

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างการผลิตน้ำนมของโคนมใน 4 ภูมิภาคของประเทศไทย

Genetic Correlations between Milk Production of Dairy Cattle in Four Regions of Thailand

สมศักดิ์ เปรมปรีดี¹ ศกร คุณวุฒิตริตรอน^{1,*} Mauricio A. Elzo² จุรีรัตน์ แสนโกชน³ และ บุญอ้อม โจมที⁴

Somsak Prempreedee¹, Skorn Koonawootrittriron¹, Mauricio A. Elzo², Jureeratn Sanpote³ and Boonorm Chomtee⁴

บทคัดย่อ

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างการผลิตน้ำนมของโคนมใน 4 ภูมิภาคของประเทศไทย ถูกประมาณค่าโดยใช้ข้อมูลผลผลิตน้ำนมรวมที่ 305 วัน (MY305) ของโคนม 5,614 ตัว ที่คลอดลูกครั้งแรกระหว่าง พ.ศ. 2534 ถึง 2548 ในฟาร์มเกษตรกร 1,089 ราย ที่กระจายอยู่ในภาคกลาง (CT) ตะวันออก (ET) เหนือ (NT) และตะวันออกเฉียงเหนือ (NE) ของประเทศไทย ผลผลิตน้ำนมที่ผลิตได้จากโคนมใน 4 ภูมิภาค ถูกกำหนดให้เป็นลักษณะที่แตกต่างกัน กลุ่มการจัดการที่ใช้ในการเปรียบเทียบ (ฟาร์ม-ปี-ฤดูกาล) ทุกกลุ่มมีความสัมพันธ์กันผ่านพ่อพันธุ์ หุ่นจำลองทางพันธุกรรมที่ใช้ในการศึกษาคือ multiple-traits sire model ที่ประกอบด้วยอายุเมื่อคลอดลูก ระดับสายเลือดของโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ และเฮเทอโรซิสเป็นปัจจัยกำหนด และมีกลุ่มการจัดการ พ่อพันธุ์แต่ละตัว และ residual effect เป็นปัจจัยสุ่ม วิธี AI-REML ถูกนำมาใช้ในการประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวน สำหรับนำไปคำนวณค่าอัตราพันธุกรรมภายในแต่ละภูมิภาคและสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างภูมิภาค อัตราพันธุกรรมที่ประมาณค่าได้มีความแตกต่างกันในแต่ละภูมิภาค (CT = 0.02 ± 0.02 ถึง 0.03 ± 0.02 ; ET = 0.08 ± 0.06 ถึง 0.11 ± 0.07 ; NT = 0.10 ± 0.04 ถึง 0.15 ± 0.05 ; NE = 0.14 ± 0.06 ถึง 0.18 ± 0.07) สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีค่า 0.77 ± 0.43 สำหรับ CT-ET, 0.46 ± 0.61 สำหรับ CT-NT, 0.37 ± 0.62 สำหรับ CT-NE, 0.98 ± 0.34 สำหรับ ET-NT, 0.08 ± 0.53 สำหรับ ET-NE และ 0.86 ± 0.20 สำหรับ NT-NE ถึงแม้ว่าค่าความคลาดเคลื่อนจะมีค่าสูง ค่าประมาณอัตราพันธุกรรมและสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างภูมิภาคชี้ให้เห็นถึงอิทธิพลร่วมระหว่างพ่อพันธุ์และภูมิภาคสำหรับ MY305 ดังนั้น การคัดเลือกพ่อพันธุ์ที่มีความจำเพาะต่อภูมิภาคอาจจำเป็นต้องได้รับการพิจารณาเพื่อให้แนวทางการผลิตน้ำนมในประเทศไทยเกิดขึ้นได้อย่างเหมาะสม

ABSTRACT

Genetic correlations among milk production in four regions of Thailand were estimated using accumulated 305-d milk yields (MY305) of 5,614 first lactation cows that calved between 1991 and 2005 in 1,089 farms located in central (CT), eastern (ET), northern (NT) and northeastern (NE) part of Thailand. Milk produced in these four regions was assumed to be different traits. All contemporary groups (herd-year-seasons) were connected through common sires. The multiple-trait sire model contained calving age, Holstein breed fraction and heterosis as fixed effects, and contemporary group, sire, and residual as random effects. An AI-REML procedure was used to estimate variances and covariances used to obtain heritabilities within regions and genetic correlations among regions. Heritability estimates differed in the four regions (CT = 0.02 ± 0.02 to 0.03 ± 0.02 ; ET = 0.08 ± 0.06 to 0.11 ± 0.07 ; NT = 0.10 ± 0.04 to 0.15 ± 0.05 ; NE = 0.14 ± 0.06 to 0.18 ± 0.07). Genetic correlations were 0.77 ± 0.43 for CT-ET, 0.46 ± 0.61

