

## مقایسه پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر ۳۰۵ روز گاوهای شیری استان اصفهان با استفاده از مدل‌های حیوانی مختلف

زهرا مهرپور<sup>۱</sup> و محمدرضا بحرینی بهزادی<sup>۲\*</sup>

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشگاه یاسوج،

۲- استادیار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، گروه علوم دامی، دانشگاه یاسوج

نویسنده مسئول: bahreini@yu.ac.ir

تاریخ پذیرش: ۹۵/۱۱/۰۳

تاریخ دریافت: ۹۴/۱۰/۲۷

### چکیده

هدف از این پژوهش مقایسه مدل‌های حیوانی مختلف در برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر گاوهای شیری استان اصفهان بود. از رکوردهای ۲۱۳۴۶ رأس گاو شیری متعلق به ۲۸ واحد گاوداری که طی ۲۰ سال جمع آوری شده بودند، برای برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس، وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفت تولید شیر استفاده شد. داده‌ها توسط سه مدل مختلف آنالیز گردید. در مدل اول رکوردهای تولید شیر سه دوره شیردهی اول هر کدام به طور جداگانه توسط یک مدل حیوانی یک متغیره آنالیز شد. در مدل دوم رکوردهای این سه دوره شیردهی توسط مدل تکرار رکورد و در مدل سوم این رکوردها توسط یک مدل سه متغیره آنالیز شدند. تعداد رکوردهای مورد استفاده برای دوره‌های شیردهی اول، دوم و سوم به ترتیب ۲۱۳۴۶، ۲۰۸۲۸ و ۱۲۵۷۹ بود. وراثت‌پذیری صفت تولید شیر در دوره‌های شیردهی اول تا سوم در مدل یک متغیره به ترتیب ۰/۲۷، ۰/۲۰ و ۰/۱۹ و در مدل سه متغیره ۰/۳۰، ۰/۲۳ و ۰/۲۲ برآورد گردید. وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفت تولید شیر در مدل تکرار رکورد نیز به ترتیب ۰/۲۴ و ۰/۴۹ محاسبه شد. با استفاده از مدل سه متغیره، همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی بین دوره‌های شیردهی اول و دوم، اول و سوم، دوم و سوم به ترتیب ۰/۹۱، ۰/۸۶ و ۰/۹۷ و ۰/۳۶، ۰/۳۱، ۰/۴۱ برآورد شد. همبستگی فنوتیپی بین این دوره‌ها نیز به ترتیب ۰/۵۰، ۰/۴۵ و ۰/۵۳ برآورد گردید. همه همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی، محیطی و فنوتیپی برآورد شده مثبت بودند. همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی، محیطی و فنوتیپی بین دوره‌های شیردهی متوالی (اول و دوم، دوم و سوم) بیشتر از دوره‌های غیر متوالی (اول و سوم) بودند. استفاده از مدل چند متغیره علیرغم هزینه و زمان محاسباتی زیاد آن، به دلیل در نظر گرفتن اثر حذف حیوانات و در نتیجه دقت بیشتر، برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر مناسب‌تر می‌باشد.

**کلمات کلیدی:** پارامترهای ژنتیکی، تکرارپذیری، تولید شیر، مدل چند متغیره، وراثت‌پذیری

## مقدمه

درآمد اصلی پرورش دهندگان گاو شیری از تولید شیر به دست می‌آید. بنابراین این صفت در اهداف برنامه‌های اصلاح نژادی بسیار مورد توجه قرار دارد. می‌توان چنین گفت که صفت تولید شیر به دلیل امکان بهبود ژنتیکی و ارزش اقتصادی بالا مورد توجه متخصصین اصلاح نژاد دام می‌باشد. اصلاح نژاد گاو شیری در کشور با ایجاد گاو‌داری‌های صنعتی و از طریق وارد کردن و توزیع اسپرم گاوهای ممتاز توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور، انجام رکوردگیری و ثبت مشخصات و آزمون نتاج آغاز شده است (رزم‌کبیر و همکاران، ۱۳۸۹). مشخص است که هر گونه پیشرفت ژنتیکی و بهبود در تولیدات حیوانات اهلی به استفاده از روش‌های اصلاح نژادی بستگی دارد. زیرا این روش‌های اصلاح نژادی سبب ایجاد تغییرات ماندگار در تولید خواهند شد. مؤلفه‌های واریانس و کواریانس مبنای برآورد وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفات و همچنین همبستگی‌های ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی میان صفات می‌باشند. بر این اساس برآورد مؤلفه‌های واریانس و کواریانس برای طراحی برنامه‌های مناسب اصلاح نژادی، پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی حیوانات و محاسبه پیشرفت ژنتیکی ضروری می‌باشند (تامپسون، ۱۹۹۶).

در دهه‌های اخیر پیشرفت‌های قابل ملاحظه‌ای در علم آمار و روش‌های محاسباتی و کاربرد آن‌ها در محاسبه پیشرفت ژنتیکی و پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی دام‌های مزرعه حاصل شده است. در نتیجه‌ی پیشرفت روش‌های آماری مناسب و تلفیق آن‌ها با علم اصلاح نژاد، روش‌های برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس همچنان در حال توسعه می‌باشند (قوی‌حسین‌زاده و اردلان، ۲۰۱۰). برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس در کشورهای مختلف به کمک روش‌های متنوعی مانند روش بیزی و روش حداکثر درستنمایی محدود شده انجام می‌شود. روش آماری حداکثر درستنمایی محدود شده به دلیل ویژگی‌های مطلوبی که نسبت به روش‌های دیگر دارد در پژوهش‌های انجام شده در کشور به عنوان روش اصلی برآورد پارامترهای ژنتیکی مورد استفاده قرار گرفته است. یکی از ایرادات اصلی این روش، افزایش هزینه‌های محاسباتی برای مدل‌های پیچیده و به ویژه هنگام استفاده از داده‌های با حجم زیاد می‌باشد (خیرآبادی و همکاران، ۱۳۹۲).

