

3-1-2004

EFFECTS OF BETA AND KAPPA CASEIN ON BREEDING VALUES PREDICTIONS IN DAIRY CATTLE

Chortip Aroondechachai

Chancharat Reodecha

Monchai Duangjinda

Duangsmorn Suwattana

Follow this and additional works at: <https://digital.car.chula.ac.th/tjvm>



Part of the [Veterinary Medicine Commons](#)

Recommended Citation

Aroondechachai, Chortip; Reodecha, Chancharat; Duangjinda, Monchai; and Suwattana, Duangsmorn (2004) "EFFECTS OF BETA AND KAPPA CASEIN ON BREEDING VALUES PREDICTIONS IN DAIRY CATTLE," *The Thai Journal of Veterinary Medicine*: Vol. 34: Iss. 1, Article 11.
Available at: <https://digital.car.chula.ac.th/tjvm/vol34/iss1/11>

This Article is brought to you for free and open access by the Chulalongkorn Journal Online (CUJO) at Chula Digital Collections. It has been accepted for inclusion in The Thai Journal of Veterinary Medicine by an authorized editor of Chula Digital Collections. For more information, please contact ChulaDC@car.chula.ac.th.

อิทธิพลของยีนเบต้าเคซีนและแคปปาเคซีนต่อการประมาณค่า การผสมพันธุ์ในโคนม

ช่อทิพ อรุณเดชาชัย¹ จันทรจักรัส เรียวเดชะ^{2*} มนต์ชัย ดวงจินดา³ ดวงสมร สุวัฑฒน²

Abstract

Chortip Aroondechachai¹ Chancharat Reodecha^{2*} Monchai Duangjinda³ Duangsmorn Suwattana²

EFFECTS OF BETA AND KAPPA CASEIN ON BREEDING VALUES PREDICTIONS IN DAIRY CATTLE

The objective of this study was to estimate the genetic parameters and breeding values for milk yield, protein yield and protein percentage in 87 crossbred dairy cattle with pedigree and production records and beta and kappa casein genotypes. The data was analyzed using three mixed model equations. The first model included fixed effects and random effects, identifying additive and permanent environments. The second model was similar to the first model using beta (a) or kappa (b) casein genotype (single gene) effect. The third model was the same as the first model but used composite beta and kappa casein genotype (multigene) effects. Variance components and breeding values were estimated by the Restricted Maximum Likelihood (REML) method and Best Liner Unbiased Prediction (BLUP), respectively. Heritabilities of milk yield were 0.51 (model 2a) to 0.57 (model 1), protein yield 0.43 (model 3) to 0.45 (model 1), and the protein percentage ranged from 0.21 to 0.22. Of all the three models analyzed, model3 was found to be better in explaining the source of variance than the other two, based on $-2\log L$ values. Analyses from model3 (multigene) were different from model1 in which genotypes were not included. As a result, the ranking of cows, based on their breeding values, showed differences between the two models. When beta or kappa casein genotypes were included separately in the model (2a or 2b), there were no difference in the ranking of the cows for milk and protein percentage. For all three models, the ranking of cows based on their breeding values showed no differences for protein yield.

Keywords : milk production traits, beta casein, kappa casein, BLUP

¹Graduate student, Department of Animal Husbandry, Faculty of Veterinary Science, Chulalongkorn University

²Department of Animal Husbandry, Faculty of Veterinary Science, Chulalongkorn University, Pathumwan, Bangkok 10330

³Department of Animal Husbandry, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University