¹ ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Kasetsart University, Jatujak, Bangkok, 10900

² Department of Animal Sciences, University of Florida, Gainesville, Florida, USA

³ สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ปทุมธานี 12000

Bureau of Biotechnology in Livestock Production, Department of Livestock Development, Patumthani, 12000

⁴ ภาควิชาสถิติ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

Department of Statistics, Faculty of Sciences, Kasetsart University, Jatujak, Bangkok, 10900

* Corresponding author: agrskk@ku.ac.th

for CT-NT, 0.37 ± 0.62 for CT-NE, 0.98 ± 0.34 for ET-NT, 0.08 ± 0.53 for ET-NE, and 0.86 ± 0.20 for NT-NE. Although standard errors were large, estimates of heritability and genetic correlations among regions suggested that sire by region interaction for MY305 existed. Thus, sire selection specific to each particular region may need to be considered to optimize milk production in Thailand.

Key Word: tropic, dairy, milk yield, genetic by environmental effect
S Prempre: somsakprempree@hotmail.com

คำนำ

การผลิตโคนมในประเทศไทย เกษตรกรผู้เลี้ยงโคนมส่วนใหญ่มุ่งเน้นที่จะปรับปรุงพันธุกรรมด้านการให้ผลผลิตน้ำนมของโคนมภายในฟาร์มเป็นหลัก เนื่องจากลักษณะดังกล่าวเป็นลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจ เพราะเป็นลักษณะที่มีผลต่อรายได้ของเกษตรกรโดยตรง ในปัจจุบัน โคนมในประเทศไทยสามารถให้ผลผลิตน้ำนมปรับที่ 305 วัน เท่ากับ $3,816 \pm 1,056$ กก หรือประมาณ 12.5 ± 3.5 กก/วัน (กรมปศุสัตว์, 2552) โดยพื้นที่ภาคกลางเป็นแหล่งผลิตน้ำนมที่ใหญ่ที่สุดในประเทศไทย (498,117 ตันต่อปี หรือ 61% ของการผลิตน้ำนมทั้งประเทศ) รองลงมาได้แก่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ (168,846 ตันต่อปี หรือ 21%) ภาคตะวันออก (74,674 ตันต่อปี หรือ 9%) ภาคเหนือ (69,742 ตันต่อปี หรือ 8%) และภาคใต้ (10,524 ตันต่อปี หรือ 1%) ตามลำดับ อย่างไรก็ตาม เมื่อพิจารณาปริมาณการให้ผลผลิตน้ำนมของโคนมรายตัว พบว่า โคนมในภาคตะวันออกเฉียงเหนือให้ผลผลิตน้ำนมสูงที่สุด (4,149 กิโลกรัม) รองลงมาคือ ภาคเหนือ (4,127.96 กิโลกรัม) ภาคกลาง (3,851.61 กิโลกรัม) ภาคตะวันออก (3,796.15 กิโลกรัม) และภาคใต้ (3,443.72 กิโลกรัม) ตามลำดับ (สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร, 2551)

ในการพัฒนาศักยภาพการผลิตทางพันธุกรรม พ่อพันธุ์โคนมทั้งที่ผลิตได้ภายในประเทศและต่างประเทศ ทั้งที่เป็น โคนมพันธุ์แท้และลูกผสมถูกนำมาใช้ประโยชน์ในการผสมพันธุ์ให้กับโคนมเพศเมียที่เลี้ยงดูโดยเกษตรกรทั่วประเทศ ส่งผลให้เกิดความหลากหลายทางพันธุกรรมและความสามารถในการให้ผลผลิตน้ำนม และด้วยความสะดวกต่างของสภาพภูมิประเทศและภูมิอากาศ (กรมอุตุนิยมวิทยา, 2550) ปริมาณและคุณภาพของพืชอาหารสัตว์ วัสดุเหลือใช้ทางการเกษตร (เทพณรงค์ และคณะ, 2550) ตลอดจนความรู้ ประสบการณ์ วัฒนธรรม และคุณสมบัติของเกษตรกร (มัทนียา และคณะ, 2552) ในแต่ละภูมิภาค พันธุกรรมของโคนมที่แสดงออกมาได้ อย่างเป็นที่น่าพึงพอใจในภูมิภาคหนึ่ง อาจแสดงออกมาได้แตกต่างกันในอีกภูมิภาคหนึ่งที่แตกต่างกันออกไป (อิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม; Nauta *et al.*, 2006; Hammami *et al.*, 2008) ซึ่งลักษณะดังกล่าว สามารถพิจารณาได้จากค่าสหความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่เกิดขึ้นในสิ่งแวดล้อมที่แตกต่างกัน การศึกษาครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อประมาณค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสำหรับการให้ผลผลิตน้ำนมรวมที่ 305 วัน ของโคนมในแต่ละภูมิภาคของประเทศไทย

