Archive of SID

نشریه علوم دامی
شماره ۱۰۲، بهار ۱۳۹۳
(پژوهش و سازندگی)

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل‌های رگرسیون تصادفی و تکرارپذیر

• **حسن خان زاده**
دانش آموخته کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان
• **نوید قوی حسین زاده** (نویسنده مسئول)
عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان

تاریخ دریافت: مهر ماه ۱۳۹۱ تاریخ پذیرش: اردیبهشت ماه ۱۳۹۲
تلفن تماس نویسنده مسئول: ۶۶۹۰۲۷۴ ۰۱۳۱
Email:nhosseinzadeh@guilan.ac.ir

چکیده

در پژوهش حاضر به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل حیوانی تکرارپذیر برای رکوردهای تصحیح شده ۳۰۵ روز و مدل روزآزمون رگرسیون تصادفی از رکوردهای دورهٔ اول زایش جمع آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور طی سال های ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۹ استفاده شد. برای تعیین عوامل ثابت برازش یافته در مدل از رویه GLM استفاده شد. تجزیه و تحلیل داده ها با استفاده از الگوریتم AIREML انجام شد. در مدل رگرسیون تصادفی از نظر درجه برازش چندجمله ای های لژاندر درجه برازش ۵ و ۶ به ترتیب برای تجزیه اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی و اثر محیطی دائمی به عنوان مناسب ترین درجه برازش انتخاب شدند. وراثت پذیری و تکرارپذیری تولید شیر برای داده های تصحیح شده برای ۳۰۵ روز به ترتیب ۰/۲۰۹و ۰/۳۹۲ و با مدل تابعیت تصادفی به ترتیب ۰/۱۰۶ تا ۰/۲۷۸ و ۰/۶۸۸ تا ۰/۸۱۰ برآورد شد. میانگین وراثت پذیری تولید شیر در مدل تابعیت تصادفی روزآزمون به ویژه در ماه های چهارم تا اواخر دوره شیردهی بیشتر از وراثت پذیری در مدل تکرارپذیری بود.

کلمات کلیدی: پارامترهای ژنتیکی، مدل حیوانی تکرارپذیر، مدل روزآزمون تابعیت تصادفی، هلشتاین ایران

www.SID.ir

Archive of SID

Animal Sciences Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 102 pp: 52-59

Estimation of genetic parameters for milk yield of Iranian Holstein dairy cows using random regression and repeatability models

By: Khanzadeh H. Graduated MS.c Student, Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan . Ghavi Hossein-Zadeh N. (Corresponding Author; Tel: +98981316690274) Scientific Member of the Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan.

Received: October 2012 **Accepted: May 2013**

In the present study, the records collected by Animal Breeding Center of Iran between 2001 and 2010 were used to estimate the genetic parameters of Iranian Holstein milk yield trait with test day and 305 day corrected records. GLM procedure was used for fitting the fixed effects in the statistical models of analysis. Analysis was performed using AIREML algorithm. In random regression model the Legendre polynomial functions of orders (5, 6) were chosen to fit the additive genetic and permanent environmental effects. Heritability and repeatability estimates were 0.209 and 0.392 with repeatable animal model and 0.106 to 0.278 and 0.688 to 0.810 with random regression test day model, respectively. Average heritability of milk yield in random regression model was higher than one in repeatability animal model especially late in the fourth month of lactation, therefore the selection in this period and random regression model can be more accurate.

Keywords: Genetic parameters, Repeatability animal model, Random regression test day model, Iranian Holstein

مقدمه

هدف از اصلاح نژاد حیوانات بهبود ژنتیکی جمعیت حیوانات برای تولید مؤثرتر در آینده است. انتخاب افراد بر اساس تولید و استفاده از آنها به عنوان والدین مولد دوره بعدی می تواند مهم ترین هدف اصلاح نژاد باشد. پیش بینی دقیق ارزش اصلاحی حیوانات می تواند یکی از ابزارهای دستیابی به حداکثر پاسخ انتخاب در برنامه های اصلاح نژادی باشد (Yousefi-Golverdi و همکاران.، ۲۰۱۲). برای پیش بینی ارزش اصلاحی لازم است پارامترهای ژنتیکی صفات معلوم بوده و یا از طریق مدلی که برای ارزیابی حیوان استفاده می شود، برآورد گردد. در اکثر کشورهای توسعه یافته، برآورد مؤلفه های واریانس از طریق مدل حیوان[1] با روش حداکثر درست نمایی محدود شده[2] به علت ویژگی های مطلوب و قابلیت انعطاف آن استفاده گسترده ای پیدا کرده است (Interbull، ۱۹۹۲; Kennedy و همکاران.، ۱۹۹۸). در گاوهای شیری عملکرد صفات تولید شیر در مراحل مختلف در طول دوره شیردهی رکوردگیری می شوند و برای هر گاو حدود ۱۰ رکورد به ازای هر دوره شیردهی وجود دارد. در روش سنتی ارزیابی ژنتیکی، رکوردهای روزانه باید به یک معیار برای کل دوره شیردهی تبدیل شوند و برای هر دوره شیردهی یک رکورد به ازای هر حیوان به دست می آید. این باعث کاهش تعداد داده ها و کاهش حجم محاسبات می شود، اما امروزه به دنبال پیشرفت در تکنولوژی سخت افزاری کامپیوتر، تجزیه داده ها با حجم زیاد امکان پذیر شده است و مدل های روزآزمون توسعه یافته اند که می توان آنها را مستقیماً برای تجزیه داده های روزآزمون به کار برد (Szyda و Liu, ۲۰۰۸).

