยโมเดลวันทดสอบรีเกรสชันแบบสุ่ม (Single Trait - Single step - Random Regression - Test Day - BLUP - Animal Model, ST-SS-RR-TDM-BLUP-AM) ซึ่งมีรายละเอียดของโมเดลดังนี้

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}_1 \mathbf{b}_1 + \mathbf{X}_2 \mathbf{b}_2 + \mathbf{Vh} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e}, \quad (1)$$

โดยที่	$\mathbf{y}$	เป็นเวกเตอร์ของบันทึกข้อมูลในวันทดสอบของลักษณะที่ทำการศึกษา (MY, FY, PY, TY, FP, PP และ TP)
	$\mathbf{b}_1$	เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ซึ่งประกอบด้วย หน่วยผสมเทียม-ปี-ฤดูกาล กลุ่มพันธุ์-กลุ่มอายุที่คลอด
	$\mathbf{b}_2$	เป็นเวกเตอร์ของค่าสัมประสิทธิ์การถดถอยคงที่ของ Legendre polynomials (LPs) ที่ซ่อนอยู่ในกลุ่มพันธุ์-กลุ่มอายุที่คลอด
	$\mathbf{h}$	เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจาก ผูก-ปี-เดือนทดสอบ
	$\mathbf{a}$	เป็นเวกเตอร์ของสัมประสิทธิ์การถดถอยแบบสุ่มของ LPs ที่ซ่อนกันภายในอิทธิพลเนื่องจากพันธุ์กรรม
	$\mathbf{p}$	เป็นเวกเตอร์ของสัมประสิทธิ์การถดถอยแบบสุ่มของ LPs ที่ซ่อนกันภายในอิทธิพลเนื่องจากสิ่งแวดล้อมถาวร ตามลำดับ
	$\mathbf{e}$	เป็นเวกเตอร์ของอิทธิพลของความคลาดเคลื่อน
	$\mathbf{X}_1, \mathbf{X}_2, \mathbf{V}, \mathbf{Z}, \mathbf{W}$	เป็น incidence matrices ที่สอดคล้องกันกับอิทธิพลที่กล่าวมาข้างต้น

ลำดับของ LPs ซึ่งเป็นค่าแปรผันร่วมของปัจจัยคงที่ และปัจจัยสุ่ม ที่คำนวณจากวันให้นม (DIM) ตามที่กำหนดโดย Gengler et al. (1999) การศึกษาในครั้งนี้ใช้ LPs ลำดับที่ 3 (constant, linear, quadratic และ cubic) สำหรับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และใช้ LPs ลำดับที่ 2 (constant, linear และ quadratic) สำหรับลักษณะ SCS โดยจะใช้ LPs ลำดับเดียวกันสำหรับอิทธิพลการถดถอยแบบคงที่และแบบสุ่ม กลุ่มพันธุ์จำแนกเป็น 3 กลุ่ม ตามระดับสายเลือดโฮลสไตน์ ฟรีเซียน (HF) ประกอบด้วย $HF < 87.50\%$, $87.50 \leq HF < 93.75$ และ $HF \geq 93.75\%$ กลุ่มอายุที่คลอดถูกจำแนกเป็น 7 กลุ่ม โดยแต่ละกลุ่มห่างกันทุกๆ 3 เดือน กลุ่มแรกมีอายุน้อยกว่า 25 เดือน และกลุ่มสุดท้ายมีอายุมากกว่า 39 เดือน ฤดูกาลจำแนกเป็น 3 กลุ่ม คือ ฤดูหนาว (พฤศจิกายน-กุมภาพันธ์) ฤดูร้อน (มีนาคม-มิถุนายน) และฤดูฝน (กรกฎาคม-ตุลาคม)

เพื่อลดความซับซ้อนของโมเดลจึงสมมุติให้ตัวแปรของอิทธิพลของความคลาดเคลื่อนมีค่าเท่ากันตลอดการให้นม และกำหนดให้อิทธิพลแบบสุ่มมีการกระจายแบบปกติด้วยค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0 และโครงสร้างความแปรปรวนร่วมของโมเดลกำหนดให้เป็นดังนี้

$$\text{Var} \begin{bmatrix} \mathbf{h} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{I}\sigma_{htm}^2 & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{H} \otimes \mathbf{G}_0 & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{I} \otimes \mathbf{P}_0 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{I}\sigma_e^2 \end{bmatrix} \quad (2)$$

โดยที่ $\mathbf{G}_0$ เป็นเมตริกซ์ความแปรปรวนร่วมของสัมประสิทธิ์การถดถอยแบบสุ่มสำหรับ

อิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรม (4×4 สำหรับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และ 3×3 สำหรับลักษณะ SCS)

P_0 เป็นเมตริกซ์ความแปรปรวนร่วมของสัมประสิทธิ์การถดถอยแบบสุ่มสำหรับ

อิทธิพลเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร (4×4 สำหรับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และ 3×3 สำหรับลักษณะ SCS)

$\otimes$ เป็น Kronecker product

σ_{htm}^2 เป็นความแปรปรวนร่วมของฝูง-ปี-เดือนทดสอบ และ

σ_e^2 เป็นความแปรปรวนร่วมของความคลาดเคลื่อน

H เป็นการรวมเมตริกซ์ความสัมพันธ์เครือญาติทางพันธุกรรม (A) เข้ากับเมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางจีโนม (G) (Legarra et al., 2009) และสามารถเขียนในรูปผกผันดังนี้:

$$H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \tau G^{-1} - \omega A_{22}^{-1} \end{bmatrix} \quad (3)$$

เมื่อ H^{-1} คือเมตริกซ์ผกผันของความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่เอาเมตริกซ์ผกผันของความสัมพันธ์ทางจีโนม (G^{-1}) รวมเข้ากับเมตริกซ์ผกผันของความสัมพันธ์เครือญาติทางพันธุกรรมเฉพาะตัวสัตว์ที่มีข้อมูลจีโนไทป์ (A_{22}^{-1}), A^{-1} คือเมตริกซ์ผกผันของความสัมพันธ์เครือญาติทางพันธุกรรม τ และ ω คือ ปัจจัยปรับ (Weighting factors), G คือเมตริกซ์ของความสัมพันธ์ทางจีโนม (Genomic relationship matrix) ที่สร้างตามวิธีการแรกของ VanRaden (2008) โดย $G = 0.95 \frac{ZZ^m}{2 \sum_{i=1}^m p_i(1-p_i)} + 0.05A_{22}$ (เพื่อที่จะหลีกเลี่ยงปัญหา singularity) เมื่อ Z คือเมตริกซ์ของจีโนไทป์ที่ปรับตามความถี่ของอัลลีลแล้ว โดย $Z = M - P$, M คือ Centered genotypes (เช่น -1, 0, และ 1 ที่เป็นตัวแทนของ AA, Aa, และ aa, ตามลำดับ), P คือความถี่ของอัลลีลสำหรับ SNPs i (p_i) ในคอลัมน์ที่ i ที่แสดงตาม $2(p_i - 0.5)$, เมื่อ p_i คือความถี่ของอัลลีลที่โลกัส i และ m คือ จำนวนของ SNPs ทั้งหมด

ความแตกต่างระหว่าง A_{22} และ G อาจเกิดขึ้นหลายเหตุผลที่ควรพิจารณา เช่น ความไม่สมบูรณ์ของพันธุประวัติ ความผิดพลาดของพันธุประวัติ การกำหนดจีโนไทป์ที่ไม่ถูกต้อง และคุณภาพของจีโนไทป์ที่ไม่ดี อาจทำให้เกิดความแตกต่างดังกล่าว ส่งผลให้เกิดการมอดิตของค่าพันธุกรรมจีโนมสำหรับสัตว์ที่มีอายุน้อย เพื่อหลีกเลี่ยงปัญหาดังกล่าว และควบคุมอคติของการ Convergence จึงมีการกำหนดน้ำหนัก (ω) ให้แก่ A_{22}^{-1} และในการวิเคราะห์เบื้องต้นน้ำหนักของ $\omega = 0.50$ ให้ค่าอคติน้อยเนื่องจากค่าสัมประสิทธิ์การถดถอย (Regression coefficients, b) ของ dEBV เข้าใกล้ 1 ซึ่งมีความเหมาะสมกับประชากรที่ศึกษา

ค่าพันธุกรรมของสัตว์แต่ละตัวจะถูกนำเสนอจากผลผลิตที่ 305 วัน โดยค่าพันธุกรรมที่ 305 วัน ได้กำหนดจากผลรวมของค่าพันธุกรรมระหว่างวันให้นมที่ 5 ถึง 305 สำหรับลักษณะปริมาณการให้ผลผลิตน้ำนมตามวิธีการของ Jamrozik et al. (1997b) สำหรับลักษณะเปอร์เซ็นต์องค์ประกอบน้ำนม (FP, PP PT และ SCS) ผลรวมของค่าพันธุกรรมในรอบการให้นมจะถูกแทนที่ด้วยค่าเฉลี่ย

