

## برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولید شیر گاوهای هلستاین ایران با استفاده از مدل‌های حیوانی مختلف

احمد صفی جهان‌شاهی<sup>۱</sup>، رسول واعظ ترشیزی<sup>۲</sup>، ناصر امام جمعه کاشان<sup>۳</sup>، محمدباقر صیادنژاد<sup>۴</sup>  
۱، مربی مرکز آموزش عالی شهید خیابانیان زاهدان، سیستان و بلوچستان  
۲، استادیار دانشگاه تربیت مدرس، ۳، استاد مجتبع آموزش عالی ابوریحان، دانشگاه تهران  
۴، کارشناس ارشد مرکز اصلاح نژاد دام کشور، کرج  
تاریخ پذیرش مقاله ۸۱/۸/۸

### خلاصه

پارامترهای ژنتیکی صفات تولید شیر و چربی جمعیت گاوهای هلستاین ایران، با استفاده از رکورد های جمع آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور در طی سال های ۱۳۷۱ تا ۱۳۷۸ برآورد شدند. برآورد ها با روش حداکثر درستنمایی محدود شده و بر اساس مدل های حیوانی یک متغیره، رکورد های تکرار شده و چند متغیره انجام گرفت. تعداد رکورد های مورد استفاده برای دوره های شیردهی اول، دوم و سوم به ترتیب ۶۰۵۸۹، ۳۱۳۶۷ و ۱۴۲۶۵ بود. بر اساس تجزیه و تحلیل یک متغیره، برای دوره های شیردهی اول، دوم و سوم، وراثت پذیری صفت تولید شیر به ترتیب ۰/۲۷، ۰/۲۳ و ۰/۱۴، و برای چربی به ترتیب ۰/۲۳، ۰/۲۱ و ۰/۱۴ برآورد گردید. برآورد وراثت پذیری و تکرارپذیری حاصل از تجزیه و تحلیل رکورد های تکرار شده برای تولید شیر به ترتیب ۰/۲۲ و ۰/۴۷، و برای تولید چربی به ترتیب ۰/۲۲ و ۰/۴۳ بود. میانگین برآورد پارامتر های ژنتیکی صفات تولید شیر و چربی دوره های شیردهی اول و دوم بر اساس تجزیه و تحلیل دو متغیره مشابه با مقادیر حاصل از تجزیه و تحلیل یک متغیره بود. اما در تجزیه و تحلیل دو متغیره این میانگین برای دوره سوم شیردهی در هر دو صفت بزرگتر از نتایج تجزیه و تحلیل یک متغیره بود. همبستگی ژنتیکی افزایشی بین دوره های مختلف شیردهی صفات تولید شیر و چربی بسیار زیاد بوده و مقادیر آن از ۰/۸۵ (بین دوره شیردهی اول و دوم صفت تولید چربی) تا ۰/۹۸ (بین دوره شیردهی دوم و سوم هر دو صفت) متغیر بود. این برآوردها برای همبستگی های فنوتیپی مثبت و متوسط، و برای همبستگی های محیطی مثبت و کم بود.

### واژه‌های کلیدی: پارامترهای ژنتیکی، مدل حیوانی، صفات تولیدی، هلستاین، همبستگی

#### مقدمه

برای پرورش دهندگان گاو شیری، تولیدات شیر، چربی و پروتئین منابع اصلی درآمد بوده و مهمترین صفات در اهداف انتخاب محسوب می شوند. در ارزیابی گاو های شیری براساس این صفات لازم است ارزش های اصلاحی آنها پیش بینی شود. برای پیش بینی ارزش های اصلاحی حیوانات نیز لازم است پارامتر های ژنتیکی صفات معلوم بوده و یا از طریق مدلی مشابه

با مدل ارزیابی حیوان برآورد شوند.

در اکثر کشور های توسعه یافته، برآورد مؤلفه های واریانس از طریق مدل حیوان با روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML)، به علت ویژگی های مطلوب و قابلیت انعطاف آن (۹)، استفاده گسترده ای پیدا کرده است (۷). برای گاو های شیری، این مؤلفه ها اکثرا از تجزیه و تحلیل یک متغیره با استفاده از

1. Animal model
2. Restricted maximum likelihood

اولین زایش در محدوده بین ۲۰ تا ۴۰ ماه و نیز تولید شیر آنها در محدوده بین ۸۰۰ تا ۱۱۰۰۰ کیلوگرم بود. رکوردهای مربوط به گاوهای دارای فاصله زایش نامناسب و رکوردهای مربوط به گله هایی که اطلاعات آنها دقیق نبود حذف شد. همچنین داده های تولید مربوط به دوره های شیردهی دوم و سوم، تنها در صورت وجود رکورد برای دوره شیردهی ماقبل آن، در تجزیه و تحلیل در نظر گرفته شدند. با توجه به این که ثبت اطلاعات از سال ۱۳۷۱ با دقت بیشتر صورت گرفته بود، برای سادگی انجام محاسبات کامپیوتری از شجره سه نسل قبل از آن سال (۱۳۷۱) به بعد استفاده شد. خصوصیات داده های استفاده شده در این بررسی در جدول ۱ نشان داده شده است.

جدول ۱: خصوصیات داده های تولید شیر و چربی به تفکیک

دوره شیردهی

دوره شیردهی			
اول	دوم	سوم	
۸۶۴۸۸	۸۶۲۰۵	۸۵۹۶۸	تعداد حیوانات در شجره
۶۰۵۸۹	۳۱۳۶۷	۱۴۲۶۵	تعداد رکوردها
۱۱۱۶	۷۴۷	۴۸۳	تعداد پدرها
۵۴	۴۲	۳۰	متوسط نتاج هر پدر
			میانگین (انحراف معیار)
شیر (کیلوگرم)			$۱۲۶۹/۳۶ \pm ۵۹۴۳/۰۰$
چربی (کیلوگرم)			$۱۷۵/۶۹ \pm ۴۱/۸۴$
			$۶۶۰۹/۷۴ \pm ۱۴۵۱/۱۷$
			$۶۹۲۹/۵۸ \pm ۱۵۴۲/۸۰$
			$۱۹۲/۰۰ \pm ۴۶/۴۳$
			$۲۰۱/۹۳ \pm ۴۸/۹۵$

### ب) تجزیه و تحلیل های آماری

تجزیه و تحلیل داده ها با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدود شده (۱۴) از طریق مدل های حیوانی زیر صورت گرفت:

#### ب-۱) تجزیه و تحلیل یک متغیره

مدل مورد استفاده در این روش به فرم ماتریس به شرح زیر

بود:

$$y = Xb + Za + e \quad (1)$$

در این مدل،  $y$  بردار مشاهدات دوره شیردهی اول، دوم یا سوم صفات تولید شیر یا چربی،  $b$  بردار اثر ثابت گله-سال-فصل و سن در هنگام زایش به عنوان متغیر کمکی،  $a$  بردار اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مربوط به حیوان، و  $e$  بردار اثر تصادفی باقی مانده می باشد. همچنین،  $X$  و  $Z$  ماتریس هایی هستند که

رکورد تولید شیر اولین دوره شیردهی (۱، ۲۴) یا از تجزیه و تحلیل رکورد های تکرار شده دوره های شیردهی مختلف (۸، ۱۹، ۲۴) برآورد شده است. اما در حالتی که مشاهدات تکرار شده دوره های شیردهی، به صورت صفات مختلف در نظر گرفته شده و انتخاب بر اساس آنها انجام گیرد، روش تجزیه و تحلیل چند متغیره صفات (به دلیل در نظر گرفتن همبستگی های ژنتیکی و محیطی بین دوره های شیردهی مختلف) مناسب ترین روش برای برآورد مؤلفه های واریانس و کوواریانس صفات و ارزیابی هم زمان حیوانات پیشنهاد شده است (۵). در تجزیه و تحلیل چند متغیره بر خلاف روش تجزیه و تحلیل یک متغیره، اثر انتخاب بر واریانس ها در نظر گرفته می شود. لذا تفاوت مؤلفه های واریانس حاصل از تجزیه و تحلیل یک و چند متغیره می تواند تا حدی نشان دهنده وجود انتخاب در داده ها باشد (۱۶، ۲۳، ۲۴).

اگرچه استفاده از مدل حیوان برای ارزیابی گاو های شیری در ایران از سال ۱۳۷۳ متداول شده است، اما برآورد های مناسبی از مؤلفه های واریانس و کوواریانس برای صفات تولید شیر گزارش نشده است. اکثر برآوردها بر مبنای مدل پدری با استفاده از اطلاعات تعداد معدودی از گله ها صورت گرفته است. بنابراین، هدف مطالعه حاضر، (۱) برآورد پارامتر های ژنتیکی و محیطی صفات تولید شیر و چربی دوره های شیردهی اول، دوم و سوم با استفاده از مدل حیوان، (۲) تعیین مدل مناسب حیوانی رکورد های تکرار شده یا چند متغیره برای دوره های شیردهی مختلف صفت تولید شیر و چربی، و (۳) مقایسه مؤلفه های برآورد شده از مدل حیوانی یک متغیره با چند متغیره می باشد.

### مواد و روش ها

#### الف) داده ها

در بررسی حاضر از داده های صفات تولید شیر و چربی سه دوره شیردهی اول، دوم و سوم جمعیت گاوهای هلشتاین ایران، که در فاصله سالهای ۱۳۷۱ تا ۱۳۷۸ توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور جمع آوری و ثبت شده بود، استفاده گردید. تمام اطلاعات برای ۳۰۵ روز شیردهی و دو نوبت دوشش در روز تصحیح شده بودند. از داده های دوره های شیردهی اول تا سوم، رکوردهای تولید دام هایی استفاده شد که سن آنها در هنگام

های برآورد شده، تکرارپذیری (r) صفات تولید شیر و چربی از رابطه زیر محاسبه شد:

$$r = (\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2) / (\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2) \quad (3)$$

در مدل رکوردهای تکرار شده فرض شد که واریانس ژنتیکی تولید شیر و چربی دوره‌های شیردهی اول تا سوم یکسان، همبستگی ژنتیکی افزایشی بین دوره‌های شیردهی اول تا سوم هر صفت برابر یک و همبستگی محیطی بین آنها ثابت باشد. تابع درست‌نمایی در یک مرحله با استفاده از روش سیمپلکس (۱۳) و برنامه نرم افزار DFREML (۱۰) حداکثر شد. معیار همگرایی برای توقف تکرارها  $10^{-6}$  در نظر گرفته شد.

### ب-۳) تجزیه و تحلیل چند متغیره

با توجه به حجم زیاد داده‌ها، تجزیه و تحلیل چند متغیره از طریق انجام چندین تجزیه و تحلیل دو متغیره (برای هر صفت بین دوره‌های شیردهی اول و دوم، اول و سوم، و دوم و سوم) صورت گرفت. مدل حیوانی دو متغیره به فرم ماتریس به شرح زیر است (۱۲):

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} b_1 & 0 \\ b_2 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} a_1 & 0 \\ a_2 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} \quad (4)$$

در این مدل،  $y_1$  و  $y_2$  تولید شیر (و یا چربی) دوره‌های شیردهی مختلف را نشان می‌دهد. بردارهای اثر عوامل ثابت برای صفت اول ( $b_1$ ) و صفت دوم ( $b_2$ ) مشابه و شامل اثر گله-سال-فصل و سن در هنگام زایش است. بردارهای  $a_1$  و  $a_2$  اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی و  $e_1$  و  $e_2$  نیز اثر تصادفی باقی مانده به ترتیب برای صفت اول و دوم می‌باشند. ماتریس‌های  $X_1$  و  $X_2$  ( $Z_1$  و  $Z_2$ ) عناصر  $b_1$  و  $b_2$  ( $a_1$  و  $a_2$ ) را به ترتیب به رکوردهای  $y_1$  و  $y_2$  ربط می‌دهند. مقادیر مورد انتظار  $y_1$  ( $y_2$ )،  $X_1 b_1$  ( $X_2 b_2$ )، و واریانس و کوواریانس عوامل تصادفی به صورت زیر است:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a1}^2 & A\sigma_{a12} & 0 & 0 \\ A\sigma_{a21} & A\sigma_{a2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{e1}^2 & I\sigma_{e12} \\ 0 & 0 & I\sigma_{e21} & I\sigma_{e2}^2 \end{bmatrix} \quad (5)$$

رکوردها را به ترتیب به اثر عوامل ثابت و تصادفی ربط می‌دهند. فرض میشود که  $E(a) = E(e) = 0$ ،  $E(y) = Xb$  و  $\text{Cov}(a, e) = 0$  باشد. در این روابط، A صورت ماتریس روابط خویشاوندی،  $\sigma_a^2$  واریانس ژنتیکی افزایشی و  $\sigma_e^2$  واریانس باقی مانده است.

در تجزیه و تحلیل یک متغیره فرض شد که دوره‌های شیردهی اول، دوم و سوم، صفات مختلفی بوده و کوواریانس بین آنها صفر است. حداکثر نمودن تابع درست‌نمایی در یک مرحله با استفاده از روش سیمپلکس (۱۳) و برنامه نرم افزار DFREML<sup>3</sup> (۱۰) صورت گرفت. معیار همگرایی برای توقف تکرارها در این تجزیه و تحلیل  $10^{-6}$  در نظر گرفته شد.