مدل تکرارپذیری برای مواردی که از یک صفت چندین رکورد از هر حیوان وجود دارد مناسب می باشد. به عنوان مثال، می توان تعداد نتاج در زایش های متوالی و یا میزان تولید شیر در دوره های شیردهی متوالی را ذکر نمود (InterBull، ۲۰۰۰). به طور کلی واریانس فنوتیپی شامل واریانس ژنتیکی (افزایشی و غیر افزایشی)، واریانس محیطی دائمی و واریانس محیطی موقت است. همچنین در این مدل فرض می شود که برای هر حیوان، همبستگی ژنتیکی بین کلیه جفت رکوردها برابر با یک بوده، واریانس همه رکوردها مساوی و همبستگی محیطی بین کلیه جفت رکوردها نیز یکسان و برابر می باشد. البته در تجزیه داده های واقعی، برخی از این فرض ها برقرار نیستند (Mrode، ۲۰۰۵). مدل تابعیت تصادفی (RRM) توسط هندرسون ارائه شده است (Henderson، ۱۹۸۲). برای اولین بار مدل RRM جهت تجزیه کوردهای روزآزمون شیر مورد استفاده قرار گرفت (Schaeffer و Dekkers، ۱۹۹۴). Meyer (۲۰۰۴) با استفاده از شبیه سازی داده ها نشان داد که جایگزینی مدل های RRM به جای مدل های رایج بواسطه افزایش میزان اطلاعات حاصل از هر دام، صحت ارزیابی ژنتیکی را افزایش خواهد داد. علاوه بر این RRM امکان برآورد ارزش اصلاحی برای کل یا بخشی از دوره شیردهی را می دهد (Bignardi و همکاران.، ۲۰۰۹).

هدف از این مطالعه برآورد پارامترها و ارزیابی ژنتیکی صفت تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از رکوردهای روزآزمون و تصحیح شده برای ۳۰۵ روز شیردهی با استفاده از مدل های

www.SID.ir

Archive of SID

ارزیابی ژنتیکی مختلف می باشد.

مواد و روش ها

در این مطالعه از ۵۱۵۰۴۹ رکورد روزآزمون دوره اول شیردهی و ۲۳۹۰۲۸ رکورد تصحیح شده برای ۳۰۵ روز شیر ۳ دوره شیردهی اول گاوهای هلشتاین که طی سال های ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۹ توسط مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور جمع آوری شده بودند استفاده شد. به دلیل بالا بودن حجم داده ها و محدودیت های محاسباتی استفاده از کل داده های مرکز اصلاح نژاد مقدور نبود. ویرایش داده ها با استفاده از نرم افزار Foxpro ۸ و Acces ۲۰۰۷ انجام شد. برای هر دو نوع داده ها سن زایش اول ۲۰ تا ۳۶ ماه در نظر گرفته شد و رکورد حیوانات با پدر نامعلوم، گاوهای نر با کمتر از ۱۰ دختر و گله های با کمتر از ۱۵۰ راس دام از فایل داده حذف شدند. برای رکوردهای روزآزمون تعداد رکورد روزآزمون برای هر دام ۸ تا ۱۲ رکورد در نظر گرفته شد و دامنه روزهای شیردهی بین ۵ تا ۴۰۰ روز در نظر گرفته شد. برای داده های تصحیح شده برای ۳۰۵ روز رکوردهای با کمتر از ۹۰ روز دوره شیردهی و رکوردهای با اولین دوره شیردهی مفقود حذف شدند. فایل شجره به نحوی آماده شد که حیوانات دارای رکورد به اضافه چند نسل از اجدادشان در آن حضور داشته باشند.

برای تعیین عوامل ثابت لحاظ شده در مدل تجزیه از رویه مدل خطی عمومی (GLM) نرم افزار SAS (SAS, ۲۰۰۰) استفاده شد. تجزیه و تحلیل داده ها برای برآورد پارامترهای ژنتیکی با استفاده از نرم افزار WOMBAT (Meyer, ۲۰۱۱) و در محیط لینوکس انجام شد. از الگوریتم AIREML برای برآورد اجزای واریانس استفاده شد.