2. ลักษณะรูปร่าง

ข้อมูลฟีโนไทป์ และพันธุ์ประวัติ

ข้อมูลของลักษณะรูปร่างที่ใช้เป็นข้อมูลของโคนมลูกผสมที่ได้รวบรวมไว้ในระบบฐานข้อมูลโคนมของสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ โดยข้อมูลของลักษณะรูปร่างของแม่โคจะได้จากการวัด และประเมินด้วยเจ้าหน้าที่ที่ผ่านการอบรมการประเมินลักษณะรูปร่างแล้ว ที่คลอดลูกตั้งแต่ปี พ.ศ. 2545 เป็นต้นมา ซึ่งแม่โคมีอายุคลอดลูกครั้งแรกอยู่ระหว่าง 20-48 เดือน สำหรับจำนวนข้อมูลที่อยู่ในกลุ่มการจัดการเดียวกัน (Contemporary groups) ที่มีน้อยกว่า 2 ข้อมูลจะไม่นำมาใช้ในการวิเคราะห์ รวมถึงแม่โคที่ประเมินจะต้องทราบหมายเลขพอพันธุ์ และข้อมูลพันธุ์ประวัติจะต้องย้อนกลับไป 3 ชั่วอายุ

ข้อมูลจีโนไทป์

(เหมือนกับข้อมูลจีโนไทป์ของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และ ลักษณะความต้านทานต่อนักอักเสบ)

โมเดล

ในการประเมินค่าพันธุ์กรรมจีโนมสำหรับลักษณะรูปร่าง จะประมาณที่ละลักษณะหรือหลายลักษณะพร้อมกัน โดยใช้วิธีการแบบขั้นตอนเดียวด้วยโมเดลรอบการให้นม (Single Trait or Multiple traits - Single step - Lactation - BLUP - Animal Model, ST-SS-LM-BLUP-AM) ซึ่งมีรายละเอียดของโมเดลดังนี้

$$y = Xb + Za + e \quad (4)$$

- เมื่อ **y** คือ บันทึกลักษณะรูปร่าง 20 ลักษณะ ได้แก่ ความสูง (ST) ความกว้างอก (CW) ความลึกลำตัว (BD) ลักษณะโคนม (DF) มุมสะโพก (RA) ความกว้างสะโพก (RW) ความโค้งของขาหลัง (RLS) ความตรงของขาหลัง (RLR) มุมกีบ (FA) ความสูงเนื้อเยื่อเต้านมหลัง (UD) ความกว้างเต้านมหลัง (UW) การเกาะยึดเต้านมหน้า (FUA) เอ็นยึดเต้านมหลัง (UC) ความลึกเต้านม (UD) ขนาดหัวนม (TS) ความยาวเต้านมหน้า (UH) ความสมดุลเต้านม (UB) ขาและกีบ (FL) ระบบเต้านม (MS) และคะแนนโดยรวม (FS)
- b** คือ อิทธิพลคงที่ ประกอบด้วย อิทธิพลคงที่ของฝูง-ปี ที่วัดและประเมินรูปร่าง ปี-เดือนที่คลอด กลุ่มพันธุ์จำแนกตามระดับสายเลือดโฮลสไตน์ ฟรีเซียน จำนวน 3 กลุ่ม (<87.5HF, 87.5-93.75HF, >93.75HF) ช่วงระยะเวลาการให้นมวัดและประเมินรูปร่าง (4 กลุ่ม: 1-4 เดือนหลังคลอด) และ การถดถอยของอายุเมื่อวัดและประเมินรูปร่าง (linear and quadratic)
- a** คือ อิทธิพลสุ่มเนื่องจากพันธุกรรมที่มีความเฉพาะเจาะจงสำหรับสัตว์แต่ละตัว $a \sim N(0, H\sigma_a^2)$ สำหรับการวิเคราะห์ที่ละลักษณะ และ $a \sim N(0, H \otimes G)$ สำหรับการวิเคราะห์หลายลักษณะพร้อมกัน
- e** คือ อิทธิพลสุ่มของความคลาดเคลื่อน $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$ สำหรับการวิเคราะห์ที่ละลักษณะ

และ $e \sim N(0, I \otimes R)$ สำหรับการวิเคราะห์หลายลักษณะพร้อมกัน

X และ Z คือ Incidence matrices

I คือ Identity matrix

G คือ เมตริกซ์ความแปรปรวนร่วมของอิทธิพลเนื่องจากพันธุกรรม

R คือ เมตริกซ์ความแปรปรวนร่วมของความคลาดเคลื่อน

σ_a^2 คือ ความแปรปรวนร่วมของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากพันธุกรรม

σ_e^2 คือ ความแปรปรวนร่วมของความคลาดเคลื่อน

$\otimes$ คือ Kronecker product function

H คือ การรวมเมตริกซ์ความสัมพันธ์เครือญาติทางพันธุ์ประวัติ (**A**) เข้ากับเมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางจีโนม (**G**) (Legarra et al., 2009) และสามารถเขียนในรูปผกผันได้เช่นเดียวกันกับ สมการที่ (3)

3. ลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์

ข้อมูลฟีโนไทป์ และพันธุ์ประวัติ

ข้อมูลลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ที่ใช้ในการศึกษาวิจัยครั้งนี้เป็นข้อมูลของโคนมลูกผสมที่ได้รวบรวมไว้ในระบบฐานข้อมูลโคนมของสำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ซึ่งเป็นข้อมูลพันธุ์ประวัติ ข้อมูลการผสมเทียม การตรวจท้อง และการติดตามลูกเกิด (การคลอดลูก) ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2539 เป็นต้นมา ลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ที่ศึกษาประกอบด้วย อายุเมื่อคลอดลูกครั้งแรก (Age at first calving, AFC) ช่วงห่างจากคลอดถึงการผสมเทียมครั้งแรก (Days from calving to first service, DTFS) ช่วงห่างจากการผสมเทียมครั้งแรกถึงผสมติด (Days from first service to conception, DFLS) ช่วงห่างจากคลอดถึงผสมติด (Day open, DO) ช่วงห่างการคลอดลูก (Calving interval, CI) จำนวนครั้งการผสมเทียมต่อการผสมติด (Number of service per conception, NSPC) และอัตราการผสมติดจากการผสมเทียมครั้งแรก (First service conception rate, FSC) ลักษณะตั้งแต่เกิดถึงคลอดครั้งแรกพิจารณาเป็นลักษณะของโคสาว (Heifers) และลักษณะของโคที่เคยให้ลูกมาแล้วจะพิจารณาเป็นลักษณะของแม่โค ดังนั้น AFC จึงเป็นลักษณะของโคสาว ขณะที่ DTFS, DO และ CI เป็นลักษณะของแม่โค ส่วนลักษณะอื่นๆ (DFLS, FSC และ NSPC) เป็นลักษณะของทั้งโคสาวและแม่โค

การจัดการข้อมูลการผสมเทียมเบื้องต้นจะประยุกต์ตามวิธีการของ Kadarmideen and Coffey (2001) ที่กำหนดให้ระยะเวลาการตั้งท้องอยู่ในช่วง 280 ± 15 วัน และตามการกระจายตัวแบบปกติของข้อมูล ($Means \pm 3SD$) สำหรับลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ที่มีข้อมูลต่อเนื่อง และสายันท์ และคณะ (2558) ที่กำหนดช่วงของแต่ละลักษณะ : AFC (20-48 เดือน) DTFS (20-250 วัน) DFLS (0-400 วัน) DO (20-400 วัน) CI (291-690 วัน) NSPC (1-10 วัน) และ FSC (0/1) ส่วนเกณฑ์การตรวจสอบความถูกต้องของข้อมูลเพิ่มเติมได้มีข้อกำหนดดังนี้คือ การตั้งท้องของโคสาวและแม่โคในแต่ละรอบการให้นมจะตัดสินจากวันคลอดถัดมา การผสมเทียมภายใน 10 วัน จากการผสมเทียมก่อน

หน้าจะถือว่าเป็นการผสมข้ามและจะถูกตัดทิ้ง โคที่มีข้อมูลสมบูรณ์จะนำเข้าวิเคราะห์ถ้ามีอย่างน้อย 1 ข้อมูลที่อยู่ในกลุ่มการจัดการเดียวกัน (ฝูง-ปีการผสมครั้งแรกสำหรับโคสาว และฝูง-ปีการคลอดสำหรับแม่โค) และข้อมูลที่เข้าวิเคราะห์ทั้งโคสาวและแม่โคจะต้องทราบพ่อพันธุ์

ข้อมูลจีโนไทป์

(เหมือนกับข้อมูลจีโนไทป์ของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม และ ลักษณะความต้านทานต้านมอักเสบ)

โมเดล

ในการประเมินค่าพันธุ์กรรมจีโนมสำหรับลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ จะประมาณที่ละลักษณะ โดยใช้วิธีการแบบขั้นตอนเดียวด้วยโมเดลรอบการให้นม (Single Trait - Single step - Lactation - BLUP - Animal Model, ST-SS-LM-BLUP-AM) และวิเคราะห์แยกกันระหว่างลักษณะสำหรับโคสาวและแม่โค ซึ่งมีรายละเอียดของโมเดลดังนี้

$$\text{สำหรับโคสาว: } \mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_{hy}\mathbf{h}_y + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{Z}_{ss}\mathbf{ss} + \mathbf{e} \quad (5)$$

$$\text{สำหรับแม่โค: } \mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_{hy}\mathbf{h}_y + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{Z}_{pp}\mathbf{p} + \mathbf{Z}_{ss}\mathbf{ss} + \mathbf{e} \quad (6)$$

เมื่อ $\mathbf{y}$ คือเวกเตอร์ค่าสังเกตของลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ของโคสาว (อายุเมื่อคลอดลูกครั้งแรก (AFC) ช่วงห่างจากการผสมเทียมครั้งแรกถึงผสมติด (DFLS) จำนวนครั้งการผสมเทียมต่อการผสมติด (NSPC) และอัตราการผสมติดจากการผสมเทียมครั้งแรก (FSC)) และแม่โค (ช่วงห่างจากคลอดถึงการผสมเทียมครั้งแรก (DTFS) ช่วงห่างจากการผสมเทียมครั้งแรกถึงผสมติด (DFLS) ช่วงห่างจากคลอดถึงผสมติด (DO) ช่วงห่างการคลอดลูก (CI) จำนวนครั้งการผสมเทียมต่อการผสมติด (NSPC) และอัตราการผสมติดจากการผสมเทียมครั้งแรก (FSC))