*Corresponding author

¹นิสิตปริญญาโทบัณฑิต สาขาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

²ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330

³ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น

*ผู้รับผิดชอบบทความ

บทคัดย่อ

ช่อทิพ อรุณเดชาชัย¹ จันทร์จรัส เรี่ยวเดชะ^{2*} มนต์ชัย ดวงจินดา³ ดวงสมร สุวัทนา²

อิทธิพลของยีนเบต้าเคซีนและแคปปาเคซีนที่มีต่อการประมาณค่าการผสมพันธุ์ในโคนม

การศึกษาเพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม และประเมินค่าการผสมพันธุ์สำหรับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม ได้แก่ ปริมาณน้ำนมปรับ 305 วัน ปริมาณโปรตีน และเปอร์เซ็นต์โปรตีน โดยใช้ข้อมูลของโคนมลูกผสมจำนวน 87 ตัว ที่มีการบันทึกข้อมูลพันธุ์ประวัติ ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมรายตัว และมีการตรวจสอบจีโนไทป์ของยีนเบต้าและแคปปาเคซีน เพื่อเปรียบเทียบผลที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ไม่ปรับด้วยจีโนไทป์ของยีน (โมเดล 1) โมเดลที่ปรับด้วยจีโนไทป์ของยีนเบต้าเคซีน (โมเดล 2a) หรือยีนแคปปาเคซีน (โมเดล 2b) และโมเดลที่ปรับด้วยจีโนไทป์ของยีนทั้งสองร่วมกัน (โมเดล 3) ทำการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม ด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) และประเมินค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) พบว่า ลักษณะปริมาณน้ำนม มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.51 (โมเดล 2a) ถึง 0.57 (โมเดล 1) ลักษณะปริมาณโปรตีน มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.43 (โมเดล 3) ถึง 0.45 (โมเดล 1) และลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีน มีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.21 ถึง 0.22 ทั้งนี้ โมเดล 3 ให้ค่า $-2\log L$ ต่ำกว่า โมเดล 1 และ โมเดล 2a-b ในทุกลักษณะ การหาความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์จากโมเดลต่างๆ สำหรับลักษณะปริมาณน้ำนมและเปอร์เซ็นต์โปรตีนพบว่า โมเดลที่ปรับด้วยจีโนไทป์ของยีนเบต้าและแคปปาเคซีนร่วมกัน ทำให้ประเมินลำดับโคที่เรียงตามค่าการผสมพันธุ์แตกต่างจากโมเดลที่ไม่มีการปรับด้วยจีโนไทป์ ส่งผลให้เกิดการเปลี่ยนแปลงลำดับของโค ส่วนการปรับด้วยจีโนไทป์ของยีนเบต้าเคซีนหรือยีนแคปปาเคซีนเพียงอย่างเดียว ให้ลำดับโคที่เรียงตามค่าการผสมพันธุ์ไม่แตกต่างกัน สำหรับลักษณะปริมาณโปรตีนในทุกโมเดลให้ลำดับโคใกล้เคียงกัน

คำสำคัญ: ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม ยีนเบต้าเคซีน ยีนแคปปาเคซีน บีแอลยูพี

บทนำ

ลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจในโคนม เช่น ปริมาณน้ำนม และองค์ประกอบในน้ำนม ส่วนใหญ่เป็นลักษณะปริมาณ ความแปรปรวนของลักษณะปรากฏที่วัดได้มีอิทธิพลมาจากพันธุกรรม และสภาพแวดล้อมที่สัตว์ได้รับ เช่น อาหาร การเลี้ยงดู สภาพภูมิอากาศ เป็นต้น ในการปรับปรุงพันธุ์เพื่อให้ได้โคนมที่มีพันธุกรรมตรงตามวัตถุประสงค์ที่ต้องการที่ผ่านมาจึงได้นำเอาหลักการทางพันธุศาสตร์ปริมาณ (quantitative genetics) มาใช้ในการทดสอบลักษณะ โดยใช้ข้อมูลจากลักษณะปรากฏที่สังเกตได้ในการประมาณค่าการผสมพันธุ์ (estimated breeding values ; EBV) ของโคนมแต่ละตัว เพื่อนำมาใช้ในการจัดอันดับและคัดเลือกโคนมภายในฝูง แม้ว่าการคัดเลือกด้วยวิธีนี้จะค่อนข้างประสบความสำเร็จและเป็นหลักในการคัดเลือกโคนมทั่วโลกในปัจจุบัน แต่วิธีการดังกล่าวยังไม่สามารถบ่งชี้พันธุกรรมที่แท้จริงได้ การนำเอาวิธี marker assisted selection (MAS) มาใช้ในการ

คัดเลือกเพื่อให้สามารถคัดเลือกโคนมจากพันธุกรรมหรือยีนโดยตรง โดยนำเอาความรู้ด้านอนุพันธุศาสตร์มาใช้ในการศึกษาคำแทนที่ควบคุมลักษณะปริมาณ หรือ quantitative trait loci (QTL) เนื่องจากลักษณะปริมาณมักถูกควบคุมด้วยยีนหลายคู่ การกำหนดตำแหน่งยีนที่ควบคุมลักษณะโดยตรงทำได้ยาก จึงมีการศึกษา candidate gene เพื่อใช้เป็นเครื่องหมายพันธุกรรมในการคัดเลือกโคนม

