



## ความสัมพันธ์ระหว่างค่าอัตราพันธุกรรมและค่าความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์จากประชากรจำลองของประชากรโคนมภาคเหนือตอนบนของประเทศไทย

### Relationship between heritability and accuracy of breeding value from simulation population of dairy cattle population in upper Northern Thailand

ศิริจรรยา อายุมั่น<sup>1\*</sup>, ณัฐพล จงกลกิจ<sup>1</sup>, จิรวัดน์ พัศระ<sup>1</sup> และ พีร์นิตติ ราชวิชา<sup>1</sup>

Sirijanya Aryuman<sup>1\*</sup>, Nattaphon Chongkasikit<sup>1</sup>, Chirawath Phatsara<sup>1</sup> and Phinithi Rachwicha<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ภาควิชาสัตวศาสตร์และสัตว์น้ำ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ จังหวัดเชียงใหม่ 50200

<sup>1</sup> Department of Animal and Aquatic Science, Faculty of Agriculture, Chiang Mai University, Chiang Mai, 50200

**บทคัดย่อ:** ค่าอัตราพันธุกรรม (Heritability,  $h^2$ ) นอกจากจะเป็นค่าที่สำคัญที่ใช้กำหนดแนวทางในการปรับปรุงพันธุ์แล้วยังเป็นปัจจัยสำคัญที่ส่งผลต่อค่าความแม่นยำ (Accuracy) ของคุณค่าการผสมพันธุ์ นอกจากนี้ปัจจัยของขนาดประชากรอ้างอิง (Reference population หรือ Calibration set, CS) และจำนวน SNPs (Single nucleotide polymorphism) ซึ่งค่าความแม่นยำ (Accuracy) ของคุณค่าการผสมพันธุ์เป็นค่าที่ส่งผลต่อผลตอบสนองจากการคัดเลือก เนื่องจากคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินจากข้อมูลพันธุประวัติใช้ระยะเวลาในการเก็บข้อมูลนาน จึงมีการนำข้อมูลจีโนมมาใช้เพื่อลดระยะเวลาและเพิ่มความแม่นยำในการคัดเลือก วัตถุประสงค์ของการศึกษาครั้งนี้เพื่อวิเคราะห์หาค่าความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์จากค่าอัตราพันธุกรรมระดับต่างๆ โดยใช้ข้อมูลจากประชากรจำลองของประชากรโคนมภาคเหนือตอนบนของประเทศไทย โดยใช้ข้อมูลระหว่าง พ.ศ. 2495-2557 จำลองประชากรอ้างอิงที่ทราบฟีโนไทป์ (CS) และประชากรที่ไม่ทราบฟีโนไทป์ (Validation set, VS) ขนาด 1,000 ตัว จำนวน SNPs 30K และค่าอัตราพันธุกรรม ( $h^2$ ) ตั้งแต่ 0.01 ถึง 0.50 เพื่อวิเคราะห์ค่าความแม่นยำจากสหสัมพันธ์ระหว่างคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้ (Estimate Breeding Value, EBV และ Genomic Breeding Value, GBV) กับคุณค่าการผสมพันธุ์จริง (True Breeding Value, TBV) ที่ได้จากการจำลองด้วยวิธี BLUP ด้วยโมเดลตัวสัตว์ พบว่าค่าความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์มีแนวโน้มเพิ่มสูงขึ้นเมื่อค่าอัตราพันธุกรรมมีค่าสูงขึ้น โดยค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลจีโนม (Genomic) มีแนวโน้มสูงกว่าข้อมูลพันธุประวัติ (Pedigree) และค่าความแม่นยำในประชากรที่ทราบฟีโนไทป์ (CS) มีแนวโน้มสูงกว่าประชากรที่ไม่ทราบฟีโนไทป์ (VS) และพบว่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (Standard Error, SE) ของค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลพันธุประวัติและข้อมูลจีโนมมีแนวโน้มลดลงเมื่อค่าอัตราพันธุกรรมสูงขึ้น

**คำสำคัญ:** ความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์; ค่าอัตราพันธุกรรม; ประชากรจำลอง

**ABSTRACT:** Heritability is important to use as the guideline for animal breeding. It is also an important factor influencing the accuracy of genomic breeding value in addition to reference population size and number of SNPs. The accuracy of breeding value prediction affects the response to selection. Due to the estimation of breeding value from pedigree taking a long period to collect the selection data, thus the genomic data were used to reduce the duration of data collection and increase the accuracy of selection. The aim of this study was to analyze the accuracy of breeding value from different levels heritability of simulated population of dairy cattle population in Upper Northern Thailand. The

\* Corresponding author: [aryuman\\_339@hotmail.com](mailto:aryuman_339@hotmail.com)

data for simulate were collected from 1952 to 2015. The reference population or Calibration set (CS), which the population was known phenotype. And Validation set (VS) was the population unknown phenotype of 1,000, number of SNPs 30K and heritability 0.01 to 0.50 were used. The accuracy was estimated from correlation between Estimate Breeding Value, Genomic Breeding Value, and True Breeding Value estimation by BLUP with an animal model. The results showed that the accuracy increases as heritability increases. Moreover, the accuracy prediction of genomic data higher than pedigree data. The accuracy of CS higher than VS. The standard error of accuracy of validation set prediction from pedigree data and genomic data were decreased as heritability increase.

