

การประเมินความสามารถทางพันธุกรรมจีโนม ด้วยการใช้บันทึกพันธุ์ประวัติแตกต่างกันในประชากรโคนมของประเทศไทย

Genomic Evaluations using Different Pedigree Records in Thai dairy Population

दनัย जट्टवा¹, ศกร कुณวृत्तिถิธรณ^{1*}, เมาริชิโอ เอ. เอลโซ² และ ธนาทิพย์ สุวรรณโสภี¹
Danai Jattawa¹, Skorn Koonawootrittriron¹, Mauricio A. Elzo² and Thanathip Suwanasopee¹

¹ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ จตุจักร กรุงเทพฯ 10900

¹Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok, 10900

²Department of Animal Sciences, University of Florida, Gainesville, Florida USA 32611-0910

*Corresponding author: agrskk@ku.ac.th

บทคัดย่อ

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อเปรียบเทียบความแม่นยำความสามารถทางพันธุกรรมจีโนม (GEBV) และลำดับของสัตว์ที่ถูกประเมินด้วยรุ่นจำลองที่ใช้บันทึกพันธุ์ประวัติแตกต่างกัน ข้อมูลผลผลิต น้ำนมที่ 305 วัน (MY) ไหม้นนมที่ 305 วัน (FY) และพันธุ์ประวัติของโคนมท้องแรก 8,361 ตัว (810 ฟาร์ม) และจีโนมไทป์ (74,144 SNP) ของโคนม 2,661 ตัว ถูกนำมาใช้ในการศึกษา รุ่นจำลองทางพันธุกรรมจีโนม แบบ Single-step ถูกจำลองสถานการณ์ให้ใช้ประโยชน์จากบันทึกพันธุ์ประวัติของสัตว์ที่ถูกล็อกอินไทป์ แตกต่างกันได้แก่ สัตว์มีพันธุ์ประวัติสมบูรณ์ (FPM) สัตว์มีเพียงพ่อพันธุ์ (PSM) สัตว์มีเพียงแม่พันธุ์ (PDM) และ สัตว์ที่ไม่มีข้อมูลพันธุ์ประวัติ (NPM) รุ่นจำลองดังกล่าวพิจารณาฟาร์ม-ปี-ฤดูกาลที่คลอดลูก อายุเมื่อคลอดลูก และเซทเทอโรซิส เป็นปัจจัยกำหนด และพันธุกรรมบวกสะสมและความคลาดเคลื่อนเป็นปัจจัยสุ่ม ผลการศึกษาพบว่า FPM มีความแม่นยำเฉลี่ยสูงที่สุด (MY: 39.71%; FY: 29.23%) รองลงมาได้แก่ PSM (MY: 35.66%; FY: 28.90%) PDM (MY: 35.49%; FY: 27.69%) และ NPM (MY: 34.22%; FY: 27.28%) ตามลำดับ ค่า GEBV และลำดับของสัตว์ที่ถูกประเมินระหว่างรุ่นจำลองเหล่านี้แตกต่างกัน โดยมีสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ของ GEBV ในช่วง 0.81 ถึง 0.82 สำหรับ MY และ 0.80 ถึง 0.82 สำหรับ FY และ สหสัมพันธ์ลำดับในช่วง 0.72 ถึง 0.74 สำหรับ MY และ 0.70 ถึง 0.74 สำหรับ FY ผลการศึกษานี้ชี้ให้เห็นว่า ข้อมูลพันธุ์ประวัติมีความสำคัญต่อการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมจีโนม การใช้ประโยชน์ข้อมูลจีโนมไทป์ ผลผลิต และพันธุ์ประวัติที่สมบูรณ์ร่วมกันสามารถเพิ่มความแม่นยำได้มากที่สุด และสร้างความก้าวหน้าทางพันธุกรรมในประชากรโคนมไทยได้อย่างมีประสิทธิภาพ

คำสำคัญ: โคนม, ความสัมพันธ์, พันธุ์ประวัติ, การประเมินความสามารถทางพันธุกรรมจีโนม