$\boldsymbol{\beta}$ คือเวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่ ในโคสาวสำหรับ AFC ประกอบด้วย กลุ่มพันธุ์ และ ปี-เดือนของการผสมเทียมครั้งแรก ส่วน DFLS, FSC, และ NSPC ประกอบด้วย กลุ่มพันธุ์ อายุเมื่อได้รับการผสมครั้งแรก และ ปี-เดือนของการผสมเทียมครั้งแรก ขณะที่ปัจจัยคงที่ในแม่โคประกอบด้วย กลุ่มพันธุ์ อายุเมื่อคลอดลูก ปี-เดือนของการคลอด ลำดับการคลอด กลุ่มพันธุ์จำแนกตามระดับสายเลือดโฮลสไตน์ ฟรีเซียน จำนวน 3 กลุ่ม (<87.5HF, 87.5-93.75HF, >93.75HF) ส่วนลำดับการคลอดลูกประกอบด้วยลำดับการคลอดที่ 1-5 ปัจจัยของเจ้าหน้าที่ผสมเทียมไม่ได้พิจารณาเพราะว่าในแต่ละหน่วยผสมเทียมจะมีเจ้าหน้าที่รับผิดชอบ 1 คน ดังนั้นปัจจัยนี้ได้พิจารณาโดยกลุ่มการจัดการภายใน ฝูง-ปี หรือ ปี-เดือนของการผสมเทียม

$\mathbf{h}_y$ คือเวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มของกลุ่มการจัดการในฝูง $\times$ ปีเมื่อได้รับการผสมครั้งแรก

- (โคสาว) และเวกเตอร์ของปัจจัยสุ่มของกลุ่มการจัดการในฝูง $\times$ ปีเมื่อคลอดลูก (แม่โค) **hy** $\sim N(0, I\sigma_{hy}^2)$
- a** คือเวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากอิทธิพลของพันธุกรรมสำหรับสัตว์ทุกตัวในพันธุ์ประวัติ **a** $\sim N(0, H\sigma_a^2)$
- p** คือเวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากอิทธิพลของสภาพแวดล้อมถาวรสำหรับสัตว์ทุกตัวที่มีข้อมูล **p** $\sim N(0, I\sigma_p^2)$
- ss** คือเวกเตอร์ของอิทธิพลเนื่องจากน้ำเชื้อที่ใช้ผสมเทียม (สำหรับ FSC) **ss** $\sim N(0, I\sigma_{ss}^2)$
- e** คือเวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากความคลาดเคลื่อน **e** $\sim N(0, I\sigma_e^2)$
- X** คือเมตริกซ์ที่สัมพันธ์กับอิทธิพลคงที่
- Z_{hy}, Z_a, Z_p, Z_{ss}** คือเมตริกซ์ที่สัมพันธ์กับอิทธิพลสุ่ม
- I** คือ Identity matrix
- $\sigma_{hy}^2, \sigma_a^2, \sigma_p^2, \sigma_{ss}^2, \sigma_e^2$** คือ ความแปรปรวนของ ฝูง-ปี ที่ได้รับการผสมเทียมครั้งแรก หรือการคลอดครั้งแรกทางพันธุกรรม สภาพแวดล้อมถาวร พ่อพันธุ์ที่ใช้ผสมเทียม และความคลาดเคลื่อนตามลำดับ
- H** คือ การรวมเมตริกซ์ความสัมพันธ์เครือญาติทางพันธุ์ประวัติ (**A**) เข้ากับเมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางจีโนม (**G**) (Legarra et al., 2009) และสามารถเขียนในรูปผกผันได้เช่นเดียวกันกับ สมการที่ (3)

ภาคผนวก 3: ขบวนการย่อยและหมักอาหารโดยจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก

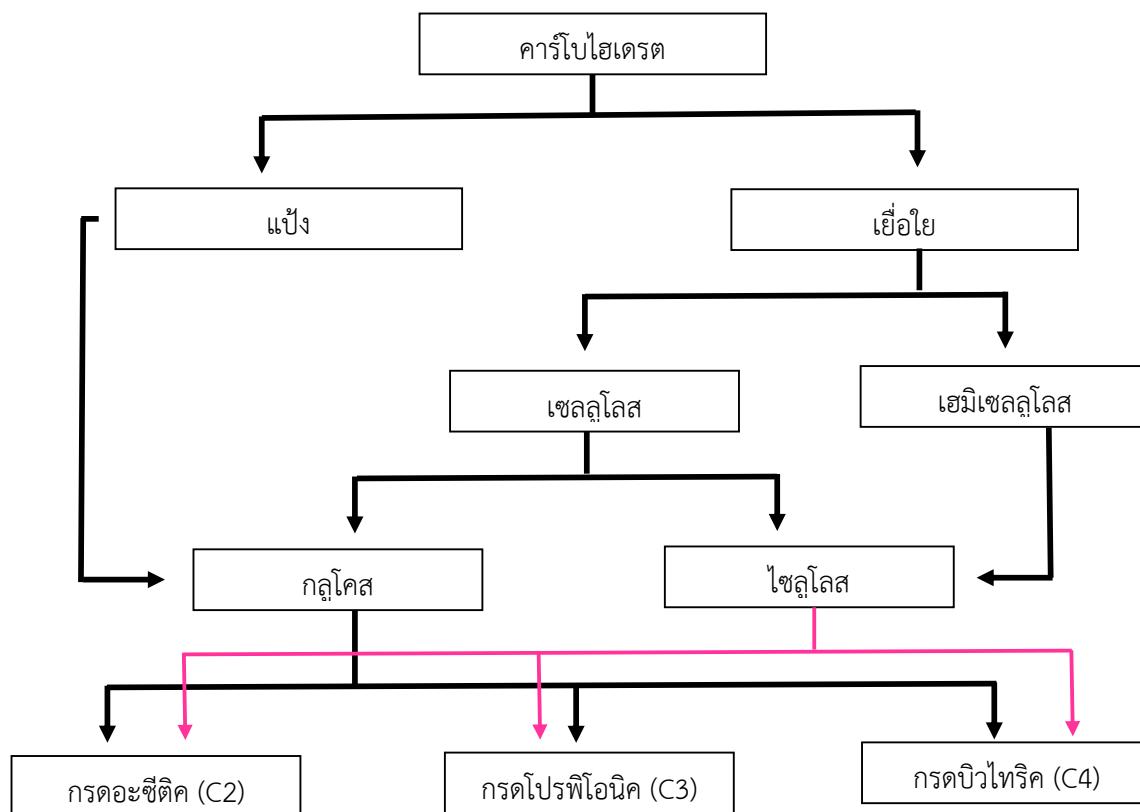
กระเพาะหมักมีบทบาทและหน้าที่ที่สำคัญในการเกิดกระบวนการหมักอาหารเพื่อสังเคราะห์ผลผลิตสุดท้ายให้กับสัตว์เคี้ยวเอื้อง เพื่อใช้ประโยชน์ในกระบวนการเมตาบอลิซึมในร่างกายและการให้ ผลผลิตต่างๆ ดังนั้นกระเพาะหมักจะต้องมีสภาวะแวดล้อมที่เหมาะสมไม่ว่าจะเป็นค่าความเป็นกรด-ด่างในกระเพาะหมัก (Rumen pH) ไม่ให้เปลี่ยนแปลงเพราะจะส่งผลต่อการดำรงชีพของจุลินทรีย์ และระดับความเป็นกรด-ด่างในกระเพาะหมักจะมีความสัมพันธ์อย่างใกล้ชิดกับกระบวนการสังเคราะห์กรดไขมันระเหยง่ายภายในกระเพาะหมัก โดยกรดโปรพิโอนิกจะถูกผลิตได้ในสภาวะ pH ต่ำ ส่วนกรดอะซิติกจะถูกผลิตได้ในสภาวะ pH สูง อุณหภูมิที่เหมาะสมจะต้องอยู่ในช่วง 38-39 องศาเซลเซียส และต้องมีความเข้มข้นของแอมโมเนียไนโตรเจนในกระเพาะหมักเพียงพอเพื่อให้จุลินทรีย์นำไปสังเคราะห์เซลล์จุลินทรีย์ หรือที่เรียกว่า โปรตีนจากจุลินทรีย์นั่นเอง ซึ่งเป็นปัจจัยที่มีผลกระทบต่อการเปลี่ยนแปลงประชากรจุลินทรีย์ โดยจะเปลี่ยนไปตามชนิดและแหล่งอาหารที่สัตว์ได้รับ

ความต้องการพลังงานและโปรตีนแยกเป็น 2 ส่วน ได้แก่ ส่วนแรก เป็นความต้องการสำหรับจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก และส่วนที่ 2 เป็นความต้องการของตัวสัตว์เอง เนื่องจากโปรตีนและพลังงานมีผลต่อการเจริญเติบโต ขึ้นอยู่กับปริมาณการกินได้ ประสิทธิภาพการใช้อาหาร ตลอดจนการดูดซึมและนำไปสร้างผลผลิต

