

## تأثیر ناهمگنی اجزای واریانس بر ارزیابی ژنتیکی مقدار پروتئین شیر گاوهای نر و ماده برتر هلشتاین

### • جمشید احسانی نیا

دانشجوی دکتری گروه علوم دامی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان

• نوید قوی حسین زاده (نویسنده مسئول)

دانشیار گروه علوم دامی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان.

• عبدالاحد شادپور

استاد گروه علوم دامی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان

تاریخ دریافت: بهمن ۱۳۹۴ تاریخ پذیرش: اردیبهشت ۱۳۹۵

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۱۳۳۳۶۹۰۲۸۲

Email: nhosseinzadeh@guilan.ac.ir

### چکیده

هدف از مطالعه حاضر، بررسی ناهمگنی اجزای واریانس مقدار پروتئین شیر در سه شکم زایش اول گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از رکوردهای جمع آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی طی سالهای ۱۳۶۲ تا ۱۳۹۲ بود. مجموعه داده‌ها به ترتیب شامل ۱۴۱۶۷۰، ۱۱۵۳۹۵ و ۸۲۵۲۹ رکورد در دوره‌های شیردهی اول، دوم و سوم بودند. داده‌ها با استفاده از روش دومارتن به سه دسته مدیترانه‌ای، خشک بیابانی و مرطوب دسته‌بندی شدند. ناهمگنی واریانس‌ها با آزمون بارلت بررسی شد. نتایج آزمون بارلت قبل از تبدیل داده‌ها در سه دوره شیردهی معنی‌دار ( $p < 0.001$ ) بود که بیانگر ناهمگنی بودن واریانس‌ها در هر سه منطقه آب و هوایی می‌باشد. به منظور کاهش یا رفع احتمالی ناهمگنی واریانس-ها از روش‌های تبدیل لگاریتمی، جذری و باکس-کاکس استفاده شد که روش تبدیل جذری در دوره شیردهی سوم منجر به همگن شدن واریانس‌ها شد. پارامترهای ژنتیکی، وراثت‌پذیری و اجزای واریانس با استفاده از نرم افزار VCE برآورد شدند. مدل شامل اثرات ژنتیکی افزایشی حیوان، گله-سال-فصل و سن زایش بود. برآوردهای وراثت‌پذیری قبل از تبدیل بین ۰/۱۵-۰/۱۹ و پس از تبدیل بین ۰/۲۰-۰/۱۲ تغییر کرد. تبدیل جذری باعث شد به ترتیب ۶/۸۸ و ۴۲/۶۶٪ گاوهای نر و ماده ممتاز از فهرست معمولی خارج شوند. نتایج این مطالعه نشان دادند که اجزای واریانس مقدار پروتئین شیر در گاوهای هلشتاین ناهمگن است. بنابراین پیشنهاد می‌شود اثر ناهمگنی واریانس در زمان ارزیابی ژنتیکی و انتخاب گاوهای نر و ماده برتر در نظر گرفته شود.

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 114 pp: 101-112

### The effect of heterogeneity of variance components on genetic evaluation of protein yield in Holstein top sires and dams

By: Jamshid Ehsaninia<sup>1</sup>, Navid Ghavi Hossein-Zadeh<sup>2\*</sup>, Abdol Ahad Shadparvar<sup>3</sup>

1,2,3 Ph.D student, associate professor and professor in Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, 41635-1314, Iran

Received: January 2016

Accepted: May 2016

The objective of this research was to study the heterogeneity of variance components for protein yield from the first three lactations of Iranian Holstein cows which collected from 1983 to 2014 by the Animal Breeding Center and Promotion of Animal Products of Iran. Data set were 141670, 115395 and 82529 records in the first, second and third lactations. Data were classified into three categories of Mediterranean, Dry desert and Humid using Domarten method. The heterogeneity of variances was studied using the Bartlett's test. The results of Bartlett's test before data transformation in the first three lactations were significant ( $P < 0.0001$ ) which indicated the heterogeneity of variance in all three climatical regions. In order to reduce or removing the heterogeneity of variances, transformation methods of Logarithmic, Square root and Box-Cox were used which the Square root transformation method caused homogenous variance for protein yield in the third lactation. Genetic parameters, heritability and variance components were estimated by VCE software. The model was included additive genetic effects of animal, herd-year-season and age at calving. Heritability estimates varied from 0.15 to 0.19 and 0.12-0.20 for untransformed and transformed data, respectively. Square root transformation method caused 6.88 and 42.66% of top sires and dams excluded from the usual list, respectively. The results of this study indicated that variance components of milk protein yield in Holstein cows are heterogeneous. Therefore, it is suggested effects of heterogeneity of variance should be considered during genetic evaluation and selection of superior sires and dams.

