

การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ และค่าสหสัมพันธ์กับลักษณะการให้ผลผลิตน้ำนม (MY) ด้วย 1) โมเดลตัวสัตว์แบบวิเคราะห์ร่วมหลายลักษณะ เปรียบเทียบกับ 2) โมเดลที่ 1 ที่เพิ่มอิทธิพลเนื่องจากการข้ามกันของยีน ( $d^2$ ) ร่วมวิเคราะห์ โดยใช้ข้อมูลด้านความสมบูรณ์พันธุ์และ MY จำนวน 4,263 บันทึก และสัตว์ในพันธุ์ประวัติทั้งหมดจำนวน 1,813 ตัว ของโคลูกผสมไฮลสไตน์ฟริเซียน ตามโครงการปรับปรุงพันธุ์โคนมไทยฟริเซียน กรมปศุสัตว์ ระหว่างปี พ.ศ.2535 ถึง พ.ศ.2545 ประมาณค่าความแปรปรวนและค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) ด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป BLUPF90 PC-PAK 2.0 ผลการศึกษาจากโมเดลที่ 1 พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรม ( $h^2$ ) ของอายุเมื่อคลอดลูกตัวแรก (AFC) มีค่าเท่ากับ 0.08 โดยจำนวนครั้งผสมต่อการผสมติด (NSC), ช่วงห่างการให้ลูก (CI) และจำนวนวันท้องว่าง (DO) มีค่าระหว่าง 0.041–0.054 ค่าอัตราซ้ำ ( $t$ ) ระหว่าง 0.111–0.162 สหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ( $r_g$ ) ระหว่าง AFC กับความสมบูรณ์พันธุ์อื่น ๆ พบว่ามีค่าในเชิงบวก (0.362–0.644) โดยมีค่าในเชิงลบกับ MY (–0.594) ดังนั้นการคัดเลือกให้ AFC ต่ำลงจะส่งผลดีต่อทั้งลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์อื่น ๆ และ MY แต่ทั้งนี้ต้องพิจารณาน้ำหนักเมื่อผสมพันธุ์ประกอบด้วย ในขณะที่  $r_g$  ระหว่าง NSC กับ CI และ DO ไม่มีความสัมพันธ์กันแต่มีความสัมพันธ์กับ MY ในเชิงลบ (–0.355) ส่วน  $r_g$  ระหว่าง CI กับ DO พบว่ามีความสัมพันธ์กันสูงมาก ในการคัดเลือกสามารถใช้เพียงลักษณะใดลักษณะหนึ่ง โดยค่า  $r_g$  ของสองลักษณะนี้กับ MY มีค่าในเชิงบวก (0.216–0.268) ดังนั้นในการคัดเลือกลักษณะเหล่านี้ควรพิจารณาถึงผลกระทบด้านลบที่อาจมีต่ออีกลักษณะด้วย ผลการศึกษาเมื่อเพิ่มอิทธิพลเนื่องจากการข้ามกันของยีนร่วมวิเคราะห์ พบว่า  $h^2$  ไม่เปลี่ยนแปลงเช่นเดียวกับค่าสหสัมพันธ์ และมีผลให้ค่า  $t$  ลดลงเล็กน้อยในทุกลักษณะ ค่า  $d^2$  ของ AFC, NSC, CI และ DO มีค่าเท่ากับ 0.169, 0.051, 0.003 และ 0.004 และสัดส่วนของ  $d^2/h^2$  เท่ากับ 2.064, 1.304, 0.055 และ 0.072 ตามลำดับ แสดงว่า  $d^2$  มีอิทธิพลต่อลักษณะ AFC และ NSC ค่อนข้างสูง ในสองลักษณะนี้จึงน่าจะเป็นประโยชน์ในการคัดเลือกคู่ผสมพันธุ์เพื่อให้ได้พันธุกรรมรวมสูงสุดในลูก เมื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของค่าการผสมพันธุ์ (EBV) จากทั้งสองโมเดล ด้วยวิธี Pearson correlation และ Spearman rank correlation โดยแยกวิเคราะห์ตามกลุ่มพ่อและแม่พันธุ์ พบว่ามีความสัมพันธ์กันสูงมากทั้งสองวิธี (>0.97) แสดงถึงลำดับของการคัดเลือกที่ไม่เปลี่ยนแปลง ดังนั้นการประเมินค่าการผสมพันธุ์เพื่อการคัดเลือกอาจไม่จำเป็นต้องเพิ่ม  $d^2$  ร่วมวิเคราะห์ หากคำนึงถึงค่า EBV เพียงอย่างเดียวในการคัดเลือก

The objectives of this study were to estimate genetic parameters of fertility traits and the correlation with milk yield (MY) by multivariate analysis using: 1) animal model, compare with 2) model including dominance gene effect ( $d^2$ ). 4,263 fertility and MY records with 1,813 animals in pedigree of the crossbred Holstein Friesian from Department of Livestock Development (DLD) during year 1992 to 2002 were use in the analysis. The genetic parameters and variance components were estimated by Restricted Maximum Likelihood (REML) using BLUPF90 PC-PAK 2.0. The result showed that the heritability ( $h^2$ ) estimate from model 1 for age at first calving (AFC) were 0.08, and number of service per conception (NSC), calving interval (CI) and day open (DO) were between 0.041–0.054. Repeatability ( $t$ ) were between 0.111–0.163. Genetic correlation ( $r_g$ ) between AFC and other fertility traits were positive (0.362–0.644), but negative with MY (–0.594). Therefore, downward selection for AFC might result the in increasing other fertility and MY, however weight at service should be considered. The  $r_g$  between NSC and CI, DO were uncorrelated, but showed negative response with MY (–0.355). The  $r_g$  between CI and DO were highly correlated, hence one of these can be used in the selection program. The  $r_g$  between both traits and MY were positive (0.216–0.268), therefore negative effect of the trait should be considcred in the selection program. The result also showed that including dominance in the analysis did not change the  $h^2$  and correlations, but slightly decrease  $t$ . The  $d^2$  for AFC, NSC, CI and DO were 0.169, 0.051, 0.003 and 0.004 and ratio of  $d^2/h^2$  were 2.064, 1.304, 0.055 and 0.072, respectively. This showed that high ratio of the AFC and NSC should be considered for total genetic merit and mate selection. The Pearson correlation and Spearman rank correlation between estimated breeding value (EBV) of both model showed high correlation (>0.97). This showed that animal ranks did not changed. The model including  $d^2$  might not need to be considered, if only the EBV were implement in the selection program.