1. ขบวนการย่อยและหมักคาร์โบไฮเดรต

คาร์โบไฮเดรตจัดเป็นแหล่งพลังงานที่สำคัญของจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก จุลินทรีย์จะย่อยคาร์โบไฮเดรตทั้ง แป้งและเยื่อใยให้มีขนาดเล็กลง จนสามารถถูกนำเข้าสู่ร่างกายของจุลินทรีย์ จากนั้นจุลินทรีย์จะหมักโภชนะที่ดูดซึมเข้าสู่ร่างกายเปลี่ยนเป็นพลังงานเพื่อใช้ในการดำรงชีพ สร้างส่วนต่าง ๆ ของเซลล์จุลินทรีย์และขยายจำนวนต่อไป เนื่องจากขบวนการหมักอาหารโดยจุลินทรีย์ในกระเพาะหมักเป็นแบบไร้ออกซิเจน ขบวนการหมักคาร์โบไฮเดรตจึงไม่มีประสิทธิภาพ พลังงานส่วนใหญ่จากขบวนการหมักหลงเหลือในรูปกรดไขมันระเหยง่าย (Volatile fatty acid, VFA) กรดไขมันระเหยง่ายหลักที่ถูกผลิตขึ้น มี 3 ชนิด ได้แก่ กรดอะซิติก (C2) กรดโปรพิโอนิก (C3) และกรดบิวไทริก (C4) ส่วนใหญ่จะถูกดูดซึมที่กระเพาะหมักและบางส่วนที่ลำไส้เล็ก ซึ่งโคจะใช้เป็นแหล่งพลังงานและสารตั้งต้นในการสร้างนมและเนื้อต่อไป (รูปภาพที่ ก-1)

ปริมาณและสัดส่วนของกรดไขมันระเหยง่ายที่ถูกผลิตขึ้นในกระเพาะหมัก จะมีความผันแปรตามสัดส่วนและปริมาณของแป้งและเยื่อใยที่ใช้เลี้ยงโค เมื่อโคกินอาหารที่มีสัดส่วนของแป้งหรืออาหารข้นมากขึ้น สัดส่วนของกรดโปรพิโอนิกจะเพิ่มขึ้น ถ้าโคกินอาหารที่มีสัดส่วนอาหารหยาบหรือเยื่อใยมากขึ้น สัดส่วนของกรดอะซิติกจะเพิ่มขึ้น ในส่วนของระดับสัดส่วนของกรดบิวไทริกจะไม่ค่อยเปลี่ยนแปลงตามสัดส่วนและปริมาณของแป้ง(อาหารข้น) และเยื่อใยที่ใช้เลี้ยงโค นั่นคือถ้าโคนมได้รับเยื่อใยในอาหารไม่เพียงพอจะส่งผลให้กระเพาะหมักมีความเป็นกรดสูง (มีการให้อาหารข้นในระดับสูง) มีผลทำให้ระยะเวลาในการเคี้ยวเอื้องและประสิทธิภาพการสังเคราะห์โปรตีนจากจุลินทรีย์ต่ำ ส่งผลต่อการสังเคราะห์กรดอะซิติก ทำให้ไขมันในน้ำนมต่ำตามไปด้วย

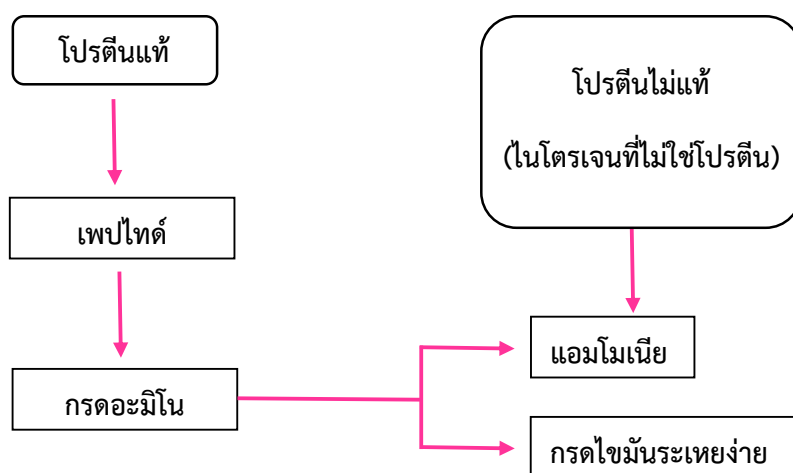


รูปภาพที่ ๑-1 แสดงผลที่เกิดจากขบวนการย่อยและหมักคาร์โบไฮเดรตโดยจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก

2. ขบวนการย่อยและหมักโปรตีน

โปรตีนในอาหารสัตว์เคี้ยวเอื้องมีความสำคัญอย่างมากต่อการเจริญเติบโตและการให้ผลผลิต การสังเคราะห์โปรตีนจากจุลินทรีย์ในกระเพาะรูเมนมีความสำคัญ เพราะเป็นแหล่งโปรตีนหลักของสัตว์เคี้ยวเอื้อง โดยปกติแหล่งไนโตรเจนสำหรับจุลินทรีย์ในกระเพาะรูเมนจะมีอยู่สองรูปแบบ คือ 1) โปรตีนแท้ (True protein) ซึ่งเป็นโปรตีนที่มีอยู่ในอาหาร จะถูกย่อยจนกลายเป็นเปปไทด์และกรดอะมิโน แล้วถูกนำไปใช้ผ่านทางจุลินทรีย์ และ 2) สารประกอบไนโตรเจนที่ไม่ใช่โปรตีน (Non-protein nitrogen, NPN) ซึ่งเป็นสารประกอบที่มีไนโตรเจนเป็นองค์ประกอบ แต่ไม่ได้รวมอยู่ในรูปโปรตีน ได้แก่ กรดอะมิโนอิสระ (Free amino acid) ไพริมิดีน (Pyrimidines) พิวรีน (Purine) สายเปปไทด์ (Peptide) เอไมด์ (Amides) เอมีน (Amines) เกลือแอมโมเนีย (Ammonium salts) ไนเตรท (Nitrate) ไนไตรท์ (Nitrite) ยูเรีย (Urea) และไบยูเรท (Biurate) เป็นต้น สารประกอบต่างๆ เหล่านี้ไม่มีคุณสมบัติเป็นโปรตีน แต่จะถูกย่อยเป็นแอมโมเนียโดยตรง และจุลินทรีย์สามารถดึงเอาไนโตรเจนจากสารประกอบเหล่านี้เพื่อนำไปสังเคราะห์เป็นโปรตีนจากจุลินทรีย์ แอมโมเนียเป็นแหล่งไนโตรเจนร่วมกับ และสายเปปไทด์และกรดอะมิโนจำนวนที่พอเหมาะถูกใช้ในการเจริญเติบโต (สร้างส่วนประกอบโปรตีนของเซลล์จุลินทรีย์) ของจุลินทรีย์ในกระเพาะรูเมน

หากขาดกรดอะมิโนบางชนิดอาจทำให้กระบวนการหมักภายในกระเพาะรูเมนเกิดได้ไม่สมบูรณ์ (Creighton et al., 2003) (รูปภาพที่ ฅ-2)



รูปภาพที่ ฅ-2 แสดงผลที่เกิดจากขบวนการย่อยและหมักโปรตีนโดยจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก

หากปริมาณเปปไทด์และกรดอะมิโนในกระเพาะหมักมีปริมาณมากเกินไปเกินความต้องการแล้ว จุลินทรีย์จะหมักเปปไทด์ และกรดอะมิโนกลายเป็นแหล่งพลังงาน แล้วผลิต VFA และแออมโมเนีย เป็นผลพลอยได้ ซึ่งทำให้เกิดการใช้โภชนาชนิดประเภท และสูญเสียโปรตีนแท้ในรูปของแออมโมเนียโดยเปล่าประโยชน์ (เพิ่มต้นทุน)

แออมโมเนียจะถูกใช้เป็นประโยชน์หรือโทษแก่โคขึ้นอยู่กับปริมาณแบ่งที่ใช้อย่างง่าย และปริมาณแออมโมเนียในกระเพาะหมัก โดยแออมโมเนียจะเป็นประโยชน์ก็ต่อเมื่อแออมโมเนียถูกจุลินทรีย์ดึงเข้าภายในเซลล์เพื่อใช้เป็นแหล่งไนโตรเจนสำหรับสร้างโปรตีนของเซลล์จุลินทรีย์ และจะเป็นโทษ เมื่อแออมโมเนียถูกดูดซึมผ่านผนังกระเพาะหมักเข้าสู่กระแสเลือด ร่างกายจะสูญเสียพลังงานในการเปลี่ยนแออมโมเนียเป็นยูเรียและขับออกทางปัสสาวะต่อไป อย่างไรก็ตาม จุลินทรีย์ส่วนใหญ่ >90% ในกระเพาะหมักมีความสามารถที่จะใช้แออมโมเนียเป็นแหล่งไนโตรเจนสำหรับสร้างโปรตีนของเซลล์จุลินทรีย์

หากในกระเพาะหมักมีปริมาณแบ่งน้อยเกินไป และแออมโมเนียมากเกินไป ปริมาณแออมโมเนียส่วนใหญ่จะถูกดูดซึมผ่านผนังกระเพาะหมัก อาจทำให้โคตายได้เนื่องจากพิษแออมโมเนีย

ดังนั้นเพื่อให้มีปริมาณไนโตรเจนทั้งในรูปเปปไทด์ กรดอะมิโน และแออมโมเนียเพียงพอต่อความต้องการของจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก อาหารที่ใช้เลี้ยงโคควรมีไนโตรเจนที่มาจากแหล่งไนโตรเจนที่ไม่ใช่โปรตีนประมาณ 30 % ที่เหลือควรเป็นไนโตรเจนที่มาจากโปรตีนแท้