**Key words:** Heterogeneity of Variance, Re-ranking, Genetic parameter, Holstein cow, Data transformation

#### مقدمه

(Ibanez و همکاران، 2008a). مشکل واریانس‌های ناهمگن در ارزیابی‌های ژنتیکی گاوهای شیری این است که حیوانات با میانگین بالا در گله‌های با واریانس بزرگ‌تر، بالاتر از حد ارزیابی<sup>۱</sup> می‌شوند. در صورتی که واریانس با میانگین تولید افزایش یابد، اما همگن فرض شود، حیوانات به طور اشتباه رتبه‌بندی می‌شوند و گاوهای ممتاز<sup>۲</sup> بیشتری از گله‌های با واریانس (Visscher و همکاران، 1991) و میانگین بالا (Costa، 1998) انتخاب می‌شوند و زمانی که دختران گاو نر به صورت تصادفی بین گله‌ها

یکی از فرض‌های مهم در ارزیابی ژنتیکی حیوانات این است که واریانس‌ها بین مناطق مختلف جغرافیایی همگن هستند. اما شواهد قابل توجهی نشان می‌دهند که واریانس‌ها بین گله‌ها و محیط‌های مختلف ناهمگن می‌باشند (Ibanez و همکاران، 1999؛ Gengler و همکاران، 2004). عوامل متعددی به عنوان منابع ناهمگنی واریانس‌ها شناخته شده‌اند. عواملی مانند مناطق جغرافیایی، اندازه گله و اعمال مدیریتی به عنوان منابع ناهمگنی واریانس‌های ژنتیکی و باقیمانده در جمعیت گاوهای هلشتاین اسپانیا شناخته شده‌اند که عامل سطح تولید بیشترین تاثیر را بر ناهمگنی واریانس‌ها داشته و بعد از آن منطقه قرار داشت

<sup>1</sup> - Over evaluation

<sup>2</sup> - Elite cow

که عدم محاسبه واریانس‌های ناهمگن سبب برآوردهای اریب ارزش اصلاحی می‌شود (Lidauer و همکاران، 2008). برای رفع ناهمگنی واریانس‌ها از روش‌های مختلف تبدیل (Short و همکاران، 1990)، گروه‌بندی داده‌ها بر اساس میانگین و انحراف معیار گله (Dong and Mao, 1990) و تجزیه چندصفتی (Gianola, 1986) استفاده شده است. با توجه به این که در ارزیابی‌های ژنتیکی فرض همگنی واریانس‌ها در نظر گرفته می‌شود، هدف مطالعه حاضر بررسی همگن یا ناهمگن بودن واریانس‌های مقدار پروتئین شیر در مناطق مختلف جغرافیایی و همچنین تأثیر روش‌های مختلف تبدیل داده بر رفع ناهمگنی واریانس‌ها و تغییر رتبه حیوانات برتر در جمعیت گاوهای هلشتاین ایران بود.

### مواد و روش‌ها

اطلاعات مربوط به شجره و رکوردهای مقدار پروتئین شیر که از سال ۱۳۶۲ تا ۱۳۹۲ به وسیله مرکز اصلاح نژاد دام کشور جمع آوری شده بودند، مورد استفاده قرار گرفت. رکوردهای مورد نظر بر اساس ۳۰۵ روز شیردهی و دوبار دوشش در روز تصحیح شده‌اند. جهت آماده کردن و ویرایش اطلاعات لازم از نرم افزار Foxporo 8.0 استفاده شد. خلاصه آماری مقدار پروتئین شیر و آزمون بارتلت با رویه GLM و آزمون نرمال بودن داده‌ها با رویه Capability نرم افزار SAS 9.1 بدست آمد.