از ابتدای شروع استفاده از ارزیابی ژنتیکی در اصلاح نژاد گاوهای شیری تاکنون مدل‌های مختلفی برای برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس رکوردهای تولید شیر استفاده شده

است. از این مدل‌ها می‌توان مدل یک متغیره، مدل تکرار رکورد، مدل چند متغیره و مدل رگرسیون تصادفی را نام برد. در بیشتر موارد مؤلفه‌های واریانس و کواریانس از تجزیه و تحلیل یک متغیره و با استفاده از رکورد تولید شیر اولین دوره شیردهی و یا از تجزیه و تحلیل رکوردهای تکرار شده دوره‌های شیردهی مختلف برآورد شده‌اند (سوزوکی و ون‌ولک، ۱۹۹۴). در اغلب موارد از یک صفت که در زندگی فرد زودتر بروز فنوتیپی دارد برای تصمیم‌گیری در مورد ادامه نگهداری حیوان در گله و رکوردگیری سایر صفات استفاده می‌شود. لذا گاوهای شیری معمولاً بر اساس مقدار تولید شیر دوره شیردهی اول انتخاب یا حذف می‌شوند و در صورت استفاده از مدل یک متغیره برای آنالیز رکوردهای هر دوره شیردهی، این امر می‌تواند در برآورد وراثت‌پذیری دوره‌های شیردهی بعدی اثر گذاشته و سبب برآوردهای پایین‌تر از مقدار واقعی برای دوره‌های شیردهی بالاتر گردد (ویشر و تامسون، ۱۹۹۲؛ صفی‌جهانشاهی و همکاران، ۱۳۸۲). در مدل تکرار رکورد فرض بر این است که رکوردهای تکراری یک حیوان مربوط به یک صفت هستند. به عبارت دیگر در این روش همبستگی ژنتیکی بین همه جفت رکوردهای تکراری، یکسان و برابر با یک در نظر گرفته می‌شود. همچنین فرض می‌شود که واریانس همه رکوردها برابر بوده و همبستگی محیطی بین همه جفت رکوردهای تکراری نیز برابر با یک است. یکی از مزایای بکارگیری روش مدل تکرار رکورد این است که می‌توان ضریب تکرارپذیری صفت تولید شیر دوره‌های مختلف شیردهی را محاسبه کرد. همچنین این روش نسبت به مدل چند متغیره هم از جهت نیاز محاسباتی کمتر و هم از جهت نیاز به تعداد پارامتر کمتر مناسب‌تر است. ولی از آنجا که در آنالیز داده‌های واقعی برخی از این فرض‌ها وجود ندارد، بهتر این است که از روش مدل چند متغیره به جای روش مدل تکرار رکورد استفاده شود. در روش مدل چند متغیره، همبستگی ژنتیکی بین رکوردهای مختلف در نظر گرفته شده و همچنین ارزیابی حیوانات برای دو یا چند صفت به طور هم‌زمان انجام می‌شود. در این روش به دلیل وجود کواریانس باقیمانده بین صفات و ارتباط بهتر بین آن‌ها، دقت ارزیابی نیز افزایش می‌یابد، ولی نیاز به برآوردهای قابل اعتمادی از همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات دارد که ممکن است چنین برآوردهایی در دسترس نباشد (مرود، ۲۰۰۵).

امیدهای ریاضی و واریانس اثرات تصادفی این مدل به صورت زیر است.

$$E(y) = \mu + HYS_i + b(Age_i - \overline{Age}), E(a) = 0, E(e) = 0, \\ V(y) = ZGZ' + R \quad var \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

در این روابط A ماتریس روابط خویشاوندی،  $\sigma_a^2$  واریانس ژنتیکی افزایشی و  $\sigma_e^2$  واریانس باقی‌مانده است. در تجزیه و تحلیل یک متغیره فرض می‌شود که کواریانس بین دوره‌های مختلف شیرواری و همچنین کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی و باقی‌مانده صفر است.

معادله مدل تکرار رکورد به صورت زیر است.

(۲)

$$y_{ijkl} = \mu + HYS_i + b(Age_j - \overline{Age}) + a_k + p_l + e_{ijkl}$$

در این مدل  $y_{ijkl}$  مشاهده مربوط به رکورد تولید شیر،  $\mu$  میانگین،  $HYS_i$  اثر ثابت گله-سال-فصل زایش، b ضریب رگرسیون تولید شیر از سن در هنگام زایش،  $a_k$  اثر ژنتیکی افزایشی مربوط به حیوان،  $p_l$  اثر تصادفی مربوط به محیط دائمی حیوان و  $e_{ijkl}$  اثر تصادفی خطا می‌باشد. امیدهای ریاضی و واریانس اثرات تصادفی این مدل به صورت زیر می‌باشد.

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad Var \begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

در این رابطه A ماتریس روابط خویشاوندی افزایشی،  $\sigma_a^2$  واریانس ژنتیکی افزایشی،  $\sigma_e^2$  واریانس باقی‌مانده،  $\sigma_p^2$  واریانس محیط دائمی و I ماتریس یکه یا همانی<sup>۱</sup> است که ابعاد آن برابر با تعداد حیوانات موجود در شجره می‌باشد.

معادله مدل سه متغیره به شکل ماتریسی به صورت زیر است.

(۳)

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_1 & 0 & 0 \\ 0 & x_2 & 0 \\ 0 & 0 & x_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} z_1 & 0 & 0 \\ 0 & z_2 & 0 \\ 0 & 0 & z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

هدف از پژوهش حاضر مقایسه مدل‌های مختلف یک متغیره، چند متغیره و مدل تکرار رکورد در برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر ۳۰۵ روز در گاوهای هلشتاین استان اصفهان بود.