### ب-۲) تجزیه و تحلیل رکوردهای تکرار شده

مدل مورد استفاده در این نوع تجزیه و تحلیل به فرم ماتریس به شرح زیر است:

$$y = Xb + Za + Wpe + e \quad (2)$$

در این مدل؛  $y$  بردار مشاهدات تکرار شده سه دوره شیردهی اول، دوم و سوم صفات تولید شیر و یا چربی است. همچنین، W ماتریسی است که رکوردها را به اثر محیطی دائمی حیوان ربط داده، و  $pe$  نیز بردار اثر تصادفی محیطی دائمی حیوان است. سایر عوامل در این مدل مشابه مدل ۱ می‌باشند. برای این مدل، فرض می‌شود که  $E(pe) = 0$ ،  $\text{Var}(pe) = I\sigma_{pe}^2$  و  $\text{Var}(y) = ZA\sigma_a^2Z' + WI\sigma_{pe}^2W' + R$  باشد. اجزای این روابط مشابه روابط قبل بوده و  $\sigma_{pe}^2$  نیز واریانس محیطی دائمی حیوان است.

در این روش نیز، اثر گله-سال-فصل به عنوان اثر ثابت و سن در هنگام زایش به عنوان متغیر کمکی بود. چون نرم افزار مورد استفاده DFREML (۱۰) از لحاظ تعداد سطوح اثر تصادفی اضافه محدودیت داشت (۴۰۰۰۰ حیوان)، لذا در بررسی حاضر از اطلاعات مربوط به دامهایی که برای هر سه دوره شیردهی دارای رکورد بودند، استفاده گردید. با استفاده از مؤلفه

1. Numerator relationship matrix
2. Simplex method
3. Derivative-free restricted maximum likelihood

شیردهی دوره دوم و ۵۰ درصد حیوانات دارای رکورد شیردهی دوره دوم فاقد رکورد شیردهی دوره سوم بودند. برای صفت تولید شیر، وراثت پذیری دوره شیردهی اول تا سوم به ترتیب ۰/۲۷،

۰/۲۳ و ۰/۱۴، و برای چربی به ترتیب ۰/۲۳، ۰/۲۱ و ۰/۱۴ برآورد گردید. این نتایج، از برآورد های گزارش شده در منابع (۱) ، ۲۰، ۲۲، ۲۴) برای وراثت پذیری صفات تولید شیر و چربی دوره شیردهی اول کوچکتر بودند. همچنین در مطالعه حاضر، برای هر دو صفت تولید شیر و چربی، وراثت پذیری دوره شیردهی اول تا دوره شیردهی سوم کاهش داشت (جدول ۲). بخشی از این کاهش می تواند به علت زیاد شدن واریانس باقی مانده باشد.

کاهش وراثت پذیری صفت تولید شیر و چربی در دوره های شیردهی دوم و به بعد در بررسی های ویشر و تامسون (۱۹۹۲) و دالین و همکاران (۱۹۹۸) نیز گزارش شده است (۲، ۲۴). ویشر و تامسون (۱۹۹۲) وراثت پذیری تولید شیر برای دوره های شیردهی اول تا سوم را به ترتیب ۰/۳۶، ۰/۲۳ و ۰/۲۱ و برای تولید چربی به ترتیب ۰/۳۶، ۰/۲۷ و ۰/۲۱ برآورد نمودند (۲۴). این برآوردها در مطالعه دالین و همکاران (۱۹۹۸) برای صفت تولید شیر دوره های شیردهی اول تا سوم به ترتیب ۰/۱۴، ۰/۱۱ و ۰/۱۵ گزارش شد (۲). بطور کلی، تفاوت بین برآوردهای مطالعه حاضر با سایر برآوردهای گزارش شده در منابع بر اساس مدل حیوانی یک متغیره با روش REML، می تواند به علت تفاوت سطح تولید گله، نقص اطلاعات شجره، و عدم برازش سطوح ژنتیکی گروه های والدین ناشناخته باشد. برای مثال، بررسی ون و ولک و همکاران (۱۹۸۸) نشان داد که وراثت پذیری تولید شیر در گله های دارای تولید زیاد در مقایسه با گله های با تولید کم بیشتر است (۲۱). از طرف دیگر، سوزوکی و ون ولک (۱۹۹۴) نشان دادند که معلوم

در این رابطه،  $\sigma_{a1}^2$  و  $\sigma_{a2}^2$  واریانس های ژنتیکی افزایشی،  $\sigma_{e1}^2$  و  $\sigma_{e2}^2$  واریانس های باقی مانده به ترتیب برای صفات اول و دوم، و  $\sigma_{a12}$  و  $\sigma_{e12}$  نیز به ترتیب کوواریانس های ژنتیکی افزایشی و محیطی بین صفت اول و دوم میباشند.

در این روش تجزیه و تحلیل، از واریانس های ژنتیکی افزایشی و باقی مانده برآورد شده از تجزیه و تحلیل یک متغیره به عنوان پیش برآورد واریانس های مورد نیاز استفاده شد. حداکثر نمودن تابع درستنمایی در دو مرحله با استفاده از روش پاول

(۱۵) و برنامه نرم افزار DFREML (۱۰) انجام گرفت. در مرحله اول، با ثابت فرض کردن واریانس های ژنتیکی افزایشی و باقی مانده برآورد شده از تجزیه تحلیل یک متغیره، کوواریانس های ژنتیکی افزایشی و محیطی بین صفات برآورد شدند. در مرحله بعد، از کوواریانس های برآورد شده به همراه واریانس های اولیه برای برآورد نهایی پارامترها استفاده شد. معیار همگرایی در مرحله اول  $10^{-4}$  و در مرحله دوم  $10^{-6}$  در نظر گرفته شد.