อุปกรณ์และวิธีการ

ข้อมูลพื้นฐานที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้เป็นข้อมูลการให้ผลผลิตน้ำนมรายเดือน (monthly test day yield) ที่ผ่านการตรวจสอบความสมบูรณ์ของข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา ได้แก่ พันธุ์ประวัติ วันเกิด ระดับสายเลือด พ่อพันธุ์ วันคลอด และความเชื่อมโยงทางพันธุกรรมระหว่างกลุ่มการจัดการ ของโคนมจำนวน 5,614 ตัว ที่คลอดลูกและให้ผลผลิตระหว่างปี พ.ศ. 2534 ถึง 2548 ในฟาร์มเกษตรกรจำนวน 1,089 ราย ที่กระจายอยู่ในภาคกลาง ภาคตะวันออก ภาคเหนือ และภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย (Table 1) ซึ่งรวบรวมโดยสำนัก

เทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ ฤดูกาลถูกจำแนกเป็นฤดูร้อน (เดือนมีนาคมถึงมิถุนายน) ฤดูฝน (เดือนกรกฎาคมถึงตุลาคม) และฤดูหนาว (เดือนพฤศจิกายนถึงกุมภาพันธ์) โคที่คลอดลูกในฟาร์ม ปี และฤดูกาลเดียวกันถูกจัดให้อยู่ในกลุ่มการจัดการที่ใช้ในการเปรียบเทียบ (contemporary group) เดียวกัน ผลผลิตน้ำนมรวมทั้ง 305 วัน ถูกคำนวณโดยวิธี Test Interval Method (TIM; Everette and Carter, 1968; Sargent *et al.*, 1968) กลุ่มพันธุ์ถูกจำแนกตามระดับสายเลือดของโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ (Holstein's breed fraction; 0.0 ถึง 1.0)

Table 1 Descriptive statistics for MY305 of first lactation cows by regions of Thailand

Regions	No. Cows	Mean \pm SD	Min	Max
Central	2,573	3,841.19 \pm 1,030.89	676	7,620
Eastern	727	3,456.38 \pm 769.48	1,275	7,022
Northern	1,434	3,473.85 \pm 830.31	981	7,120
Northeastern	880	3,990.97 \pm 868.93	1,362	7,694
All regions	5,614	3,721.01 \pm 948.96	676	7,694

ลักษณะภูมิประเทศ (วรรณิ, 2549) ภูมิอากาศ (กรมอุตุนิยมวิทยา, 2550) และพืชอาหารสัตว์ของภูมิภาค (เทพณรงค์ และคณะ, 2550) ที่ปรากฏในชุดข้อมูลที่ศึกษา ประกอบด้วย 1) ภาคกลาง ซึ่งเป็นภาคที่มีลักษณะภูมิประเทศส่วนใหญ่เป็นที่ราบลุ่ม มีความสูงจากระดับน้ำทะเล ประมาณ 2 ถึง 8 เมตร มีอุณหภูมิและความชื้นสัมพัทธ์อยู่ในช่วง 21.1 ถึง 35.5 °C และ 69 ถึง 79% ตามลำดับ โดยพืชอาหารสัตว์ที่เหมาะสมสำหรับพื้นที่ภาคกลาง ได้แก่ หญ้าแพงโกล่า (*Digitaria eriantha*; 10.5% CP และ 55.0% TDN, DM basis) ถั่วคาลวาเคด (*Centrosema pascuorum* cv. Cavalcade; 16.6% CP และ 57.0% TDN, DM basis) ข้าวโพด (*Zea mays*; 8.6% CP และ 64.0% TDN, DM basis) และอ้อย (*Saccharum officinarum*; 7.2% CP และ 54.0% TDN, DM basis) 2) ภาคตะวันออก ซึ่งเป็นภาคที่มีลักษณะภูมิประเทศส่วนใหญ่เป็นภูเขาและที่ราบชายฝั่ง มีความสูงจากระดับน้ำทะเลประมาณ 50 ถึง 150 เมตร มีอุณหภูมิและความชื้นสัมพัทธ์อยู่ในช่วง 21.8 ถึง 33.9 °C และ 71 ถึง 81% ตามลำดับ โดยพืชอาหารสัตว์ที่เหมาะสมสำหรับพื้นที่ภาคตะวันออก ได้แก่ หญ้ากินนีสีม่วง (*Panicum maximum* TD58; 7.4% CP และ 49.0% TDN, DM basis) ถั่วคาลวาเคด และข้าวโพด 3) ภาคเหนือ ซึ่งเป็นภาคที่มีลักษณะภูมิประเทศเป็นภูเขาและที่ราบหุบเขา มีความสูงจากระดับน้ำทะเลประมาณ 250 ถึง 400 เมตร มีอุณหภูมิและความชื้นสัมพัทธ์อยู่ในช่วง 17.1 ถึง 35.8°C และ 64 ถึง 81% โดยพืชอาหารสัตว์ที่เหมาะสมสำหรับพื้นที่ภาคเหนือ ได้แก่ หญ้าแพงโกล่า หญ้ากินนีสีม่วง และหญ้าบาน่า (*Pennisetum purpureum* \times *Pennisetum americanum* hybrid; 8.6% CP และ 51.0% TDN, DM basis) 4) ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ซึ่งเป็นภาคที่มีลักษณะภูมิประเทศเป็นที่ราบสูง มีความสูงจากระดับน้ำทะเลประมาณ 140 ถึง 250 เมตร มีอุณหภูมิและความชื้นสัมพัทธ์อยู่ในช่วง 18.3 ถึง 35.0°C และ 66 ถึง 80% โดยพืชอาหารสัตว์ที่เหมาะสมสำหรับพื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ได้แก่ หญ้ากินนีสีม่วง ถั่วคาลวาเคด ถั่วท่าพระ สไตโด (*Stylosanthes guianensis* CIAT184; 21.2% CP และ 66.0% TDN, DM basis) และอ้อย