ABSTRACT

The objective of this study was to compare accuracies, genomic estimated breeding values (GEBV) and rankings of animals that were evaluated using models utilized different pedigree records. The records of 305-d milk yield (MY), 305-d fat yield (FY) and pedigree of 8,361 first-lactation cows (810 farms), and genotypes (74,144 SNP) of 2,661 animals were used in this study. The single-step genomic models were constructed in different scenarios that utilized different pedigree records of genotyped animals. These scenarios included the animals with completed pedigree (FPM), the animals known only sires (PSM), the animals known only dams (PDM), and no pedigree information of the animals (NPM). The models considered herd-year-season of calving, calving age and heterosis as fixed effects, and additive genetic and residual as random effects. Results found that FPM had the highest accuracies (MY: 39.71%; FY: 29.23%), followed by PSM (MY: 35.66%; FY: 28.90%) and PDM (MY: 35.49%; FY: 27.69%), and the lowest one was NPM (MY: 34.22%; FY: 27.28%). GEBV and rankings evaluated among these models were different. The correlation coefficients between GEBV ranged from 0.81 to 0.82 for MY and 0.80 to 0.82 for FY, and the rank correlation coefficients ranged from 0.72 to 0.74 for MY and 0.70 to 0.74 for FY. These results indicated that pedigree records are important for genomic evaluations. Utilization of the combined genotypes, phenotypes and completed pedigree information increases the highest accuracy, which potentially improves the genetic gain in Thai dairy population.

Keywords: Dairy cattle, relationship, pedigree, genomic evaluation

บทนำ

การประเมินความสามารถทางพันธุกรรมจีโนมใช้ประโยชน์จากข้อมูลจีโนมโทป์ในระดับจีโนม เพื่อเพิ่มความแม่นยำในการคัดเลือกซึ่งส่งผลให้เกิดความก้าวหน้าทางพันธุกรรมรวดเร็วยิ่งขึ้น เทคโนโลยีดังกล่าวสามารถประเมินพันธุกรรมสัตว์ได้โดยใช้ประโยชน์จากข้อมูลจีโนมโทป์เพียงอย่างเดียว (Multiple step genomic evaluation; VanRaden, 2008) หรือใช้ข้อมูลร่วมกันระหว่างข้อมูลจีโนมโทป์ พันธุ์ประวัติ และผลผลิต (Single step genomic evaluation; Aguilar *et al.*, 2010) โดยผลการศึกษาใน

ประชากรโคนมขนาดใหญ่ในกลุ่มประเทศนอร์ดิก (Nordic countries) พบว่า การประเมินความสามารถทางพันธุกรรมด้วยสองวิธีนี้ให้ความแม่นยำไม่แตกต่างกัน (Gao *et al.*, 2012) ซึ่งสนับสนุนแนวความคิดเดิมว่า การประเมินความสามารถทางพันธุกรรมจีโนมอาจช่วยให้ไม่จำเป็นต้องบันทึกข้อมูลผลผลิตและพันธุ์ประวัติ อย่างไรก็ตาม ประชากรโคนมในประเทศไทยมีขนาดเล็ก มีความหลากหลายทางพันธุกรรม (Koonawootrittriron *et al.*, 2009) และมีข้อมูลที่ใช้ในการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมไม่มากนัก ด้วยเหตุนี้ การประเมินความสามารถทางพันธุกรรมโดยใช้ข้อมูลจีโนไทป์เพียงอย่างเดียวอาจไม่เพียงพอ ต่อการเพิ่มความแม่นยำของการประเมิน หรือให้ผลลัพธ์ที่แตกต่างจากการประเมินร่วมกันระหว่างการใช้อัจโนไทป์ ผลผลิต และพันธุ์ประวัติ การศึกษานี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อเปรียบเทียบผลการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมจีโนมที่ใช้บันทึกพันธุ์ประวัติแตกต่างกันในประชากรโคนมของประเทศไทย