## نتایج و بحث

### الف) تجزیه و تحلیل یک متغیره

برآورد واریانس های ژنتیکی افزایشی، باقی مانده و فنوتیپی، و وراثت پذیری دوره های شیردهی اول، دوم و سوم برای صفات تولید شیر و چربی بر اساس تجزیه و تحلیل یک متغیره در جدول ۲ ارائه شده است. در تجزیه و تحلیل یک متغیره، برآورد پارامترهای ژنتیکی دوره های شیردهی دوم و سوم ممکن است اریب باشند. این اریبی می تواند ناشی از حذف حیوانات بر اساس عملکرد دوره شیردهی اول و در نظر نگرفتن آنها در تجزیه و تحلیل داده های دوره های بعد باشد. مقایسه تعداد رکوردهای دوره های شیردهی مختلف (جدول ۱) نشان می دهد که حدود ۵۰ درصد حیوانات دارای رکورد شیردهی دوره اول فاقد رکورد

## 1. Powel

جدول ۲- مؤلفه های واریانس ژنتیکی افزایشی، باقی مانده و فنوتیپی، و وراثت پذیری دوره های شیردهی اول، دوم و سوم صفات تولید شیر و چربی بر اساس تجزیه و تحلیل یک متغیره با استفاده از روش REML

مؤلفه های واریانس*	شیر			چربی		
	اول	دوم	سوم	اول	دوم	سوم
$\sigma_a^2$	۲۹۱۵۲۸/۴۱	۳۵۱۴۰۱/۶۶	۲۵۶۲۱۱/۳۸	۲۱۰/۵۰	۲۶۹/۰۰	۲۰۹/۳۴
$\sigma_e^2$	۷۸۵۱۷۹/۷۳	۱۱۵۶۵۶۵/۷۵	۱۵۳۴۰۰۲/۳۰	۶۹۴/۲۰	۹۸۱/۲۰	۱۲۶۰/۳۸
$\sigma_p^2$	۱۰۷۶۷۰۸/۱۴	۱۵۰۷۹۶۷/۴۱	۱۷۹۰۲۱۳/۶۸	۹۰۴/۷۰	۱۲۵۰/۲۰	۱۴۶۹/۷۲
$h^2$ (s.e.)	۰/۲۷ (۰/۰۱)	۰/۲۳ (۰/۰۲)	۰/۱۴ (۰/۰۲)	۰/۲۳ (۰/۰۱)	۰/۲۱ (۰/۰۲)	۰/۱۴ (۰/۰۲)

\*  $\sigma_a^2$  واریانس ژنتیکی افزایشی،  $\sigma_e^2$  واریانس باقی مانده،  $\sigma_p^2$  واریانس فنوتیپی،  $h^2$  وراثت پذیری و s.e. خطای معیار می باشند.

$h^2$  (s.e.)

$r$  (s.e.)

\*  $\sigma_a^2$  واریانس ژنتیکی افزایشی،  $\sigma_{pe}^2$  واریانس محیطی دائمی،  $\sigma_e^2$  واریانس باقی مانده،  $\sigma_p^2$  واریانس فنوتیپی،  $h^2$  وراثت پذیری،  $r$  تکرارپذیری و s.e. خطای معیار می باشند.

نبودن والدین در داده های مورد بررسی سبب می شود که واریانس های ژنتیکی کمتر از مقدار واقعی برآورد شوند (۱۹). لازم به توضیح است که در مطالعه حاضر پدر ۲۶ درصد و مادر ۲۸ درصد از حیوانات دارای رکورد نامعلوم بود. همچنین در مطالعه میزتال و همکاران (۱۹۹۲) گزارش شده است که استفاده از شجره کامل حیوانات و در نظر گرفتن سطوح ژنتیکی گروه های والدین نامعلوم می تواند باعث زیاد شدن برآورد وراثت پذیری گردد (۱۱).

#### ب) تجزیه و تحلیل بر اساس مدل رکوردهای تکرار شده

وراثت پذیری صفات تولید شیر و چربی با استفاده از مدل رکورد های تکرار شده ۰/۲۲ و تکرارپذیری آنها به ترتیب ۰/۴۷ و ۰/۴۳ برآورد گردید (جدول ۳). در این مطالعه، به علت محدودیت برنامه نرم افزاری برای تعداد سطوح اثر تصادفی محیطی (۴۰۰۰ حیوان) فقط حیواناتی که دارای هر سه رکورد دوره های شیردهی اول، دوم و سوم بودند، در تجزیه و تحلیل استفاده شدند. بنابراین حذف حیوانات دوره شیردهی اول و دوم که فاقد رکورد دوره شیردهی سوم بودند، می تواند منجر به برآوردهای آریبی از پارامترها شده باشد.

جدول ۳- مؤلفه های واریانس ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی، باقی مانده و فنوتیپی صفات تولید شیر و چربی، و وراثت پذیری و تکرارپذیری آنها بر اساس تجزیه و تحلیل رکوردهای تکرار شده با استفاده از روش REML

مؤلفه های واریانس*	صفت	
	شیر	چربی
$\sigma_a^2$	۳۰۱۰۸۶/۰۷	۲۶۱/۱۰
$\sigma_{pe}^2$	۳۴۱۸۲۵/۱۹	۲۳۳/۵۷
$\sigma_e^2$	۷۱۶۷۸۸/۳۶	۶۶۵/۵۷
$\sigma_p^2$	۱۳۵۹۶۹۹/۶۲	۱۱۶۰/۲۴

واریانس ژنتیکی افزایشی حاصل از مدل رکوردهای تکرار شده از برآوردهای مدل یک متغیره بر اساس دوره شیردهی اول بزرگتر، ولی واریانس باقی مانده آن کوچکتر بود. برآورد کوچکتر واریانس باقی مانده در تجزیه و تحلیل رکوردهای تکرار شده می تواند به دلیل منظور شدن بخشی از این واریانس در محاسبه واریانس محیطی دائمی باشد. از طرف دیگر، وراثت پذیری برآورد شده برای صفات تولید شیر و چربی با مدل رکوردهای تکرار شده از برآوردهای مدل یک متغیره دوره شیردهی اول این صفات کوچکتر بود. در مدل رکوردهای تکرار شده به علت اینکه سه دوره شیردهی به عنوان یک صفت تجزیه و تحلیل می شوند، لذا میانگین عملکرد صفات بیشتر (۶۴۹۴/۱۰ و ۱۸۹/۸۷ کیلوگرم در مقایسه با ۵۹۴۳/۰۰ و ۱۷۵/۶۹ کیلوگرم به ترتیب برای صفات تولید شیر و چربی) و در نتیجه واریانس فنوتیپی بزرگتر

(۱۳۵۹۶۹۹/۶۲ و ۱۱۶۰/۲۴ در مقایسه با ۱۰۷۶۷۰۸/۱۴ و ۹۰۴/۷۰ به ترتیب برای صفات تولید شیر و چربی) شده است (جدول ۱، ۲ و ۳). بنابراین، برآورد کوچکتر وراثت پذیری برای صفات تولید شیر و چربی بر اساس تجزیه و تحلیل رکوردهای تکرار شده (۰/۲۲) نسبت به مدل یک متغیره (۰/۲۷) و ۰/۲۳ به ترتیب برای صفات تولید شیر و چربی) می تواند به بزرگتر بودن واریانس فنوتیپی این صفات در مقایسه با تجزیه و تحلیل یک متغیره نسبت داده شود.