การใช้ประโยชน์จากข้อมูลจีโนไทป์ของยีน ต้องอาศัยหลักการประเมินอิทธิพลของแต่ละจีโนไทป์ต่อลักษณะการให้ผลผลิตของโคนม และจำเป็นต้องใช้วิธีการทางสถิติที่ถูกต้องเพื่อช่วยให้การประเมินค่ามีความแม่นยำและน่าเชื่อถือมากที่สุด การศึกษาโมเดลที่ใช้ในการวิเคราะห์อิทธิพลของจีโนไทป์ของยีนมีการพัฒนาอย่างต่อเนื่องมาโดยตลอด Kennedy และคณะ (1991) ได้ศึกษาการประมาณค่าอิทธิพลของจีโนไทป์แบบต่างๆ โดยการจำลองข้อมูลด้วยวิธี ordinary least squares (OLS) โดยให้จีโนไทป์

ของสัตว์เป็นปัจจัยคงที่ เปรียบเทียบกับวิธี mixed model (MM) โดยให้จีโนไทป์ของสัตว์เป็นปัจจัยคงที่ร่วมกับการมีอิทธิพลแบบบวกสะสมเนื่องจากตัวสัตว์เป็นปัจจัยสุ่ม พบว่าค่าประมาณอิทธิพลของจีโนไทป์แบบต่างๆ ด้วยวิธี OLS จะมีค่าสูงกว่าค่าจริง (overestimated) ที่กำหนดไว้อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ และมีค่าความคลาดเคลื่อนสูงกว่าวิธี MM ต่อมา Famula และ Medrano (1994) ทำการศึกษาการประมาณอิทธิพลของจีโนไทป์ของยีนเคซีนในน้ำนม ได้ข้อสรุปสอดคล้องกันว่าการประมาณค่าด้วยวิธี MM ช่วยลดอคติของค่าประมาณ โดยการปรับค่าอิทธิพลเนื่องจากยีนหลายตำแหน่งของสัตว์เป็นปัจจัยสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์ และการใช้เมตริกซ์ความสัมพันธ์ (relationship matrix) เนื่องจากตัวสัตว์ ในโมเดลทำให้ค่าประมาณที่ได้ถูกต้องมากขึ้น (Bobe et al., 1999) ปัจจุบันโมเดลที่ใช้ในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและการผสมพันธุ์ ที่มีการปรับด้วยจีโนไทป์ของยีนจึงนิยมใช้การประมาณค่าด้วยวิธี MM เพื่อนำมาใช้ในการพิจารณาจัดอันดับและคัดเลือกโคนมภายในฝูงได้อย่างถูกต้อง โดยมีการศึกษาเกี่ยวกับยีนเคซีนซึ่งควบคุมการแปลรหัสของโปรตีนเคซีนที่เป็นโปรตีนหลักในน้ำนม ในฐานะ candidate gene อย่างกว้างขวาง โดยเฉพาะยีนเบต้าเคซีนและแคปปาเคซีนที่กล่าวว่ามีอิทธิพลต่อลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในโคนม (Lin et al., 1986; Bovenhuis et al., 1992; Ron et al., 1994; Sabour et al., 1996; Ojala et al., 1997; Braunschweig et al., 1998; Ikonen et al., 1999) การใช้ข้อมูลจีโนไทป์ของยีนเบต้าและแคปปาเคซีนมาร่วมในการประมาณค่าการผสมพันธุ์โคนมยังไม่มีการศึกษาในประเทศไทย การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม

ได้แก่ ปริมาณน้ำนมปรับ 305 วัน ปริมาณโปรตีน และเปอร์เซ็นต์โปรตีน ด้วยโมเดลที่ปรับด้วยจีโนไทป์ของยีนเบต้าและแคปปาเคซีน

วัสดุและวิธีการ

กลุ่มตัวอย่างและข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา

การศึกษานี้ใช้ข้อมูลแม่โคนมลูกผสมจากฟาร์มโคนมแห่งหนึ่งในเขตจังหวัดราชบุรี ที่วิเคราะห์จีโนไทป์ของยีนเบต้าและแคปปาเคซีน (ช่อทิพ, 2003) และมีการบันทึกข้อมูลพันธุ์ประวัติ ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมรายตัว ได้แก่ ปริมาณน้ำนม โปรตีน และเปอร์เซ็นต์โปรตีนของแม่โคนมที่ให้น้ำนมสมบูรณ์ (complete lactation) จำนวนทั้งหมด 87 ตัว จำนวนของข้อมูลที่นำมาใช้ในการวิเคราะห์ดังแสดงในตารางที่ 1 และมีโครงสร้างของข้อมูลดังนี้