หุ่นจำลองทางพันธุกรรมที่ใช้ในการศึกษามีลักษณะเป็น multiple-traits sire model โดยมีอายุเมื่อคลอดลูก (เดือน) ระดับสายเลือดของโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ และเฮทเทอโรซีสถูกจัดเป็นปัจจัยกำหนด (fixed effects)

และมีกลุ่มการจัดการที่ใช้ในการเปรียบเทียบ พันธุกรรมแบบบวกสะสมของพ่อพันธุ์แต่ละตัว และ residual effect เป็นปัจจัยสุ่ม (random effects) โดยสามารถเขียนอธิบายได้ดังนี้

$$y = Xb + Qh_{cg} + Z_{ga}g_a + Z_{gn}g_n + Z_s a_s + e$$

เมื่อ

- y = เวกเตอร์ของ MY305 ของโคนมแต่ละตัวที่ปรากฏในภาคกลาง ภาคตะวันออก ภาคเหนือ และภาคตะวันออกเฉียงเหนือ
- b = เวกเตอร์ของอายุเมื่อคลอดลูก (เดือน)
- h_{cg} = เวกเตอร์ของอิทธิพลแบบสุ่มของกลุ่มการจัดการที่ใช้เปรียบเทียบ
- g_a = เวกเตอร์ของระดับสายเลือดของโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ (H = 0.0 ถึง 1.0)
- g_n = เวกเตอร์ของเฮเทอโรซีส [Het = 1/2(HO + OH - HH - OO)]
- a_s = เวกเตอร์ของอิทธิพลจาก additive genetic effect ของพ่อพันธุ์แต่ละตัว
- e = เวกเตอร์ของความคลาดเคลื่อนสุ่ม (residual effect)
- X = เมทริกซ์ที่เชื่อมโยงความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลในเวกเตอร์ y ไปยังปัจจัยต่างๆ ในเวกเตอร์ b ที่เกี่ยวข้องกับสัตว์แต่ละตัว
- Q = เมทริกซ์ที่เชื่อมโยงความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลในเวกเตอร์ y ไปยังปัจจัยต่างๆ ในเวกเตอร์ h_{cg} ที่เกี่ยวข้องกับสัตว์แต่ละตัว
- Z_{ga} = เมทริกซ์ที่เชื่อมโยงความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลในเวกเตอร์ y ไปยังปัจจัยต่างๆ ในเวกเตอร์ g_a ที่เกี่ยวข้องกับสัตว์แต่ละตัว
- Z_{gn} = เมทริกซ์ที่เชื่อมโยงความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลในเวกเตอร์ y ไปยังปัจจัยต่างๆ ในเวกเตอร์ g_n ที่เกี่ยวข้องกับสัตว์แต่ละตัว
- Z_s = เมทริกซ์ที่เชื่อมโยงความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลในเวกเตอร์ y ไปยังปัจจัยต่างๆ ในเวกเตอร์ a_s ที่เกี่ยวข้องกับพ่อพันธุ์แต่ละตัว