## مواد و روش‌ها

در این پژوهش از ۵۴۷۵۳ رکورد تولید شیر ۳۰۵ روز شیردهی مربوط به سه دوره شیردهی اول ۲۱۳۴۶ رأس گاو شیری متعلق به ۲۸ واحد گاوداری که طی ۲۰ سال در سال‌های ۱۳۷۲ تا ۱۳۹۲ در استان اصفهان جمع‌آوری شده بود، استفاده گردید. تمام رکوردها برای ۳۰۵ روز شیردهی و دو بار دوشش در روز تصحیح شده بودند. از رکوردهای حیواناتی که سن آن‌ها در زایش اول در محدوده ۱۶۲۷-۵۷۰ روز و تولید شیر در کل دوره‌ی شیردهی آن‌ها بین ۱۰۴۱/۳۸ تا ۱۴۵۲۵/۲۸ کیلوگرم بود استفاده گردید. حیواناتی که دارای رکوردهای حاوی خطاهای آشکار در تاریخ تولد و تاریخ زایش بودند از مجموعه داده مورد آنالیز حذف گردیدند. برای ویرایش و آماده‌سازی فایل داده‌ها از نسخه ۲۰۱۰ نرم‌افزار Excel و SAS 9.1 استفاده شد. برای در نظر گرفتن روابط کامل خویشاوندی بین حیوانات از شجره کامل حیوانات استفاده شد. با استفاده از نرم‌افزار SAS عوامل غیرژنتیکی اثرگذار بر صفت تولید شیر یا همان عوامل ثابت مورد استفاده در مدل‌های آماری تعیین شدند. عوامل ثابت گله، سال زایش، فصل زایش و سن فرد در هنگام زایش (متغیر کمکی) توسط رویه GLM نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۱ مورد بررسی قرار گرفتند. از نرم‌افزار اصلاح نژادی WOMBAT (میر، ۲۰۰۷) برای برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی استفاده گردید. آنالیز داده‌ها با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده و الگوریتم میانگین اطلاعات و توسط مدل‌های حیوانی زیر انجام شد. از مدل ۱ برای تجزیه و تحلیل یک متغیره استفاده شد.

$$y_{ijk} = \mu + HYS_i + b(Age_j - \overline{Age}) + a_k + e_{ijk} \quad (۱)$$

در این مدل  $y_{ijk}$  مشاهده مربوط به رکورد تولید شیر،  $\mu$  میانگین،  $HYS_i$  اثر ثابت گله-سال-فصل زایش، b ضریب رگرسیون تولید شیر از سن در هنگام زایش،  $a_k$  اثر ژنتیکی افزایشی مربوط به حیوان و  $e_{ijk}$  اثر تصادفی خطا می‌باشد.

<sup>۱</sup>- Identity Matrix

ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی برای اثرات مستقیم صفات ۱، ۲ و ۳ (تولید شیر دوره‌های شیردهی اول، دوم و سوم به عنوان صفات مختلف)،  $g_{12}$ ،  $g_{13}$ ،  $g_{21}$ ،  $g_{23}$ ،  $g_{31}$  و  $g_{32}$  کواریانس ژنتیکی افزایشی بین صفات،  $A$  ماتریس روابط خویشاوندی بین حیوانات است. ماتریس  $R$  نیز ماتریس واریانس - کواریانس اثرات باقی‌مانده می‌باشد که عناصر آن با  $\Gamma_{ij}$  مشخص شده است.

### نتایج و بحث

ساختار و خصوصیات داده‌های مربوط به صفت تولید شیر به تفکیک دوره‌های شیردهی مورد مطالعه در جدول ۱ ارائه شده است. تعداد رکوردها در دوره‌های شیردهی متوالی دارای روندی کاهشی است که دلیل آن را می‌توان ناشی از حذف حیوانات بر اساس رکورد دوره شیردهی قبلی آنها دانست. همچنین مقدار میانگین تولید شیر با افزایش دوره شیردهی کاهش یافته است که دلیل این کاهش میانگین تولید نیز می‌تواند همان کاهش تعداد رکوردها با افزایش دوره شیردهی باشد.

در این معادله  $y_1$ ،  $y_2$  و  $y_3$  به ترتیب رکوردهای تولید شیر مربوط به اولین، دومین و سومین دوره شیردهی حیوانات،  $x_1$  و  $x_2$  ماتریس‌های ضرایب عوامل ثابت برای دوره‌های شیردهی مختلف،  $Z_1$ ،  $Z_2$  و  $Z_3$  ماتریس‌های ضرایب عوامل تصادفی برای دوره‌های شیردهی مختلف،  $b_1$ ،  $b_2$  و  $b_3$  بردارهای اثر عوامل ثابت،  $a_1$ ،  $a_2$  و  $a_3$  بردارهای ارزش‌های اصلاحی حیوانات و  $e_1$ ،  $e_2$  و  $e_3$  بردارهای اثرات باقی‌مانده هستند.

امید ریاضی و ماتریس واریانس - کواریانس این معادله به صورت زیر است.

$$E(y)=xb, V(y)=ZGZ'+R$$

$$Var \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11} * A & g_{12} * A & g_{13} * A \\ g_{21} * A & g_{22} * A & g_{23} * A \\ g_{31} * A & g_{32} * A & g_{33} * A \end{bmatrix} = G$$

$$Var \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & r_{13} \\ r_{21} & r_{22} & r_{23} \\ r_{31} & r_{32} & r_{33} \end{bmatrix} = R$$

در این روابط  $G$  یک ماتریس واریانس - کواریانس ژنتیکی افزایشی برای اثرات حیوان است که در آن  $g_{11}$ ،  $g_{22}$  و  $g_{33}$  به