การเลือกใช้วัตถุดิบ

การรู้ค่าของส่วนที่ย่อยได้ง่ายระหว่างโปรตีนรวม และ แป้งและน้ำตาล จะทำให้สามารถเลือกใช้วัตถุดิบแหล่งอาหารโปรตีน และแหล่งวัตถุดิบแป้งและน้ำตาล ให้มีความสมดุลทั้งในเชิงอัตราและปริมาณของไนโตรเจนและน้ำตาลสำหรับการย่อยและหมักอาหารของจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก ทั้งนี้เพื่อให้จุลินทรีย์สามารถนำไนโตรเจนและน้ำตาลมาสร้างเป็นเซลล์ของจุลินทรีย์ได้มากที่สุด ซึ่งจะทำให้โคนมได้รับโปรตีนจุลินทรีย์ได้มากที่สุด

1. ความสมดุลของสัดส่วนการย่อยได้ง่ายในกระเพาะหมักระหว่างวัตถุดิบอาหารแหล่งโปรตีนและแป้ง

กรณีแหล่งโปรตีนย่อยช้ากว่าแหล่งแป้ง

- จุลินทรีย์รับพลังงานเร็วกว่ารับไนโตรเจน
- จุลินทรีย์ไม่สามารถนำพลังงานมาสร้างเป็นเซลล์จุลินทรีย์ได้
- จะหมักแป้ง ได้ VFA, CO₂, มีเทน และความร้อน

กรณีแหล่งโปรตีนย่อยเร็วกว่าแป้ง

- จุลินทรีย์รับพลังงานช้ากว่ารับไนโตรเจน
- จุลินทรีย์ใช้แหล่งโปรตีนเป็นแหล่งพลังงาน
- จะย่อยและหมักโปรตีน ได้ VFA , แอมโมเนีย , CO₂, มีเทน และความร้อน

5. ความสมดุลของปริมาณวัตถุดิบอาหารแหล่งโปรตีนและแป้ง

กรณีแหล่งโปรตีนปริมาณน้อยกว่าแหล่งแป้ง

- จุลินทรีย์ได้รับไนโตรเจนไม่พอ
- การเจริญเติบโตของจุลินทรีย์หยุดชะงัก
- จุลินทรีย์ย่อยและหมักแป้งได้ VFA, CO₂, มีเทน และความร้อน

กรณีแหล่งโปรตีนปริมาณมากกว่าแหล่งแป้ง

- จุลินทรีย์ได้รับพลังงานไม่พอ
- จุลินทรีย์ใช้วัตถุดิบแหล่งโปรตีนเป็นแหล่งพลังงาน
- จุลินทรีย์ย่อยและหมักโปรตีนได้ แอมโมเนีย, VFA, CO₂, มีเทน และความร้อน

ดังนั้นต้องเลือกวัตถุดิบอาหารสัตว์ให้สมดุลทั้งการย่อยได้ง่ายและปริมาณ เพื่อช่วยให้จุลินทรีย์นำพลังงานและโปรตีนมาสร้างเป็นเซลล์ของจุลินทรีย์ให้มีประสิทธิภาพมากที่สุด (ตารางที่ ฅ-1)

ตารางที่ ฅ-1 แสดงระดับการย่อยได้ง่ายในกระเพาะหมักของวัตถุดิบอาหารสัตว์แหล่งโปรตีนและแป้ง

ระดับโภชนาที่่อยง่าย	วัตถุดิบแหล่งโปรตีน	วัตถุดิบแหล่งแป้ง
สูงมาก (>90%)	ยูเรีย	กากน้ำตาล
สูง (60-90%)	กากถั่วเหลือง	มันสำปะหลัง
ปานกลาง (40-60%)	กากถั่วลิสง กากทานตะวัน กากฝ้าย กากนุ่น กากงา กากเบียร์	ข้าวโพด ข้าวฟ่าง ปลาซัว
ต่ำกว่า (<40%)	ปลาป่น เลือดป่น	

ที่มา: จีระชัย (2546)

1) Animal registration form

รูปภาพที่ ภ-3 แสดงแบบฟอร์มสำหรับการทำประวัติประจำตัวโคนม

รูปภาพที่ ภ-4 แสดงแบบฟอร์มสำหรับการผสมเทียม

3) Milk recording form

ชื่อโคกับเจ้าของ : ภาค-ถิ่นชื่อ

หมายเลขใบกำกับอย่าง : CKHJ201981

ฟาร์มที่ผูกกับสำนักงาน (190200277)

รับฝากอย่าง : เดือน : ธันวาคม 2563 , ชาวต่างชาติกับฟาร์ม

ลำดับที่	ลำดับราย	ทะเบียนโค	ชื่อโค	วันคลอด	Lact	วัน รับ	วันผสม	สถาน การ	วันเก็บนม ด้วย	จำนวน เก็บนม	น้ำหนัก	ปริมาณนมรวม เก็บ	หมายเหตุ
1		15109634	ข้าวโพด	6/11/2562	1	404	20/8/2563	PG	18/11/2563	12	11.5		
2		15109651	หนาม	13/12/2562	2	367	19/8/2563	PG	18/11/2563	10	10.5		
3		15109636	เห็ด	15/12/2562	1	365	30/11/2563	MA	18/11/2563	10	13		
4		15109657	สิงห์	25/12/2562	3	355	27/5/2563	PG	18/11/2563	10	11.5		
5		15109638	ม้า	2/2/2563	1	316	21/7/2563	PG	18/11/2563	9	12.5		
6		111902ND01999	กระด	14/2/2563	6	304	20/5/2563	PG	18/11/2563	8	9.5		
7		15109629	มะเขือ	15/2/2563	1	303	4/11/2563	MA	18/11/2563	8	8.5		
8		15109627	หนาม	17/3/2563	1	272	20/11/2563	MA	18/11/2563	7	12		
9		19151076	๓	28/3/2563	8	261	16/9/2563	PG	18/11/2563	7	15.5		
10		171902ND00110	151686/ก มณี	29/3/2563	1	260	25/11/2563	MA	18/11/2563	7	15.5		
11		151096507	ม้าขาว	13/5/2563	3	215	1/12/2563	MA	18/11/2563	7	12		
12		151097488	ม้า	15/5/2563	2	213	22/11/2563	MA	18/11/2563	7	18		
13		151097375	ม้า	17/5/2563	3	211	4/12/2563	MA	18/11/2563	6	14.5		
14		15109633	หนาม	30/5/2563	2	186	18/11/2563	MA	18/11/2563	3	18		
15		15107344	กระด	14/9/2563	3	91	กบ	CV	18/11/2563	2	11.5		
16		15107376	ม้า	15/9/2563	3	90	4/12/2563	MA	18/11/2563	2	15.5		
17		15107334	ม้า	29/9/2563	3	76	15/11/2563	MA	18/11/2563	2	19		
18		15109635	ม้า	7/10/2563	2	68	11/12/2563	MA	18/11/2563	2	12.5		
19		171902ND00164	กบ	30/10/2563	1	45	กบ	CV	18/11/2563	1	19.5		

A. ใบเก็บตัวอย่างน้ำนม

ภาค-ถิ่นชื่อ

หมายเลขใบกำกับอย่าง : IJXI455421 วันที่ส่งตัวอย่าง : 17/12/2563 ศูนย์วิจัย

ลำดับที่	ทะเบียนโค	ชื่อโค	วันคลอด	Lact	วัน รับ	วันผสม	สถาน การ	วันเก็บนม ด้วย	ปริมาณ รวม	ฟาร์ม
1	151907366	ม้า	4/11/2562	1	409	19/8/2563	PG	16/12/2563	10	ทดลองใช้ธนาคาร
2	151905284	ม้า	24/12/2562	2	359	9/10/2563	PG	16/12/2563	10.5	ทดลองใช้ธนาคาร
3	151909637	ม้า	31/12/2562	1	352	5/7/2563	PG	16/12/2563	11.5	ทดลองใช้ธนาคาร
4	131902ND00211	ม้า	2/2/2563	3	319	6/6/2563	PG	16/12/2563	15	ทดลองใช้ธนาคาร
5	151909572	ม้า	5/2/2563	1	316	11/8/2563	PG	16/12/2563	14	ทดลองใช้ธนาคาร
6	151905286	หนาม	4/4/2563	2	257	4/10/2563	PG	16/12/2563	10.5	ทดลองใช้ธนาคาร
7	151909564	กระด	7/4/2563	1	254	25/9/2563	PG	16/12/2563	16.5	ทดลองใช้ธนาคาร
8	151608624	ม้า	15/4/2563	1	246	10/7/2563	PG	16/12/2563	10.5	ทดลองใช้ธนาคาร
9	151909638	ม้า	21/4/2563	1	240	26/7/2563	PG	16/12/2563	17.5	ทดลองใช้ธนาคาร
10	151905283	หนาม	2/5/2563	2	229	28/10/2563	MA	16/12/2563	5.5	ทดลองใช้ธนาคาร
11	151907412	ม้า	11/5/2563	2	220	2/8/2563	PG	16/12/2563	16.5	ทดลองใช้ธนาคาร
12	111902ND01909	ม้า	19/5/2563	5	212	17/10/2563	MA	16/12/2563	12.5	ทดลองใช้ธนาคาร
13	19210696	ม้า	27/5/2563	7	204	7/12/2563	MA	16/12/2563	13.5	ทดลองใช้ธนาคาร
14	151907365	กระด	2/6/2563	2	198	7/12/2563	MA	16/12/2563	19	ทดลองใช้ธนาคาร
15	151906543	ม้า	3/6/2563	2	197	14/10/2563	NO	16/12/2563	18.5	ทดลองใช้ธนาคาร
16	151907363	หนาม	4/6/2563	2	196	24/10/2563	MA	16/12/2563	8	ทดลองใช้ธนาคาร
17	151907364	ม้า	25/6/2563	2	175	28/11/2563	MA	16/12/2563	15	ทดลองใช้ธนาคาร
18	151905285	หนาม	1/7/2563	3	169	24/10/2563	MA	16/12/2563	15	ทดลองใช้ธนาคาร
19	171902ND00140	กบ	13/7/2563	1	157	28/10/2563	MA	16/12/2563	15	ทดลองใช้ธนาคาร