1. **เพิ่มข้อมูลพันธุ์ประวัติ** (pedigree file) ประกอบด้วยหมายเลขประจำตัวโคนม หมายเลขพ่อพันธุ์โคนม หมายเลขแม่พันธุ์โคนม วัน เดือน ปี ที่เกิดของโคนมแต่ละตัว

2. **เพิ่มข้อมูลผลผลิต** (production file) ประกอบด้วยหมายเลขประจำตัวโคนม พันธุ์ กลุ่มพันธุ์และระดับสายเลือด วัน เดือน ปี ที่คลอดลูก ลำดับที่ของการให้นม อายุเมื่อให้ลูก ข้อมูลลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม (ปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน ปริมาณโปรตีน และเปอร์เซ็นต์โปรตีน) ข้อมูลจีโนไทป์ของยีนเบต้าและแคปปาเคซีน ในประชากรที่ทำการศึกษาที่มีรูปแบบจีโนไทป์ของยีนเบต้าเคซีน ดังนี้ A^1A^1 , A^1A^2 , A^1B , A^2A^2 และ A^2B และจีโนไทป์ของยีนแคปปาเคซีน ดังนี้ AA, AB, AE, BB และ BE

ตารางที่ 1 จำนวนข้อมูล

| ลักษณะ | จำนวน | ค่าเฉลี่ย | SD |
|----------------------------|-------|-----------|---------|
| จำนวนสัตว์ในพันธุ์ประวัติ | 152 | - | - |
| จำนวน Contemporary | 21 | - | - |
| ระยะการให้นม | 7 | - | - |
| กลุ่มพันธุ์ | 5 | - | - |
| ปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน | 175 | 3776.48 | 1052.86 |
| ปริมาณโปรตีน | 174 | 113.10 | 27.24 |
| ร้อยละโปรตีน | 180 | 3.21 | 0.37 |

การวิเคราะห์ข้อมูล

1. การตรวจสอบการกระจายของข้อมูล

ตรวจสอบการกระจายของข้อมูลด้วยชุดคำสั่ง PROC UNIVARIATE ในโปรแกรมสำเร็จรูป SAS for WINDOWS version 6.02 (SAS, 1998) พบว่าลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม ได้แก่ ปริมาณน้ำนมปรับที่ 305 วัน ปริมาณโปรตีน และเปอร์เซ็นต์โปรตีน ที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ถูกสุ่มตัวอย่างมาจากประชากรที่มีการกระจายตัวของข้อมูลแบบปกติ ที่ระดับความเชื่อมั่น 99 เปอร์เซ็นต์

2. การประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะต่างๆ

ประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวนของลักษณะที่ทำการศึกษา ด้วยโมเดลผสมเชิงเส้นตรงโดยใช้โมเดลตัวสัตว์ด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) แล้วจึงวิเคราะห์ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม เพื่อเปรียบเทียบความสำคัญในการพิจารณาจีโนไทป์ของยีนเบต้าและแคปปาเคซีน โดยใช้โปรแกรมสำเร็จรูป DR-BLUP Version 1.0, (Duangjinda et al., 2003) ในการประมาณค่าด้วยโมเดลต่างๆ มีการปรับด้วยปัจจัยคงที่ (fixed effects) ได้แก่ อายุที่แม่โคนมคลอดลูก ปีที่แม่โคนมคลอดลูก ฤดูกาลที่แม่โคนมคลอดลูก กลุ่มพันธุ์ และลำดับการให้นม โดยมีรายละเอียดดังนี้