مدل های مورد استفاده

داده های تصحیح شده برای ۳۰۵ روز شیردهی با استفاده از مدل حیوانی تکرارپذیر تک صفتی ذیل ارزیابی شدند:

(۱

$$y = Xb + Za + Wpe + e$$

که در این معادله؛ y: بردار مشاهدات برای صفت تولید شیر ، b: بردار اثرات ثابت شامل اثرات گله سال (Schutz و همکاران.، ۱۹۹۵)، فصل زایش و آثار خطی و درجه دوم سن زایش، a: بردار اثرات تصادفی حیوانات، Pe: بردار اثرات محیطی دائمی حیوانات، e: بردار اثرات تصادفی باقیمانده، X، Z و W: نیز ماتریس های طرحی هستند که رکوردها را به ترتیب به اثر عوامل ثابت، اثرات تصادفی و محیطی دائمی مرتبط می نمایند.

داده های روزآزمون با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی روزآزمون تک صفتی ذیل ارزیابی شدند:

(۲

$$Ymnptv = HTD_m + \sum_{f}^{۲} = cf\,(age_n)^f + \sum_{r}^{k} = o$$

$$\beta r \Phi r(dim_t) + eimnptv$$

که در این معادله؛ Y_{imnptv}: هر یک از رکوردهای تولیدی برای صفت تولید شیر، $m : HTD_m$ امین اثر ثابت گله-تاریخ روزآزمون، $f : Cf$ امین ضریب رگرسیون برای سن زایش، $n : age_n$ امین اثر سن زایش (متغیر همراه)، k: درجه برازش برای رگرسیون ثابت، $r : \beta r$ امین ضریب رگرسیون ثابت، k_a و kp : درجه برازش اثرات تصادفی حیوان و محیطی دائم، $r : \alpha pr$ امین ضریب رگرسیون تصادفی ژنتیکی افزایشی حیوان $r : \gamma pr\ P$ امین ضریب رگرسیون تصادفی محیطی دائمی حیوان $v : \Phi(dim_t)\ P$ امین چند جمله ای لژاندر از t امین روز شیردهی، $t{:}dim_t$ امین روز شیردهی و e_{mnptv} : اثر باقی مانده می‌باشد.

مدل استفاده شده تحت چندجمله ای های لژاندر از نظر درجه برازش اعمال شده برای برآورد پارامترهای تصادفی با ۹ حالت متفاوت تجزیه و تحلیل گردید. این ۹ حالت بر اساس آزمون $X^۲$ و در سطح احتمال ۵ درصد مقایسه شدند. درجه آزادی آماره برابر با اختلاف بین تعداد پارامترهای مورد نیاز برای برآورد اثرات تصادفی در دو مدل بود. وجود اختلاف معنی دار بین دو مدل به مفهوم بهتر بودن مدل با قدر مطلق لگاریتم تابع درست نمایی پایین تر جهت برازش رکوردها (بالاتر بودن دقت) است (Kettunen و همکاران، ۲۰۰۰).

وراثت پذیری در مدل رگرسیون تصادفی با استفاده از رابطه زیر به دست آمد.

(۲

$$h^۲ = v_a / v_a + v_{pe} + v_e$$

که در این رابطه $h^۲$ وراثت پذیری روزآزمون، v_a واریانس ژنتیکی افزایشی، v_{pe} واریانس محیطی دائمی و v_e واریانس اثر باقیمانده می باشد.

در مدل رگرسیون تصادفی ارزش اصلاحی حیوان i ام در روز t ام شیردهی به کمک رابطه زیر برآورد گردید:

(۳

$$EBV_t = \sum_{j=o}^{ka-۲} \alpha_{ij} \Phi j(dim_t)$$

که EBV_{it} ارزش حیوان i ام در روز t ام شیردهی، k_a درجه برازش برای اثر ژنتیکی افزایشی، α_{ij} ضرایب رگرسیون برای اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مربوط به حیوان i ام و $\Phi(dim_t)$ v امین چند جمله ای لژاندر از t امین روز شیردهی می باشد. بدین ترتیب ارزش اصلاحی حیوان i ام برای کل ۳۰۵ روز شیردهی از طریق جمع ارزش اصلاحی تک تک روزهای شیردهی برآورد می گردد. بدین منظور یک بردار تحت عنوان zc برآورد می شود که مساوی مجموع چندجمله ای های لژاندر برای هر درجه برازش است. zc برآورد شده در این تحقیق برای هر دو صفت به صورت ذیل بود:

(۴

zc = (۲۱۲/۸۴-۸۶/۸۸-۱۳/۰۴ ۲۵/۲۲)