**Keywords:** accuracy of breeding values; heritability; simulate population

## บทนำ

การประเมินพันธุกรรมจีโนม (Genomic breeding value, GBV) เป็นวิธีที่ใช้ประโยชน์จากความสัมพันธ์ของจีโนมเพื่อประเมินคุณค่าทางพันธุกรรมภายใต้วิธี BLUP (Hayes et al., 2009) โดยใช้เมทริกซ์ของความสัมพันธ์จีโนม (Genomic relationship matrix) ที่ประมาณจากการใช้ข้อมูลเครื่องหมาย DNA ที่เป็น SNPs (หนึ่งฤทัย และคณะ, 2557) เมทริกซ์ได้กำหนดความแปรปรวนร่วมภายใต้ความคล้ายคลึงของค่าสังเกตที่ระดับพันธุกรรมมากกว่าความคล้ายคลึงภายใต้พันธุประวัติ เพื่อให้การทำนายมีความแม่นยำในการคัดเลือกให้มีค่าสูง ส่งผลให้เกิดความก้าวหน้าทางพันธุกรรมเพิ่มขึ้น และยังสามารถประเมินพันธุกรรมของสัตว์ได้ตั้งแต่เกิด โดยใช้ข้อมูลจากประชากรอ้างอิง (Samuel et al., 2013) อีกทั้งยังช่วยลด generation interval ในการคัดเลือกพ่อพันธุ์โคนม การคัดเลือกพ่อพันธุ์แบบปกติ (conventional selection) จะทำการคัดเลือกโดยการทดสอบลูกสาว (progeny test) ซึ่งใช้เวลาในการทดสอบประมาณ 5-6 ปี เมื่อพิจารณาจากระยะเวลาที่ใช้ในการคัดเลือกโดยจีโนม (genomic selection) พบว่าการคัดเลือกโดยใช้จีโนม (genomic selection) ใช้เวลาในการพิสูจน์พ่อพันธุ์น้อยกว่าวิธีปกติ (conventional selection) ถึง 3-4 ปี (ศูนย์ผลิตน้ำเชื้อพ่อพันธุ์โคนม องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย, 2553) ยังเป็นการเพิ่มผลตอบแทนต่อการคัดเลือกและไม่กระทบต่ออัตราเลือดชิด ความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์จีโนมขึ้นอยู่กับปัจจัยหลายอย่าง เช่น จำนวนประชากรที่ใช้อ้างอิง (Reference population หรือ Training population) ระดับ Linkage disequilibrium (LD) ระหว่าง markers และ QTL จำนวน SNP และค่าอัตราพันธุกรรมของแต่ละลักษณะ (Heritability of traits) (Hayes et al., 2009) ซึ่งค่าอัตราพันธุกรรมเป็นค่าพารามิเตอร์ที่สำคัญและใช้เป็นตัวกำหนดแนวทางในการปรับปรุงพันธุ์ เนื่องจากค่าอัตราพันธุกรรมเป็นสัดส่วนของความแปรปรวนอันเนื่องมาจากพันธุกรรมต่อความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ รวมทั้งค่าอัตราพันธุกรรมบอกให้ทราบว่าลักษณะปรากฏมีผลมาจากพันธุกรรมมากน้อยเพียงใด (สมชัย, 2549) ในการคัดเลือกลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ-ปานกลาง การประเมินพันธุกรรมจีโนมจะมีประสิทธิภาพสูง เพราะสามารถเพิ่มความแม่นยำของการคัดเลือกได้ (González-Recio et al., 2009) แต่ในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำจะพบว่าค่าความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์จีโนมมีแนวโน้มไม่คงที่และมีความแปรปรวนของข้อมูลสูง เนื่องจากลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำมีอิทธิพลของปัจจัยทางพันธุกรรมส่งผลน้อย หรือมีอิทธิพลของยีนแบบบวกสะสมอยู่น้อย (Additive gene effect, A) ทำให้การแสดงออกทางพันธุกรรมต่ำส่งผลให้ค่าความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์จีโนมต่ำไปด้วย Villumsen et al. (2009) ได้อธิบายเพิ่มเติมว่าการเพิ่มขนาดประชากรอ้างอิงจะช่วยเพิ่มความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์ในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำได้ การจำลองข้อมูลมีความสำคัญอย่างมากต่อการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ เนื่องจากแผนการปรับปรุงพันธุ์หลายแผนมีการใช้ข้อมูลพันธุกรรมร่วมด้วยส่งผลให้ค่าใช้จ่ายสูงขึ้น การจำลองข้อมูลประชากรมีประโยชน์อย่างมากในการศึกษาเปรียบเทียบแผนการปรับปรุงพันธุ์แบบต่างๆ ด้วยต้นทุนที่ต่ำและยังเป็นการเพิ่มความแม่นยำในการประเมินค่าคุณค่าการผสมพันธุ์อีกด้วย (John et al., 2012) Reza et al. (2013) ได้ศึกษาแบบจำลองค่าอัตราพันธุกรรม 3 ระดับ คือ 0.05, 0.30 และ 0.80 และผลของ genetic marker ต่อค่าความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์ในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ พบว่าการประเมินพันธุกรรมจีโนมทำให้ความแม่นยำของการคัดเลือกเพิ่มสูงขึ้น ในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ โดยเฉพาะลักษณะที่เกี่ยวข้องกับความสมบูรณ์พันธุ์ ดังนั้นในการศึกษาครั้งนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อวิเคราะห์หาความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์จากค่าอัตราพันธุกรรมระดับต่างๆ โดยใช้ข้อมูลจากประชากรจำลองของประชากรโคนมภาคเหนือตอนบนของประเทศไทย เพื่อเป็นแนวทางในการคัดเลือกและวางแผนการปรับปรุงพันธุ์โคนมภาคเหนือตอนบนต่อไป

