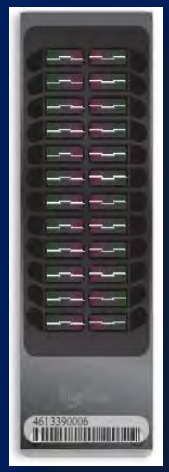
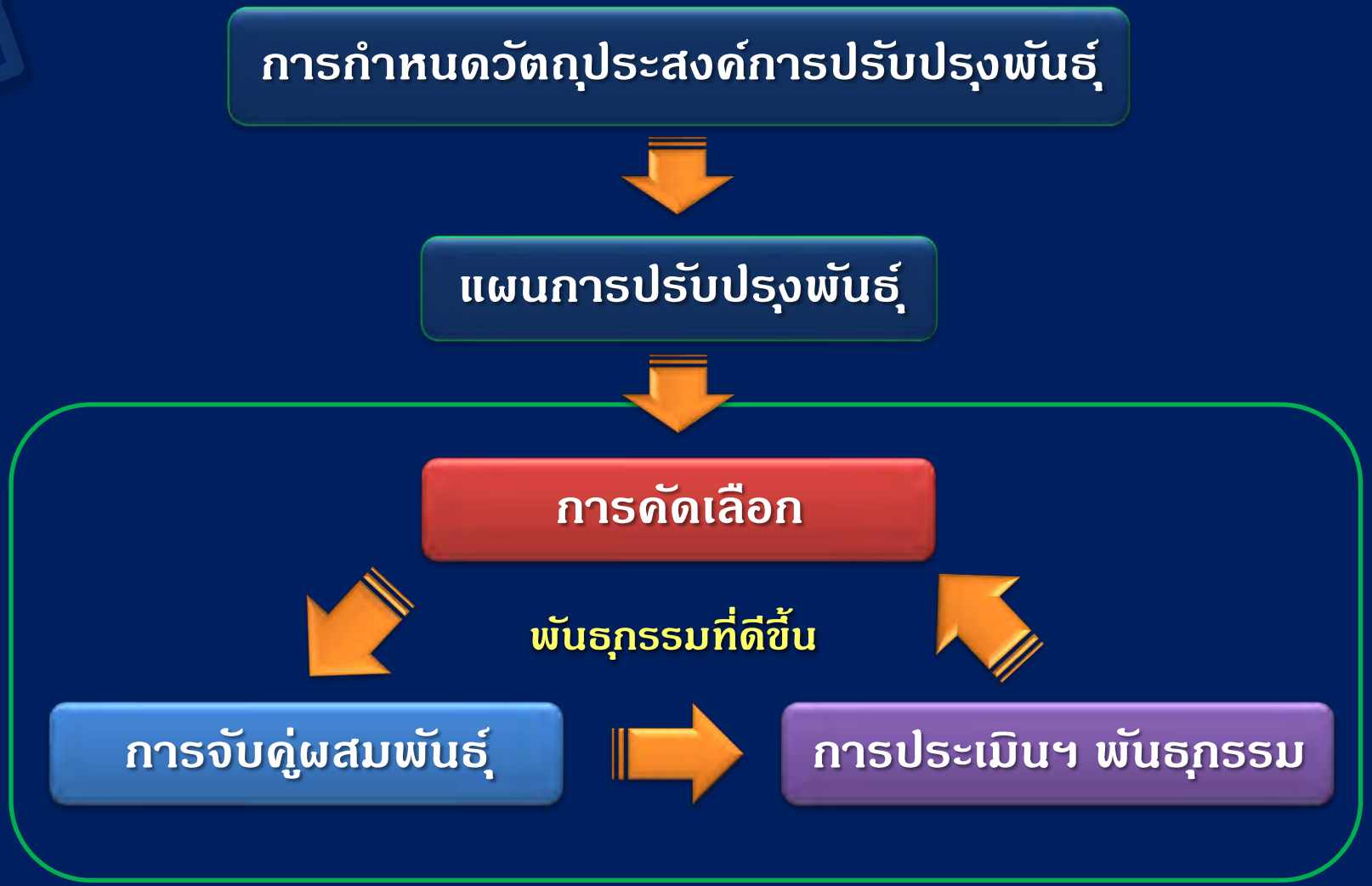
การพัฒนาระบบการประเมินพันธุกรรมจีโนมโคนม

การหารือร่วมระหว่าง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ และ องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย
วันจันทร์ที่ 22 พฤศจิกายน 2553 ณ สำนักงานองค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย อ.มวกเหล็ก จ.สระบุรี



ผศ.ดร.ศกร คุณวุฒิฤทธิรณ
ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
Prof. Dr. Mauricio A. Elzo
Department of Animal Sciences, University of Florida, Florida, USA
อ.ดร.ธนาทิพย์ สุวรรณโสภี
ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ความสำคัญของการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมต่อการปรับปรุงพันธุ์โคนม



ผลสัมฤทธิ์ของการปรับปรุงพันธุ์โคนม

คัดเลือก? แม่นยำ?

จับคู่ผสมพันธุ์ เหมาะสม?

ผลสัมฤทธิ์ของการคัดเลือกพันธุ์โคนม

ความแม่นยำของการคัดเลือก

ผลการดำเนินงานร่วม
ระหว่าง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
และ องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย

พ่อพันธุ์โคนมชั้นเลิศ อ.ส.ค.