ทั้งนี้ กำหนดให้

$$\begin{bmatrix} y \\ h_{cg} \\ a_s \\ e \end{bmatrix} \sim MVN \left(\begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} Z_s G_s Z_s' + H_{cg} + R & H & Z_s G_s & R \\ & H & 0 & 0 \\ & G_s Z_s' & 0 & G_s \\ & & 0 & R \end{bmatrix} \right)$$

เมื่อ

- H = เมทริกซ์ความแปรปรวนของกลุ่มการจัดการเปรียบเทียบ
- G_s = $G_0 \otimes A$ เมื่อ G_0 เป็นเมทริกซ์ความแปรปรวนร่วมทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม, A เป็นเมทริกซ์ความสัมพันธ์ทางเครือญาติของสัตว์ทุกตัวในประชากร (Henderson, 1975) และ \otimes เป็นการคำนวณแบบ direct product ระหว่างเมทริกซ์ (Searle, 1982)
- R = เมทริกซ์ความแปรปรวนของความคลาดเคลื่อนสุ่ม

วิธี Restricted Maximum Likelihood procedure (REML) ที่ใช้กลวิธีคำนวณค่าแบบ Average information (AI) ถูกนำมาใช้ในการประมาณค่าองค์ประกอบของความแปรปรวน (พันธุกรรม และสิ่งแวดล้อม) สำหรับ MY305 ของโคนมในแต่ละภูมิภาคด้วยโปรแกรม ASREML (Gilmour *et al.*, 2001) จากนั้นองค์ประกอบความแปรปรวนที่ประมาณค่าได้ถูกนำมาใช้ในการคำนวณค่าอัตราพันธุกรรม (heritability; h^2) และสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation; r_g) ระหว่าง MY305 ของโคนมในแต่ละภูมิภาค

ผลการศึกษาวิจัยและวิจารณ์

ในแต่ละภูมิภาค อายุเมื่อคลอดลูก ระดับสายเลือดของโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ และเฮทเทอโรซีส มีอิทธิพลต่อความผันแปรในการให้ผลผลิตน้ำนมรวมทั้ง 305 วัน (MY305) ไม่เท่ากัน โดยภาคกลาง MY305 เปลี่ยนแปลงไปในอัตรา -1.58 ± 2.25 ถึง -1.65 ± 2.25 กก/เดือน สำหรับอายุเมื่อคลอดลูก $1,548.0 \pm 637.0$ ถึง $1,652.0 \pm 636.2$ กก/%H สำหรับระดับสายเลือดของโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ และ 945.2 ± 426.7 ถึง 979.3 ± 426.6 กก/%Het สำหรับเฮทเทอโรซีส ส่วนภาคตะวันออกเฉียงเหนือ MY305 เปลี่ยนแปลงไปในอัตรา 1.88 ± 3.80 ถึง 2.28 ± 3.80 กก/เดือน สำหรับอายุเมื่อคลอดลูก 894.8 ± 577.1 ถึง $1,075.0 \pm 589.4$ กก/%H สำหรับระดับสายเลือดของโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ และ 140.9 ± 416.1 ถึง 203.0 ± 418.5 กก/%Het สำหรับเฮทเทอโรซีส ในภาคเหนือ MY305 เปลี่ยนแปลงไปในอัตรา -0.21 ± 2.56 ถึง 0.05 ± 2.56 กก/เดือน สำหรับอายุเมื่อคลอดลูก 246.0 ± 493.4 ถึง 417.8 ± 500.2 กก/%H สำหรับระดับสายเลือดของโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ และ -89.0 ± 342.9 ถึง 164.0 ± 341.3 กก/%Het สำหรับเฮทเทอโรซีส ส่วนในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ MY305 เปลี่ยนแปลงไปในอัตรา 0.56 ± 3.14 ถึง 0.72 ± 3.14 กก/เดือน สำหรับอายุเมื่อคลอดลูก 699.5 ± 918.6 ถึง $1,151.0 \pm 916.0$ กก/%H สำหรับระดับสายเลือดของโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ และ 563.9 ± 563.0 ถึง 761.1 ± 563.5 กก/%Het สำหรับเฮทเทอโรซีส