جدول ۱- ساختار داده‌های صفت تولید شیر ۳۰۵ روز به تفکیک دوره‌های شیردهی

دوره شیردهی	تعداد حیوانات در شجره	تعداد پدرها	تعداد مادرها	تعداد رکوردها	میانگین سن زایش (روز)	میانگین دوره شیردهی (کیلوگرم)	انحراف تغییرات	ضریب تغییرات
اول	۳۸۶۰۸	۱۲۹۹	۱۸۸۹۷	۲۱۳۴۶	۷۸۱	۹۹۹۷/۸۱	۱۷۹۶/۳۳	۲۲/۹۶
دوم	۳۸۶۰۸	۱۲۸۹	۱۸۷۷۴	۲۰۸۲۸	۱۲۰۱	۹۳۰۱/۹۷	۲۰۷۷/۴۶	۲۲/۳۳
سوم	۳۸۶۰۸	۱۰۴۱	۱۲۳۲۵	۱۲۵۷۹	۱۶۱۳	۹۲۱۹/۹۲	۲۱۲۵/۷۲	۲۱/۰۵

وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفت تولید شیر توسط مدل‌های یک متغیره و سه متغیره در جدول ۲ ارائه شده است. همانطور که در این جدول نشان داده شده است، وراثت‌پذیری صفت تولید شیر در سه دوره شیردهی اول در مدل یک متغیره به ترتیب ۰/۲۷، ۰/۲۰ و ۰/۱۹ برآورد گردید. بحرینی بهزادی و همکاران (۲۰۱۳) در پژوهش خود در گاوهای شیری هلشتاین استان خراسان رضوی وراثت‌پذیری صفت تولید شیر را با استفاده از مدل یک متغیره برای سه دوره شیردهی اول به ترتیب ۰/۲۷، ۰/۲۰ و ۰/۱۳ گزارش کردند. وراثت‌پذیری صفت تولید شیر دوره‌های شیردهی اول و دوم پژوهش حاضر با گزارش بحرینی بهزادی و همکاران (۲۰۱۳) برابر است. تیموریان و همکاران (۱۳۹۰) وراثت‌پذیری

میانگین صفت تولید شیر به دست آمده در پژوهش حاضر در مقایسه با میانگین‌های ارائه شده در مطالعات بحرینی بهزادی و همکاران (۲۰۱۳) در گاوهای هلشتاین استان خراسان رضوی، صفی‌جهانشاهی و همکاران (۱۳۸۲) در گاوهای هلشتاین ایران، طاهری دزفولی و بیگی نصیری (۱۳۸۵) در گاوهای هلشتاین استان خوزستان، رضوی و همکاران (۱۳۸۰) در گاوهای هلشتاین استان مرکزی و شیخلو و همکاران (۱۳۸۸) در گاوهای هلشتاین ایران بالاتر به دست آمد که می‌تواند بیانگر روند فنوتیپی مثبت برای این صفت در سال‌های اخیر در استان اصفهان باشد. عوامل ثابت گله، سال، فصل زایش و سن زایش (متغیر کمکی) دارای اثر معنی‌دار ( $P < 0.01$ ) بر صفت تولید شیر بودند. مؤلفه‌های واریانس و

ایران است. وراثت‌پذیری تولید شیر در آنالیز یک متغیره در پژوهش حاضر با افزایش دوره شیردهی کاهش یافته که این روند در بیشتر تحقیقات مانند بحرینی بهزادی و همکاران (۲۰۱۳)، ویشر و تامسون (۱۹۹۲)، تیموریان و همکاران (۱۳۹۰)، شیخلو و همکاران (۱۳۸۸)، محمدنظری (۱۳۸۰) و صفی‌جهانشاهی و همکاران (۱۳۸۲) نیز مشاهده شده است. این کاهش وراثت‌پذیری تولید شیر در آنالیز یک متغیره با افزایش دوره شیردهی می‌تواند به علت زیاد شدن واریانس باقی‌مانده همراه با افزایش دوره شیردهی باشد. مقدار واریانس باقی‌مانده در دوره دوم نسبت به دوره اول ۱/۵ برابر شده است و این در حالی است که واریانس ژنتیکی افزایشی مقداری کاهش داشته است. این تفاوت در مقدار واریانس‌های مختلف می‌تواند به دلیل تغییر و بیشتر شدن میانگین تولید شیر دوره‌های شیردهی اول تا سوم باشد (ویشر و تامسون، ۱۹۹۲؛ و ددکوا و همکاران، ۲۰۰۱).

صفت تولید شیر را با استفاده از مدل یک متغیره برای سه دوره شیردهی اول به ترتیب ۰/۲۷، ۰/۲۲ و ۰/۱۸ برآورد کردند. صفی‌جهانشاهی و همکاران (۱۳۸۲) و شیخلو و همکاران (۱۳۸۸) نیز با استفاده از مدل یک متغیره، وراثت‌پذیری را برای صفت تولید شیر در سه دوره شیردهی اول تا سوم ۰/۲۷، ۰/۲۳، ۰/۱۴ و ۰/۲۷، ۰/۲۱، ۰/۱۷ محاسبه کردند. طاهری دزفولی و بیگی نصیری (۱۳۸۵) در پژوهش خود در گاوهای هلشتاین استان خوزستان وراثت‌پذیری صفت تولید شیر دوره شیردهی اول را ۰/۲۴ گزارش کردند. ویشر و تامسون (۱۹۹۲) و دالین و همکاران (۱۹۹۸) وراثت‌پذیری صفت تولید شیر برای دوره‌های شیردهی اول تا سوم را به ترتیب ۰/۳۹، ۰/۳۶، ۰/۲۳ و ۰/۱۴، ۰/۱۱، ۰/۱۵ برآورد نمودند. همانطور که مشخص می‌شود برآورد وراثت‌پذیری صفت تولید شیر با استفاده از مدل یک متغیره در پژوهش حاضر در محدوده گزارش‌های مربوط به گاوهای هلشتاین