โมเดล (1) : ไม่มีการปรับอิทธิพลของจีโนไทป์ของยีน

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

โมเดล (2a-b) : มีการปรับอิทธิพลของจีโนไทป์ของยีนเบต้า (2a) หรือแคปปา (2b) ตำแหน่งเดียว

$$y = Xb + Qg + Za + Wp + e$$

โมเดล (3) : มีการปรับอิทธิพลจีโนไทป์ของยีนทั้งสองตำแหน่งร่วมกัน

$$y = Xb + Q^*g^* + Za + Wp + e$$

เมื่อ

y = เวกเตอร์ของค่าสังเกต,

b = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่,

g = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่เนื่องจากจีโนไทป์ของยีนเบต้าเคซีน (2a) หรือแคปปาเคซีน (2b),

g* = เวกเตอร์ของอิทธิพลคงที่เนื่องจากการรวมกันของจีโนไทป์ของยีนเบต้าเคซีนและแคปปาเคซีน,

a = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากตัวสัตว์,

p = เวกเตอร์ของอิทธิพลสุ่มเนื่องจากสิ่งแวดล้อมถาวร,

e = เวกเตอร์ของความคลาดเคลื่อน (error),

X, Q, Q*, Z, W = เมตริกซ์ที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าสังเกตกับอิทธิพล ดังที่กล่าวมาแล้ว

โดยมีความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วมดังนี้

$$Var \begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} AO^2_a & 0 & 0 \\ 0 & IO^2_p & 0 \\ 0 & 0 & IO^2_e \end{bmatrix}$$

3. การหาความสัมพันธ์ของค่าการผสมพันธุ์จากโมเดลต่างๆ

ประเมินค่าการผสมพันธุ์โดยใช้องค์ประกอบความแปรปรวนที่ได้จากโมเดลทั้งสาม ทำการเปรียบเทียบระหว่างโมเดล โดยพิจารณาค่า $-2\log L$ จากแต่ละโมเดล ที่ทำการวิเคราะห์ โมเดลที่ให้ค่า $-2\log L$ น้อยที่สุด แสดงว่ามีความเหมาะสมมากที่สุด จากนั้นทำการวิเคราะห์ค่า Spearman Rank Correlation (rs) หาก rs มีค่าสูงกว่า 0.85 จะแสดงว่า ลำดับของค่าการผสมพันธุ์มีความสัมพันธ์กัน (Robertson, 1959)

ผล

องค์ประกอบของความแปรปรวนในแต่ละโมเดล ประกอบด้วย ค่าความแปรปรวนโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ หรือความแปรปรวนเนื่องจากอิทธิพลของพันธุกรรมแบบบวกสะสม (O^2_u) ค่าความแปรปรวนเนื่องจากสภาพแวดล้อมถาวร (O^2_a) ค่าความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน (O^2_e) และค่าความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ (O^2_p) ซึ่งค่าเหล่านี้จะขึ้นอยู่กับโมเดลที่ใช้ในการวิเคราะห์ ดังแสดงในตารางที่ 1 พบว่าลักษณะปริมาณน้ำนมปรับ 305 วัน มีค่าความแปรปรวน โดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์อยู่ในช่วง 517,370 กก.² (โมเดล 2a) ถึง 581,720 กก.² (โมเดล 1) โดยมีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.51 (โมเดล 2a) ถึง 0.57 (โมเดล 1) ลักษณะปริมาณโปรตีน มีค่าความแปรปรวนโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์อยู่ในช่วง 297.02 กก.² (โมเดล 2b) ถึง 309.91 กก.² (โมเดล 1) โดยมีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วง 0.43 (โมเดล 3) ถึง 0.45 (โมเดล 1) ลักษณะเปอร์เซ็นต์โปรตีน มีค่าความแปรปรวนโดยตรง เนื่องจากตัวสัตว์อยู่ในช่วงร้อยละ 3.02 (โมเดล 2b) ถึงร้อยละ 3.33 (โมเดล 2a) โดยมีค่าอัตราพันธุกรรมอยู่ในช่วงร้อยละ 0.21 ถึง 0.22

เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์จากโมเดลทั้งสามด้วยวิธี Spearman Rank Correlation สำหรับลักษณะปริมาณน้ำนมปรับ 305 วันและเปอร์เซ็นต์โปรตีน พบ