نشریه علوم دامی www.SID.ir

Archive of SID

نتایج و بحث

آمار توصیفی رکوردهای تصحیح شده برای ۳۰۵ روز، داده های روز آزمون و خلاصه ای از فایل شجره به ترتیب در جدول های ۱، ۲ و ۳ ارایه شده است. برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی با استفاده از مدل تکرارپذیری برای رکوردهای تصحیح شده برای ۳۰۵ روز شیردهی در جدول ۴ آورده شده است. Sheikhloo و همکاران (۲۰۰۹) وراثت پذیری و تکرارپذیری تولید شیر را با استفاده از مدل تکرارپذیر حیوانی به ترتیب ۰/۲۲ و ۰/۴۵ گزارش کردند. Hosseinpour و همکاران (۲۰۰۸) وراثت پذیری تولید شیر دوره اول شیردهی گاوهای هلشتاین ایران را با مدل حیوانی تک صفتی ۰/۳۵ گزارش کردند که بزرگتر از مقدار محاسبه شده در این تحقیق است. Razmkabir و همکاران (۲۰۱۰) وراثت پذیری شیر را ۰/۲۵ گزارش کردند.

جهت انتخاب بهترین مدل رگرسیون تصادفی جهت تجزیه داده های روزآزمون به گونه ای که دارای حداقل تعداد پارامتر جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی دائمی باشد، درجات برازش متفاوت برای ضرایب رگرسیون تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی مورد بررسی قرار گرفت. مدل های استفاده شده در جدول ۵ نشان داده شده اند.

در مدل های با درجات برازش مختلف برای ضرایب رگرسیون تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی به موازات افزایش تابع درست نمایی، برازش مدل بهبود یافته و میزان واریانس باقیمانده کاهش می یابد (Liu و همکاران.، ۲۰۰۶; Meyer، ۲۰۰۰). با افزایش درجه برازش برای اثر تصادفی حیوان و اثر محیطی دائمی، مقدار واریانس باقیمانده کاهش یافت.

مدل ۹ از نظر لگاریتم حداکثر تابع درست نمایی تفاوت معنی داری با سایر مدل ها داشت و این به معنی مدل سازی بهتر برای اثرات تصادفی می باشد. بنابراین مدل ۹ به عنوان مناسب ترین مدل انتخاب شد.

با توجه به نمودار ۱ واریانس ژنتیکی افزایشی در روزهای اول و آخر دوره شیردهی دارای بیشترین مقدار است. در ماه اول شیردهی کاهش شدیدی در واریانس ژنتیکی افزایشی اتفاق می افتد و بعد از آن واریانس ژنتیکی افزایشی تا آخر دوره شیردهی میل به افزایش دارد. بیشترین واریانس ژنتیکی افزایشی صفات تولید شیر در گاوهای هلشتاین در اوایل و اواخر دوره شیردهی اتفاق می افتد (Mayeres و همکاران.، ۲۰۰۴; Zavandilova و همکاران.، ۲۰۰۵).

هم چنان که در نمودار ۱ مشخص است واریانس محیطی دائمی شیر در روزهای اول دارای بیشترین مقدار است بعد از آن کاهش یافته و در ماه چهارم به پایین ترین مقدار خود می رسد. پس از ماه چهارم واریانس محیطی دائمی تا آخر دوره میل به افزایش دارد. Mayeres و همکاران (۲۰۰۴) ، Zavandilova و همکاران (۲۰۰۵) و Olori و همکاران (۱۹۹۹) گزارش کردند که واریانس محیطی دائمی صفات شیری در روزهای اول و آخر دوره شیردهی گاوهای هلشتاین میل به افزایش دارد.

Abdullahpour و همکاران (۲۰۱۰) وراثت پذیری تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران را به ترتیب ۰/۱۳ الی ۰/۲۱و تکرارپذیری این صفت را ۰/۴۲۷ الی ۰/۶۵۲ گزارش کردند. Shadparvar و Yazdanshenas (۲۰۰۵) وراثت پذیری رکوردهای روزآزمون شیر را ۰/۱۱ الی ۰/۱۹ گزارش کردند. Khorshidi و همکاران (۲۰۱۱) وراثت پذیری رکوردهای روزآزمون شیر را ۰/۳۱ گزارش کردند که بیشتر از مقدار برآورد شده در این مطالعه می باشد. تغیرات وراثت پذیری تولید شیر در طی دوره شیردهی در نمودار ۲ نشان داده شده است. وراثت پذیری شیر در روزهای اول شیردهی در حد مطلوبی می باشد ولی در ماه اول شیردهی به شدت کاهش یافته و به پایین ترین حد خود می رسد. کاهش شدید در وراثت پذیری به علت کاهش بیشتر در واریانس افزایشی نسبت به واریانس محیطی دائم است. کاهش شدید وراثت پذیری در این مرحله احتمالاً به این دلیل است که حیوانات در اوایل شیردهی در توازن منفی انرژی قرار دارند بنابراین واریانس محیطی سهم بیشتری از واریانس فنوتیپی را به خود اختصاص می دهد. در ماه های دوم و سوم شیردهی وراثت پذیری افزایش می یابد و در روزهای آخر شیردهی به بالاترین حد خود می رسد که این مطابق با نتایج رزم کبیر و همکاران (۲۰۱۲) می باشد. بر اساس گزارش رزم کبیر و همکاران (۲۰۱۲) پایین بودن میزان وراثت پذیری در ابتدای دوره شیردهی به دلیل بالا بودن واریانس باقیمانده و پایین بودن واریانس ژنتیکی است.