جدول ۲- مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر ۳۰۵ روز

شیر ۳۰۵ روز	واریانس ژنتیکی افزایشی		واریانس باقی‌مانده		واریانس فنوتیپی		وراثت‌پذیری	
	یک متغیره	سه متغیره	یک متغیره	سه متغیره	یک متغیره	سه متغیره	یک متغیره	سه متغیره
دوره شیردهی اول	۵۳۴۴۳۶	۵۷۴۸۸۶	۱۴۰۲۷۰۰	۱۳۷۲۰۸۰	۱۹۳۷۱۰۰	۱۹۴۶۹۶۰	۰/۲۷	۰/۳۰
دوره شیردهی دوم	۵۱۵۸۵۰	۵۹۳۰۵۵	۲۰۹۹۱۰۰	۲۰۴۰۳۷۰	۲۶۱۵۰۱۰	۲۶۳۳۴۲۰	۰/۲۰	۰/۲۳
دوره شیردهی سوم	۵۲۳۰۱۹	۶۱۴۷۰۱	۲۱۹۹۹۸۰	۲۱۸۷۴۸۰	۲۷۲۳۰۰۰	۲۸۰۲۱۸۰	۰/۱۹	۰/۲۲

خراسان رضوی وراثت‌پذیری صفت تولید شیر را با استفاده از مدل سه متغیره برای سه دوره شیردهی اول به ترتیب ۰/۲۸، ۰/۲۳ و ۰/۱۷ گزارش کردند. وراثت‌پذیری صفت تولید شیر دوره شیردهی دوم پژوهش حاضر با گزارش بحرینی بهزادی و همکاران (۲۰۱۳) برابر است. تیموریان و همکاران (۱۳۹۰) وراثت‌پذیری صفت تولید شیر را با استفاده از مدل سه متغیره برای دوره‌های شیردهی اول تا سوم به ترتیب ۰/۲۸، ۰/۲۴، ۰/۱۸ گزارش کردند. شیخلو و همکاران (۱۳۸۸) در پژوهشی با استفاده از مدل سه متغیره وراثت‌پذیری صفت تولید شیر را در سه دوره شیردهی اول به ترتیب ۰/۲۸، ۰/۲۷ و ۰/۲۶ برآورد کردند. محمدنظری (۱۳۸۰) وراثت‌پذیری صفت تولید شیر را در دوره شیردهی اول، دوم و سوم به ترتیب ۰/۳۰، ۰/۲۷ و ۰/۲۰ گزارش کرد. ویشر و تامسون (۱۹۹۲) وراثت‌پذیری صفت تولید شیر دوره‌های شیردهی اول تا سوم

تفاوت بین برآوردهای این مطالعه با برآوردهای گزارش شده در سایر منابع را می‌توان به تفاوت سطح تولید گله، نقص اطلاعات شجره و همچنین عدم برازش سطوح ژنتیکی گروه‌های والدین ناشناخته، تفاوت در ساختار داده‌های مورد استفاده و همچنین مدل مورد استفاده نسبت داد. پژوهش ون‌ولک و همکاران (۱۹۸۸) نشان داد که وراثت‌پذیری تولید شیر در گله‌های دارای تولید زیاد در مقایسه با گله‌های با تولید کم بیشتر است. همچنین سوزوکی و ون‌ولک (۱۹۹۴) نشان دادند که معلوم نبودن والدین در داده‌های مورد بررسی سبب می‌شود که واریانس‌های ژنتیکی کمتر از مقدار واقعی برآورد شوند. وراثت‌پذیری صفت تولید شیر سه دوره شیردهی اول تا سوم در مدل سه متغیره در پژوهش حاضر به ترتیب ۰/۳۰، ۰/۲۳ و ۰/۲۲ برآورد گردید. بحرینی بهزادی و همکاران (۲۰۱۳) در پژوهش خود در گاوهای شیری هلشتاین استان

مدل یک متغیره دیده نشد و به همین دلیل میزان وراثت‌پذیری نسبت به مدل یک متغیره افزایش نشان داده است. گزارش شده است که در تجزیه و تحلیل یک متغیره، برآورد پارامترهای ژنتیکی دوره‌های شیردهی دوم و سوم ممکن است دارای اریبی باشند. این اریبی می‌تواند ناشی از حذف حیوانات بر اساس عملکرد دوره شیردهی قبلی و در نظر نگرفتن آن‌ها در تجزیه و تحلیل داده‌های دوره‌های شیردهی بعدی باشد (صفی‌جهانشاهی و همکاران، ۱۳۸۲). در واقع با بالا رفتن دوره شیردهی، واریانس باقی‌مانده و به تبع آن واریانس فنوتیپی افزایش یافته است در حالی که وراثت‌پذیری کاهش پیدا کرده است که دلیل آن می‌تواند در نظر نگرفتن انتخاب حیوانات بر اساس دوره شیردهی قبلی در آنالیز یک متغیره باشد. به همین دلیل وراثت‌پذیری به دست آمده برای دوره‌های شیردهی دوم به بعد در آنالیز یک متغیره به علت در نظر نگرفتن حذف حیوانات بر اساس دوره شیردهی قبلی دارای اریبی خواهند بود.

مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی برآورد شده برای صفت تولید شیر توسط مدل تکرار رکورد در جدول ۳ ارائه شده است. وراثت‌پذیری و تکرارپذیری در مدل تکرار رکورد به ترتیب ۰/۲۴ و ۰/۴۹ برآورد گردید. وراثت‌پذیری صفت تولید شیر به دست آمده از مدل تکرار رکورد در محدوده‌ی وراثت‌پذیری حاصل از مدل‌های یک متغیره و سه متغیره حاصل در پژوهش حاضر است.