## วิธีการศึกษา

การศึกษาคั้งนี้ใช้ข้อมูลจำนวนประชากรโคนมในภาคเหนือตอนบนของประเทศไทย โดยทำการเก็บข้อมูลสถิติจำนวนประชากรโคนมใน พ.ศ. 2495 ถึง พ.ศ. 2557 และบันทึกข้อมูลที่เก็บรวบรวมได้เป็นฐานข้อมูล (Historical population) เพื่อใช้ในการจำลองข้อมูลข้อมูลประกอบด้วย จำนวนโคนมในแต่ละปี, จำนวนพ่อพันธุ์, จำนวนโคนมเพศเมีย, อัตราส่วนพ่อแม่พันธุ์ และจำนวนลูกต่อแม่ (Table 1) จำลองข้อมูลโดยใช้ประชากรอ้างอิง 2 กลุ่ม ได้แก่ ประชากรที่มีลักษณะใกล้เคียงกับประชากรจริงและเป็นประชากรที่ทราบฟีโนไทป์ (Reference population หรือ Calibration set, CS) และประชากรที่ไม่ทราบฟีโนไทป์หรือเป็นประชากรรุ่นลูก (Validation set, VS) ขนาด 1,000 ตัว และจำนวน SNPs (Single nucleotide polymorphism) 1 ระดับ ได้แก่ 30,000 (30K) ตำแหน่ง ภายใต้อัตราพันธุกรรม (Heritability;  $h^2$ ) 14 ระดับ ได้แก่ 0.01, 0.02, 0.03, 0.04, 0.05, 0.06, 0.07, 0.08, 0.09, 0.10, 0.20, 0.30, 0.40 และ 0.50 (ตัวแทนของลักษณะใดๆ ที่มีค่าอัตราพันธุกรรมเท่ากับ 0.01 ถึง 0.50) แต่ละระดับของค่าอัตราพันธุกรรมจะถูกจำลอง 10 ครั้ง (Table 1) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป Qmsim (Mehdi and Flavio, 2013) จากการจำลองข้อมูลทำให้ทราบข้อมูลลักษณะปรากฏ ข้อมูลทางพันธุกรรม และคุณค่าการผสมพันธุ์จริง (True Breeding Value; TBV) ของประชากรที่จำลองขึ้น โดยการจำลองข้อมูลจะไม่นำปัจจัยของสิ่งแวดล้อมมาเกี่ยวข้อง ดังนั้นการจำลองจึงไม่มีปัจจัยเนื่องมาจากอิทธิพลคงที่ (fixed effect)

**Table 1** Base parameters used in simulations

<b>Populations data</b>	
populations	dairy cattle population in Upper Northern Thailand
reference population size	1,000
replacement ratio for sires and dams	1 : 500
replacement ratio for sires	0.50
replacement ratio for dams	0.25
number of replicates	10
litter size	1
proportion of male progeny	0.5
<b>Pedigree data</b>	
heritability ( $h^2$ )	0.01, 0.02, 0.03, 0.04, 0.05, 0.06, 0.07, 0.08, 0.09, 0.10, 0.20, 0.30, 0.40, 0.50
mating design	random mating
selection design	EBV
culling design	age
number of generations	5
<b>Genome data</b>	
chromosome	30
chromosome length	100
number of markers (1 K = 1,000 SNPs)	30 K

ข้อมูลที่ได้จากการจำลองจะถูกนำมาประเมินค่าคุณค่าการผสมพันธุ์ (Estimate Breeding Value, EBV) จากข้อมูลพันธุ์ประวัติ และประเมินคุณค่าการผสมพันธุ์จีโนม (Genomic Breeding Value: GBV) จากข้อมูลพันธุกรรมที่ค่าอัตราพันธุกรรมในระดับต่างๆ ด้วยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) และ Genomic Best Linear Unbiased Prediction (GBLUP) ภายใต้โมเดลตัวสัตว์แบบ Single trait Animal Model ด้วยโปรแกรม DMU version 6 (Madsen and Jensen, 2013) โดยใช้หุ่นจำลองทางสถิติ ดังนี้

$$Y = 1\mu + Zu + e$$

เมื่อ  $Y$  = ค่าสังเกตของสัตว์

$\mu$  = ค่าเฉลี่ยรวม

$u$  = อิทธิพลสุ่มของตัวสัตว์

$Z$  = ดีไซน์เมทริกซ์ที่เชื่อมโยงข้อมูลกับอิทธิพลสุ่ม

$e$  = อิทธิพลของความคลาดเคลื่อนสุ่ม

คุณค่าการผสมพันธุ์ (EBV) คำนวณจาก

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \alpha A^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