وراثت پذیری و تکرارپذیری تولید شیر در مدل رگرسیون تصادفی بالاتر از مدل تکرارپذیری بود. بر اساس گزارش Cilek و همکاران (۲۰۰۸) وراثت پذیری تولید شیر در مدل روزآزمون بیشتر است. Shadparvar و Yazdanshenas(۲۰۰۵) گزارش کردند که برای صفت شیر و درصد چربی شیر، وراثت پذیری برآورد شده در مدل روزآزمون کمتر از مدل بر پایه ۳۰۵ روز است. بر اساس برخی مطالعات دیگر وراثت پذیری صفات تولید شیر در مدل روزآزمون پایین تر از مدل های بر پایه ۳۰۵ روز می باشد(Kettunen و Man-tysaari، ۱۹۹۶; Kettunen و همکاران، ۱۹۹۸). که در تناقض با نتایج این مطالعه می باشد. با توجه به اینکه وراثت پذیری تولید شیر با مدل تابعیت تصادفی از اوایل ماه چهارم تا اواخر دوره شیردهی بیشتر از وراثت پذیری حاصل از مدل تکرارپذیری برای داده های تصحیح شده برای ۳۰۵ است می توان عنوان کرد که انتخاب براساس ارزیابی حیوانات با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی دقیق تر از استفاده از مدل های رایج باشد. میانگین ارزش های اصلاحی در مدل روز آزمون رگرسیون تصادفی بیشتر از مدل حیوانی تکرارپذیر بود. چون در این مطالعه برای مدل تکرارپذیری از داده های ۳ دوره شیردهی اول و در مدل رگرسیون تصادفی فقط از داده های دوره اول شیردهی استفاده شده است احتمال دارد بخشی از تفاوت های مشاهده شده در نتایج حاصل از دو مدل به خاطر این موضوع باشد.

نتیجه گیری

با توجه به مدل های رگرسیون تصادفی لحاظ شده در این مطالعه می توان نتیجه گرفت که با افزایش درجه برازش برای

www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۱- آمار توصیفی رکوردهای تولید شیر تصحیح شده برای ۳۰۵ روز

دوره شیردهی	تعداد رکورد	میانگین	انحراف معیار	٪ CV
۱	۱۳۱۶۲۸	۷۸۳۲/۸۸	۱۴۸۸/۶۳	۱۹
۲	۶۸۸۳۵	۸۶۷۰/۱۳	۱۸۱۱/۴۱	۲۱
۳	۳۸۵۶۵	۹۰۰۳/۰۸	۱۹۴۱/۲۹	۲۲
کل	۲۳۹۰۲۸	۸۲۶۲/۷۹	۱۷۳۵/۳۰	۲۱

جدول ۲- خلاصه ای از آماره های توصیفی رکوردهای روزآزمون دوره اول زایش طی ماه های مختلف شیردهی

ماه شیردهی	روزهای شیردهی	تعداد رکورد	میانگین	انحراف معیار	٪ CV
۱	۵-۳۵	۴۶۵۴۱	۲۹/۲۳	۶/۵۳	۲۲
۲	۳۶-۶۵	۴۹۹۸۴	۳۲/۹۱	۶/۳۲	۱۹
۳	۶۶-۹۵	۴۹۳۶۲	۳۳/۳۴	۶/۲۰	۲۷
۴	۹۶-۱۲۵	۵۰۸۴۸	۳۳/۰۳	۶/۲۶	۲۷
۵	۱۲۶-۱۵۵	۴۹۴۱۹	۳۲/۴۳	۶/۳۷	۲۰
۶	۱۵۶-۱۸۵	۵۰۸۱۶	۳۱/۶۷	۶/۴۶	۲۰
۷	۱۸۶-۲۱۵	۴۹۲۲۸	۳۰/۷۷	۶/۵۶	۲۱
۸	۲۱۶-۲۴۵	۵۰۷۳۷	۲۹/۵۴	۶/۶۴	۲۲
۹	۲۴۶-۲۷۵	۴۴۸۰۱	۲۸/۱۰	۶/۷۴	۲۴
۱۰	>۲۷۵	۶۳۴۲۴	۲۵/۹۲	۷/۰۵	۲۷
کل دوره	۵-۳۰۵	۵۱۵۰۴۹	۳۰/۵۲	۶/۹۹	۲۳