B. ใบส่งตัวอย่างน้ำนมเพื่อตรวจวิเคราะห์

Job name: HC455421
Collection date: 17/12/2020
Job type: NORMAL

#inWS	#inJobID	#Sub	Fat	Cru.Prot	Lactose	SnF	TS	Cit.Acid	FPD	Urea	Cells	ZValue	PhaMean	H.Index	Date	Time	Remark	Type
1101	1	1	3.77	3.72	4.48	9.09	12.8	0.161	560	17.2	190	3.07	82	1.21	17/12/2020	14:26:35	No License	NORMAL
1102	2	1	2.54	3.7	4.36	8.82	11.37	0.112	535	18.4	1258	3.32	85	1.01	17/12/2020	14:26:44	No License	NORMAL
1103	3	1	3.21	3.46	4.3	8.51	11.69	0.092	523	14.5	445	3.07	87	1.2	17/12/2020	14:27:02	No License	NORMAL
1104	4	1	3.47	3.46	4.72	8.9	12.33	0.096	526	17.8	194	3.6	87	1.06	17/12/2020	14:27:20	No License	NORMAL
1105	5	1	3.87	3.26	4.9	8.9	12.69	0.12	523	14.9	133	3.65	86	1.19	17/12/2020	14:27:38	No License	NORMAL
1106	6	1	3.87	4.01	4.76	9.46	13.34	0.105	531	16.8	171	3.85	81	1.15	17/12/2020	14:27:56	No License	NORMAL
1107	7	1	3.3	3.28	4.43	8.44	11.73	0.098	517	17.1	305	3.38	82	1.07	17/12/2020	14:28:14	No License	NORMAL
1108	8	1	3.93	3.19	4.72	8.58	12.51	0.095	525	17.4	540	3.18	86	1.07	17/12/2020	14:28:32	No License	NORMAL
1109	9	1	3.13	2.88	4.19	7.79	10.91	0.091	503	15.5	736	3.6	89	1.3	17/12/2020	14:28:50	No License	NORMAL
1110	10	1	4.14	3.36	4.19	8.35	12.39	0.11	507	18	1805	3.75	89	1.17	17/12/2020	14:29:08	No License	NORMAL
1111	11	1	4.05	3.37	4.54	8.59	12.61	0.089	515	16.1	761	3.75	87	1.43	17/12/2020	14:29:26	No License	NORMAL
1112	12	1	3.04	3.48	4.52	8.7	11.71	0.101	524	18.4	267	3.8	88	1.24	17/12/2020	14:29:44	No License	NORMAL
1113	13	1	1.27	3.3	4.26	8.38	9.66	0.093	503	13.4	189	3.67	87	0.89	17/12/2020	14:30:02	No License	NORMAL
1114	14	1	3.17	3.1	4.72	8.53	11.68	0.083	518	16.7	343	3.23	87	0.96	17/12/2020	14:30:20	No License	NORMAL
1115	15	1	3.62	3.38	4.54	8.61	12.18	0.099	525	17.8	817	3.64	89	1.39	17/12/2020	14:30:38	No License	NORMAL
1116	16	1	3.13	3.14	4.38	8.47	11.47	0.154	520	17	498	3.21	89	0.95	17/12/2020	14:30:56	No License	NORMAL
1117	17	1	3.66	3.31	4.69	8.76	12.34	0.121	528	14.5	420	3.23	87	1.33	17/12/2020	14:31:14	No License	NORMAL
1118	18	1	4.39	3.38	4.59	8.67	13	0.112	522	17.7	337	3.57	86	1.43	17/12/2020	14:31:32	No License	NORMAL
1119	19	1	3.9	3.05	4.35	8.06	11.92	0.095	509	16.4	529	3.27	89	1.59	17/12/2020	14:31:50	No License	NORMAL
1120	20	1	3.26	2.95	4.72	8.33	11.56	0.108	526	19.9	164	4.95	91	1.2	17/12/2020	14:32:08	No License	NORMAL
1121	21	1	3.03	2.6	4.54	7.84	10.84	0.111	515	19.2	48	0	0	1.13	17/12/2020	14:32:26	No License	NORMAL
1122	22	1	2.9	2.78	4.83	8.28	11.17	0.101	524	16.5	185	4.4	91	1.15	17/12/2020	14:32:44	No License	NORMAL
1123	23	1	2.85	2.72	4.46	7.91	10.71	0.096	514	14.4	787	3.81	96	1.21	17/12/2020	14:33:02	No License	NORMAL
1124	24	1	3.62	2.62	4.64	7.96	11.54	0.093	513	15.6	421	4.16	96	1.32	17/12/2020	14:33:20	No License	NORMAL
1125	25	1	3.31	2.79	4.21	7.78	11	0.083	498	12.6	516	2.86	92	1.23	17/12/2020	14:33:38	No License	NORMAL
1126	26	1	1.28	2.39	4.6	7.91	9.1	0.146	508	12.6	235	3.08	91	0.9	17/12/2020	14:33:56	No License	NORMAL
1127	27	1	2.82	2.58	4.92	8.34	11.06	0.149	517	13.9	996	4.62	97	1.18	17/12/2020	14:34:14	No License	NORMAL
1128	28	1	3.89	2.72	4.92	8.27	12.13	0.116	529	20.4	714	4.08	96	1.46	17/12/2020	14:34:32	No License	NORMAL
1129	29	1	1.52	2.62	4.83	8.2	9.69	0.11	500	13.5	148	5.44	96	1.02	17/12/2020	14:34:50	No License	NORMAL
1130	30	1	0.9	2.68	4.83	8.31	9.21	0.13	509	18	390	3.83	96	0.81	17/12/2020	14:35:08	No License	NORMAL
1131	31	1	6.96	2.36	4.8	7.68	14.52	0.138	493	16.5	701	4.34	100	2.62	17/12/2020	14:35:26	No License	NORMAL
1132	32	1	4.71	2.55	4.73	8.08	12.65	0.165	513	18.8	270	4.79	96	1.74	17/12/2020	14:35:44	No License	NORMAL
1133	33	1	3.22	2.75	4.72	8.31	11.45	0.166	516	18.5	73	5.03	96	1.47	17/12/2020	14:36:02	No License	NORMAL

C. ใบผลการตรวจจากห้องปฏิบัติการวิเคราะห์น้ำนม

รูปภาพที่ ๓-5 แสดงแบบฟอร์มสำหรับการทำสถิติการให้ผลผลิตน้ำนม

4) Type appraisal form

แบบฟอร์มการวัดและให้คะแนนรูปร่างโคนม สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์			
หน่วยผสมเทียม.....		จังหวัด.....	หมายเลขทะเบียนฟาร์ม.....
ชื่อฟาร์ม.....			
หมายเลขประจำตัวโค.....	ชื่อโค.....	พันธุ์.....	วันเกิด.....
หมายเลขพ่อ.....	พันธุ์.....	หมายเลขแม่.....	พันธุ์.....
หมายเลขทะเบียนฟาร์ม.....		ชื่อฟาร์ม.....	
รหัสผู้ประเมิน.....	ชื่อผู้ประเมิน.....	วันที่ประเมิน.....	