อุปกรณ์และวิธีการ

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษาประกอบด้วย พันธุ์ประวัติ ผลผลิตน้ำนมที่ 305 วัน (MY) และ ไขมันนมที่ 305 วัน (FY) ของโคนมท้องแรก จำนวน 8,361 ตัว ซึ่งเป็นลูกสาวของพ่อพันธุ์จำนวน 1,210 ตัว และแม่พันธุ์จำนวน 6,992 ตัว ที่ถูกเลี้ยงดูโดยเกษตรกร จำนวน 810 ราย และคลอดลูกระหว่าง พ.ศ. 2532 ถึง พ.ศ. 2557 ตัวอย่างเนื้อเยื่อของโค 2,661 ตัว ในประชากรดังกล่าวถูกสกัดดีเอ็นเอและจำแนกจีโนไทป์ของ Single Nucleotide Polymorphism (SNP) ด้วยชิป GGP9K (1,412 ตัว) GGP20K (570 ตัว) GGP26K (540 ตัว) และ GGP80K (139 ตัว) โคนมที่ถูกจีโนไทป์ด้วยชิป GGP9K GGP20K และ GGP26K ถูกพยากรณ์ข้อมูล (Imputation) ให้มีจำนวนจีโนไทป์เป็น GGP80K ด้วยวิธี Combined family- and population-based approach โดยโปรแกรม FImpute (Sargolzaei *et al.*, 2014) ซึ่งวิธีดังกล่าวสามารถพยากรณ์ข้อมูลจีโนไทป์ได้แม่นยำ มากกว่าร้อยละ 90 ในประชากรโคนมของประเทศไทย (Jattawa *et al.*, 2016) ข้อมูลจีโนไทป์จากสัตว์ทุกตัวภายหลังการพยากรณ์ (76,694 SNP) ถูกตรวจสอบคุณภาพโดยพิจารณาตัดจีโนไทป์ที่มี Miner allele frequency น้อยกว่า 0.04 (2,375 SNP) และ Call rate น้อยกว่าร้อยละ 90 (175 SNP) ออกจากการศึกษาส่งผลให้ข้อมูลจีโนไทป์สำหรับสัตว์แต่ละตัวที่ใช้ในการศึกษานี้มีจำนวน 74,144 SNP

องค์ประกอบความแปรปรวนทางพันธุกรรม ถูกประมาณค่าโดยวิธี Average Information Restricted Maximum Likelihood (AI-REML) ด้วยโปรแกรม AIREMLF90 (Tsuruta, 2014) ในกลุ่ม BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2002) โดยใช้หุ่นจำลองทางพันธุกรรมจีโนมแบบ Single-step (Aguilar *et al.*, 2010) ที่ใช้ประโยชน์จากเมทริกซ์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ (H) ที่ถูกสร้างขึ้นจากการจำลองสถานการณ์

แตกต่างกัน 4 กรณี คือ 1) สัตว์ที่ถูกจีโนไทป์ทุกตัวมีพันธุ์ประวัติสมบูรณ์ (FPM) 2) สัตว์ที่ถูกจีโนไทป์ทราบเพียงพ่อพันธุ์ (PSM) 3) สัตว์ที่ถูกจีโนไทป์ทราบเพียงแม่พันธุ์ (PDM) และ 4) ไม่ทราบข้อมูลพันธุ์ประวัติของสัตว์ที่ถูกจีโนไทป์ (NPM) โดยสถานการณ์สุดท้ายถูกจำลองภายใต้แนวความคิดของผู้ผลิตที่ไม่มีการบันทึกพันธุ์ประวัติแต่ต้องการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมจีโนมของสัตว์ในประชากร

ปัจจัยที่ถูกพิจารณาในรุ่นจำลองทางพันธุกรรมจีโนม ประกอบด้วย ฟาร์ม-ปี-ฤดูกาลที่คลอดลูก อายุเมื่อคลอดลูกครั้งแรก และเซทเทอโรซิส เป็นปัจจัยกำหนด และพิจารณาพันธุกรรมบวกสะสม และความคลาดเคลื่อน เป็นปัจจัยสุ่ม สมมติฐานสำหรับค่าเฉลี่ยของปัจจัยสุ่มมีค่าเป็นศูนย์ โดยมีเมทริกซ์ความแปรปรวนของอิทธิพลทางพันธุกรรมบวกสะสม คือ $H * \sigma_o^2$ เมื่อ σ_o^2 คือความแปรปรวนทางพันธุกรรมแบบบวกสะสม “*” คือ การคูณโคเรเน็กเกอร์ (Kronecker product) และ H สำหรับ FPM PSM และ PDM สามารถ