جدول ۳- خلاصه ای از اطلاعات شجره

تعداد کل	دارای رکورد تصحیح شده	دارای رکورد روزآزمون	دارای فرزند	بدون فرزند	پدر	مادر	هم خون
۲۳۸۹۵۹	۱۳۱۶۲۸	۵۴۹۶۰	۱۴۵۷۷۵	۹۳۱۸۴	۳۱۶۶	۱۴۲۶۰۹	۴۸۶

جدول ۴- پارامترهای ژنتیکی برآورد شده تولید شیر با مدل تکرارپذیری

واریانس ژنتیکی افزایشی	واریانس محیطی دائم	واریانس باقی مانده	واریانس فنوتیپی	وراثت پیری (خطای استاندارد)	تکرارپذیری
۲۳۸۹۵۹	۱۳۱۶۲۸	۵۴۹۶۰	۱۴۵۷۷۵	۹۳۱۸۴	۳۱۶۶

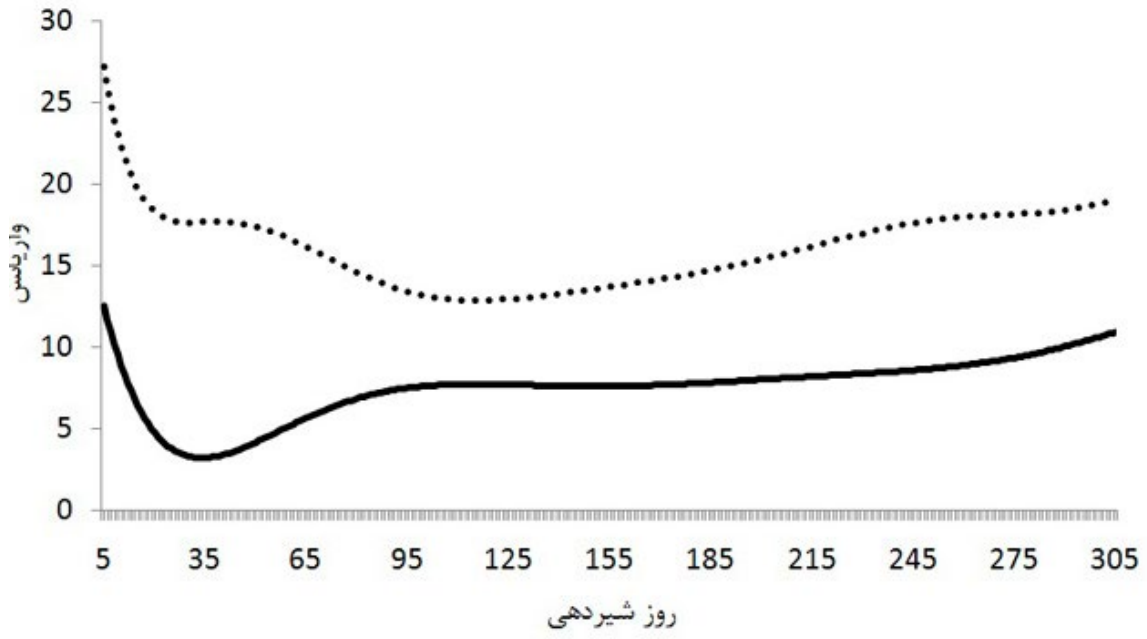
www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۵- مدل های مورد استفاده از نظر درجه برازش

مدل	ka	kpe	np	Logl
۱	۳	۳	۱۳	-۱۰۰۱۰۶۰/۸۰۹
۲	۳	۴	۱۷	-۹۹۶۴۷۱/۴۶۸
۳	۳	۵	۲۲	-۹۹۲۶۱۲/۸۵۷
۴	۳	۶	۲۸	-۹۹۰۳۷۶/۶۳۲
۵	۴	۴	۲۱	-۹۹۲۴۷۳/۰۳۶
۶	۴	۵	۲۶	-۹۸۹۹۴۵/۷۸۷
۷	۴	۶	۳۲	-۹۸۷۷۰۸/۵۴۵
۸	۵	۵	۳۱	-۹۸۷۱۱۵/۱۹۶
۹	۵	۶	۳۷	-۹۸۵۷۳۸/۴۹۹