ประจำปีที่มีการประเมินความสามารถทางพันธุกรรม

ปี พ.ศ.	พ่อพันธุ์ชั้นเลิศ อสค.	คุณค่าการผสมพันธุ์ (ความแม่นยำ; %)	ผลผลิตน้ำนมรวม ที่ 305 วันโดยเฉลี่ย ของประชากร (กก)	ผู้วิเคราะห์ข้อมูล
2539	โพกัส (Focus)	-102.07 (32%)	1,345*	ดร.เสนาะ
2540	เฟิร์ส (First)	+166.52 (76%)	3,636	ดร.เสนาะ
2541	ฟอลคอน (Folcon)	+337.33 (42%)	3,328	วัชรินทร์
2542	เฟิร์ส (First)	+954.29 (89%)	3,328	ดร.เกชา
พ.ศ. 2543 - 2544 ไม่มีการดำเนินการวิเคราะห์ข้อมูล				
2545	ฟิก (Fix)	+306.81 (61%)	4,391	ดร.ศกร
2546	ฟิก (Fix)	+215.96 (59%)	4,377	ดร.ศกร
2547	ฟิก (Fix)	+330.17 (72%)	3,956	ดร.ศกร
2548	พูม่า (Puma)	+354.86 (53%)	3,958	ดร.ศกร
2549	แฟคเตอร์ (Factor)	+513.30 (74%)	3,968	ดร.ศกร
2550	แฟคเตอร์ (Factor)	+495.20 (76%)	3,945	ดร.ศกร
2551	แพนดา (Panda)	+515.38 (51%)	3,956	ดร.ศกร
2552	โปรเจค (Project)	+448.21 (71%)	4,028	ดร.ศกร
2553	แฟคเตอร์ (Factor)	+698.80 (82%)	4,091	ดร.ศกร

การพัฒนาระบบ
การประเมินความสามารถทางพันธุกรรม

ปี พ.ศ.	โมเดลทางพันธุกรรม	จำนวนข้อมูล	ประเด็นที่พบ / สิ่งที่ทำเพิ่มเติม	ลักษณะที่พิจารณาเพิ่มใน Summary
2539	Sire model / Dam model	276	Least Square Means – SAS	MY
2540	Animal model (purebred)	1,836	MATVEC – Location effect	FY, FP
2541	Animal model (purebred & crossbred)	5,786	Separated analyses for BG	-
2542	Animal model (purebred & crossbred)	4,130	Pulled data, BG fixed effect	-
พ.ศ. 2543 - 2544 ไม่มีการดำเนินการวิเคราะห์ข้อมูล				
2545	Multibreed Applied Animal Model	926 (1,378)	Herd-year-season, 305-d MY,	LL
2546	Multibreed Applied Animal Model	1,179 (1,764)	Connection among HYS	-
2547	Multibreed Applied Animal Model	1,024 (1,563)	Reduced AFC, reduce costs	AFC
2548	Multibreed Applied Animal Model	1,213 (1,768)	Flat genetic trends	-
2549	Multibreed Applied Animal Model	1,377 (2,034)	Increasing participants & data	-
2550	Multibreed Applied Animal Model	1,614 (2,394)	Lactation patterns & Type ?	IY, PY, DP, PS
2551	Multibreed Applied Animal Model	1,921 (2,905)	Perception of staffs & farmers	-
2552	Multibreed Applied Animal Model	2,329 (3,468)	Research & Promotions ?	-
2553	Multibreed Applied Animal Model	2,791 (4,143)	Improvement ?	AFI, AFConc

การประเมินพ่อพันธุ์โคนม อสค.