เขียนแทนได้ด้วย
$$\begin{bmatrix} A_{11} + A_{12}A_{22}^{-1}(G_{22} - A_{22})A_{22}^{-1}G_{21} & A_{12}A_{22}^{-1}G_{22} \\ G_{22}A_{22}^{-1}A_{21} & G_{22} \end{bmatrix}$$
 เมื่อ A_{11} คือเมทริกซ์ความสัมพันธ์ทาง

เครือญาติระหว่างสัตว์ที่ไม่ถูกจีโนไทป์ A_{12} คือเมทริกซ์ความสัมพันธ์ทางเครือญาติระหว่างสัตว์ที่ไม่ถูกจีโนไทป์และสัตว์ที่ถูกจีโนไทป์ A_{22}^{-1} คือเมทริกซ์อินเวอร์สของความสัมพันธ์ทางเครือญาติระหว่างสัตว์ที่ถูกจีโนไทป์ G_{22} คือเมทริกซ์ความสัมพันธ์จีโนมระหว่างสัตว์ที่ถูกจีโนไทป์ และ H สำหรับสถานการณ์ของ NPM

สามารถเขียนแทนได้ด้วย $\begin{bmatrix} A_{11} & 0 \\ 0 & G_{22} \end{bmatrix}$ องค์ประกอบความแปรปรวนที่ประมาณได้ในแต่ละรุ่นจำลอง ถูกใช้ทำนายความสามารถทางพันธุกรรมจีโนมของสัตว์แต่ละตัวด้วยวิธี Best Linear Unbiased Prediction

(BLUP) โดยความแม่นยำของ GEBV สามารถคำนวณด้วย $\sqrt{1 - \frac{PEV}{\sigma_o^2}} * 100$ เมื่อ PEV คือ ความคลาดเคลื่อนของการทำนาย จากนั้นค่า GEBV และลำดับที่ถูกจัดเรียงด้วยค่า GEBV ของสัตว์แต่ละตัวถูกนำมาคำนวณความสัมพันธ์ระหว่างรุ่นจำลอง ด้วย Pearson correlation และ Spearman's rank correlation

ผลการทดลองและวิจารณ์

ความแม่นยำของการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมจีโนม

การประเมินความสามารถทางพันธุกรรมจีโนมโคนมในประเทศไทยด้วยรุ่นจำลอง FPM PSM PDM และ NPM ให้ค่าความแม่นยำเฉลี่ย 34.21% ถึง 39.71% สำหรับ MY และ 27.28% ถึง 29.23% สำหรับ FY (Figure 1) โดยการประเมินด้วย FPM ให้ค่าความแม่นยำสูงที่สุด (MY: 39.71%; FY: 29.23%) รองลงมาคือ PSM (MY: 35.66; FY: 28.90) PDM (MY: 35.49%; FY: 27.69) และ NPM (MY: 34.22; FY: 27.28%) ตามลำดับ ผลการศึกษาชี้ให้เห็นว่า ข้อมูลพันธุ์ประวัติมีความสำคัญต่อความแม่นยำของการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมจีโนมโคนมในประเทศไทย โดยความแม่นยำที่ได้จากการประเมินสัตว์ที่