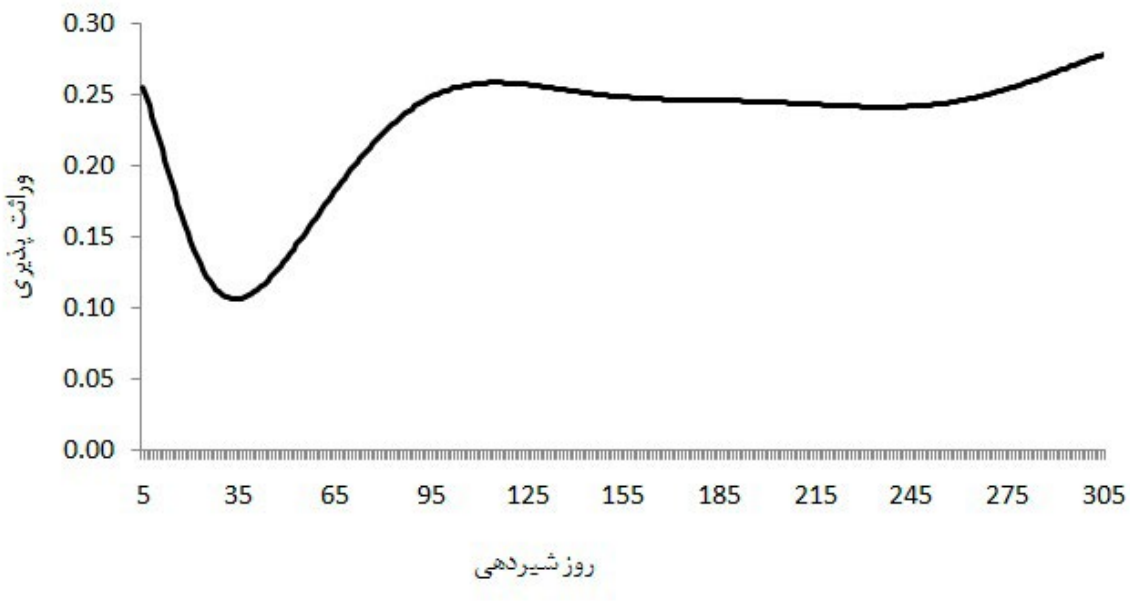
Ka و kpe به ترتیب درجه برازش برای اثر تصادفی حیوان و اثر محیطی دائمی، np تعداد پارامتر برآورد شده توسط مدل و logl لگاریتم حداکثر تابع درست نمایی مطلق می باشند.



نمودار ۱- تغییرات واریانس افزایشی (خط پیوسته) و محیطی دائمی (نقطه چین) تولید شیر در طی دوره شیردهی

www.SID.ir

Archive of SID



نمودار ۲- تغییرات وراثت پذیری شیر درطی دوره شیردهی

اثرات تصادفی دقت مدل افزایش می یابد. در این مطالعه درجات برازش ۵ و ۶ به عنوان بهترین درجه برازش به ترتیب برای اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی و اثر محیطی دائمی حیوان انتخاب شدند. وراثت پذیری برآورد شده برای صفت تولید شیر با استفاده از هر دو مدل در حد مطلوبی بود. بدین ترتیب می توان نتیجه گرفت که انتخاب ژنتیکی برای بهبود این صفت می تواند مؤثر باشد. با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی روزآزمون بیشترین وراثت پذیری تولید شیر در اواخر دوره شیردهی اتفاق می افتد، لذا توصیه می شود در این روزها نسبت به انتخاب برای این صفت اقدام شود.

پاورقی ها

1 - Animal Model

2 - Restricted maximum likelihood

منابع مورد استفاده

1- Abdullahpour, R., Moradi shahrbabak, M., Nejati-javaremi, A. and Vaez Torshizi, R. (2010). Genetic analysis of daily milk, fat percentage and protein percentage of Iranian first lactation Holstein cattle. *J. world Appl. Sci*. vol, 10. pp: 1042-1046.

2- Bigbardi, A.B., E L Faro, L., Cardoso, V.L., Machado, P.F. and Albuquerque, L.G. (2009). Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. *Livest. Sci*. vol, 123 pp: 1-7.

3- Cilek, S., Orhan, M., Kaygisiz, A., Hesna Sahin, A. (2008). Estimation of breeding values of Anatolian population of Simmental cows using monthly test day milk yields. *Archiva Zootechnica*. Vol, 11. pp:79-85.

4- Henderson, C.R. (1982). Analysis of covariance in the mixed model: higher level, nonhomogeneous and random regressions. *Biometrics*. Vol, 38. pp: 623-640.

5- Hosseinpour Mashhadi, M., Emam Jomeh, N., Nasiry, M.R. and Vaez Torshizi, R. (2008). Prediction breeding value and genetic parameter in Iranian bulls for milk production traits. *Pakistan J. Biol. Sci.* vol, 11. pp: 108-112.

6- 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.