พันธุ์ประวัติ

ปริมาณ / คุณภาพ ผลผลิต

ข้อมูลอื่น ๆ

ปรับปรุงพันธุ์

ปรับปรุงการจัดการ

ไม่สมบูรณ์ / ไม่ถูกต้อง

ข้อมูล / ข้อแนะนำ

พันธุกรรม

การแสดงออก

ค่าเฉลี่ย

ความผันแปร

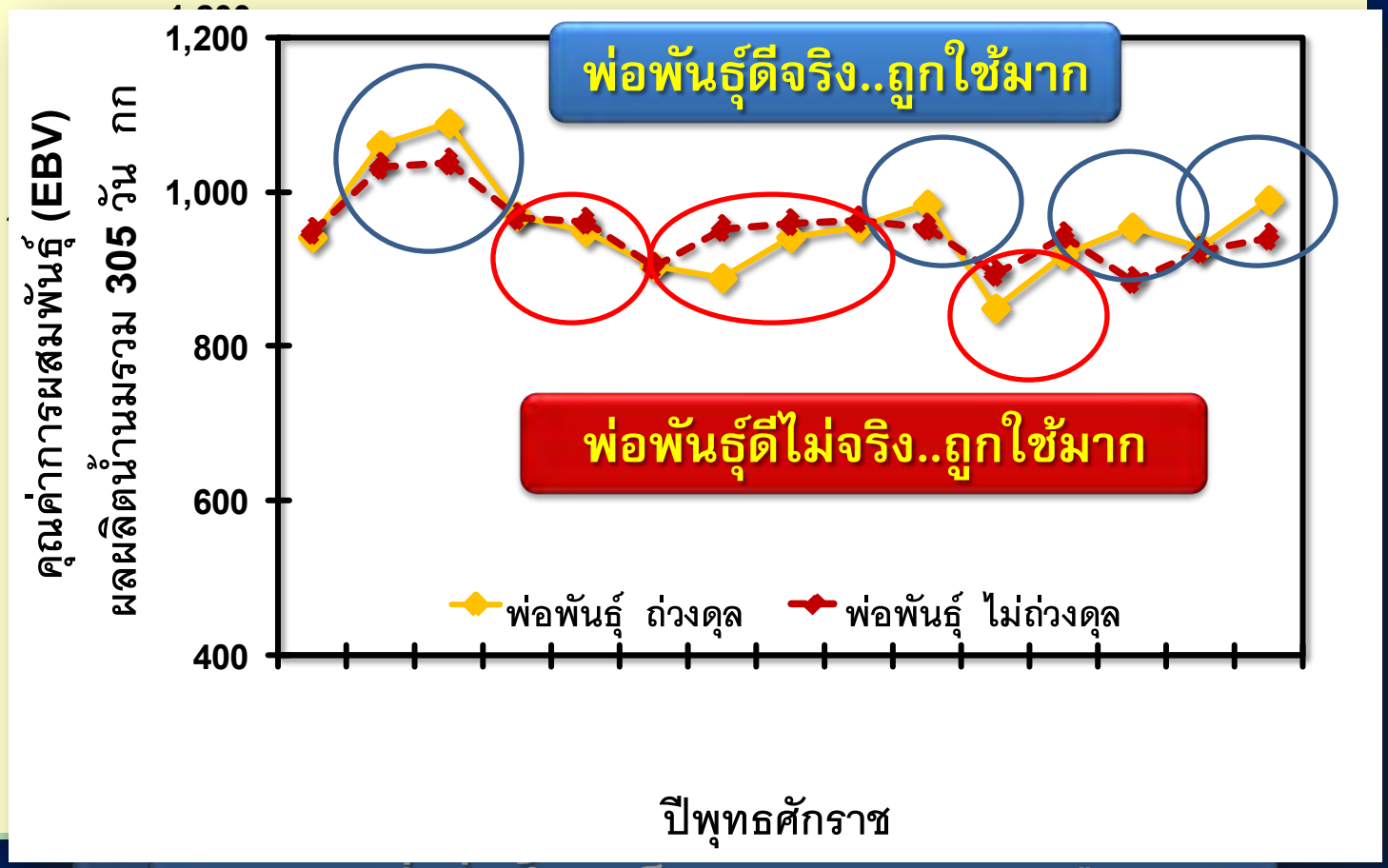
ไม่แม่นยำ

การใช้ประโยชน์จากผลลัพธ์ที่ได้จากการดำเนินงานร่วมระหว่าง มก. และ อ.ส.ค.

- องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อ.ส.ค.)
  - การผลิตและพิสูจน์พ่อพันธุ์โคนมเพื่อการผสมเทียม
  - การพัฒนาธุรกิจและการให้บริการน้ำเชื้อพ่อพันธุ์โคนม อ.ส.ค.
  - การพัฒนาฐานข้อมูลโคนม อ.ส.ค. เพื่อการใช้ประโยชน์ในธุรกิจและการส่งเสริมเกษตรกร
  - การส่งเสริม ถ่ายทอด และฝึกอบรม ให้เกษตรกรเพิ่มผลผลิตโคนมของตนได้อย่างมีประสิทธิภาพ

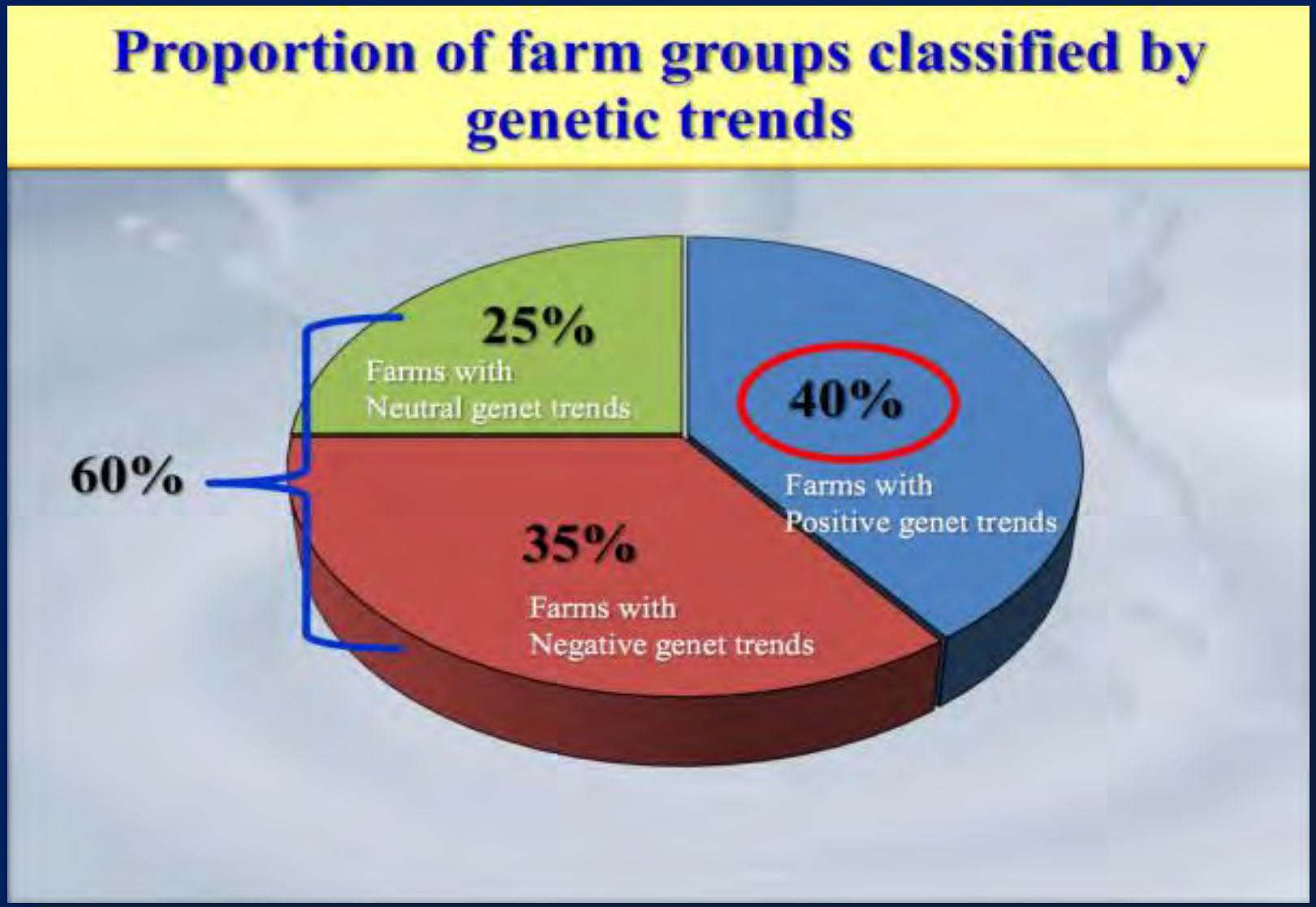
- ม. เกษตรศาสตร์ และ ม. ฟลอริดา
  - การพัฒนาบุคลากร ด้านการผลิตโคนมระดับปริญญาตรี โท และ เอก
  - การพัฒนาความรู้และเทคโนโลยี ผ่านกระบวนการวิจัยและพัฒนา

ข้อสังเกต ..... จากฐานข้อมูล อ.ส.ค.