มีพันธุ์ประวัติสมบูรณ์มีค่าสูงกว่าสัตว์ที่ไม่มีพันธุ์ประวัติเฉลี่ย 3.73% ความแตกต่างดังกล่าวมีค่ามากกว่าการศึกษาในประชากรโคนมโฮลสไตน์ของกลุ่มประเทศนอร์ดิก (0.30%; Gao *et al.*, 2012) ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากประชากรโคนมที่ใช้ในการศึกษาดังกล่าว (14,588 ตัว โดยมีโคนมที่ถูกจีโนไทป์ 5,214 ตัว) มีจำนวนมากกว่าประชากรโคนมที่ใช้ในการศึกษา (8,361 ตัว โดยมีโคนมที่ถูกจีโนไทป์ 2,661 ตัว) นอกจากนี้ โคนมในประชากรดังกล่าวเป็นโคนพันธุ์แท้โฮลสไตน์เพียงพันธุ์เดียว ซึ่งแตกต่างจากประชากรโคนมหลากหลายพันธุ์ของประเทศไทย (Koonawootrittriron *et al.*, 2009) โดยประชากรโคนมพันธุ์แท้ มักมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสูงกว่าหรือมีความผันแปรทางพันธุกรรมต่ำกว่าโคนมลูกผสม (Ventura *et al.*, 2014) การเชื่อมโยงความสัมพันธ์ระหว่างสัตว์แต่ละตัวผ่านทางข้อมูลจีโนไทป์อาจทำได้ดีกว่าโคนมลูกผสม จึงประเมินพันธุกรรมสัตว์ได้อย่างแม่นยำโดยใช้ประโยชน์เพียงข้อมูลจีโนไทป์

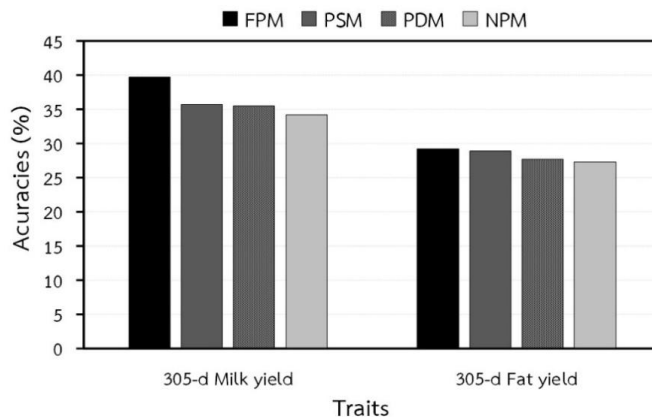


Figure 1 Accuracy of GEBV for 305-d milk yield and 305-d fat yield using genomic model of animals with completed pedigree records (FPM), genomic model of animals with known only sires (PSM), genomic model of animals with known only dams (PDM) and genomic model of animals with no pedigree records (NPM)

ความแม่นยำเฉลี่ยที่ได้จากการประเมินครั้งนี้ มีค่าสูงกว่าความแม่นยำที่ได้จากการประเมินแบบดั้งเดิมที่ใช้เพียงข้อมูลพันธุ์ประวัติและผลผลิตในการศึกษาที่ใช้ชุดข้อมูลเดียวกัน (MY: 31.50%; 24.40%; Jattawa *et al.*, 2015) สิ่งนี้ชี้ให้เห็นว่า การใช้ข้อมูลจีโนไทป์สามารถเพิ่มความแม่นยำในการประเมินความสามารถทางพันธุกรรม ซึ่งช่วยให้คัดเลือกสัตว์ทำได้แม่นยำและนำไปสู่การพัฒนาทางพันธุกรรมได้รวดเร็วยิ่งขึ้น อย่างไรก็ตาม การประเมินพันธุกรรมจีโนมที่ไม่ใช้ประโยชน์จากข้อมูลพันธุ์ประวัติของสัตว์ที่ถูกจีโนไทป์ (NPM) ช่วยเพิ่มความแม่นยำได้เพียง 2.80% เมื่อเปรียบเทียบกับวิธีการประเมินแบบดั้งเดิม ดังนั้นการใช้ประโยชน์ร่วมกันระหว่างข้อมูลจีโนไทป์ ผลผลิต และพันธุ์ประวัติที่สมบูรณ์ในการประเมิน