را در تجزیه و تحلیل سه متغیره به ترتیب ۰/۴۰، ۰/۳۳، ۰/۳۰ گزارش کردند. ددکوا و همکاران (۲۰۰۱) با استفاده از مدل سه متغیره برای رکوردهای تولید شیر دوره‌های شیردهی اول تا سوم وراثت‌پذیری این صفت را در سه دوره شیردهی به ترتیب ۰/۳۰، ۰/۲۸ و ۰/۳۰ برآورد کردند. همچنین همانند نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل یک متغیره، برآوردهای وراثت‌پذیری صفت تولید شیر با استفاده از مدل سه متغیره در پژوهش حاضر نزدیکی بیشتری به گزارش‌های مربوط به گاوهای هلشتاین ایران دارد. نتایج تجزیه و تحلیل سه متغیره نشان داد که واریانس ژنتیکی افزایشی با افزایش دوره‌های شیردهی از دوره اول تا دوره سوم افزایش یافته است که می‌تواند ناشی از عامل حذف اطلاعات دوره‌های شیردهی قبلی باشد. این افزایش واریانس ژنتیکی افزایشی با افزایش دوره‌های شیردهی از دوره اول تا دوره سوم در تجزیه و تحلیل یک متغیره مشاهده نشد. به طور کلی هر سه واریانس ژنتیکی افزایشی، باقی‌مانده و فنوتیپی از دوره اول تا دوره سوم شیردهی دارای روندی افزایشی بودند. افزایش واریانس‌های باقی‌مانده و فنوتیپی از دوره اول به دوره دوم بیشتر از دوره دوم به دوره سوم بود که این موضوع باعث اختلاف بیشتر وراثت‌پذیری تولید شیر دوره اول و دوم شده است. در مدل چند متغیره احتمالاً به علت در نظر گرفتن حیوانات حذف شده بر اساس دوره شیردهی قبلی و با توجه به در نظر گرفتن روابط کامل خویشاوندی، میزان واریانس افزایشی برای دوره‌های شیردهی اول تا سوم افزایش داشته که این حالت در

جدول ۳- مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر توسط مدل تکرار رکورد

صفت	واریانس ژنتیکی افزایشی	واریانس محیطی دائم	واریانس باقی‌مانده	وراثت‌پذیری (خطای معیار)	تکرارپذیری (خطای معیار)
شیر ۳۰۵ روز	۵۸۳۷۳۶	۶۱۸۶۳۶	۱۲۵۱۳۹۰	۰/۲۴ (۰/۱۱)	۰/۴۹ (۰/۲۱)

کردند. در پژوهشی دیگر شیخلو و همکاران (۱۳۸۸) وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفت تولید شیر را با استفاده از این مدل به ترتیب ۰/۲۲ و ۰/۴۴ گزارش نمودند. رضوی و همکاران (۱۳۸۶) با استفاده از مدل تکرار رکورد، وراثت‌پذیری تولید شیر را ۰/۲۰ و تکرارپذیری این صفت را ۰/۴۶ برآورد کردند. همچنین عبدالله و مک‌دانیل (۲۰۰۰) وراثت‌پذیری و تکرارپذیری این صفت را به ترتیب ۰/۲۵ و ۰/۴۶ گزارش نمودند. دماتاویوا و برگر (۱۹۹۸) وراثت‌پذیری صفت تولید شیر با استفاده از مدل تکرار رکورد را ۰/۲۰ و تکرارپذیری این صفت را ۰/۴۲ برآورد کردند. ویشر و تامسون (۱۹۹۲) از طریق

وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفت تولید شیر با استفاده از مدل تکرار رکورد در پژوهش حاضر اندکی بالاتر از بیشتر گزارش‌های موجود در منابع بوده ولی به طور کلی برآوردهای تقریباً مشابهی گزارش شده است. صفی‌جهانشاهی و همکاران (۱۳۸۲) در پژوهش خود وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفت تولید شیر را با استفاده از مدل تکرار رکورد به ترتیب ۰/۲۲ و ۰/۴۷ برآورد کردند. بحرینی بهزادی و همکاران (۲۰۱۳) در پژوهش خود در گاوهای شیری هلشتاین استان خراسان رضوی وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفت تولید شیر را با استفاده از مدل تکرار رکورد به ترتیب ۰/۲۱ و ۰/۴۷ گزارش

شیردهی مختلف یک باشد در نظر گرفته می‌شود. دوورس و همکاران (۱۹۹۸) نیز نشان داده‌اند که استفاده از مدل تکرار رکورد برای ارزیابی حیوانات می‌تواند سبب انتخاب حیوانات مسن‌تر گله شود.

مؤلفه‌های کواریانس و همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی، محیطی و فنوتیپی بین صفت تولید شیر دوره‌های شیردهی مختلف برآورد شده در جدول ۴ نشان داده شده است. همبستگی ژنتیکی بین صفت تولید شیر دوره‌های شیردهی اول و دوم، اول و سوم، دوم و سوم به ترتیب ۰/۹۱، ۰/۸۶ و ۰/۹۷ برآورد شد که نزدیک به گزارش بحرینی بهزادی و همکاران (۲۰۱۳) است. بحرینی بهزادی و همکاران (۲۰۱۳) در پژوهش خود در گاوهای هلشتاین استان خراسان رضوی همبستگی ژنتیکی بین صفت تولید شیر دوره‌های شیردهی اول و دوم، اول و سوم، دوم و سوم به ترتیب ۰/۸۷، ۰/۹۳ و ۰/۹۷ گزارش کردند. به طور کلی مقادیر همبستگی‌های ژنتیکی بین تولید شیر دوره‌های شیردهی مختلف در پژوهش حاضر بالا و نزدیک به یک برآورد شد.

تجزیه و تحلیل مدل حیوانی تکرار رکورد، تکرارپذیری صفت تولید شیر را ۰/۵۶ گزارش کردند. این تفاوت‌های موجود در برآوردهای گزارش شده می‌تواند ناشی از دخالت منابع محیطی در رکوردهای شیردهی مثل آسیب دیدگی حیوان، اثرات طول دوره خشکی و در نتیجه افزایش واریانس محیطی باشد. در بعضی از مطالعات انجام شده به دلیل محدودیت برنامه نرم‌افزاری مورد استفاده برای تعداد سطوح اثر محیطی دائمی فقط حیواناتی که دارای همه رکوردها برای دوره‌های شیردهی متوالی بودند، در تجزیه و تحلیل مدل تکرار رکورد استفاده شدند و گزارش شده است که اینکار می‌تواند سبب ایجاد برآوردهایی اریب از پارامترهای ژنتیکی شود (صفی‌جهانشاهی و همکاران، ۱۳۸۲). به همین دلیل در پژوهش حاضر از تمامی حیوانات موجود بدون در نظر گرفتن تعداد رکوردها در آنالیز مربوط به مدل تکرار رکورد استفاده شد. در اکثر کشورها برای ارزیابی ژنتیکی حیوانات با استفاده از مدل حیوانی تکرار رکورد از اطلاعات سه دوره شیردهی اول تا سوم استفاده شده است (اینتربول، ۱۹۹۲). مدل تکرار رکورد به عنوان یک مدل چند متغیره با فرض اینکه همبستگی ژنتیکی افزایشی بین دوره‌های