การเลือกใช้น้ำเชื้อพ่อพันธุ์โคนม.. แม่น/ไม่แม่น

ข้อสังเกต ..... จากฐานข้อมูล อ.ส.ค.

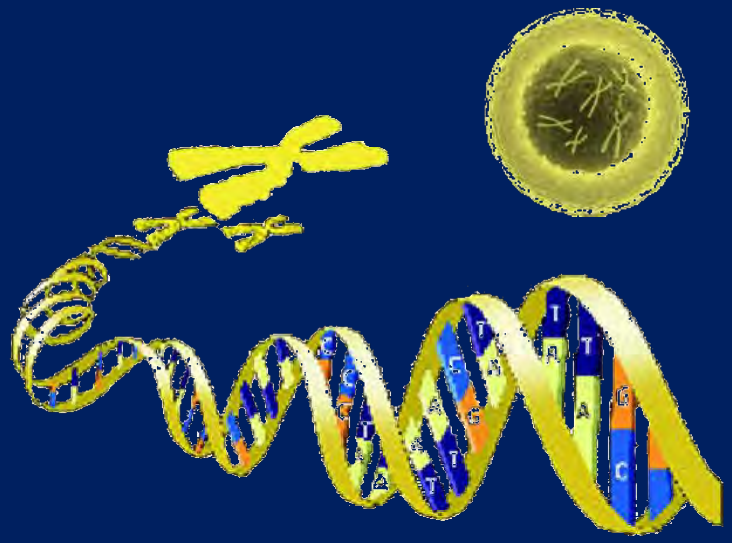


ประเด็นที่จำเป็นต้องพิจารณา....

เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการแข่งขันทางธุรกิจและการปรับปรุงโคนมในเชิงปฏิบัติ

- องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อ.ส.ค.)
  - การเพิ่มจำนวนข้อมูล “ลักษณะปรากฏ” และ “พันธุ์ประวัติโครีดนม” ที่เป็นลูกสาวพ่อพันธุ์ อสค. ในแต่ละปี
  - การจัดการระบบฐานข้อมูลโคนม (ลักษณะปรากฏ และ พันธุ์ประวัติ) ที่สมบูรณ์และพร้อมใช้ประโยชน์ในด้านต่าง ๆ
  - การจัดเตรียมข้อมูลเบื้องต้น สำหรับการประเมินพันธุกรรม
  - การกำหนดตำแหน่งบุคคลากรให้ทำหน้าที่ประจำ ในการประเมินพันธุกรรม พิสูจน์พ่อพันธุ์ และใช้ประโยชน์จากฐานข้อมูลโคนม อสค.
  - การเพิ่มประสิทธิภาพการใช้ประโยชน์จากข้อมูลพันธุกรรมและการยอมรับน้ำเชื้อพ่อพันธุ์ อสค. ในระดับเกษตรกร
  - การเพิ่มประสิทธิภาพทางธุรกิจการผลิตน้ำเชื้อพันธุ์โคนม
- ม. เกษตรศาสตร์ และ ม. ฟลอริดา
  - การพัฒนาประสิทธิภาพระบบการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมโคนม (ความแม่นยำ วิธีการ กลวิธี) และบุคคลกร

การพัฒนาระบบการประเมินพันธุกรรมจีโนมโคนม



- 30 pairs of chromosomes
- 3 billion base pairs
- > 2,200 genes
- > 62,000 SNPs

เทคโนโลยีปัจจุบัน
ที่ใช้ในการกำหนดข้อมูลจีโนม

Data Sheet: DNA Analysis

illumina

BovineHD Genotyping BeadChip

More than 777,000 SNPs that deliver the densest coverage available for the bovine genome

BovineHD BeadChip

BeadChip features more than 777,000 evenly spaced
e entire bovine genome.

Data Sheet: DNA Analysis

illumina

BovineSNP50 Genotyping BeadChip

Featuring 54,609 evenly spaced SNP probes that span the bovine genome

Figure 1: BovineSNP50 BeadChip

e BovineSNP50 BeadChip features more than 54,000 evenly spaced
NPs across the entire bovine genome.

Data Sheet: DNA Analysis

illumina

GoldenGate Bovine3K Genotyping BeadChip

Featuring 2,900 SNPs that provide high capacity for prediction of the genetic merit of cattle.

Highlights

- **Uniform Coverage**
  Evenly distributed polymorphic SNPs across the bovine genome
- **Unrivaled Call Rates and Accuracy**
  > 99% average call rates and > 99.9% reproducibility
- **High-Throughput Format**
  Up to 32 samples interrogated in parallel