เมื่อ  $\alpha = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_u^2}$

$A$  = เมทริกซ์ความสัมพันธ์ทางเครือญาติระหว่างตัวสัตว์

คุณค่าการผสมพันธุ์ (GBV) คำนวณจาก

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \alpha G^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

เมื่อ  $\alpha = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_u^2}$

$G$  = เมทริกซ์ของความสัมพันธ์จีโนมระหว่างตัวสัตว์

โดยในการจำลองภายใต้ค่าอัตราพันธุกรรมในระดับต่างกัน จะใช้ข้อมูลจำนวน 10 ซ้ำ ซึ่งค่าที่ได้ในแต่ละซ้ำจะถูกนำมาหาค่าเฉลี่ย ค่าความคลาดเคลื่อนและค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานเพื่อดูความสม่ำเสมอของข้อมูลด้วยสถิติเชิงพรรณนา (Descriptive analysis)

จากนั้นทำการวิเคราะห์หาค่าความแม่นยำ (accuracy) ของคุณค่าการผสมพันธุ์ภายใต้ค่าอัตราพันธุกรรมที่ระดับต่างกัน โดยเปรียบเทียบจากค่าสหสัมพันธ์ (correlation) ระหว่างคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินได้ (EBV และ GBV) กับคุณค่าการผสมพันธุ์จริง (True Breeding Value, TBV) ของประชากรที่จำลองขึ้นภายใต้โมเดลตัวสัตว์ ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป R version 3.3.1 (Venables et al., 2016) ค่าสหสัมพันธ์หาได้จากสมการ

$$r_{xy} = \frac{COV(XY)}{\sqrt{V(X)V(Y)}}$$

เมื่อ  $COV(XY)$  = โควาเรียนซ์ของลักษณะ  $X$  และลักษณะ  $Y$

$V(X)$  = วาเรียนซ์ของลักษณะ  $X$

$V(Y)$  = วาเรียนซ์ของลักษณะ  $Y$

### ผลการศึกษาและวิจารณ์

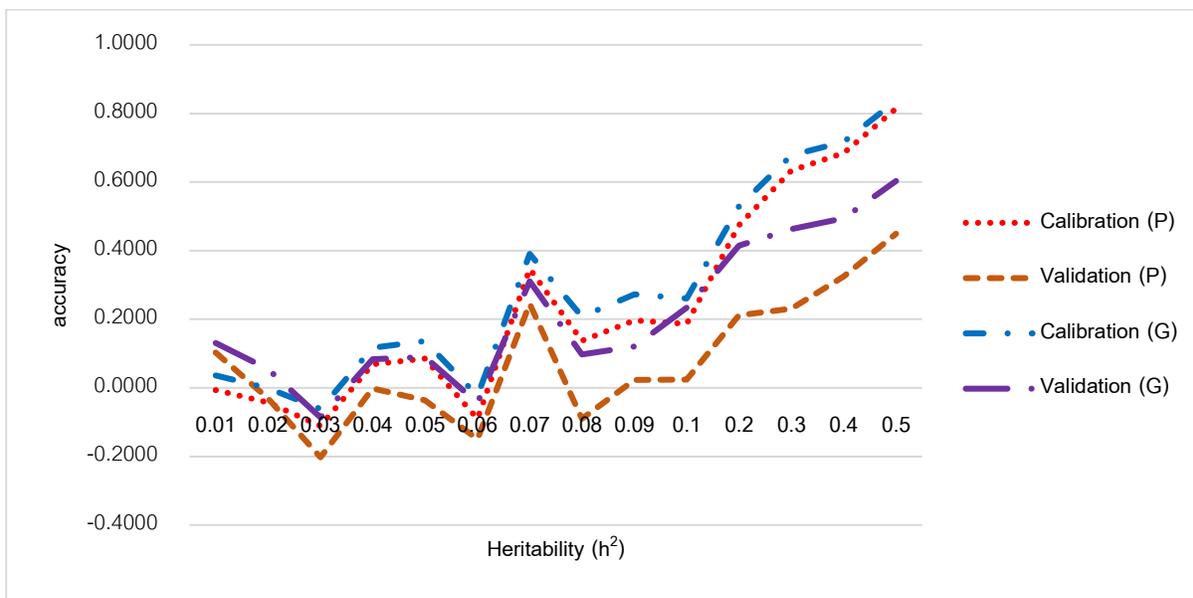
ผลการวิเคราะห์ค่าความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์โดยใช้ค่าอัตราพันธุกรรมตั้งแต่ 0.01 ถึง 0.50 ประชากรอ้างอิงขนาด 1,000 ตัว และ จำนวน SNPs 30,000 พบว่า ค่าความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินจากข้อมูลพันธุประวัติมีแนวโน้มต่ำกว่า ข้อมูลจีโนม และค่าความแม่นยำของ CS มีแนวโน้มสูงกว่า VS โดยค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลพันธุประวัติและข้อมูลจีโนมของ CS และ VS มีค่าความแม่นยำสูงสุดในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรม 0.50 มีค่าเท่ากับ 0.8143, 0.4493, 0.8372 และ 0.6032 ตามลำดับ และมีค่าความแม่นยำต่ำสุดในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรม 0.03 มีค่าเท่ากับ -0.1109, -0.2026, -0.0615 และ -0.0863 ตามลำดับ (Table 2)