ลักษณะโครงสร้าง <table border="0" style="width: 100%;"> <tr><td>ความยาวสะโพก</td><td>_____</td><td>เซนติเมตร</td></tr> <tr><td>ความกว้างสะโพก</td><td>_____</td><td>เซนติเมตร</td></tr> <tr><td>มุมสะโพก (+/-)</td><td>_____</td><td>เซนติเมตร</td></tr> <tr><td>โคนหาง</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>มุมอวัยวะเพศ</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>โหล่</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>ความสูงสันปัสสาวะ</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>หลัง (ส่วนเอว)</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>หัว</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>ความสูง</td><td>_____</td><td>เซนติเมตร</td></tr> </table>	ความยาวสะโพก	_____	เซนติเมตร	ความกว้างสะโพก	_____	เซนติเมตร	มุมสะโพก (+/-)	_____	เซนติเมตร	โคนหาง	_____	คะแนน	มุมอวัยวะเพศ	_____	คะแนน	โหล่	_____	คะแนน	ความสูงสันปัสสาวะ	_____	คะแนน	หลัง (ส่วนเอว)	_____	คะแนน	หัว	_____	คะแนน	ความสูง	_____	เซนติเมตร	ลักษณะเต้านม <table border="0" style="width: 100%;"> <tr><td>ความสูงของเนื้อเยื่อเต้านมหลัง</td><td>_____</td><td>เซนติเมตร</td></tr> <tr><td>ความกว้างของเนื้อเยื่อเต้านมหลัง</td><td>_____</td><td>เซนติเมตร</td></tr> <tr><td>ความลึกของเต้านม (+/-)</td><td>_____</td><td>เซนติเมตร</td></tr> <tr><td>ตำแหน่งหัวนม (มองด้านหลัง)</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>ตำแหน่งหัวนม (มองด้านข้าง)</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>ขนาดหัวนม</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>เอ็นยึดเต้านมหลัง</td><td>_____</td><td>เซนติเมตร</td></tr> <tr><td>การเกาะยึดของเต้านมหน้า</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>ความยาวเต้านมหน้า (+/-)</td><td>_____</td><td>เซนติเมตร</td></tr> <tr><td>ความสมดุลของเต้านม</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> </table>	ความสูงของเนื้อเยื่อเต้านมหลัง	_____	เซนติเมตร	ความกว้างของเนื้อเยื่อเต้านมหลัง	_____	เซนติเมตร	ความลึกของเต้านม (+/-)	_____	เซนติเมตร	ตำแหน่งหัวนม (มองด้านหลัง)	_____	คะแนน	ตำแหน่งหัวนม (มองด้านข้าง)	_____	คะแนน	ขนาดหัวนม	_____	คะแนน	เอ็นยึดเต้านมหลัง	_____	เซนติเมตร	การเกาะยึดของเต้านมหน้า	_____	คะแนน	ความยาวเต้านมหน้า (+/-)	_____	เซนติเมตร	ความสมดุลของเต้านม	_____	คะแนน
ความยาวสะโพก	_____	เซนติเมตร																																																											
ความกว้างสะโพก	_____	เซนติเมตร																																																											
มุมสะโพก (+/-)	_____	เซนติเมตร																																																											
โคนหาง	_____	คะแนน																																																											
มุมอวัยวะเพศ	_____	คะแนน																																																											
โหล่	_____	คะแนน																																																											
ความสูงสันปัสสาวะ	_____	คะแนน																																																											
หลัง (ส่วนเอว)	_____	คะแนน																																																											
หัว	_____	คะแนน																																																											
ความสูง	_____	เซนติเมตร																																																											
ความสูงของเนื้อเยื่อเต้านมหลัง	_____	เซนติเมตร																																																											
ความกว้างของเนื้อเยื่อเต้านมหลัง	_____	เซนติเมตร																																																											
ความลึกของเต้านม (+/-)	_____	เซนติเมตร																																																											
ตำแหน่งหัวนม (มองด้านหลัง)	_____	คะแนน																																																											
ตำแหน่งหัวนม (มองด้านข้าง)	_____	คะแนน																																																											
ขนาดหัวนม	_____	คะแนน																																																											
เอ็นยึดเต้านมหลัง	_____	เซนติเมตร																																																											
การเกาะยึดของเต้านมหน้า	_____	คะแนน																																																											
ความยาวเต้านมหน้า (+/-)	_____	เซนติเมตร																																																											
ความสมดุลของเต้านม	_____	คะแนน																																																											

ลักษณะโคนม <table border="0" style="width: 100%;"> <tr><td>ลักษณะโคนม</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>หนังและขน</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> </table>	ลักษณะโคนม	_____	คะแนน	หนังและขน	_____	คะแนน	ลักษณะความจุร่างกาย <table border="0" style="width: 100%;"> <tr><td>ความลึกของลำตัว</td><td>_____</td><td>เซนติเมตร</td></tr> <tr><td>อกลึก</td><td>_____</td><td>เซนติเมตร</td></tr> <tr><td>อกกว้าง</td><td>_____</td><td>เซนติเมตร</td></tr> </table>	ความลึกของลำตัว	_____	เซนติเมตร	อกลึก	_____	เซนติเมตร	อกกว้าง	_____	เซนติเมตร
ลักษณะโคนม	_____	คะแนน														
หนังและขน	_____	คะแนน														
ความลึกของลำตัว	_____	เซนติเมตร														
อกลึก	_____	เซนติเมตร														
อกกว้าง	_____	เซนติเมตร														

ลักษณะขาและกีบ <table border="0" style="width: 100%;"> <tr><td>ขาหลัง (ด้านข้าง)</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>ขาหลัง (ด้านหลัง)</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>มูมกีบ</td><td>_____</td><td>องศา</td></tr> <tr><td>กีบ</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> </table>	ขาหลัง (ด้านข้าง)	_____	คะแนน	ขาหลัง (ด้านหลัง)	_____	คะแนน	มูมกีบ	_____	องศา	กีบ	_____	คะแนน	<table border="0" style="width: 100%;"> <tr><td>ตำแหน่งขาหลัง (ด้านข้าง)</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>การเดิน</td><td>_____</td><td>คะแนน</td></tr> <tr><td>ข้อกีบ</td><td>_____</td><td>เซนติเมตร</td></tr> </table>	ตำแหน่งขาหลัง (ด้านข้าง)	_____	คะแนน	การเดิน	_____	คะแนน	ข้อกีบ	_____	เซนติเมตร
ขาหลัง (ด้านข้าง)	_____	คะแนน																				
ขาหลัง (ด้านหลัง)	_____	คะแนน																				
มูมกีบ	_____	องศา																				
กีบ	_____	คะแนน																				
ตำแหน่งขาหลัง (ด้านข้าง)	_____	คะแนน																				
การเดิน	_____	คะแนน																				
ข้อกีบ	_____	เซนติเมตร																				

แบบฟอร์มการวัดและให้คะแนนรูปร่างโคนม

โครงการผลิตพ่อโคนมทรอปิคอลโฮลสไตน์

กลุ่มวิจัยและประเมินพันธุ์กรรมพันธุ์สัตว์ สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์

ศูนย์วิจัยการผสมเทียม..... หมายเลขทะเบียนฟาร์ม

ชื่อฟาร์ม..... หมายเลขประจำตัวโค

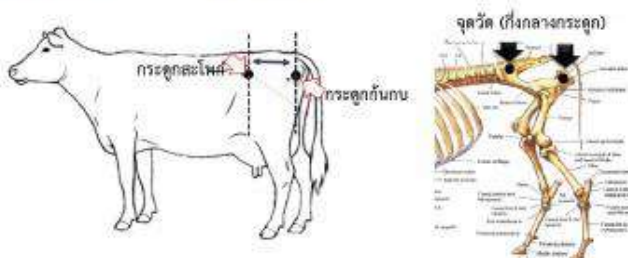
ชื่อโค..... พันธุ์..... วันเกิด..... วันคลอด.....

หมายเลขพ่อ..... พันธุ์..... หมายเลขแม่..... พันธุ์.....

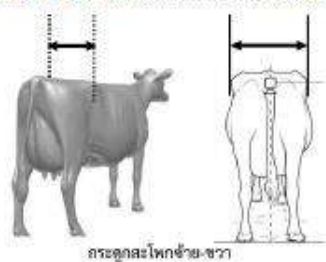
รหัสผู้ประเมิน..... ชื่อผู้ประเมิน..... วันที่ประเมิน

ลักษณะโครงสร้าง

1. ความยาวสะโพก.....เซนติเมตร



2. ความกว้างสะโพก.....เซนติเมตร

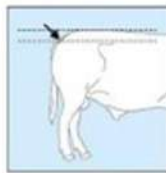


3. มุมสะโพก.....เซนติเมตร

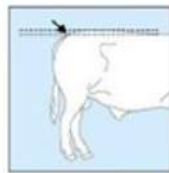


ควรวัดมุมจากพื้นโดยใช้กระดูกสะโพกซ้าย - ควรวัดมุมจากพื้นโดยใช้กระดูกสันหลัง

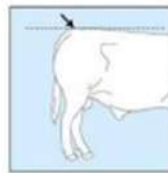
4. โคนหาง.....คะแนน



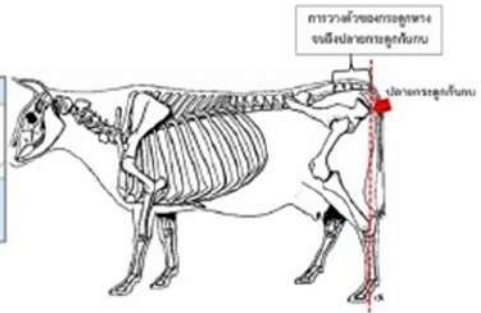
โคนหางจอม
5-10 คะแนน



เสมอ
25 คะแนน



โคนหางยกสูง
40-45 คะแนน



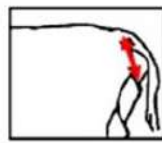
5. มุมของอวัยวะเพศ.....คะแนน



หยางขึ้น
5 - 10 คะแนน



ลาดเอียงพอประมาณ
25 คะแนน



เกือบหรือตั้งตรง
45 - 50 คะแนน

6. ไหล่.....คะแนน



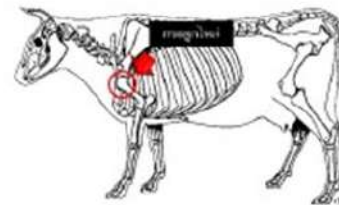
กระดูกไหปลาร้ามากจะสังเกตเห็น
กระดูกซี่โครง
5 - 10 คะแนน



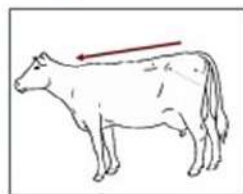
กระดูกไหปลาร้าการวางจะ
สังเกตเห็นกระดูกซี่โครง
25 คะแนน