جدول ۴- مؤلفه‌های کواریانس و همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی، محیطی و فنوتیپی بین صفت شیر ۳۰۵ روز دوره‌های شیردهی مختلف بر اساس تجزیه و تحلیل سه متغیره

صفت اول	صفت دوم	کواریانس ژنتیکی افزایشی	کواریانس فنوتیپی	کواریانس محیطی	همبستگی ژنتیکی افزایشی	همبستگی فنوتیپی	همبستگی محیطی
دوره شیردهی اول	دوره شیردهی دوم	۵۳۰۵۰۷	۱۱۳۲۲۵۰	۶۰۱۷۴۰	۰/۹۱	۰/۵۰	۰/۳۶
دوره شیردهی اول	دوره شیردهی سوم	۵۱۲۶۰۶	۱۰۴۷۶۰۰	۵۳۴۹۹۳	۰/۸۶	۰/۴۵	۰/۳۱
دوره شیردهی دوم	دوره شیردهی سوم	۵۸۳۷۳۷	۱۴۴۸۱۹۰	۸۶۴۴۵۲	۰/۹۷	۰/۵۳	۰/۴۱

دوره‌های غیر متوالی (اول و سوم) است که در پژوهش حاضر نیز این نتیجه حاصل شد. همبستگی فنوتیپی و محیطی نیز دارای چنین روندی بودند.

به طور کلی نتایج این پژوهش نشان داد که در تجزیه و تحلیل یک متغیره وراثت‌پذیری صفت تولید شیر ۳۰۵ روز در دوره اول شیردهی بالاتر از دوره‌های شیردهی دوم و سوم بود که این حالت می‌تواند به دلیل عواملی باشد که دوره‌های شیردهی بعدی را تحت تاثیر خود ندارند. نتایج تجزیه و

صفی‌جهانشاهی و همکاران (۱۳۸۲) همبستگی ژنتیکی بین صفت تولید شیر دوره‌های شیردهی اول و دوم، اول و سوم، دوم و سوم را به ترتیب ۰/۹۴، ۰/۹۲ و ۰/۹۸ گزارش کردند. تیموریان و همکاران (۱۳۹۰) نیز همبستگی ژنتیکی بین دوره‌های شیردهی اول و دوم، اول و سوم، دوم و سوم را به ترتیب ۰/۸۹، ۰/۸۵ و ۰/۹۴ برآورد کردند. بحرینی بهزادی و همکاران (۲۰۱۳)، ویشر و تامسون (۱۹۹۲) و گارسیاکورتز و همکاران (۱۹۹۵) گزارش کردند که همبستگی ژنتیکی بین دوره‌های شیردهی متوالی (اول و دوم، دوم و سوم) بیشتر از

تولید شیر دوره‌های شیردهی بعدی نیز می‌گردد. در مجموع می‌توان چنین نتیجه‌گیری نمود که استفاده از مدل چند متغیره در مقایسه با مدل‌های یک متغیره و تکرار رکورد علیرغم هزینه و زمان محاسباتی زیاد آن، برای برآورد مؤلفه‌های ژنتیکی صفات تولید شیر گاوهای شیری مناسب‌تر می‌باشد.

تحلیل سه متغیره نشان داد که وراثت‌پذیری تولید شیر دوره‌های شیردهی اول تا سوم نسبت به تجزیه و تحلیل یک متغیره افزایش داشته است که می‌تواند ناشی از در نظر گرفتن اثر انتخاب حیوانات بر اساس دوره شیردهی قبلی باشد. همچنین میزان تکرارپذیری بالای به دست آمده برای صفت تولید شیر می‌تواند این نتیجه را حاصل کند که انتخاب بر مبنای تولید شیر دوره اول شیردهی منجر به افزایش میانگین