Table 2 Accuracy of breeding value in different heritability.

h <sup>2</sup>	Pedigree		Genomic	
	Calibration set	Validation set	Calibration set	Validation set
0.01	-0.006	0.103	0.037	0.131
0.02	-0.042	-0.031	-0.001	0.054
0.03	-0.111	-0.203	-0.062	-0.086
0.04	0.069	-0.002	0.116	0.084
0.05	0.085	-0.036	0.137	0.090
0.06	-0.090	-0.150	-0.023	-0.044
0.07	0.347	0.245	0.391	0.311
0.08	0.137	-0.090	0.209	0.098
0.09	0.197	0.023	0.273	0.120
0.10	0.186	0.024	0.261	0.234
0.20	0.474	0.212	0.529	0.415
0.30	0.633	0.230	0.678	0.463
0.40	0.684	0.325	0.717	0.495
0.50	0.814	0.449	0.837	0.603

ค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลจีโนม มีแนวโน้มสูงกว่าค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลพันธุประวัติ และค่าความแม่นยำของ CS ที่ประเมินจากข้อมูลพันธุประวัติและข้อมูลจีโนมมีแนวโน้มสูงกว่าค่าความแม่นยำของ VS โดยพบว่าลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรม ตั้งแต่ 0.1 ถึง 0.5 ค่าความแม่นยำแนวโน้มเพิ่มสูงขึ้น พบว่าค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลพันธุประวัติของ CS และ VS อยู่ในช่วง -0.1109 ถึง 0.8143 และ -0.2026 ถึง 0.4493 ตามลำดับ ส่วนค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลจีโนมของ CS และ VS อยู่ในช่วง -0.0615 ถึง 0.8372 และ -0.0863 ถึง 0.6032 ตามลำดับ ค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลพันธุประวัติและข้อมูลจีโนมมีค่าเพิ่มขึ้นเมื่อ

ค่าอัตราพันธุกรรมสูงขึ้นไปแสดงใน **Figure 1** สอดคล้องกับการศึกษาของ Villumsen et al. (2009) ได้การทดสอบสมมุติฐานของค่าความแม่นยำในการทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์ในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมปานกลางและต่ำในโคนม โดยศึกษาค่าอัตราพันธุกรรม 4 ค่า ได้แก่ 0.02, 0.04, 0.10 และ 0.30 ขนาดประชากรอ้างอิงจำนวน 550 ตัว พบว่าลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูงจะมีค่าความแม่นยำมากกว่าลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ ในประชากรรุ่นที่ 0 ค่าความแม่นยำมีค่าเท่ากับ 0.78, 0.86, 0.90 และ 0.92 ตามลำดับ และได้รายงานไว้ในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำการเพิ่มขนาดประชากรจะสามารถเพิ่มค่าความแม่นยำได้ และการศึกษาของ Zhang et al. (2010) ได้ทำการศึกษาค่าความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์จีโนมโดยใช้วิธี TABLUP (Trait-specific relationship matrix best linear unbiased prediction) ในประชากรจำลองที่มีขนาดตั้งแต่ 100 ถึง 1,000 ตัว ภายใต้ค่าอัตราพันธุกรรม 0.05, 0.10, 0.30, 0.50 และ 0.90 พบว่าค่าความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์จีโนมมีค่าเท่ากับ 0.374, 0.472, 0.641, 0.726 และ 0.826 ตามลำดับ ต่างจากการศึกษาของ Reza et al. (2013) ศึกษาแบบจำลองค่าอัตราพันธุกรรมและผลของ marker ต่อค่าความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์ในการปรับปรุงพันธุ์โคนม ภายใต้ค่าอัตราพันธุกรรม 0.05, 0.30, 0.80 ขนาดประชากร 1,000 ตัว พบว่าการประเมินพันธุกรรมจีโนมทำให้ความแม่นยำของการคัดเลือกเพิ่มสูงขึ้นในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ โดยเฉพาะลักษณะที่เกี่ยวข้องกับความสมบูรณ์พันธุ์ ในขณะที่ Hayes et al. (2009) ที่รายงานว่าค่าความแม่นยำของ GEBV ขึ้นอยู่กับค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะ ในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ ขนาดของประชากรอ้างอิงต้องมีจำนวนมากพอเพื่อเพิ่มค่าความแม่นยำของ GEBV และการศึกษาของ Sofiene et al. (2012) ได้ศึกษาค่าความแม่นยำของลักษณะปริมาณน้ำนม ไขมันนม และความสมบูรณ์พันธุ์ของเพศเมีย โคนม 3 สายพันธุ์ของประเทศฝรั่งเศส พบว่า ค่าความแม่นยำของ GEBV ของลักษณะปริมาณน้ำนม ไขมันนม และความสมบูรณ์พันธุ์มีค่าเท่ากับ 0.30, 0.52 และ 0.19 ตามลำดับ ค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลพันธุประวัติและข้อมูลจีโนมมีค่าเพิ่มขึ้นเมื่อค่าอัตราพันธุกรรมสูงขึ้นไป