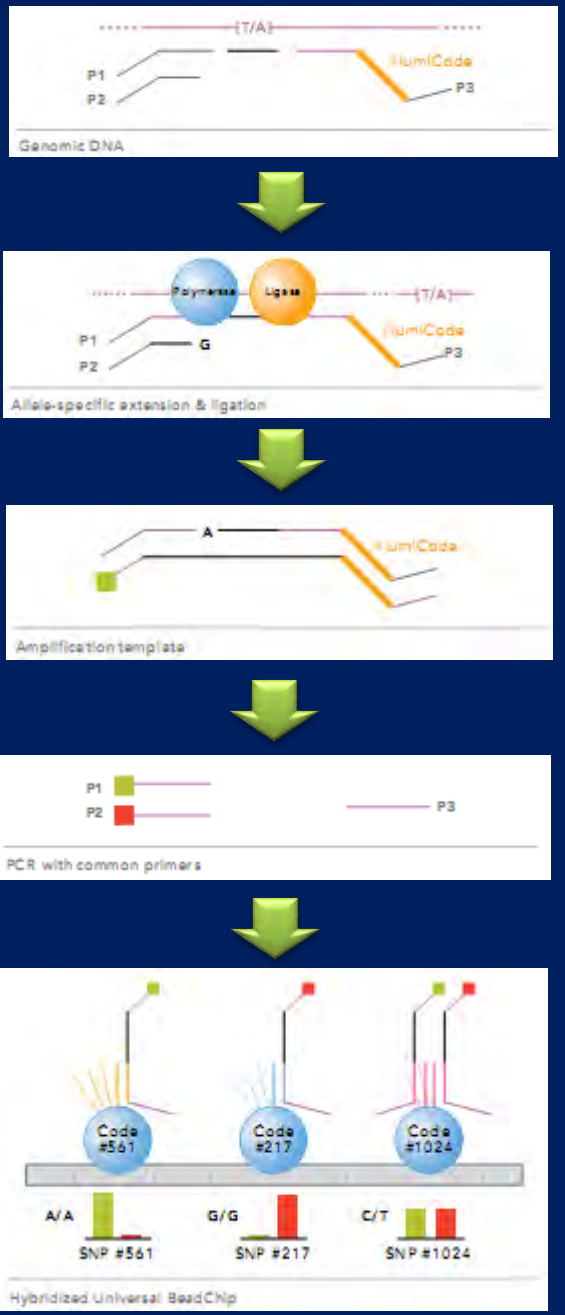
Figure 1: Bovine3K BeadChip

The Bovine3K BeadChip features 2,900 SNPs that span the entire bovine genome.

Introduction

DNA analysis microarrays are revolutionizing the cattle industry, providing a powerful, cost-effective approach for trait selection and breed characterization. Traditional progeny testing of bulls to select desired traits is a slow and expensive process, requiring multiple years per animal to complete. However, since the release of the Illumina BovineSNP50 Genotyping BeadChip in late 2007, the process has been dramatically improved. This technology provides whole-genome genotyping information that gives breeders a greater capacity to predict

Assay Workflow



Genome Information

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	[Header]									
2	BSGT Version	3.2.33								
3	Processing Date	7/16/2008 17:08								
4	Content	BovineSNP50_A.bpm								
5	Num SNPs	54001								
6	Total SNPs	54001								
7	Num Samples	299								
8	Total Samples	318								
9	[Data]									
10	SNP Name	Sample ID	GC Score	Allele1 - Design	Allele2 - Design	Allele1 - AB	Allele2 - AB	SNP	Chr	Position
11	ARS-BFGL-BAC-10172	136	0.821	G	G	B	B	[A/G]	14	4736993
12	ARS-BFGL-BAC-1020	136	0.8165	T	C	A	B	[T/C]	14	6339014
13	ARS-BFGL-BAC-10245	136	0.6374	C	C	B	B	[T/C]	14	30073020
14	ARS-BFGL-BAC-10345	136	0.8593	A	C	A	B	[A/C]	14	4497877
15	ARS-BFGL-BAC-10365	136	0.6723	C	C	B	B	[A/C]	14	25140301
16	ARS-BFGL-BAC-10375	136	0.8412	G	G	B	B	[A/G]	14	4983527
17	ARS-BFGL-BAC-10591	136	0.7841	A	G	A	B	[A/G]	14	15446975
18	ARS-BFGL-BAC-10793	136	0.4835	G	G	B	B	[C/G]	14	27452258
19	ARS-BFGL-BAC-10867	136	0.8187	G	G	A	A	[G/C]	14	32700054
20	ARS-BFGL-BAC-10919	136	0.7185	G	G	B	B	[A/G]	14	29520816
21	ARS-BFGL-BAC-10952	136	0.9134	A	A	A	A	[A/G]	10	19315327

เทคโนโลยีปัจจุบัน
ที่ใช้ในการกำหนดข้อมูลจีโนม

1 animal = 1 phenotypic record
(for a trait)
+ 1 Pedigree
+ 2,900 SNPs information
(0.37 baht/SNP)

$$GEBV_i = \sum CSE_{ij}$$

เมื่อ $GEBV_i$ = คุณค่าการผสมพันธุ์ของสัตว์ตัวที่ i

CSE_{ij} = อิทธิพลของเครื่องหมายทางพันธุกรรม j ของสัตว์ตัวที่ i

ระดับความเชื่อมั่นที่เพิ่มขึ้น

Trait	HO	JE	BS
Net merit	24	8	3
Milk	26	6	0
Fat	32	11	5
Protein	24	2	1
Fat %	50	36	10
Protein %	38	29	5

[1] Gain above parent average reliability ~35%

Source: Paul VanRaden (Gordon Conference on Quantitative Genetics, February 2009(12)

ระดับความเชื่อมั่นที่เพิ่มขึ้น

Trait	HO	JE	BS
Productive life	32	7	2
Somatic cell score	23	3	16
Dtr pregnancy rate	28	7	-
Final score	20	2	-
Udder depth	37	20	3
Foot angle	25	11	-
Trait average	29	13	N/A

Source: Paul VanRaden (Gordon Conference on Quantitative Genetics, February 2009(12)

ระดับความเชื่อมั่นที่เพิ่มขึ้น

ผลลัพธ์ที่รายงานในประเทศต่าง ๆ

Countries	Reliability (%)		Gain
	EBV	GEBV	
USA	35	58	23
Canada	39	63	24
New Zealand	34	67	33
Netherland	35	61	26

Source: Harris et al. (2008), De Roos et al. (2009), Schenkel et al. (2009), VanRaden et al. (2009)

ผลงานวิจัยและเอกสารอ้างอิงบางส่วน

J. Dairy Sci. 92:433–443
doi:10.3168/jds.2008-1646
© American Dairy Science Association, 2009.

***Invited review*: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges**

B. J. Hayes,*[1] P. J. Bowman,* A. J. Chamberlain,* and M. E. Goddard*†
*Biosciences Research Division, Department of Primary Industries Victoria, 1 Park Drive, Bundoora 3083, Australia
†Faculty of Land and Food Resources, University of Melbourne, Parkville 3010, Australia

Copyright © 2001 by the Genetics Society of America

Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps

T. H. E. Meuwissen,* B. J. Hayes† and M. E. Goddard†,‡

*Research Institute of Animal Science and Health, 8200 AB Lelystad, The Netherlands, †Victorian Institute of Animal Science, Attwood 3049, Victoria, Australia and ‡Institute of Land and Food Resources, University of Melbourne, Parkville 3052, Victoria, Australia