سن حیوان در زمان زایش به ۱۸ تا ۶۸ ماه محدود شد. محدوده ۱۸ تا ۴۰ ماه برای زایش اول، محدوده ۲۸ تا ۴۹ برای زایش دوم و محدوده ۴۰ تا ۶۸ برای زایش سوم در نظر گرفته شد. رکوردهای تکراری در هر یک از دوره‌های شیردهی اول، دوم و سوم که احتمالاً به دلیل اشتباه در وارد کردن داده‌ها وجود داشت و همچنین حیواناتی که میانگین تولیدشان در سال کمتر و بیشتر از سه انحراف معیار از میانگین جمعیت بود، نیز حذف شدند. به منظور ارتباط مناسب داده‌ها<sup>۴</sup> و کاهش اشتباه برآوردها، تنها از اطلاعات گله‌هایی استفاده شد که حداقل دارای ۵ رأس گاو در هر سال بودند. این ویرایش علاوه بر بهبود ساختار داده‌ها از نظر جریان ژنی در حیوانات ماده و همچنین حفظ یک اندازه مشخص

توزیع نشده باشند رتبه‌بندی گاوهای نیز تحت تأثیر قرار می‌گیرد (Urioste و همکاران، 2001).

ناهمگنی واریانس<sup>۳</sup>، اثرات مهم اقتصادی بر انتخاب دارد و نادیده گرفتن آن پیشرفت ژنتیکی ناشی از اجرای برنامه‌های انتخاب و سودمندی برنامه‌های اصلاح نژاد را کاهش می‌دهد. آثار نادیده گرفتن ناهمگنی واریانس‌های محیطی و ژنتیکی در برنامه‌های اصلاح نژاد به وسیله بعضی از محققین مورد مطالعه قرار گرفته است (Robert-Granie و همکاران، 1999؛ Urioste و همکاران، 2001؛ Strabel و همکاران، 2006؛ Aliloo و همکاران، 2014). ارزیابی‌های ژنتیکی که این ناهمگنی را نادیده می‌گیرند می‌توانند منجر به کاهش پاسخ و صحت انتخاب و در نتیجه انتخاب نامناسب حیوانات ممتاز شوند (Markus و همکاران، 2014). در یک مطالعه، همگنی و ناهمگنی اجزای واریانس تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایرانی بررسی و نشان داده شد که عدم در نظر گرفتن واریانس‌های ناهمگن سبب برآوردهای اریب ارزش اصلاحی و کاهش پیشرفت ژنتیکی می‌شود (Aliloo و همکاران، 2014).

در یک پژوهش نشان داده شد، در گاوهای هلشتاین اسپانیایی پارامترهای ژنتیکی تولید شیر حاصل از مناطق شمال و شمال شرق نسبت به پارامترهای ژنتیکی حاصل از کل داده‌های مربوط به مناطق مختلف اسپانیا بزرگ‌تر است و علت آن ناهمگنی واریانس‌ها بین مناطق مختلف جغرافیایی بیان شد (Ibanez و همکاران، 1996). با بررسی گاوهای هلشتاین آلمان نشان داده شد که هم واریانس ژنتیکی و باقیمانده و هم وراثت‌پذیری بین مناطق مختلف شمال آلمان ناهمگن هستند (Dodenhoff and Swalve, 1998). در نظر گرفتن ناهمگنی واریانس در زمان ارزیابی ژنتیکی گاوهای ممتاز، ارزیابی ارزش‌های اصلاحی برآورد شده را کاهش می‌دهد و در زمان رتبه‌بندی گاوهای ممتاز مانع انتخاب آن‌ها از محیط‌های با واریانس فنوتیپی بالا می‌شود (Lidauer و همکاران، 2008؛ Markus و همکاران، 2014). در یک مطالعه، همگنی و ناهمگنی اجزای واریانس در گاوهای سیمتال آلمانی مورد مطالعه قرار گرفت و نشان داده شد

<sup>3</sup> - Variance heterogeneity

<sup>4</sup> -Connectedness

مدیرانه‌ای و استان‌هایی که ضریب خشکی بالای ۲۴ داشتند در دسته خشک بیابانی قرار گرفتند. فایل شجره با نرم افزار (Sargolzaei و همکاران، ۲۰۰۸) CFC 1.0 آماده شد. اطلاعات مربوط به ساختار فایل شجره در جدول ۱ آورده شده است.