ว่าการปรับด้วยจีโนไทป์ของยีนเบต้าเคซีนและแคปปาเคซีนร่วมกัน ทำให้ลำดับโคที่เรียงตามค่าการผสมพันธุ์ที่ได้แตกต่างจากโมเดลที่ไม่มีการปรับจีโนไทป์ใดๆ ด้วยค่า rs น้อยกว่า 0.85 ส่วนการปรับด้วยจีโนไทป์ของยีนเบต้าเคซีนหรือแคปปาเคซีน เพียงอย่างเดียว ทำให้ลำดับโคที่เรียงตามค่าการผสมพันธุ์ไม่แตกต่างกัน สำหรับลักษณะปริมาณโปรตีนในทุกโมเดลให้ลำดับโคใกล้เคียงกัน โดยได้ค่า rs มากกว่า 0.9 ดังแสดงในตารางที่ 2 ตัวอย่างการจัดเรียงลำดับโคนมตามค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะร้อยละโปรตีน 20 อันดับแรก ของโมเดลต่างๆ แสดงในตารางที่ 3 จะเห็นได้ว่าเมื่อใช้โมเดลที่มีการปรับอิทธิพลของยีนเบต้าเคซีนและแคปปาเคซีนร่วมกัน (โมเดล 3) มีผลปรับเปลี่ยนลำดับของโคนมเมื่อเปรียบเทียบค่าการผสมพันธุ์ด้วยโมเดลที่ไม่ปรับด้วยจีโนไทป์ (โมเดล 1)

วิจารณ์

การปรับโมเดลด้วยอิทธิพลของยีนเบต้าเคซีนและแคปปาเคซีน (โมเดล 3) มีแนวโน้มให้ค่าอัตราพันธุกรรม

ลดลงเล็กน้อยในลักษณะปริมาณน้ำนมและปริมาณโปรตีน และพบว่าโมเดล 3 ในทุกลักษณะให้ค่า $-2\log L$ ต่ำที่สุด จึงมีความแม่นยำกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับโมเดล 1 และโมเดล 2a-b เมื่อพิจารณาถึงลักษณะปริมาณน้ำนมและร้อยละโปรตีน โมเดล 3 มีการจัดเรียงลำดับโคนมตามค่าการผสมพันธุ์แตกต่างจากโมเดลอื่นๆ เนื่องจากยีนเบต้าเคซีนและแคปปาเคซีนมีตำแหน่งอยู่ใกล้ชิดบนโครโมโซมเดียวกัน และมี genetic linkage ระหว่างยีนทั้งสอง (Mercier and Vilotte, 1993) ทำให้การปรับโมเดลด้วยอิทธิพลของยีนเบต้าเคซีนและแคปปาเคซีนร่วมกัน จะทำให้สามารถคัดเลือกโคนมได้ถูกต้องแม่นยำมากขึ้น มีรายงานว่าโคนมที่มียีนแคปปาเคซีนจีโนไทป์ BB ให้ค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะปริมาณโปรตีนสูงกว่า จีโนไทป์อื่นๆ (Falaki et al., 1997) ในศึกษาครั้งนี้มีข้อจำกัดของขนาดประชากร แต่สามารถบ่งชี้ถึงความเป็นไปได้ที่จะนำข้อมูลทางอนุพันธุศาสตร์มาใช้ในการวิเคราะห์ค่าการผสมพันธุ์ เพื่อให้สามารถจัดลำดับและคัดเลือกโคนมได้แม่นยำมากขึ้น ดังนั้นการนำข้อมูลด้านอนุพันธุศาสตร์มาใช้ร่วมกับพันธุศาสตร์ปริมาณจึงควรมีการศึกษาเพิ่มเติมต่อไป

ตารางที่ 1 ค่าประมาณองค์ประกอบของความแปรปรวน ค่าอัตราพันธุกรรมโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์ (h^2) และค่า $-2\log L$ แต่ละโมเดลที่วิเคราะห์ของลักษณะปริมาณน้ำนมปรับ 305 วัน ปริมาณโปรตีน และร้อยละโปรตีน