چون در اکثر کشورهای پیشرفته برای ارزیابی حیوانات از مدل حیوانی رکوردهای تکرار شده (حداقل عملکرد سه دوره

حاصل از تجزیه و تحلیل یک متغیره تولید شیر دوره شیردهی اول در مقایسه با  $290402/4$  و  $297047/4$  حاصل از تجزیه و تحلیل دو متغیره تولید شیر دوره شیردهی اول با تولید شیر دوره شیردهی دوم و سوم. واریانس ژنتیکی افزایشی دوره های شیردهی دوم و سوم صفت تولید شیر با حذف اطلاعات اولین دوره شیردهی از تجزیه و تحلیل داده ها به ترتیب  $5/1$  درصد و  $16$  درصد کمتر بود (جدول ۴). این روند با کمی تفاوت در مورد صفت تولید چربی نیز مشاهده می شود (جدول ۵). این کاهش، که در مطالعه ویشر و تامسون (۱۹۹۲) نیز حدود  $10$  درصد گزارش شده (۲۴)، می تواند ناشی از حذف حیوانات در دوره شیردهی دوم و سوم باشد. مقایسه میانگین مؤلفه های واریانس ژنتیکی افزایشی حاصل از تجزیه و تحلیل دو متغیره با نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل یک متغیره نیز می تواند تا حدی مؤید این مطالب باشد. با ملاحظه نتایج جدول ۴ مشخص می شود که میانگین واریانس های ژنتیکی افزایشی و وراثت پذیری های صفت تولید شیر دوره شیردهی اول ( $293724/91$  و  $0/27$ ) و دوم ( $349022/95$  و  $0/23$ ) بر اساس تجزیه و تحلیل دو متغیره تقریباً مشابه با مقادیر حاصل از تجزیه و تحلیل یک متغیره ( $291528/41$  و  $0/27$ ) و  $66/1$  و  $351401$  و  $0/23$ ، به ترتیب برای دوره های شیردهی اول و دوم) بوده، اما میانگین واریانس های ژنتیکی افزایشی و وراثت پذیری های صفت تولید شیر دوره شیردهی سوم ( $61/1$  و  $292208$  و  $0/15$ ) بر اساس تجزیه و تحلیل دو متغیره از برآوردهای تجزیه و تحلیل یک متغیره ( $256211/38$  و  $0/14$ ) بزرگتر می باشند. این مطلب، که در مورد صفت تولید چربی نیز صادق است (جدول ۵)، نشان میدهد که تأثیر حذف بر مبنای تولید شیر دوره شیردهی اول بر واریانس ژنتیکی افزایشی و وراثت پذیری این صفت در دوره شیردهی دوم کم بوده، اما باعث کاهش واریانس ژنتیکی افزایشی و وراثت پذیری تولید شیر دوره شیردهی سوم شده است.

شیردهی اول تا سوم) استفاده می شود (۷)، مطالعات متعددی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی از طریق این مدل صورت گرفته است. در این مطالعات، مدل رکوردهای تکرار شده به عنوان یک مدل چند متغیره با فرض اینکه همبستگی ژنتیکی افزایشی بین دوره های شیردهی مختلف یک باشد در نظر گرفته شده است. برای مثال، ویشر و تامسون (۱۹۹۲) از طریق تجزیه و تحلیل مدل حیوانی رکوردهای تکرار شده، تکرارپذیری صفات تولید شیر و چربی را به ترتیب  $0/56$  و  $0/53$  گزارش کردند (۲۴). این برآوردها در مطالعه سوزوکی و ون ولک (۱۹۹۴) ترتیب  $0/54$  و  $0/52$ ، در مطالعه دمتاویوا و برگر (۱۹۹۸) به ترتیب  $0/42$  و  $0/41$  و در مطالعه کادارمدین و همکاران (۲۰۰۰) به ترتیب  $0/59$  و  $0/56$  برای صفات تولید شیر و چربی گزارش شده است (۳، ۸، ۱۹).

#### ج) تجزیه و تحلیل چند متغیره

واریانس های ژنتیکی افزایشی، باقی مانده و فنوتیپی، و وراثت پذیری های صفات تولید شیر و چربی بر اساس تجزیه و تحلیل دو متغیره (برای هر صفت بین دوره های شیردهی اول، دوم و سوم)، و میانگین آنها به همراه نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل یک متغیره برای مقایسه، به ترتیب در جداول ۴ و ۵ نشان داده شده است. در بررسی حاضر، به علت زیاد بودن داده ها امکان تجزیه و تحلیل توأم سه دوره شیردهی وجود نداشت، لذا تجزیه و تحلیل چند متغیره از طریق چندین تجزیه و تحلیل دو متغیره (دوره شیردهی اول و دوم، اول و سوم و دوم و سوم) انجام شد. بنابراین، برآوردهای متعددی برای هر مؤلفه واریانس حاصل شد. به عنوان مثال، برای صفت تولید شیر در دوره شیردهی اول ( $M_1$ )، یک برآورد از تجزیه و تحلیل یک متغیره و دو برآورد از تجزیه و تحلیل دو متغیره با دوره شیردهی دوم ( $M_2$ ) و سوم ( $M_3$ ) حاصل شد (جدول ۴). مقایسه این نتایج (جدول ۴) نشان می دهد که برآوردهای مختلف واریانس ژنتیکی افزایشی دوره شیردهی اول هر دو صفت به علت عاری بودن از اریبی ناشی از حذف تقریباً مشابه هستند ( $291528/4$

جدول ۴- مؤلفه های واریانس های ژنتیکی افزایشی، باقی مانده و فنوتیپی، و وراثت پذیری صفت تولید شیر دوره های شیردهی اول، دوم و سوم بر اساس تجزیه و تحلیل دو متغیره با استفاده از روش REML

$h^2$	$\sigma_p^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_a^2$	صفت دوم	صفت اول
۰/۲۷	۱۰۷۵۰۱۹/۳۹	۷۸۴۶۱۶/۹۶	۲۹۰۴۰۲/۴۳	$M_2$	$M_1$