เมื่อพิจารณาระดับสายเลือดโคนมพันธุ์โฮลสไตน์ พบว่า ระดับสายเลือดโคนมพันธุ์โฮลสไตน์โดยเฉลี่ยของโคนมในภาคกลางมีค่าเท่ากับ $87.44 \pm 9.90\%H$ (18.80 ถึง 100%H) ภาคตะวันออกเฉียงเหนือเท่ากับ $79.48 \pm 10.15\%H$ (25.00 ถึง 96.90%H) ภาคเหนือ เท่ากับ $84.89 \pm 9.79\%H$ (25.00 ถึง 100%H) และภาคตะวันออกเฉียงเหนือเท่ากับ $86.15 \pm 9.68\%H$ (37.50 ถึง 100%H) ตามลำดับ และด้วยการผสมพันธุ์โคนมในประเทศไทย พ่อโคนมพันธุ์แท้และลูกผสมมีโอกาสได้รับการคัดเลือกพอๆ กัน (Koonawootrittriron *et al.*, 2001) ดังนั้น ความผันแปรในการตอบสนองต่อปัจจัยที่ไม่เหมือนกันของโคนมในแต่ละภูมิภาคจึงอาจเป็นผลมาจากความหลากหลายทางพันธุกรรม (multibreed population; Koonawootrittriron *et al.*, 2001) สภาพแวดล้อม (Allore *et al.*, 1997; Parra-Bracamonte, 2005) ตลอดจนประสบการณ์ และการจัดการฟาร์มของเกษตรกร (Msanga *et al.*, 2000) ในแต่ละภูมิภาค

ค่าอัตราพันธุกรรมสำหรับลักษณะ MY305 (Table 2) ของโคนมในภาคกลางมีค่าระหว่าง 0.02 ± 0.02 ถึง 0.03 ± 0.02 ขณะที่ในภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีค่าระหว่าง 0.08 ± 0.06 ถึง 0.11 ± 0.07 ส่วนในภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีค่าระหว่าง 0.10 ± 0.04 ถึง 0.15 ± 0.05 และ 0.14 ± 0.06 ถึง 0.18 ± 0.07 ค่าเหล่านี้ ยกเว้นภาคกลาง มีค่าอยู่ในช่วงของค่าอัตราพันธุกรรมที่ถูกรายงานไว้ในประชากรโคนมอื่นๆ (0.10 ถึง 0.40; ทวีและสมเพชร, 2544; อามีนาน และศกร, 2551; Kadarmideen *et al.*, 2003; Perez-Cabal *et al.*, 2006) สัดส่วนความผันแปรทางพันธุกรรมที่มีค่าน้อยกว่าความผันแปรของลักษณะที่ปรากฏของโคนมในภาคกลาง อาจเป็นผลมาจากความคล้ายคลึงกันของความสามารถทางพันธุกรรมของพ่อพันธุ์โคนม ที่ถูกนำมาใช้ประโยชน์โดยเกษตรกร และความแตกต่างของผลผลิตที่ได้จากเกษตรกรแต่ละรายที่มีความแตกต่างกันในเรื่องของการจัดการฟาร์ม

Table 2 Heritability (diagonal), genetic correlation (above diagonal) of MY305 in 4 Thai regions

Regions	Central	Eastern	Northern	Northeastern
Central	0.02 ± 0.02 to 0.03 ± 0.02	0.77 ± 0.43	0.46 ± 0.61	0.36 ± 0.62
Eastern		0.08 ± 0.06 to 0.11±0.07	0.98 ± 0.34	0.08 ± 0.53
Northern			0.10 ± 0.04 to 0.15 ± 0.05	0.86 ± 0.20
Northeastern				0.14 ± 0.06 to 0.18 ± 0.07