ความสามารถทางพันธุกรรมจีโนม (FPM) จึงเป็นแนวทางที่เหมาะสมกับประชากรโคนมหลากหลายพันธุ์ของประเทศไทย ด้วยความแม่นยำที่เพิ่มขึ้นสามารถสร้างความก้าวหน้าในการพัฒนาศักยภาพทางพันธุกรรมให้เกิดขึ้นในประชากรได้อย่างรวดเร็ว อย่างไรก็ตาม การพิจารณาเลือกสัตว์เพื่อจีโนไทป์สำหรับเข้าร่วมการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมจีโนม โดยเฉพาะในประชากรโคนมหลากหลายพันธุ์นั้น ควรพิจารณาสัตว์ที่มีข้อมูลผลผลิตและพันธุ์ประวัติสมบูรณ์ เพื่อเชื่อมโยงความสัมพันธ์ระหว่างตัวสัตว์ และช่วยเพิ่มความแม่นยำในการประเมินให้เกิดขึ้นอย่างมีประสิทธิภาพ

ค่าความสามารถทางพันธุกรรมและลำดับสัตว์ที่ได้จากการประเมินของแต่ละรุ่นจำลอง

ความสัมพันธ์ระหว่างค่า GEBV ของสัตว์ที่ถูกประเมินด้วยรุ่นจำลองทางพันธุกรรม FPM และรุ่นจำลองทางพันธุกรรม PSM PDM และ NPM มีสหสัมพันธ์สูง (0.81 ถึง 0.82 สำหรับ MY; 0.80 ถึง 0.82 สำหรับ FY; Table 1) โดยค่า GEBV ที่ถูกประเมินด้วยรุ่นจำลอง FPM มีความสัมพันธ์กับค่า GEBV ที่ถูกประเมินด้วยรุ่นจำลอง PSM (0.82 สำหรับ MY และ FY) และ PDM (0.82 สำหรับ MY และ FY) สูงกว่าการประเมินด้วยรุ่นจำลอง NPM (0.81 สำหรับ MY; 0.80 สำหรับ FY)

Table 1 Pearson and Spearman's rank correlations between animal GEBV for 305-d milk yield (MY) and fat yield (FY) evaluated using genomic models with four different genomic relationship matrices

Model ^a	Pearson correlations ^b		Spearman's rank correlations ^b	
	MY	FY	MY	FY
FPM, PSM	0.82	0.82	0.74	0.74
FPM, PDM	0.82	0.82	0.74	0.73
FPM, NPM	0.81	0.80	0.72	0.70

^a FPM = Genomic model of animals with completed pedigree records; PSM = Genomic model of animals with known only sires; PDM = Genomic model of animals with known only dams; NPM = Genomic model of animals with no pedigree records

^b All correlations were significant at $P < 0.0001$

ในทำนองเดียวกัน ลำดับที่ถูกจัดเรียงด้วยค่า GEBV จากการประเมินด้วยรุ่นจำลอง FPM และรุ่นจำลอง PSM PDM และ NPM มีความสัมพันธ์สูง (0.72 ถึง 0.74 สำหรับ MY; 0.70 ถึง 0.74 สำหรับ FY) ซึ่งลำดับที่ถูกจัดเรียงจากการประเมินด้วยรุ่นจำลอง FPM มีความสัมพันธ์กับการประเมินด้วย

หุ้่นจำลอง PSM (0.74 สำหรับ MY และ FY) และ PDM (0.74 สำหรับ MY; 0.73 สำหรับ FY) สูงกว่า การประเมินด้วยหุ้่นจำลอง NPM (0.72 สำหรับ MY; 0.70 สำหรับ FY) ถึงแม้ว่า ความสัมพันธ์ระหว่าง GEBV และลำดับที่ถูกจัดเรียงด้วยค่า GEBV ของการประเมินด้วยหุ้่นจำลองทางพันธุกรรมจีโนม FPM PSM PDM และ NPM มีค่าสูง แต่ลำดับของการจัดเรียงโคเนมแต่ละตัวที่มีความสามารถทางพันธุกรรมจีโนมของแต่ละหุ้่นจำลองยังคงมีความแตกต่างกัน ลักษณะเช่นนี้อาจทำให้ผลตอบสนองต่อการคัดเลือกทางพันธุกรรมจากการประเมินโดยใช้หุ้่นจำลองดังกล่าวแตกต่างกัน อย่างไรก็ตาม การคัดเลือกสัตว์แต่ละตัว โดยพิจารณาจาก GEBV ที่ประเมินด้วยหุ้่นจำลอง FPM ช่วยให้เกิดความก้าวหน้าทางพันธุกรรมได้เร็วที่สุดเนื่องจากมีค่าความแม่นยำในการประเมินสูงสุด