۰/۲۷	۱۰۷۸۰۲۲/۱۸	۷۸۰۹۷۴/۷۹	۲۹۷۰۴۷/۳۹	$M_2$	$M_1$
۰/۲۷	۱۰۷۶۵۲۰/۷۸	۷۸۲۷۹۵/۸۷	۲۹۳۷۲۴/۹۱		میانگین دو متغیره
۰/۲۷	۱۰۷۶۷۰۱/۱۴	۷۸۵۱۷۹/۷۳	۲۹۱۵۲۸/۴۱		برآورد یک متغیره
۰/۲۳	۱۵۵۴۹۷۷/۶۸	۱۱۹۶۷۷۰/۰۱	۳۵۸۲۰۷/۶۷	$M_1$	$M_2$
۰/۲۳	۱۴۹۵۰۸۸/۴۸	۱۱۵۵۲۵۰/۲۵	۳۳۹۸۳۸/۲۳	$M_2$	$M_2$
۰/۲۳	۱۵۲۵۰۳۳/۰۸	۱۱۷۶۰۱۰/۱۳	۳۴۹۰۲۲/۹۵		میانگین دو متغیره
۰/۲۳	۱۵۰۷۹۶۷/۴۱	۱۱۵۶۵۶۵/۷۵	۳۵۱۴۰۱/۶۶		برآورد یک متغیره
۰/۱۷	۱۸۵۹۰۵۷/۸۸	۱۵۴۱۳۶۳/۸۷	۳۱۷۶۹۴/۰۱	$M_1$	$M_2$
۰/۱۴	۱۸۴۷۷۵۷/۹۴	۱۵۸۱۰۳۴/۷۲	۲۶۶۷۲۳/۲۲	$M_2$	$M_2$
۰/۱۵	۱۸۵۳۴۰۷/۹۰	۱۵۶۱۱۹۹/۲۹	۲۹۲۲۰۸/۶۱		میانگین دو متغیره
۰/۱۴	۱۷۹۰۲۱۳/۶۸	۱۵۳۴۰۰۲/۳۰	۲۵۶۳۱۱/۳۸		برآورد یک متغیره

\*  $M_1$ ،  $M_2$  و  $M_3$  به ترتیب صفات تولید شیر دوره های شیردهی اول، دوم و سوم می باشند.

جدول ۵- واریانس های ژنتیکی افزایشی، باقی مانده، فنوتیپی، و وراثت پذیری صفت تولید چربی دوره های شیردهی اول، دوم و سوم بر اساس تجزیه و تحلیل دو متغیره با استفاده از روش REML

$h^2$	$\sigma_p^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_a^2$	صفت دوم	صفت اول*
۰/۲۱	۹۰۶/۲۷	۷۱۷/۹۴	۱۸۸/۳۳	$F_2$	$F_1$
۰/۲۱	۹۰۰/۴۷	۷۱۰/۸۶	۱۸۹/۶۱	$F_2$	$F_1$
۰/۲۱	۹۰۳/۳۷	۷۱۴/۴۰	۱۸۸/۹۷		میانگین دو متغیره
۰/۲۳	۹۰۴/۷۰	۶۹۴/۲۰	۲۱۰/۵۰		برآورد یک متغیره
۰/۲۲	۱۲۶۹/۱۱	۹۸۹/۶۷	۲۷۹/۴۴	$F_1$	$F_2$
۰/۱۹	۱۲۴۴/۸۴	۱۰۰۴/۷۹	۲۴۰/۰۵	$F_2$	$F_2$
۰/۲۰	۱۲۵۶/۹۷	۹۹۷/۲۳	۲۵۹/۷۴		میانگین دو متغیره
۰/۲۱	۱۲۵۰/۲۷	۹۸۱/۲۰	۲۶۹/۰۰		برآورد یک متغیره
۰/۱۶	۱۵۰۹/۸۷	۱۲۶۷/۳۲	۲۴۲/۵۵	$F_1$	$F_2$
۰/۱۵	۱۵۰۲/۵۳	۱۲۷۵/۵۰	۲۲۷/۰۳	$F_2$	$F_2$
۰/۱۵	۱۵۰۶/۲۰	۱۲۷۱/۴۱	۲۳۴/۷۹		میانگین دو متغیره
۰/۱۴	۱۴۶۹/۷۲	۱۲۶۰/۳۸	۲۰۹/۳۴		برآورد یک متغیره

\*  $F_1$ ،  $F_2$  و  $F_3$  به ترتیب صفات چربی دوره های شیردهی اول، دوم و سوم می باشند.

می باشد (۱۸). این مطلب نشان می دهد که قابلیت ارزیابی حیوانات با استفاده از مدل یک متغیره بر اساس دوره های شیردهی دوم و سوم هر صفت تولید شیر کاهش می یابد. بنا بر این، اگر چه استفاده از مدل یک متغیره ساده بوده و نیاز به زمان و محاسبات زیاد ندارد، اما برآورد پارامترها و ارزیابی ژنتیکی حیوانات بر اساس عملکردهای دوره های شیردهی دوم و سوم از طریق این مدل، به دلیل اریب بودن پیشنهاد نمی شود. همبستگی های ژنتیکی افزایشی تولید شیر دوره شیردهی اول و دوم، اول و سوم، و دوم و سوم به ترتیب ۰/۹۴، ۰/۹۲، و

وجود تفاوت در واریانس ژنتیکی افزایشی دوره های شیردهی صفت تولید شیر و ارزش های اصلاحی حیوانات حاصل از تجزیه و تحلیل یک و چند متغیره توسط محققین مختلف نیز گزارش شده است (۱۷، ۱۸). برای مثال، سیگردسون و آرناسون (۱۹۹۵) در مطالعه خود نشان دادند که نسبت واریانس باقی مانده حاصل از تجزیه و تحلیل یک متغیره دوره شیردهی اول به واریانس باقی مانده حاصل از تجزیه تحلیل سه متغیره دوره های شیردهی اول تا سوم به ترتیب ۰/۰۵ برای دوره شیردهی اول، ۲/۲۰ برای دوره شیردهی دوم و ۴۰/۱ برای دوره شیردهی سوم

۰/۹۸ برآورد شدند (جدول ۶). این برآورد ها برای صفت تولید چربی به ترتیب ۰/۸۵، ۰/۹۳، و ۰/۹۸ بودند. این نتایج با بررسی های گزارش شده توسط ویشر و تامسون (۱۹۹۲)، گارسیا-کورتز و همکاران (۱۹۹۵) و دالین و همکاران (۱۹۹۸) در زمینه همبستگی های ژنتیکی افزایشی دوره های شیردهی اول و دوم، اول و سوم، و دوم و سوم برای صفت تولید شیر و چربی مطابقت دارد (۲، ۶، ۲۴). همچنین، مروری بر منابع گزارش شده در مورد همبستگی های ژنتیکی افزایشی بین دوره های شیردهی مختلف (ویشر و تامسون، ۱۹۹۲ و گارسیا کورتز و همکاران، ۱۹۹۵) نشان می دهد که همبستگی ژنتیکی افزایشی بین دوره های شیردهی متوالی (اول و دوم، و دوم و سوم) بیشتر از