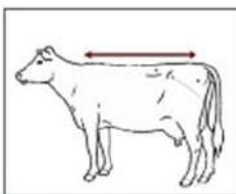
กระดูกไหปลาร้าแคบชิดตัว
40 - 45 คะแนน



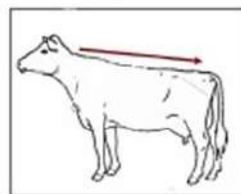
7. ความสูงสันหลัง.....คะแนน



5 - 10 คะแนน



25 คะแนน



45 - 50 คะแนน

8. หลัง (ส่วนเอว).....คะแนน



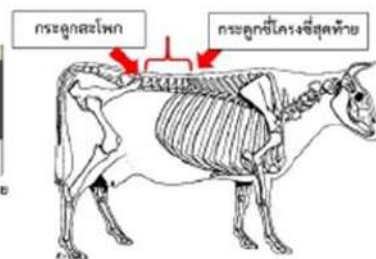
เอวผอมมาก
5-10 คะแนน



เอวตรง
25 คะแนน



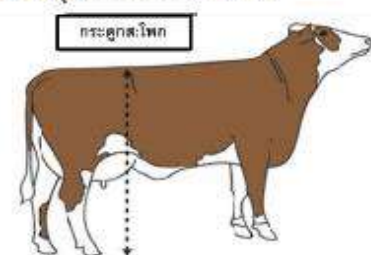
เอวแข็งแรงกล้ามเนื้อเล็กน้อย
40-45 คะแนน



9. หัว.....คะแนน



10. ความสูง.....เซนติเมตร

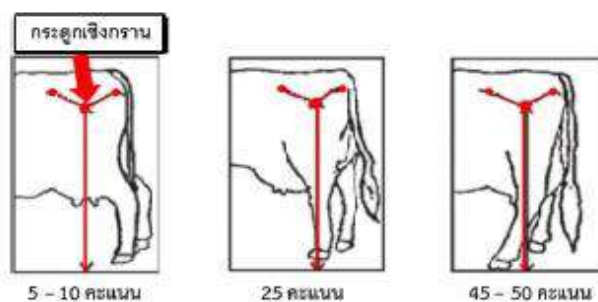


ลักษณะขาและกีบ

11. ขาหลัง (ด้านข้าง).....คะแนน



12. ตำแหน่งขาหน้า.....คะแนน



13. ขาหลัง (ด้านหลัง)คะแนน



ขาแบะมาก
5 - 10 คะแนน



ก๊ีบอังกั๊บน้ำหนักไม่เดินทั้งก๊ีบ
25 คะแนน



ตรง
45 - 50 คะแนน

14. การเดินคะแนน



ขาสั้นมาก
5 - 10 คะแนน



ขาสั้นเล็กน้อย
25 คะแนน



เดินมั่นคง
45 - 50 คะแนน

15. มุมก๊ีบองศา



16. ข้อก๊ีบเซนติเมตร



17. ก๊ีบคะแนน



5-10 คะแนน



15-20 คะแนน



25 คะแนน



30-35 คะแนน



40-45 คะแนน

ลักษณะโคนม

18. ลักษณะความเป็นโคนม.....คะแนน

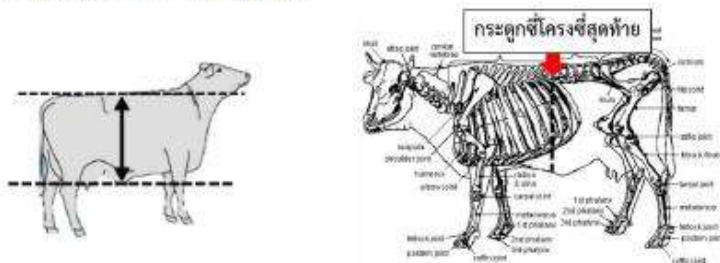


19. หน้าและขน.....คะแนน

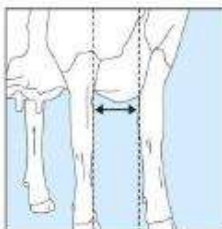
ผิวหน้า - หยิบ ขนหยอง - คำน 5 - 10 คะแนน	ผิวหน้าค่อนข้างหนา - ยึดหยุ่นเล็กน้อย ขนกระด้าง - แห้ง 25 คะแนน	ผิวหน้าบาง - ยึดหยุ่น ขนนุ่ม - เรียบเป็นมัน 45 - 50 คะแนน
---	--	--

ลักษณะความจุร่างกาย

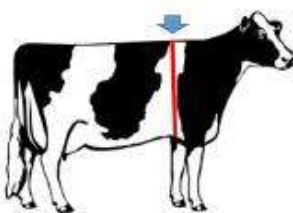
20. ความลึกลำตัว.....เซนติเมตร



21. ความกว้างของช่องอก.....เซนติเมตร



22. ความลึกของช่องอก.....เซนติเมตร



ลักษณะเต้านม

23. ความสูงเนื้อเยื่อของเต้านมหลัง.....เซนติเมตร



24. ความกว้างของเต้านมหลัง.....เซนติเมตร



25. ความลึกของเต้านม.....เซนติเมตร



แนวสมมติตัดฐานนม
พอดีค่าวัดเป็น 0



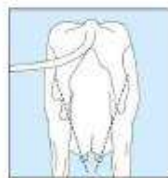
26. ตำแหน่งหัวนม (ด้านหลัง).....คะแนน



5 - 10 คะแนน



25 คะแนน



40 - 45 คะแนน

27. ตำแหน่งหัวนม (ด้านข้าง).....คะแนน



5 - 10 คะแนน

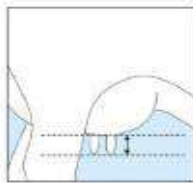


25 คะแนน



45 - 50 คะแนน

28. ขนาดหัวนม.....คะแนน



ความยาวหัวนมวัดจากปลายถึงฐานหัวนม (เต้าคู้หน้า) X 2.5 จะได้เป็นค่าคะแนน
*ถ้าเป็นเศษทศนิยมปัดขึ้น

29. ความแข็งแรงของเอ็นยึดเต้านมหลัง.....เซนติเมตร



ความลึกร่องแบ่งระหว่าง
เต้าหลังซ้ายขวา

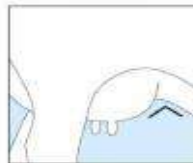


ไม่เห็นร่องแบ่ง
มีค่าเป็น 0 เซนติเมตร

30. การเกาะยึดของเต้านมคู้หน้า.....คะแนน



5 - 10 คะแนน



25 คะแนน

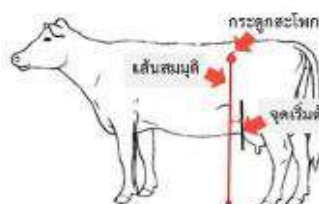


45 - 50 คะแนน

31. ความยาวของเต้านมหน้า.....เซนติเมตร



จุดเริ่มต้นเนื้อเยื่อเต้านมอยู่หน้าเส้นสมมุติควัด เป็นค่าลบ



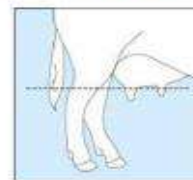
จุดเริ่มต้นเนื้อเยื่อเต้านมอยู่หลังเส้นสมมุติควัด เป็นค่าบวก

32. ความสมดุลย์ของเต้านม.....คะแนน



เต้านมสูง

5 - 10 คะแนน



สมดุลย์

25 คะแนน



เต้านมต่ำ

45 - 50 คะแนน

รูปภาพที่ 6- แสดงแบบฟอร์มสำหรับการประเมินลักษณะรูปร่าง



ดร. สายัณห์ บัวบาน

การศึกษา

- ปริญญาตรี วท.บ. (เกษตรศาสตร์) สาขาสัตวศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น
- ปริญญาโท วท.ม. (การปรับปรุงพันธุ์สัตว์) จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
- ปริญญาเอก PH.D. (ANIMAL AND FOOD HYGIENE) OBIHIRO UNIVERSITY OF AGRICULTURE AND VETERINARY MEDICINE, JAPAN

ผลงานวิจัย (บางส่วน)

- COMPARISON OF BREEDING VALUES PREDICTED WITH LACTATION MODEL AND TEST-DAY MODEL IN CROSSBRED DAIRY CATTLE.
- GENETIC ANALYSIS FOR FERTILITY TRAITS OF HEIFERS AND COWS FROM SMALLHOLDER DAIRY FARMS IN A TROPICAL ENVIRONMENT.
- GENETIC RELATIONSHIPS OF FERTILITY TRAITS WITH TEST-DAY MILK YIELD AND FAT-TO-PROTEIN RATIO IN TROPICAL SMALLHOLDER DAIRY FARMS.
- GENETIC ANALYSIS OF THE RATES OF CONCEPTION USING A LONGITUDINAL THRESHOLD MODEL WITH RANDOM REGRESSION IN DAIRY CROSSBREEDING WITHIN A TROPICAL ENVIRONMENT.
- GENETIC PARAMETERS AND TRENDS FOR PRODUCTION TRAITS OF DAIRY CATTLE IN THAILAND USING A MULTIPLE-TRAIT MULTIPLE-LACTATION TEST DAY MODEL.
- GENOMIC PREDICTION OF MILK PRODUCTION TRAITS AND SOMATIC CELL SCORE USING SINGLE-STEP GENOMIC BLUP WITH RANDOM REGRESSION TEST-DAY MODEL IN THAI DAIRY CATTLE.
- GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDY ON MILK PRODUCTION AND UDDER HEALTH TRAITS FOR THAI DAIRY CATTLE USING WEIGHTED SINGLE-STEP APPROACH WITH RANDOM REGRESSION TEST-DAY MODEL.