เมื่อพิจารณาค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม สำหรับ MY305 (Table 2) พบว่า โคนมในภาคกลางมีค่าสหสัมพันธ์ในเชิงบวกกับโคนมในภาคตะวันออก (0.77 ± 0.43) ภาคเหนือ (0.46 ± 0.61) และภาคตะวันออกเฉียงเหนือ (0.37 ± 0.62) เช่นเดียวกับค่าสหสัมพันธ์ของโคนมในภาคตะวันออกกับภาคเหนือ (0.98 ± 0.34) และภาคตะวันออกเฉียงเหนือ (0.08 ± 0.53) และโคนมในภาคเหนือก็มีค่าสหสัมพันธ์ในเชิงบวกกับภาคตะวันออกเฉียงเหนือ (0.86 ± 0.20) เช่นกัน ซึ่งค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมที่มีค่าต่ำ (น้อยกว่า 0.85) แสดงว่าเกิดของอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อม (Lin and Togashi, 2002) กล่าวคือ การแสดงออกทางพันธุกรรมสำหรับลักษณะ MY305 ของพ่อพันธุ์จะเปลี่ยนแปลงไปเมื่อสภาพแวดล้อมมีการเปลี่ยนแปลงจากสภาพแวดล้อมหนึ่งไปสู่อีกสภาพแวดล้อมหนึ่ง ทั้งนี้เป็นผลเนื่องมาจากระดับการแสดงออกของยีนที่แตกต่างกันในสิ่งแวดล้อมที่แตกต่างกัน (Rutherford and Linquist, 1998) หรือเกิดจากการแสดงออกของยีนที่ควบคุมในตำแหน่งที่แตกต่างกัน เมื่ออยู่ในสิ่งแวดล้อมที่ต่างกัน (Falconer and Mackey, 1996) โดยผลการศึกษารั้วนี้สอดคล้องกับ Chanvijit (2006) ที่พบอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อม ซึ่งมีผลทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงของระดับของค่าการผสมพันธุ์และลำดับของพ่อพันธุ์ที่ใช้ในภูมิภาคที่แตกต่างกันในประเทศไทย ด้วยเหตุนี้ การคัดเลือกพ่อพันธุ์ที่มีความสามารถทางพันธุกรรมจำเพาะกับภูมิภาคเป็นสิ่งจำเป็น ซึ่งจะช่วยให้เกษตรกรสามารถใช้ประโยชน์จากพันธุกรรมโคนมเพื่อการผลิตน้ำนมได้อย่างมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น ในขณะเดียวกัน การประเมินความสามารถทางพันธุกรรมของพ่อพันธุ์สำหรับแต่ละภูมิภาคเป็นสิ่งจำเป็น และสมควรได้รับการพิจารณาดำเนินการเพิ่มเติมจากเดิมที่ประเมินความสามารถของพ่อพันธุ์ในภาพรวมของทุกภูมิภาคตามที่ปรากฏในชุดข้อมูล

สรุป

สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสำหรับลักษณะ MY305 ระหว่างโคนมในภาคกลาง ภาคตะวันออก ภาคเหนือ และภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ซึ่งให้เห็นถึง อิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อมที่เกิดขึ้นในประชากรโคนมในประเทศไทย ดังนั้น การคัดเลือกพ่อพันธุ์ที่มีความสามารถทางพันธุกรรมเฉพาะในแต่ละภูมิภาคสามารถช่วยให้เกษตรกรเพิ่มผลผลิตของตนได้อย่างเหมาะสม และสามารถลดความเสี่ยงในการคัดเลือกพันธุ์ที่ผิดพลาด

คำนิยม

คณะผู้วิจัยขอขอบคุณ สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์ สำหรับความอนุเคราะห์ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาวิจัย และเกษตรกรผู้เลี้ยงโคนมทุกท่านที่ให้ความร่วมมือในการจัดเก็บข้อมูล

เอกสารอ้างอิง

- กรมปศุสัตว์. 2552. **สมุดพ่อพันธุ์โคนม 2552**. สำนักเทคโนโลยีชีวภาพการผลิตปศุสัตว์ กรมปศุสัตว์, กรุงเทพฯ.
- กรมอุตุนิยามวิทยา. 2550. **ภูมิอากาศประเทศไทย**. แหล่งที่มา: <http://www.tmd.go.th/info/info.php?FileID=22>, 30 มิถุนายน 2551.
- ทวี อบอุ่น และสมเพชร ตูย์คำภีร์. 2544. การประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการให้นมในโคนมพันธุ์เอเอฟ เอส. รายงานผลงานการวิจัยการปศุสัตว์ สาขาการปรับปรุงพันธุ์สัตว์และการจัดการฟาร์ม ประจำปี 2544. กรมปศุสัตว์ กระทรวงเกษตรและสหกรณ์.
- เทพณรงค์ นพกรวิเศษ วิศรา ไชยสาส์ และนิธิกานต์ อินทร. 2550. **เทคโนโลยีชีวภาพกับโคนมไทย**. ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ กระทรวงวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี.
- มัทนียา สารกุล สกร คุณวุฒิฤทธิธ ธานีพิทย์ สุวรรณโสภี อภิญญา หิรัญวงษ์ และธรรมนุญ ทองประไพ. 2552. สถานภาพและทัศนคติสำหรับการผลิตและคัดเลือกพ่อพันธุ์โคนมของเกษตรกรในประเทศไทย (พ.ศ. 2551), น.174-181. ใน **รายงานการประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 47 (สาขาสัตว์)**. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.
- วรรณิ พุทธาวุฒิไกร. 2549. **ภูมิศาสตร์ประเทศไทย**. พิมพ์ครั้งที่ 2. สำนักพิมพ์โอเดียนสโตร์, กรุงเทพฯ.
- สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์. 2551. **รายงานผลการสำรวจโคนม ปี 2550**. ศูนย์สารสนเทศการเกษตร สำนักเศรษฐกิจการเกษตร, กรุงเทพฯ.
- อามีนา แสงจันทร์ และสกร คุณวุฒิฤทธิธ. 2551. ลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนมในประชากรโคนมหลากหลายพันธุ์แห่งหนึ่งในเขตภาคกลางของประเทศไทย, น.170-178. ใน **รายงานการประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่.46 (สาขาสัตว์)**. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.
- Allore, H. G., P. A. Oltenacu and H. N. Erb. 1997. Effects of season, herd size and geographic region on the composition and quality of milk in the Northeast. *J. Dairy Sci.* 80: 3040 – 3049.
- Bourdon, R. M. 2000. **Understanding Animal Breeding**. 2nd ed. Prentice-Hall, New Jersey.
- Carabano, M. J., K. M. Wade and L. D. Van Vleck. 1990. Genotype by environment interaction for milk and fat production across regions of the United States. *J. Dairy Sci.* 73: 173 – 180.
- Chanvijit, K. 2006. **Genetic estimation of milk production by model including effects of genetic X environment interaction in purebred and crossbred Holstein Friesian**. Ph.D. Thesis , Khon Kaen University.