**Figure 1** accuracy of simulated EBV and GEBV under difference level of heritability

Calibration (P) = EBV accuracy of calibration set estimated on pedigree data, Validation (P) = EBV accuracy of validation set estimated on pedigree data, Calibration (G) = GEBV accuracy of calibration set estimated on genomic data, Validation (G) = GEBV accuracy of validation set estimated on genomic data

ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (Standard Error, SE) ของค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลพันธุประวัติและข้อมูลจีโนม ภายใต้ลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมตั้งแต่ 0.01 ถึง 0.50 ขนาดประชากรอ้างอิง 1,000 ตัว จำนวน SNPs 30,000 พบว่าค่า SE ของค่า

ความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลพันธุ์ประวัติมีค่าต่ำกว่าค่า SE ของค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลจีโนม และยังพบว่าค่า SE ของค่าความแม่นยำของประชากรกลุ่ม CS มีค่าต่ำกว่าประชากรกลุ่ม VS โดยพบว่าค่า SE ของค่าความแม่นยำ CS ที่ประเมินจากข้อมูลพันธุ์ประวัติ และข้อมูลจีโนมมีค่า SE ต่ำสุดในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรม 0.50 ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.0167 และ 0.0152 ตามลำดับ ค่า SE ของค่าความแม่นยำ VS ที่ประเมินจากข้อมูลพันธุ์ประวัติและข้อมูลจีโนมมีค่าต่ำสุดในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรม 0.07 และ 0.50 มีค่าเท่ากับ 0.0385 และ 0.0227 ตามลำดับ (Table 3)

**Table 3** The standard error of accuracy breeding value in different heritability.

h <sup>2</sup>	Pedigree		Genomic	
	Calibration set	Validation set	Calibration set	Validation set
0.01	0.0431	0.5551	0.0454	0.0384
0.02	0.1189	0.0793	0.1170	0.0697
0.03	0.0351	0.0453	0.0375	0.0543
0.04	0.0927	0.0623	0.0823	0.0528
0.05	0.0612	0.0756	0.0624	0.0600
0.06	0.0724	0.0863	0.0714	0.0849
0.07	0.0730	0.0385	0.0619	0.0492
0.08	0.0387	0.0481	0.0368	0.0692
0.09	0.0553	0.0721	0.0470	0.0606
0.10	0.0456	0.0639	0.0408	0.0590
0.20	0.0466	0.0633	0.0404	0.0406
0.30	0.0425	0.0532	0.0370	0.0329
0.40	0.0346	0.0555	0.0327	0.0415
0.50	0.0167	0.0397	0.0152	0.0227

เมื่อเปรียบเทียบค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน (Standard Error, SE) ของค่าความแม่นยำ พบว่าค่า SE ของค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลจีโนมมีค่าสูงกว่าค่า SE ของค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลพันธุ์ประวัติ และค่า SE ของ VS มีค่าสูงกว่าค่า SE ของ CS ภายใต้ลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมตั้งแต่ 0.01 ถึง 0.50 ขนาดประชากรอ้างอิง 1,000 ตัว จำนวน SNPs 30,000 พบว่าค่า SE ของค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลพันธุ์ประวัติของ CS มีค่าต่ำสุดในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรม 0.50 และ VS ที่ 0.07 ส่วนค่า SE ของค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลจีโนมของ CS และ VS มีค่าต่ำสุดในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรม 0.50 ดังแสดงใน Figure 2 ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Saatchi et al. (2010) ได้ทำการศึกษาอิทธิพลของข้อมูลปริมาณและความสัมพันธ์ระหว่าง Training set และ Validation set ต่อค่าความแม่นยำของการประเมินค่าคุณค่าการผสมพันธุ์จีโนม ในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรม 0.10 และ 0.50 พบว่า

ลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรม 0.50 มีค่า SE ของค่าความแม่นยำต่ำกว่าลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรม 0.10 และสอดคล้องกับรายงานของ Villumsen et al. (2009) รายงานว่าลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูงจะมีค่า SE ค่อนข้างต่ำ โดยลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรม 0.30 มีค่า SE อยู่ในช่วง 0.02 – 0.06 ส่วนลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรม 0.02 มีค่าอยู่ในช่วง 0.05 – 0.17 เนื่องจากในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูงพันธุกรรมส่งผลต่อการแสดงออกของลักษณะมากกว่าสภาพแวดล้อมจึงส่งผลให้เกิดความแปรปรวนในการแสดงออกของลักษณะน้อยกว่าในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ

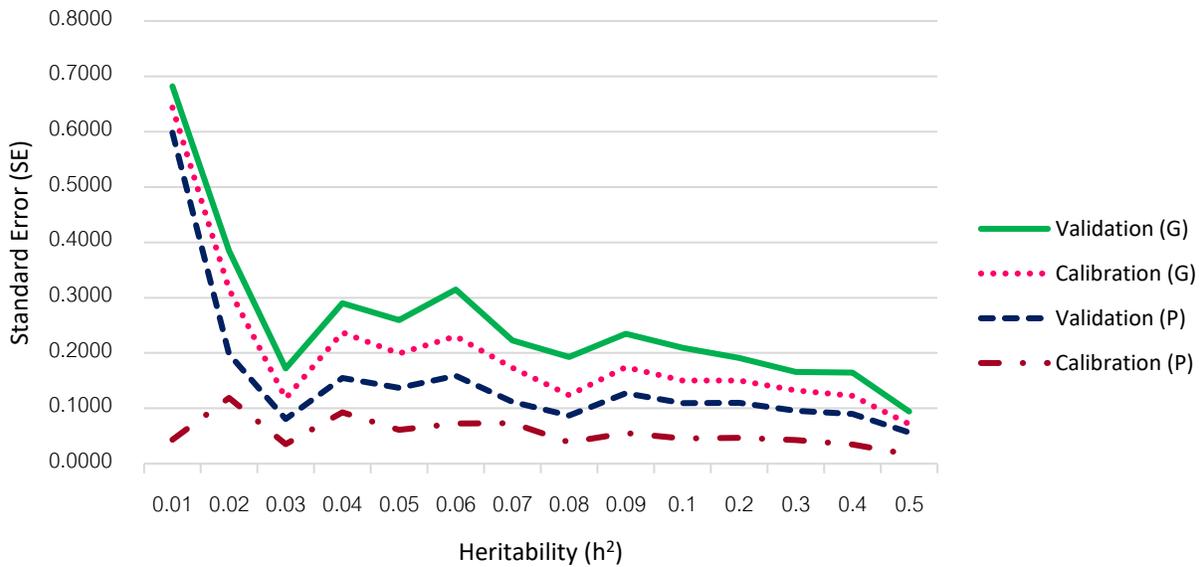


Figure 2 Standard error of accuracy of simulated EBV and GEBV under difference level of heritability

Calibration (P) = EBV accuracy of calibration set estimated on pedigree data, Validation (P) = EBV accuracy of validation set estimated on pedigree data, Calibration (G) = GEBV accuracy of calibration set estimated on genomic data, Validation (G) = GEBV accuracy of validation set estimated on genomic data

จากการประเมินค่าความแม่นยำในการคัดเลือกโดยข้อมูลประชากรจำลองจากประชากรโคมนภาคเหนือตอนบน ภายใต้ลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมตั้งแต่ 0.01 ถึง 0.50 ภายใต้ประชากรอ้างอิงขนาด 1,000 ตัว จำนวน SNPs 30,000 ซึ่งพบว่าลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำในประชากรอ้างอิงที่มีขนาด 1,000 ตัว ทำให้ค่าความแม่นยำมีค่าต่ำตามไปด้วย ส่งผลให้การปรับปรุงพันธุ์ในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำเป็นไปได้ค่อนข้างช้าเมื่อเปรียบเทียบกับลักษณะที่มีความอัตราพันธุกรรมสูง (Reza et al., 2013) ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Villumsen et al. (2009) รายงานว่าการปรับปรุงพันธุ์ในลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำจะเป็นไปได้อย่างช้าๆ เนื่องจากความน่าเชื่อถือของค่าคุณค่าการผสมพันธุ์จีโนมมีผลมาจากค่าอัตราพันธุกรรม เช่นเดียวกับรายงานของ Hayes et al. (2009) รายงานว่าลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ ต้องการขนาดประชากรอ้างอิงขนาดใหญ่เพื่อเพิ่มค่าความแม่นยำค่าคุณค่าการผสมพันธุ์จีโนมในสัตว์ตัวที่ไม่ทราบฟีโนไทป์ แต่อย่างไรก็ตามการศึกษาในประชากรอ้างอิงที่มีขนาดเพิ่มขึ้น การบันทึกข้อมูลโคมนต้องมีความแม่นยำและสมบูรณ์เป็นอย่างมาก เพื่อเพิ่มความแม่นยำในการคัดเลือกและใช้ในการวางแผนการปรับปรุงพันธุ์ต่อไป (นริศราและคณะ, 2559)

สรุป

จากการศึกษาค่าความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินจากข้อมูลพันธุประวัติและข้อมูลจีโนม โดยใช้ค่าอัตราพันธุกรรมระดับต่างๆ พบว่าลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูงมีแนวโน้มที่จะมีค่าความแม่นยำสูงกว่าลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำ และยังพบว่าค่า

ความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลพันธุประวัติและข้อมูลจีโนมของประชากรที่ทราบฟีโนไทป์มีแนวโน้มดีกว่าประชากรที่ไม่ทราบฟีโนไทป์ ในขณะที่ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานของค่าความแม่นยำของลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำมีแนวโน้มสูงกว่าลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมสูง และพบว่าค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐานของค่าความแม่นยำที่ประเมินจากข้อมูลจีโนมมีแนวโน้มสูงกว่าค่าความคลาดเคลื่อนของค่าความแม่นยำที่ประเมินจากพันธุประวัติ อย่างไรก็ตามการศึกษาครั้งนี้ยังมีข้อจำกัดอยู่ที่จำนวนประชากรอ้างอิง จึงส่งผลให้ค่าความแม่นยำของลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำมีค่าต่ำ ดังนั้นควรเพิ่มขนาดประชากรอ้างอิงให้มีขนาดใหญ่ขึ้นเพื่อเพิ่มความแม่นยำของลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำแต่ทั้งนี้ในการศึกษาครั้งนี้มีข้อจำกัดในเรื่องขนาดของหน่วยความจำของคอมพิวเตอร์ที่ใช้ในการจำลองมีขนาดเล็กจึงไม่สามารถจำลองขนาดประชากรอ้างอิงที่มีขนาดใหญ่ได้

### คำขอบคุณ

ขอขอบคุณภาควิชาสัตวศาสตร์และสัตว์น้ำ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ ที่ให้ความอนุเคราะห์สถานที่ศึกษา ขอขอบคุณผู้ให้ข้อมูลเกี่ยวกับประชากรโคนมภาคเหนือในอดีต, สหกรณ์โคนมที่อำนวยความสะดวกในการเก็บข้อมูล และขอขอบคุณอาจารย์ที่ปรึกษาที่ให้ความช่วยเหลือ คำปรึกษาและคำแนะนำด้วยดีเสมอมา

### เอกสารอ้างอิง

- นริศรา เกิดสุข, จิรวัดน์ พัชระ และณัฐพล จงกลกิจ. 2559. ความแม่นยำของคุณค่าการผสมพันธุ์ที่ประเมินจากข้อมูลพันธุประวัติและข้อมูลจีโนม จากประชากรจำลองของประชากรโคนมภาคเหนือตอนบนของประเทศไทย. วารสารแก่นเกษตร. 44(ฉบับพิเศษ 2): 959-974.
- ศูนย์ผลิตน้ำเชื้อพ่อพันธุ์โคนม องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อสมค.). 2553. การพัฒนาระบบประเมินพันธุกรรมจีโนมเพื่อการปรับปรุงพันธุ์สำหรับลักษณะที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจของโคนมในประเทศไทย. แหล่งที่มา: <http://www.dpogenetics.com/index.php/article-summary-menu/76-genome-article> ค้นเมื่อ 23 มิถุนายน 2564.
- สมชัย จันทร์สว่าง. 2549. พันธุศาสตร์สถิติในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. กรุงเทพฯ.
- หนึ่งฤทัย พรหมวาที, มนต์ชัย ดวงจินดา, ยุพิน ผาสุก และวุฒิไกร บุญคุ้ม. 2557. ศักยภาพและแนวทางการใช้การคัดเลือกจีโนมในการปรับปรุงพันธุ์ไก่ในอนาคต. วารสารแก่นเกษตร. 42(4): 627-642.
- González-Recio, O., D. Gianola, G. J. M. Rosa, K. A. Weigel, and A. Kranis. 2009. Genome-assisted prediction of a quantitative trait measured in parents and progeny: application to food conversion rate in chickens. *Genetics Selection*. 1: 1-10.
- Hayes, B. J., P. J. Bowman, A. J. Chamberlain, and M. E. Goddard. 2009. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *Journal of Dairy Science*. 92: 433-443.
- John, M.H. and Gregor Gorjanc. 2012. Simulated Data for Genomic Selection and Genome-Wide Association Studies Using a Combination of Coalescent and Gene Drop Methods. *G3: Genes, Genomes, Genetics*. 2 (4): 425-427.
- Madsen, P., and J. Jensen. 2013. DMU version 6. User's Guide. Center for Quantitative Genetics and Genomics, Department of Molecular Biology and Genetics, University of Aarhus, Denmark.
- Mehdi, S., and S. S. Flavio. July 2013. Qmsim version 1.10. User's Guide. Centre for Genetic Improvement of Livestock Department of Animal and Poultry Science University of Guelph Guelph, Canada.
- Raza, B., A. A. Ali, A. Mehdi, and T. Mojtaba. 2013. A simulation study of heritability and marker effect on accuracy of breeding value in animal breeding. *European Journal Zoological Research*. 2(5): 79-86.
- Saatchi, M., S. R. Miraei-Ashtiani, A. Nejati Javaremi, M. Moradi-Shahrehabak, and H. Mehrabani-Yeghaneh. 2010. The impact of information quantity and strength of relationship between training set and validation set on accuracy of genomic estimated breeding values. *African Journal of Biotechnology*. 9(4): 438-442.

- Sofiene, K., J. C. María, D. Clara, and L. Andrés. 2012. Joint genomic evaluation of French dairy cattle breeds using multiple-trait model. *Genetics Selection Evolution*. 44:39. 1-10.
- Villumsen, T. M., L. Janss, and M. S. Lund. The importance of haplotype length and heritability using genomic selection in dairy cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 126: 3-13.
- Zhang, Z., J. Liu, X. Ding, P. Bijma, D.J. de Koning, and Q. Zhang. 2010. Best Linear Unbiased prediction of genomic breeding values using a trait-specific marker-derived relationship matrix. *PLoS ONE*. 5(9): 1-8.