Manuscript received August 17, 2000
Accepted for publication January 17, 2001

J. Dairy Sci. 92:16–24
doi:10.3168/jds.2008-1514
© American Dairy Science Association, 2009.

***Invited review:* Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls**

P. M. VanRaden,*[1] C. P. Van Tassell,*† G. R. Wiggans,* T. S. Sonstegard,† R. D. Schnabel,‡ J. F. Taylor,‡ and F. S. Schenkel§
*Animal Improvement Programs Laboratory, and
†Bovine Functional Genomics Laboratory, Agricultural Research Service, USDA, Beltsville, MD 20705-2350
‡Division of Animal Sciences, University of Missouri, Columbia 65211
§Centre for Genetic Improvement of Livestock, Department of Animal and Poultry Science, University of Guelph, Guelph, Ontario N1G 2W1, Canada

GENOMIC SELECTION: THE FUTURE OF ANIMAL BREEDING

T.H.E. Meuwissen
Norwegian University of Life Sciences, Box 5003, 1432 Ås, Norway

ผลงานวิจัยและเอกสารอ้างอิง

J. Dairy Sci. 91:4414–4423
doi:10.3168/jds.2007-0980
©American Dairy Science Association, 2008.

Efficient Methods to Compute Genomic Predictions

P. M. VanRaden[1]
Animal Improvement Programs Laboratory, Agricultural Research Service, USDA, Beltsville, MD 20705-2350

Genetics Selection Evolution BioMed Central

Research **Open Access**

Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations

Ben J Hayes*[1], Phillip J Bowman[1], Amanda C Chamberlain[1], Klara Verbyla[2] and Mike E Goddard[1,2]

Address: [1]Biosciences Research Division, Department of Primary Industries Victoria, 1 Park Drive, Bundoora 3083, Australia and [2]Faculty of Land and Food Resources, University of Melbourne, Parkville 3010, Australia

Email: Ben J Hayes* - ben.hayes@dpi.vic.gov.au; Phillip J Bowman - phil.bowman@dpi.vic.gov.au; Amanda C Chamberlain - amanda.chamberlain@dpi.vic.gov.au; Klara Verbyla - klara.verbyla@dpi.vic.gov.au; Mike E Goddard - mike.goddard@dpi.vic.gov.au

* Corresponding author

J. Dairy Sci. 93:3818–3833
doi:10.3168/jds.2009-2980
©American Dairy Science Association®, 2010.

Multivariate analysis of a genome-wide association study in dairy cattle

S. Bolormaa,*† J. E. Pryce,* B. J. Hayes,* and M. E. Goddard*†
*Biosciences Research Division, Department of Primary Industries Victoria, 1 Park Drive, Bundoora 3083, Australia
†School of Land and Environment, University of Melbourne, Parkville 3010, Australia

---

J. Dairy Sci. 93:1175–1183
doi:10.3168/jds.2009-2192
© American Dairy Science Association®, 2010.

Preliminary investigation on reliability of genomic estimated breeding values in the Danish Holstein population

G. Su,[1] B. Guldbrandtsen, V. R. Gregersen, and M. S. Lund
Department of Genetics and Biotechnology, Faculty of Agricultural Sciences, Aarhus University, DK-8830, Tjele, Denmark

---

VanRaden and Sullivan *Genetics Selection Evolution* 2010, **42**:7
http://www.gsejournal.org/content/42/1/7

GSE Genetics Selection Evolution

RESEARCH **Open Access**

International genomic evaluation methods for dairy cattle

Paul M VanRaden[1*], Peter G Sullivan[2]

Abstract

Background: Genomic evaluations are rapidly replacing traditional evaluation systems used for dairy cattle selection. Higher reliabilities from larger genotype files promote cooperation across country borders. Genomic information can be exchanged across countries using simple conversion equations, by modifying multi-trait across-country evaluation (MACE) to account for correlated residuals originating from the use of foreign evaluations, or by multi-trait analysis of genotypes for countries that use the same reference animals.

JOURNAL OF ANIMAL SCIENCE
The Premier Journal and Leading Source of New Knowledge and Perspective in Animal Science

Genomic selection in admixed and crossbred populations

A. Toosi, R. L. Fernando and J. C. M. Dekkers

J Anim Sci 2010.88:32-46.
doi: 10.2527/jas.2009-1975 originally published online Sep 11, 2009;

J. Anim. Breed. Genet. ISSN 0931-2668

ORIGINAL ARTICLE

Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle

L.R. Schaeffer

Department of Animal and Poultry Science, Centre for Genetic Improvement of Livestock, University of Guelph, Guelph, ON, Canada

การลดระยะเวลาและต้นทุนในการผลิตพ่อพันธุ์โคนม

Conventional Breeding

Month 9	Month 21	Month 30	Month 45	Month 57	Month 64
Bull calves born	Test mating	Daughters born	Daughters bred	Daughters calve	Complete lactation