- Everett, R. W. and H. W. Carter. 1968. Accuracy of test interval method of calculating Dairy Herd Improvement Association record. *J. Dairy Sci.* 51: 1937 – 1941.
- Falconer, D. S. and T. F. Mackay. 1996. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4th ed. Longman Group, Essex.
- Gilmour, A.R., B.R. Cullis, S.J. Welham, and R. Thompson. 2001. **ASREML reference manual**. NSW Agriculture, Australia.
- Hammami, H., B. Rekik, H. Soyeurt, C. Bastin, J. Stoll, and N. Gengler. 2008. Genotype × environment Interaction for milk yield in Holsteins using Luxembourg and Tunisian populations. *J. Dairy Sci.* 91:3661 – 3671.
- Henderson, C.R. 1975. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*. 31: 423-448.
- Kadarmideen, H. N., R. Thompson, M. P. Coffey and M. A Kossaibati. 2003. Genetic parameters and evaluations from single- and multiple-trait analysis of dairy cow fertility and milk production. *Lives. Prod. Sci.* 81: 183 – 195.
- Koonawootrittriron, S., M.A. Elzo, S. Tumwasorn, and W. Sintala. 2001. Lactation curves and prediction of daily and accumulated milk yields in a multibreed dairy herd in Thailand using all daily records. *Thai J. Agric. Sci.* 34: 123 – 139.
- Lin, C. Y. and K. Togashi. 2002. Genetic improvement in the presence of genotype by environment interaction. *Anim. Sci. J.* 73: 3 – 11.
- Msanga, Y. N., M. J. Bryant, I. B. Rutam, F. N. Minja and L. Zylstra. 2000. Effect of environmental factors and of the proportion of Hostein blood on the milk yield and lactation length of crossbred dairy cattle on smallholder farms in North-east Tanzania. *Trop. Anim. Health Prod.* 32: 23 – 31.
- Nauta, W. J., R. F. Veerkamp, E. W. Brascamp and H. Bovenhuis. 2006. Genotype by environment interaction for milk production traits between organic and conventional dairy cattle production in the Netherland. *J. Dairy Sci.* 89: 2729 – 2737.
- Parra-Bracamonte, G. M., J. G. Magana, R. Delgado, M. M. Osorio-Arce and J. C. Segura-Correa. 2005. Genetic and non-genetic effects on productive and reproductive traits of cows in dual-purpose herds in southeastern Mexico. *Genetics and Molecular Research* 4: 482 – 490.
- Perez-Cabal, M. A., C. Garcia, O. Gonzalez-Recio and R. Alenda. 2006. Genetic and phenotypic relationships among locomotion type traits, profit, production, longevity and fertility in Spanish dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 89: 1776 – 1783.
- Rutherford, S. L. and S. Linquist. 1998. Hsp90 as a capacitor for morphological evolution. *Nature*. 396: 336 – 342.
- Sargent, F. D., V. H. Lyton and O. G. Wall, Jr. 1968. Test interval method of calculation Dairy Herd Improvement Association record. *J. Dairy Sci.* 51: 170 – 179.

Searle, S.R. 1982. *Matrix Algebra Useful for Statistics*. John Wiley & Sons Inc. 438 p.