| ลักษณะ | องค์ประกอบของความแปรปรวน | | | | | |
|--------------------------------|--------------------------|-----------------------|--------------------|--------------------|-------|------------|
| | $\hat{\sigma}_a^2$ | $\hat{\sigma}_{pe}^2$ | $\hat{\sigma}_c^2$ | $\hat{\sigma}_p^2$ | h^2 | $-2\log L$ |
| ปริมาณน้ำนมปรับ 305 วัน | | | | | | |
| โมเดล 1 | 581720 | 48673 | 384710 | 1015104 | 0.57 | 2199 |
| โมเดล 2a | 517370 | 96103 | 388160 | 1001630 | 0.51 | 2148 |
| โมเดล 2b | 540090 | 56040 | 387630 | 983756 | 0.54 | 2143 |
| โมเดล 3 | 532480 | 96138 | 392810 | 1021430 | 0.52 | 2008 |
| ปริมาณโปรตีน | | | | | | |
| โมเดล 1 | 309.91 | 30.557 | 348.17 | 688.64 | 0.45 | 1136 |
| โมเดล 2a | 301.78 | 27.95 | 351.69 | 681.42 | 0.44 | 1114 |
| โมเดล 2b | 297.02 | 26.88 | 350.44 | 674.34 | 0.44 | 1111 |
| โมเดล 3 | 307.90 | 38.86 | 355.83 | 702.58 | 0.43 | 1049 |
| ร้อยละโปรตีน | | | | | | |
| โมเดล 1 | 3.10 | 11.35 | 14.45 | - | 0.21 | 617 |
| โมเดล 2a | 3.33 | 11.34 | 14.68 | - | 0.22 | 612 |
| โมเดล 2b | 3.02 | 11.30 | 14.32 | - | 0.21 | 607 |
| โมเดล 3 | 3.13 | 11.42 | 14.56 | - | 0.21 | 583 |

$\hat{\sigma}_a^2$ ความแปรปรวนโดยตรงเนื่องจากตัวสัตว์, $\hat{\sigma}_{pe}^2$ ความแปรปรวนของสิ่งแวดล้อมถาวร, $\hat{\sigma}_c^2$ ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อน, $\hat{\sigma}_p^2$ ความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ

ตารางที่ 2 ค่า Spearman Rank Correlation ของค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินจากโมเดลต่าง ๆ

| ลักษณะ | โมเดล 2a | โมเดล 2b | โมเดล 3 |
|--------------------------------|----------|----------|---------|
| ปริมาณน้ำนมปรับ 305 วัน | | | |
| โมเดล 1 | 0.87 | 0.95 | 0.84 |
| โมเดล 2a | - | 0.82 | 0.92 |
| โมเดล 2b | - | - | 0.86 |
| ปริมาณโปรตีน | | | |
| โมเดล 1 | 0.93 | 0.95 | 0.90 |
| โมเดล 2a | - | 0.87 | 0.92 |
| โมเดล 2b | - | - | 0.92 |
| ร้อยละโปรตีน | | | |
| โมเดล 1 | 0.96 | 0.96 | 0.85 |
| โมเดล 2a | - | 0.91 | 0.89 |
| โมเดล 2b | - | - | 0.86 |

ตารางที่ 3 โคนม 20 อันดับแรก เรียงตามค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะร้อยละโปรตีนที่วิเคราะห์ด้วยโมเดลต่างๆ

| ลำดับ | model 1 | model 2a | model 2b | model 3 |
|-------|---------|----------|----------|---------|
| 1 | 4137 | 4137 | 4137 | 4137 |
| 2 | J132 | J132 | 4027 | J125 |
| 3 | J125 | 4052 | J125 | 759 |
| 4 | 4052 | J125 | J140 | J140 |
| 5 | 4027 | 759 | 4161 | 48 |
| 6 | J140 | 4161 | 4052 | 4161 |
| 7 | 4161 | 48 | 759 | 846 |
| 8 | 48 | J140 | 48 | 4202 |
| 9 | 759 | 4163 | 4202 | 4163 |
| 10 | 4202 | 4202 | J133 | 4033 |
| 11 | 846 | J133 | 846 | 4115 |
| 12 | 4163 | 4027 | 4163 | J133 |
| 13 | 4156 | 4115 | J132 | 7106 |
| 14 | J133 | 7106 | 4156 | J132 |
| 15 | 7106 | 4156 | 7106 | 4027 |
| 16 | Z707 | 89243 | Z707 | 89243 |
| 17 | 3951 | Z707 | 723 | 4111 |
| 18 | 4115 | 828 | 3951 | 4156 |
| 19 | 723 | 846 | 4115 | Z707 |
| 20 | 89243 | 405 | 89243 | 4339 |

สรุป

ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะปริมาณน้ำนมปรับ 305 วัน มีค่าอยู่ในช่วง 0.51 (โมเดล 2a) ถึง 0.57 (โมเดล 1) ลักษณะปริมาณโปรตีนมีค่าอยู่ในช่วง 0.43 (โมเดล 3) ถึง 0.45 (โมเดล 1) และลักษณะร้อยละโปรตีนมีค่าใกล้เคียง