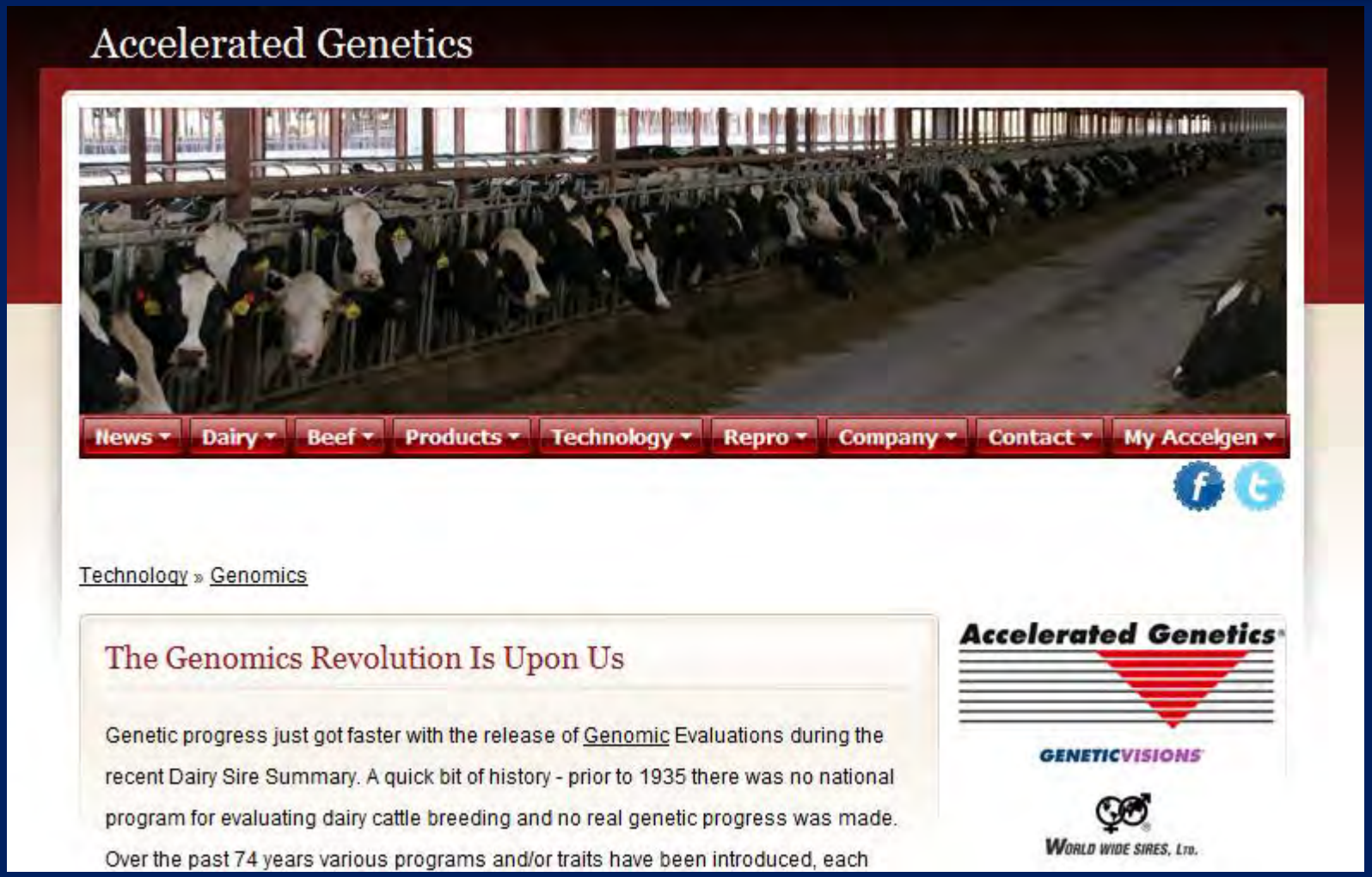
Genomic selection

Month 9	Month 21	Month 30	Month 45	Month 57	Month 64
Screened for gene markers	Test mating	Save ~ 3 years			

ถ้าต้นทุนการเลี้ยงดูพ่อพันธุ์มีมูลค่า 100 บาทต่อตัวต่อวัน → 109,500 บาท/ตัว

Schaeffer (2006)

การประเมินพันธุกรรมจีโนมโคนม เชิงการค้าในปัจจุบัน



http://www.accelgen.com/Genomics.aspx

การประเมินพันธุกรรมจีโนมโคนม เชิงการค้าในปัจจุบัน

http://genex.crinet.com

การประเมินพันธุกรรมจีโนมโคนม เชิงการค้าในปัจจุบัน

WORLD DAIRY DIARY
THE WORLD DAIRY BUSINESS BLOG

Search | RSS feed (How to subscribe) | The Milking Parlor Podcast (How to subscribe) | Monday, September 20, 2010

WITH AGRADO®

Pfizer Introduces New Genomic Test

Posted: September 20, 2010 at 7:13 pm
By News Editor

CLARIFIDETM, a new genomic test for comprehensive evaluation of dairy females, is now available from Pfizer Animal Genetics, a business unit of Pfizer Animal Health.

CLARIFIDE is a 3,000-marker (3K) DNA panel that was developed through collaboration between USDA-ARS and Illumina. CLARIFIDE delivers Genomic Predicted Transmitting Ability (GPTA) values for 30 production, health and type traits, and nine composite indexes. These predictions provide insights into animals' future genetic potential early in an animal's life.

"CLARIFIDE provides a cost-effective way for commercial dairy producers to take advantage of the many benefits of genomic testing," says Nigel Evans, vice president of Pfizer Animal Genetics. "Genomics has been available in the dairy industry for the past few years, but has only been practical for a small number of elite animals. CLARIFIDE now puts genomic testing into the hands of commercial dairymen."

With CLARIFIDE, commercial dairy producers can optimize selection, mating and management of