7- Interbull, (2000). National genetic evaluation programmes for dairy production traits practised in Interbull member countries 1999-2000. Department of animal breeding and genetics, Uppsala, Sweden, Bulletin24.

8- Kennedy, B.W., Schaeffer, L.R., and Sorenson, D.A. (1988). Genetic properties of animal models. *J. Dairy Sci.* vol, 71. pp: 17-26.

9- Kettunen, A., Mantysaari, E.A., Stranden, I., Poso, J. and Lidauer, M. (1998). Estimation of genetic parameters for

www.SID.ir

Archive of SID

first lactation test day milk production using random regression models. In 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, Australia.

10- Kettunen, A. and Mantysaari, E.A. (1996). Estimation of genetic parameters for test day milk production at different stage of lactation of Finnish Ayrshire heifers. *Agric. Food Sci*. vol 5 pp: 185-192.

11- Khorshidi, R., Shadparvar, A.A., Ghavi Hossein-Zadeh, N. and Joezy Shakalgurabi, S. (2011). Genetic trends for 305-day milk yield and persistency in Iranian Holsteins. Livest. Sci. vol, 144 pp: 211-217.

12- Liu, Y.X., Zhang, J., Schaeffer, L.R., Yang, R.G. and Zhang, W.L. (2006). Optimal random regression models for milk production in dairy cattle. *J. Dairy Sci*. vol, 89. pp: 2233-2235.

13- Mayeres, P., Stool, J., Boormann, J., Reents, R. and Gengler, N. (2004). Prediction of daily milk, fat, and protein productionby a random regression test-day model. *J. Dairy Sci.* vol, 87, pp: 1925-1933.

14- Meyer, K. (2000). Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. Livest. Prod. Sci. vol, 62, pp: 19-38.

15- Meyer, K. (2004). Scope of random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth, *Livest. Prod. Sci,* vol, 86, pp: 68-83.

16- Meyer, K. (2011). Wombat A program for mixed model analyses by restrictec maximum likelihood. Univesity of New England. pp:102.

17- Mrode, R.A. (2005). Linear models for the prediction of animal breeding values. 2nd ed.CAB international.

18- Olori, V.E., Hill, W.G., Mcgurik, B.J. and Brotherstone, S.)1999(. Estimation variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. *Livest. Prod. Sci*., vol, 61. pp:53-63.

19- Razmkabir, M., Moradi-Shahrbabak, M., Pakdel, A., and Nejati-Javaremi, A. (2012). Estimation of Variance Components for Milk Yield in Holstein Cattle using Random Regression Model. In: The 5th Congress on Animal Science – August 2012. Department of Animal Sciences, Isfahan University of Technology. (In Farsi).

20- Razmkabir, M., Moradi Shahrbabak, M., Pakdel, A. and Nejati-Javaremi, A. (2010). Estimation of variance components for production traits in Holstein cattle of Iran. In: The 4th Congress on Animal Science – September 2010. Department of Animal Sciences, University of Tehran, Karaj. (In Farsi).

21- SAS, (2002). SAS users guide v.9.1: Statistics SAS institute inc., Cary, NC.

22- Schaeffer, L.R. and Dekkers, J.C.M. (1994). Random regression in animal model for test-day production in dairy cattle. Proc. 5th Word Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Guelph, Canada. 18, 443-446.

23- Schutz, M. M., Vanraden, P. M., Wiggans, G. R., and Norman, H. D. (1995). GENETICS AND BREEDING: Standardization of Lactation Means of Somatic Cell Scores for Calculation of Genetic Evaluations. *J. Dairy Sci.* vol, 78. pp: 1843-1854.

24- Shadparvar, A.A. and Yazdanshenas, M.S. (2005). Genetic Parameters of Milk Yield and Milk Fat Percentage Test Day Records of Iranian Holstein Cows. Asian-Aust. J. Anim. Sci. vol, 18, pp: 1231-1236

25- Sheikhloo, M., Shodja, J., Pirani, N., Alijani, S. and Sayadnejad, M.B. (2009). Genetics evaluation and calculating daughter yield deviation of bulls in Iranian Holstein cattle for milk and fat yields. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* vol, 5, pp: 611-617.

26- Szyda, J. and Liu, Z. (2008). Modeling test day data from dairy cattle. J. Appl. Genetics, 40. pp: 103-116.

27- Yousefi-Golverdi, A., Hafezian, H., Chashnidel, Y. and Farhadi, A. (2012). Genetic parameters and trends of production traits in Iranian Holstein population. *African J. Biotechnol.* Vol, 11. pp: 2429-2435.

28- Zavandilova, L., Jamrozik, J. and Schaeffer, L.R. (2005). Genetic parameters for test day model with random regression for production traits of Czech Holstein cattle. *Czech. J. Anim. Sci.* vol, 50, pp: 142-154.

www.SID.ir