## منابع

- تیموریان، م.، اسلمی‌نژاد، ع.ا.، و طهمورث‌پور، م.، ۱۳۹۰. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی در گاوهای هلشتاین. نشریه پژوهش‌های علوم دامی ایران. شماره ۲، صفحات ۱۸۴-۱۷۹.
- خیرآبادی، خ.، علیجانی، ص.، رأفت، س. ع. و مقدم، غ. ع.، ۱۳۹۲. مقایسه دو روش آماری مختلف در برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس صفات تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران. نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان. شماره ۴، صفحات ۱۴۲-۱۲۷.
- رزم‌کبیر، م.، مرادی شهر بابک، م.، پاکدل، ع. و نجاتی جوارمی، ا.، ۱۳۸۹. برآورد اجزای واریانس صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران. چهارمین کنگره علوم دامی ایران. ۳۰-۲۹ شهریور، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج. صفحات ۲۷۵۹-۲۷۵۶.
- رضوی، ر. م.، وطن‌خواه، ح.، میرزایی، ر. و رکوعی، م.، ۱۳۸۶. برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی در گاوهای هلشتاین استان مرکزی. مجله پژوهش و سازندگی در امور دام و آبزیان. شماره ۷۷، صفحات ۶۲-۵۶.
- شیخلو، م. ر.، شجاع، ج.، پیرانی، ن.، علیجانی، ص. و رأفت، ع.، ۱۳۸۸. برآورد وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفات تولید شیر و چربی گاوهای هلشتاین ایران با کمک مدل‌های تک متغیره و چند متغیره. مجله پژوهش‌های علوم دامی. شماره ۱، صفحات ۶۸-۶۱.
- صفی‌جهانشاهی، ا.، واعظ‌ترشیزی، ر.، امام جمعه‌کاشان، ن. و صیادنژاد، م. ب.، ۱۳۸۲. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل‌های حیوانی مختلف. مجله علوم کشاورزی ایران. شماره ۱، صفحات ۱۸۶-۱۷۷.
- طاهری‌دزفولی، ب.، و بیگی نصیری، م. ت.، ۱۳۸۵. تخمین پارامترهای ژنتیکی صفات تولید شیر گاوهای نژاد هلشتاین در استان خوزستان. مجله علمی کشاورزی. شماره ۳، صفحات ۲۲-۱۱.
- محمدنظری، ب.، ۱۳۸۰. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولید شیر و فاصله زایش گاوهای هلشتاین ایران. پایان‌نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس.
- Abdallah, J.M. and McDaniel, B.T., 2000. Genetic parameters and trends of milk, fat, days open, and body weight after calving in North Carolina experimental herds. *Journal of Dairy Sciences*. 83: 1364-1370.
- Bahreini Behzadi, M.R., Amini, A., Aslaminejad, A.A. and Tahmoorespour, M., 2013. Estimation of genetic parameters for production traits of Iranian Holstein dairy cattle. *Livestock Research for Rural Development*. 25: Article No. 156. <http://www.lrrd.org/lrrd25/9/bahr25156.htm>.
- Dahlin, A., Khan, U.N., Zafar, A.H., Saleem, M., Chaudhry, M.A. and Philipsson, J., 1998. Genetic and environmental causes of variation in milk production traits of Sahiwal cattle in Pakistan. *Animal Science*. 66: 307-318.
- Dedkova, L. and Wolf, J., 2001. Estimation of genetic parameter for milk production traits in Czech dairy cattle population. *Journal of Animal Sciences*. 46: 298-307.
- Dematawewa, C. and Berger, P.J., 1998. Genetic and Phenotypic Parameters for 305-Day Yield, Fertility, and Survival in Holsteins. *Journal of Dairy Sciences*. 81: 2700-2709.
- De Vries, R.P., Van Der Waaij, E.H. and Van Arendonk, J.A.M., 1998. Estimation of genetic parameters for litter size in sheep: A comparison of a repeatability and a multivariate model. *Animal Science*. 66: 685-688.
- Garcia-Cortes, L.A., Moreno, C., Varona, L., Rico, M. and Altarriba, J., 1995. (Co)variance component estimation of yield traits between different lactations using an animal model. *Livestock Production Science*. 43: 111-117.
- Ghavi Hossein-Zadeh, N. and Ardalán, M., 2010. Estimation of genetic parameters for body weight traits and litter size of Moghani sheep, using a Bayesian approach via Gibbs sampling. *Journal of Agricultural Science*. 148: 363-370.
- Interbull. 1992. Sire evaluation procedures for dairy production traits practiced in various countries. Bulletin No. 5. Department of animal breeding and genetics, SLU, Uppsala, Sweden, 84 Pp.



- Meyer, K., 2007. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. *Journal of Zhejiang University Science B*, 8: 815–821.
- Suzuki, M. and Van Vleck, L.D., 1994. Heritability and repeatability for milk production traits of Japanese Holsteins from an animal model. *Journal of Dairy Science*. 77: 583-588.
- Mrode, R.A., 2005. *Linear models for the prediction of animal breeding values*. CABI Publishing. 344 Pp.
- Thompson, R., 1996. Design of experiments to estimate genetic parameters within population. In: *Evolution and Animal Breeding*, Hill, W.G., Mackay, T.F.C. CAB International. 169-174.
- Van Vleck, L.D., Dong, M.C. and Wiggans, G.R., 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.
- Vissher, P.M. and Thompson, R., 1992. Univariate and multivariate parameter estimates for milk production traits using an animal model. *Genetics Selection Evolution*. 24: 415-430.



## Comparison of genetic parameters of 305-day milk yield trait in dairy cows in Isfahan province by using different animal models

Z. Mehrpoor<sup>1</sup> and M.R. Bahreini Behzadi<sup>2\*</sup>

1- MSc Student, Department of Animal Science, Yasouj University

2- Assistant Professor, Department of Animal Science, Yasouj University

\*Corresponding Author Email: bahreini@yu.ac.ir

Submitted: 17 January 2016

Accepted: 22 January 2017

### Abstract

The purpose of this study was to compare different animal models to estimate genetic parameters of milk yield trait in dairy cows of Isfahan province. Variance components and genetic parameters included heritability and repeatability were estimated by using records of 21346 dairy cows from 28 herds collected during 20 years. Data analyses were undertaken using three different animal models. In the first model each lactation records separately were analyzed by univariate animal model. In the second and third models, the records of the first three lactations were analyzed using repeatability and a multivariate animal model. The numbers of records were 21346, 20828 and 12579 for the first 3 lactation, respectively. Heritability estimates of milk yield from univariate and multivariate analyses for lactation 1, 2 and 3 were 0.27, 0.20, 0.19 and 0.30, 0.23 and 0.22, respectively. The heritability and repeatability estimates of milk yield from repeatability model analysis were 0.24 and 0.49, respectively. Additive genetic and environmental correlations between first and second, first and third, and second and third lactations were 0.91, 0.86, 0.97 and 0.36, 0.31, 0.41, respectively. The corresponding estimates for phenotypic correlations were 0.50, 0.45 and 0.53, respectively. All estimates for additive genetic, environmental and phenotypic correlations were positive. Estimated additive genetic, environmental and phenotypic correlations showed that estimates between consecutive lactations (first and second, second and third) were larger than the estimates between nonconsecutive lactations (first and third). The results of this study showed that the multivariate model analysis is more suitable for estimating the genetic parameters of milk yield trait regardless high computational costs and has greater accuracy because of considering the effects of culling bias.

**Keywords:** Genetic parameters, Heritability, Milk yield, Multivariate model, Repeatability