กันในทุกโมเดลโดยอยู่ในช่วง 0.21 ถึง 0.22 การปรับอิทธิพลของยีนเบต้าเคซีนและแคปปาเคซีนร่วมกัน (โมเดล 3) ให้ค่า $-2\log L$ ต่ำกว่า โมเดล 1 และ โมเดล 2a-b ในทุกลักษณะจากการหาความสัมพันธ์ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้จากโมเดลต่างๆ โดย Spearman Rank Correlation พบว่า

ลำดับโคที่เรียงด้วยค่าการผสมพันธุ์ที่ได้จากโมเดลที่ปรับด้วย จีโนไทป์ของยีนเบต้าและเคปป์โปรตีนร่วมกัน แตกต่างกับ โมเดลที่ไม่ปรับด้วยจีโนไทป์ในลักษณะปริมาณน้ำนมและ เปอร์เซ็นต์โปรตีน แต่สำหรับลักษณะปริมาณโปรตีนในทุก โมเดลให้ลำดับโคนมใกล้เคียงกัน

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณ บัณฑิตวิทยาลัย จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ที่ได้จัดสรรเงินทุนสนับสนุน และคุณอัครชัย วัจตาล ที่ได้เอื้อเฟื้อข้อมูลในการทำวิจัยครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

ช่อทิพ อรุณเดชาชัย. 2546 (2003). อิทธิพลของยีนเบต้าและ เคปป์โปรตีนที่มีผลต่อลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม ในโคนมลูกผสม. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท สาขาวิชาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ ภาควิชาสัตวบาล คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, 68 หน้า.

Bobe, G., Beitz, D.C., Freeman, A.E. and Lindberg, G.L. 1999. Effect of milk protein genotypes on milk protein composition and its genetic parameter estimates. *J. Dairy Sci.* 82: 2797-2804.

Bovenhuis, H., Van Arendonk, J.A.M. and Korver, S. 1992. Associations between milk protein polymorphisms and milk production traits. *J. Dairy Sci.* 75: 2549.

Braunschweig, M. 1998. Associations between casein haplotypes and milk production traits of Braunvieh and Fleckvieh. Ph. D. Diss. ETH No. 12731, Swiss Federal Institute of Technology, Zurich, Switzerland. 140 pp.

Duangjinda, M., Misztal, I., Tsuruta, S. and Druet, T. 2003. DR-BLUP 1.0. Genetic evaluation program.

Falaki, M., Prandi, A., Corradini, C., Sneyers, M., Gengler, N., Massart, S., Fazzini, U., Burny, A., Portetelle, D. and Renaville, R. 1997. Relationships of growth hormone gene and milk protein polymorphisms to milk production traits in Simmental cattle. *J. Dairy Res.* 64: 47-56.

Famula, T.R. and Medrano, J.F. 1994. Estimation of genotype effects for milk proteins with animal and sire transmitting ability models. *J. Dairy Sci.* 77: 3153-3162.

Ikonen, T., Ojala, M. and Ruottinen, O. 1999. Associations between milk protein polymorphism and first lactation milk production traits in Finnish Ayrshire cows. *J. Dairy Sci.* 82: 1026-1033.

Kennedy, B. W., Quinton, M. and Vrendonk, J.A.M. 1991. Estimation of effects of single genes on quantitative traits. *J. Anim. Sci.* 70: 2000-2012.

Lin, C.Y., McAllister, A.J., Ng-Kwai-Hang, K.F. and Hayes, J.F. 1986. Effects of milk protein loci on first lactation production in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 69: 704-712.

Mercier, J. and Vilotte, J. 1993. Structure and function of milk protein genes. *J. Dairy Sci.* 76: 3079-3098.

Ojala, M., Famula, T.R. and Medrano, J.F. 1997. Effects of milk protein genotypes on the variation for milk production traits of Holstein and Jersey cows in California. *J. Dairy Sci.* 80: 1776-1785.

Robertson, A. 1959. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics.* 15: 469-485.

Ron, M., Yoffe, O., Ezra, E., Medrano, J.F. and Weller, J. I. 1994. Determination of effects of milk protein genotype on production traits of Israeli Holsteins. *J. Dairy Sci.* 77: 1106-1113.

Sabour, M.P., Lin, C.Y., Lee, A.J. and McAllister, A.J. 1996. Associations between milk protein genetic variants and genetic values of Canadian Holstein bulls for milk yield traits. *J. Dairy Sci.* 79: 1050-1056.

SAS. 1998. SAS User's Guide. Version 6.12 SAS. Institute. Cary, NC.