دوره های غیر متوالی (اول و سوم) می باشد (۶، ۲۴). این روند در مطالعه حاضر فقط برای صفت تولید شیر صادق بود. برآورد بسیار زیاد همبستگی ژنتیکی بین عملکرد های دوره های شیردهی دوم و سوم صفات تحت مطالعه ( $M_2$  با  $M_3$ ، و  $F_2$  با  $F_3$ ) ممکن است به دلیل کوچک بودن واریانس ژنتیکی افزایشی ( $F$ )، صفات تولید شیر و چربی دوره شیردهی سوم باشد، که نتیجه آن افزایش همبستگی ژنتیکی افزایشی می باشد. همبستگی های محیطی بین عملکرد دوره های شیردهی اول و دوم، اول و سوم، و دوم و سوم برای هر صفت متفاوت بوده، از ۰/۲۵ بین دوره شیردهی اول و سوم و سوم برای صفت

جدول ۶- مؤلفه های کوواریانس و همبستگی های ژنتیکی افزایشی، محیطی و فنوتیپی بین دوره های شیردهی صفات تولید شیر و چربی

بر اساس تجزیه و تحلیل دو متغیره با استفاده از روش REML

\* مؤلفه های کوواریانس

$\Gamma_{p12}$	$\Gamma_{e12}$	$\Gamma_{a12}$	$\sigma_{p12}$	$\sigma_{e12}$	$\sigma_{a12}$	صفت دوم	صفت اول
۰/۵۵	۰/۴۲	۰/۹۴	۷۰۹۷۹۴/۸۹	۴۰۷۳۸۶/۲۵	۳۰۲۴۰۸/۶۴	$M_2$	$M_1$
۰/۴۶	۰/۳۴	۰/۹۲	۶۵۱۲۱۷/۷۵	۳۶۸۸۷۰/۱۳	۲۸۲۳۴۷/۶۲	$M_3$	$M_1$
۰/۵۳	۰/۴۳	۰/۹۸	۸۱۴۷۴۵/۴۶	۵۸۸۰۴۰/۶۲	۲۹۶۷۰۴/۸۴	$M_3$	$M_2$
۰/۴۵	۰/۳۴	۰/۸۵	۴۸۶/۵۰	۲۹۱/۲۲	۱۹۵/۲۸	$F_2$	$F_1$
۰/۴۰	۰/۲۸	۰/۹۳	۴۶۴/۱۲	۲۶۳/۹۶	۲۰۰/۱۶	$F_3$	$F_1$
۰/۴۶	۰/۳۶	۰/۹۸	۶۳۶/۳۵	۴۰۷/۹۵	۲۲۸/۴۰	$F_3$	$F_2$

\*  $\sigma_{a12}$  کوواریانس ژنتیکی افزایشی،  $\sigma_{e12}$  کوواریانس محیطی،  $\sigma_{p12}$  کوواریانس فنوتیپی،  $\Gamma_{a12}$  همبستگی ژنتیکی افزایشی،  $\Gamma_{e12}$  همبستگی

محیطی، و  $\Gamma_{p12}$  همبستگی فنوتیپی بین دوره های شیردهی مختلف هر صفت می باشند.

چربی اگر چه دقت انتخاب را نسبت به مدل یک متغیره افزایش می دهد، پیشنهاد نمی شود. سایر محققین (۴) نیز نشان داده اند که استفاده از این مدل برای ارزیابی حیوانات، باعث انتخاب حیوانات مسن تر می شود.

در تحقیق حاضر، چون تجزیه و تحلیل های دو متغیره بر اساس عملکرد دوره های مختلف هر صفت انجام گرفت، در صورت وجود انتخاب برای صفات همبسته، برآوردهای حاصل از این روش نیز اریب می باشد. برای مثال، اگر انتخاب برای تولید شیر صورت گرفته باشد، عدم تجزیه و تحلیل توأم صفات تولید شیر و چربی، به علت وجود همبستگی ژنتیکی افزایشی بین شیر و چربی، باعث اریبی پارامترهای ژنتیکی برآورد شده برای صفت چربی خواهد شد. بنابراین پیشنهاد می گردد تجزیه و

چربی تا ۰/۴۳ بین دوره شیردهی دوم و سوم برای صفت تولید شیر متغیر بود.

مقایسه نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل دو متغیره نشان می دهد که همبستگی ژنتیکی افزایشی بین دوره های شیردهی هر صفت کمتر از یک بوده، واریانس ژنتیکی افزایشی دوره های شیردهی مختلف مساوی نیست. همچنین واریانس باقی مانده دوره شیردهی اول به طور قابل ملاحظه ای کمتر از واریانس باقی مانده دوره شیردهی دوم و سوم بوده، و همبستگی های محیطی بین آنها نیز متفاوت می باشد. از طرف دیگر، واریانس فنوتیپی هر دوره شیردهی مختلف و همبستگی فنوتیپی بین آنها نیز مساوی نیست. لذا، با توجه به دلایل فوق استفاده از مدل رکوردهای تکرار شده برای تجزیه و تحلیل صفات تولید شیر و



محاسباتی زیاد آن، در مقایسه با مدل‌های تجزیه و تحلیل یک متغیره و رکوردهای تکرار شده برای برآورد مؤلفه های ژنتیکی صفات تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران مناسب تر می باشد.

### سپاسگزاری

بدینوسیله از مرکز اصلاح نژاد دام کشور که با در اختیار قرار دادن داده ها امکان انجام این تحقیق را فراهم نمودند صمیمانه تشکر و قدردانی می شود.

تحلیل‌های چند متغیره بین صفات تولید شیر و چربی دوره‌های شیردهی مختلف به صورت توأم (برای مثال، تولید شیر دوره های شیردهی اول، دوم و سوم با تولید چربی دوره های شیردهی اول، دوم و سوم)، که در این بررسی مطالعه نشده است، نیز انجام شود.