สรุป

การประเมินความสามารถทางพันธุกรรมจีโนมโคเนมโดยใช้ข้อมูลพันธุ์ประวัติของสัตว์ที่ถูกจีโนไทป์แตกต่างกัน ส่งผลให้ความแม่นยำ ค่า GEBV ที่ทำนายได้ และลำดับของสัตว์ที่ได้จากการประเมินแตกต่างกัน การประเมินความสามารถทางพันธุกรรมจีโนมโดยใช้ข้อมูลพันธุ์ประวัติที่สมบูรณ์ให้ความแม่นยำสูงสุด

กิตติกรรมประกาศ

คณะผู้วิจัยขอขอบคุณ โครงการปริญญาเอกกาญจนาภิเษกของสำนักงานกองทุนสนับสนุนงานวิจัยสำหรับการสนับสนุนทุนการศึกษาแก่ผู้วิจัยลำดับที่หนึ่ง ขอขอบคุณสถาบันวิจัยและพัฒนาแห่งมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์สำหรับทุนวิจัย [ศ-ช(กษ) 1.58] และขอขอบคุณสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ และ องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย [P11-00116] สำหรับข้อมูลจีโนไทป์ มหาวิทยาลัยฟลอริดา (สหรัฐอเมริกา) สำหรับการร่วมดำเนินงานวิจัย และเกษตรกรผู้เลี้ยงโคเนม สหกรณ์โคเนม และหน่วยงานที่เกี่ยวข้องกับการผลิตโคเนมสำหรับความร่วมมือ ในการศึกษาวิจัย

เอกสารอ้างอิง

- 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.
- Gao, H., O.F. Christensen, P. Madsen, U.S. Nielsen, Y. Zhang, M.S. Lund and G. Su. 2012. Comparison on genomic predictions using three GBLUP methods and two single-step blending methods in the Nordic Holstein population. *Genet. Sel. Evol.* 44: 8.

- Jattawa, D., M.A. Elzo, S. Koonawootrittriron and T. Suwanasopee. 2016. Imputation Accuracy from low to moderate density single nucleotide polymorphism chips in a Thai multibreed dairy cattle population. *Asian Australas. J. Anim. Sci.* 29: 464 – 470.
- Jattawa, D., M.A. Elzo, S. Koonawootrittriron and T. Suwanasopee. 2015. Comparison of genetic evaluations for milk yield and fat yield using a polygenic model and three genomic–polygenic models with different sets of SNP genotypes in Thai multibreed dairy cattle. *Livest. Sci.* 181: 58 – 64.
- Koonawootrittriron, S., M.A. Elzo and T. Thongprapi. 2009. Genetic trends in a Holstein × Other breeds multibreed dairy population in Central Thailand. *Livest. Sci.* 122: 186 – 192.
- Misztal, I., S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, T. Druet and D. H. Lee. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90), 734 – 744. In *Proceeding of 7th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production*. 19 – 23 August 2002, Montpellier, France.
- Sargolzaei, M., J.P. Chesnais and F.S. Schenkel. 2014. A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives. *BMC Genomics* 15: 478.
- Tsuruta, S. 2014. Average Information REML with several options including EM-REML and heterogeneous residual variances. Available Source: http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=application_programs, October 13, 2016.
- VanRaden, P.M. 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. *J. Dairy Sci.* 91: 4414 – 4423.
- Ventura, R.V., D. Lu, F.S. Schenkel, Z. Wang, C. Li and S.P. Miller. 2014. Impact of reference population on accuracy of imputation from 6K to 50K single nucleotide polymorphism chips in purebred and crossbred beef cattle. *J. Anim. Sci.* 92: 1433 – 1444.