AG CONNECT
JANUARY 7-10, 2011
ATLANTA, GEORGIA, USA

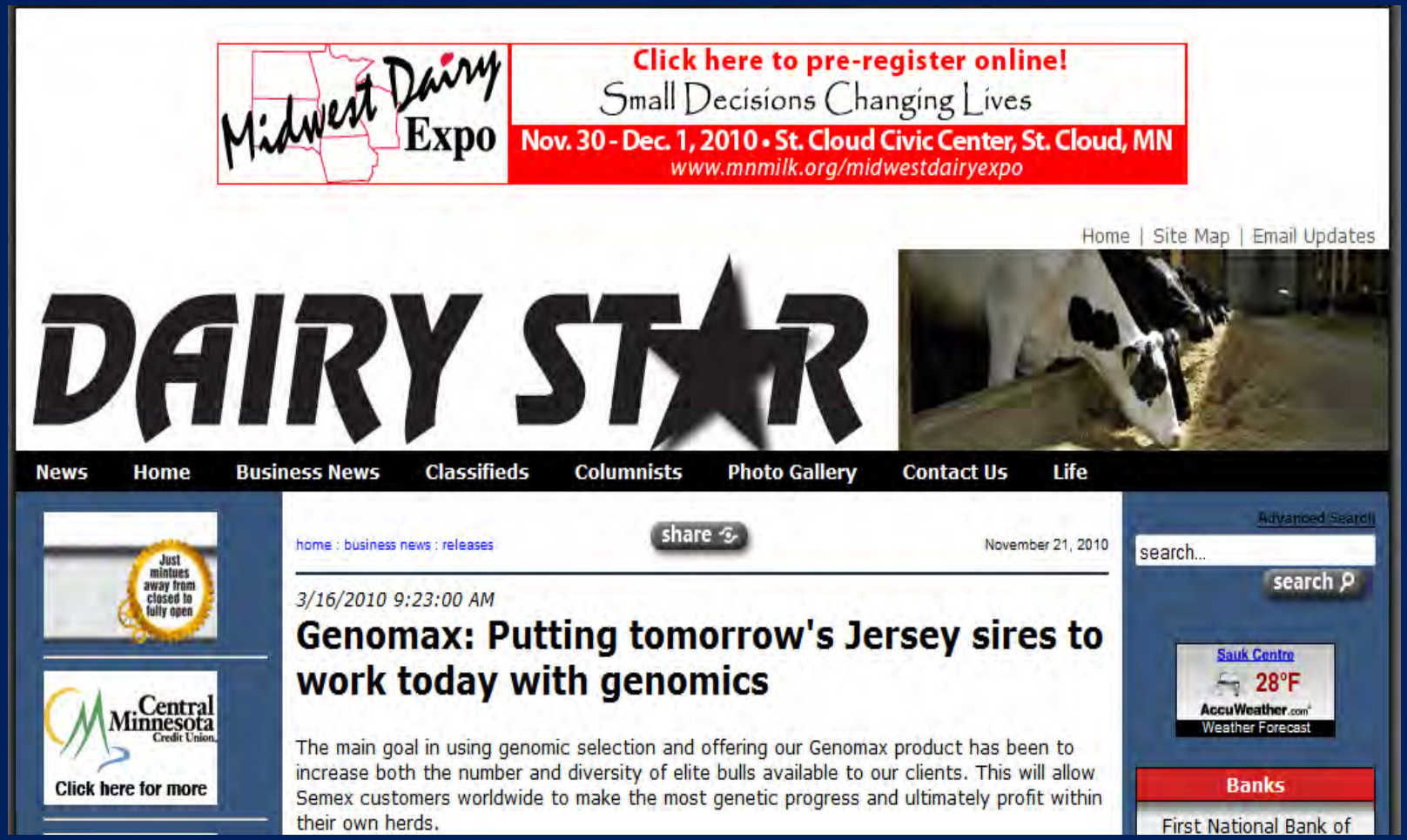
DAIRY DIARY LINKS
About
Advertise
Contributors
Forage Forum Podcast
Subscribe

OTHER ZIMMCOMM BLOGS
AgNewsWire
AgWired
DomesticFuel
Precision Pays
Zimmcomm New Media

RECENT POSTS
Scoop Up An Extra $250 In Holiday Cash
Give Thanks for Food
October Milk Production Up

http://www.wdexpo.org/category/genetics/

การประเมินพันธุกรรมจีโนมโคนม เชิงการค้าในปัจจุบัน



http://www.dairystar.com/

Worldwide Dairy Genotyping

as of January 2009

Countries	Animals
United States and Canada	22,344
France	8,500
Netherlands, New Zealand[1]	6,000
New Zealand and Ireland	4,500
Germany	3,000
Australia	2,000
Denmark, Finland, Sweden	2,000

[1]Using a customized Illumina 50K chip (different markers)

Source: Paul VanRaden (Gordon Conference on Quantitative Genetics, February 2009(12)

แนวทางการพัฒนาระบบการประเมินพันธุกรรมจีโนมโคนม

Phenotypes

Pedigree

Genetic Evaluation (EBV)

Blood Samples

DNA preparation

Genomic SNPs Genotyping

Genomic Evaluation

Genetic - Genomic Evaluation System

ผลที่คาดว่าจะได้รับจากการพัฒนาระบบการประเมินพันธุกรรมจีโนมโคนม

- ความแม่นยำในการคัดเลือกพ่อพันธุ์โคนม อ.ส.ค.
- ต้นทุนการผลิตพ่อพันธุ์ อ.ส.ค.
- ความก้าวหน้าทางพันธุกรรมโคนมของเกษตรกร
- ฐานข้อมูลลักษณะปรากฏ พันธุ์ประวัติ และพันธุกรรม
- ระบบการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมจีโนม
- การยอมรับของผู้สนใจใช้ประโยชน์จากพันธุกรรมโคนม อ.ส.ค.
- ธุรกิจการผลิตน้ำเชื้อพันธุ์โคนม อ.ส.ค. และการส่งเสริมการผลิตโคนมด้วยพันธุกรรมที่มีศักยภาพแก่เกษตรกร
- การพัฒนาบุคลากรและเทคโนโลยีที่เหมาะสม

ประเด็นหารือ...การพัฒนาระบบการประเมินพันธุกรรมจีโนมโคนม

- ความร่วมมือและการสนับสนุนโครงการ ทั้งในเชิงหลักการและการดำเนินงานในเชิงปฏิบัติ
  - MOU
  - หนังสือยืนยันการให้ความร่วมมือในแต่ละโครงการฯ
- การสนับสนุนในเชิงนโยบาย การกำหนดบทบาทในความร่วมมือ และสัดส่วนความรับผิดชอบ (กิจกรรม อุปกรณ์ บุคลากร และงบประมาณ)
  - การกระจายน้ำเชื้อพ่อพันธุ์โคนมอ้างอิงไปสู่กษตรกร
  - การจัดเก็บข้อมูล (ลักษณะปรากฏ และพันธุประวัติ) และตัวอย่างเลือดของโคนมรายตัว
  - การบันทึกและจัดเตรียมข้อมูลขั้นพื้นฐาน (Input files)
  - การพัฒนาบุคลากร
- การอำนวยความสะดวกในการปฏิบัติงานให้บรรลุวัตถุประสงค์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