بطور کلی، اگر چه برآوردهای تجزیه و تحلیل‌های دو متغیره تحقیق حاضر بنا به دلایل ذکر شده اریب می‌باشند، اما نتایج نشان می دهد که استفاده از این مدل، علی‌رغم هزینه و زمان

### REFERENCES

1. Campos, M. S., C. J. Wilcox, C. M. Becerril, and A. Diz. 1994. Genetic parameters for yield and reproductive traits of Holstein and Jersey cattle in Florida. *Journal of Dairy Science*. 77: 867-873.
2. Dahlin, A., U. N. Khan, A. H. Zafar, M. Saleem, M. A. Chaudhry, and J. Philipsson. 1998. Genetic and environmental causes of variation in milk production traits of Sahiwal cattle in Pakistan. *Animal Science*. 66: 307-318.
3. Dematawewa, C. M. B. and P. J. Berger. 1998. Genetic and phenotypic parameters for 305-day yield, fertility, and survival in Holsteins. *Journal of Dairy Science*. 81: 2700-2709.
4. De Varries, M. J., E. H. Van Der Waaij and J. A. M. Van Arendowk. 1998. Estimation of genetic parameters for litter size in sheep: A comparison of a repeatability and a multivariate model. *Animal Science*. 66: 685-688.
5. Ducrocq, R. 1994. Multiple trait prediction: principles and problems. *Proceedings 5<sup>th</sup> world congress on genetics applied to livestock production*. 18: 455-462.
6. Garcia-Cortes, L. A., C. Moreno, L. Varona, M. Rico, and J. Altarriba. 1995. (Co)variance component estimation of yield traits between different lactations using an animal model. *Livestock Production Science*. 43: 111-117.
7. Interbull. 1992. Sire evaluation procedures for diary production traits practiced in various countries. *Bulletin No. 5*. Department of animal breeding and genetics, SLU, Uppsala, Sweden, 84pp.
8. Kadarmideen, H. N., R. Thompson, and G. Simm. 2000. Linear and threshold model genetic parameters for disease, fertility and milk production in dairy cattle. *Animal Science*. 71: 411-419.
9. Kennedy, B. W., L. R. Schaeffer, and D. A. Sorenson. 1988. Genetic properties of animal models. *Journal of Dairy Science*. 71(Suppl. 2) 17-26.
10. Meyer, K. 1997. DFREML: Program to estimate variance components by restricted maximum likelihood, using a derivative-free algorithm. *User Notes*, Ver. 2.1.
11. Misztal, I., T. J. Lawlor, T. H. Short, and P. M. Van Raden. 1992. Multiple-trait estimation of variance components of yield and type trait using an animal model. *Journal of Dairy Science*. 75: 544-551.
12. Mrode, R. A. 1996. *Linear models for the prediction of animal breeding values*. CAB International. U.K.
13. Nelder, J. A. and R. Mead. 1965. A simplex method for function minimization. *Computer Journal*. 7: 145-151.
14. Patterson, H. D. and R. Thompson. 1971. Recovery of inter block-information when block size are unequal. *Biometrika*. 52: 544-554.
15. Powell, M. J. D. 1965. An efficient method for finding the minimum of a function of several variables without calculating derivatives. *Computer Journal*. 7: 155-162.
16. Roehe, R. and B. W. Kennedy. 1995. Estimation of genetic parameters for litter size with each parity of farrowing treated as a different trait. *Journal of Animal Science*. 73: 2959-2970.
17. Schaeffer, L. R. and J. W. Wilton. 1981. Comparison of single and multiple trait beef sire evaluations. *Canadian Journal of Animal Science*. 61: 565-573.
18. Sigurdsson, A. and T. Arnason. 1995. Predicting genetic trend by uni-and multitrait models. *Acta Agricultural Scandinavia*. A, *Animal Science*. 45: 1-10.

19. Suzuki, M. and L. D. Van Vleck. 1994. Heritability and repeatability for milk production traits of Japanese Holsteins from an animal model. *Journal of Dairy Science*. 77: 583-588.
20. Van Vleck, L. D. and M. C. Dong. 1988. Genetic (co)variances for milk, fat, and protein yield in Holsteins using an animal model. *Journal of Dairy Science*. 71: 3040-3052.
21. Van Vleck, L. D., M. C. Dong, and G. R. Wiggans. 1988. Genetic (co)variance for milk and fat yield in California, New York, and Wisconsin for an animal model by restricted maximum likelihood. *Journal of Dairy Science*. 71: 3053-3080.
22. Veerkamp, R. F. and S. Brotherstone. 1997. Genetic correlations between linear type traits, food intake, live weight and condition score in Holstein Friesian dairy cattle. *Animal Science*. 64: 385-392.
23. Villanueva, B., N. R. Wray and R. Thompson. 1993. Prediction of asymptotic rates of response from selection on multiple traits using univariate and multivariate best linear unbiased prediction. *Animal Production*. 57:1-13.
24. Visscher, P. M. and R. Thompson. 1992. Univariate and multivariate parameter estimates for milk production traits using an animal model. I. Description and result of REML analyses. *Genetic Selection Evolution*. 24: 415-430.



## **An Estimate of Genetic Parameters of Milk Production Traits for Iranian Holstein Dairy Cattle, Using Different Animal Models**

**A. SAFI JAHANSHAHI<sup>1</sup>, R. VAEZ TORSHIZI<sup>2</sup>,  
N. EMAM JOMEH KASHAN<sup>3</sup> AND M. B. SAYYAD NEJAD<sup>4</sup>**

**1, Instructor, Center of Shahid Khiabani Higher Education, Zahedan, Sistan and**

**Baluchestan 2, Assistant Professor, Faculty of Agriculture,**

**The University of Tarbiat Modarres (Corresponding Author)**

**3, Professor, Aboureihan College of Agriculture,**

**University of Tehran 4, Animal Breeding Organization, Karaj**

**Accepted Oct., 30. 2002**

### **SUMMARY**

Genetic parameters were estimated for milk and fat yield traits in Iranian Holstein cattl, using data collected during years between 1992 and 1999 in Animal Breeding Center, Iran. Estimates were carried out through Restricted Maximum Likelihood procedures, using univariate, repeated-records, and multivariate Animal Models. The number of records were 60589, 31367 and 14265 for lactations 1, 2 and 3, respectively. Estimates of heritability from univariate analysis in lactation 1, 2 and 3 were 0.27, 0.23 and 0.14 for milk yield and 0.23, 0.21 and 0.14 for fat yield, respectively. The heritability and repeatability estimates from repeated-record analysis were 0.22 and 0.47 for milk yield, and 0.22 and 0.43 for fat yield, respectively. Pooled estimates of genetic parameters from bivariate analysis for the first and second lactations were similar to the corresponding univariate estimates. However for third lactation, these estimates were greater than the results for univariate analysis. Additive genetic correlations between performances of lactation 1, 2 and 3 for each yield trait were very high, ranging from 0.85 (between lactation 1 and 2 for fat yield) to 0.98 (between lactation 2 and 3 for milk yield). The corresponding estimates for phenotypic correlations were positive and moderate whereas for residual correlations were positive and low.

**Key words:** Genetic parameters, Animal model, Production traits, Holstein, Correlation