برای اندازه گله‌ها، موجب می‌شود که نوسانات شدید دام که در بعضی از گله‌ها به دلیل مدیریت نادرست و یا خرید و فروش غیرمعمول دام‌ها مشاهده می‌شود، کنترل شود. برای گروه‌بندی داده‌ها بر اساس ناحیه جغرافیایی از روش دومارتن پیشرفته استفاده شد. استان‌های با ضریب خشکی کمتر از ۱۰ در دسته منطقه مرطوب، با ضریب خشکی بین ۱۰ تا ۲۴ در دسته

جدول ۱- ساختار فایل شجره برای مقدار پروتئین شیر

دوره شیردهی			مورد
سوم	دوم	اول	
۱۳۸۹۰۸	۱۹۲۷۶۴	۲۳۷۵۴۱	تعداد کل حیوانات
۶۸۹۳۷	۹۶۹۴۱	۲۰۴۲۷۵	تعداد کل حیوانات دارای رکورد
۳۶۳۳	۴۰۹۶	۴۳۵۸	تعداد پدرها
۶۵۳۰۴	۹۲۸۴۵	۱۱۶۲۴۳	تعداد مادرها
۶۹۶۶۱	۱۰۱۹۰۳	۱۳۰۰۵۴	تعداد حیوانات با هر دو والد مشخص
۲۰/۱۴	۲۵/۸۳	۳۰/۶۱	میانگین تعداد فرزند به ازای هر پدر
۲۱۳۵	۳۴۵۶	۷۸۸۶	تعداد حیوانات با دو والد نامشخص
۱۷۸۱۵	۳۵۶۷۲	۵۴۲۶۶	تعداد حیوانات با یک والد نامشخص

امید ریاضی و واریانس مدل چنین است:

$$E \begin{bmatrix} y \\ u \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad v \begin{bmatrix} u \\ E \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix}$$

$$V(y) = Z'GZ + R$$

در مدل سه‌صفتی رکوردهای مقدار پروتئین مربوط به هر یک از نواحی جغرافیایی به عنوان یک صفت در نظر گرفته شد و اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی با استفاده از نرم افزار VCE به دست آمد. مدل سه‌صفتی مورد استفاده در این پژوهش به صورت

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ u_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

زیر بود:  $y_3, y_2, y_1$  = رکوردهای مربوط به مقدار پروتئین شیر هر یک

از زیرگروه‌ها در سه دوره شیردهی

$X_3, X_2, X_1$  = ماتریس طرح اثرات ثابت برای هر یک از

زیرگروه‌ها در سه دوره شیردهی

اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی مقدار پروتئین شیر با استفاده از مدل تک‌صفتی برای هر یک از دسته‌ها و مدل سه‌صفتی برای هر یک از سه ناحیه جغرافیایی با نرم افزار (Groeneveld و همکاران، ۲۰۰۸) VCE برآورد شد.

در تجزیه تک متغیره، پارامترهای ژنتیکی در هر یک از دوره‌های شیردهی و دسته‌ها به طور مجزا برآورد شد. مدل مورد استفاده در این پژوهش به صورت زیر بود:

$$y_{ijkl} = \mu + HYS_i + a_j + b(\text{Age}_{ijk} - \overline{\text{Age}}) + e_{ijkl}$$

$y_{ijkl}$  = مشاهده  $k$ م مربوط به پروتئین شیر در حیوان  $j$ ام و گله-سال-فصل  $i$ ام،  $\mu$  = میانگین جمعیت،  $HYS_i$  = اثر ثابت آمین گله-سال-فصل،  $b$  = ضریب تابعیت خطی پروتئین شیر از سن در هنگام زایش،  $\text{Age}_{ijk}$  = اثر سن در هنگام زایش،  $a_j$  = اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی آمین حیوان،  $e_{ijkl}$  = اثر باقیمانده.

در این رابطه  $y_{ij}^*$  داده‌های تبدیل شده و  $y_{ij}^2$  داده‌های تبدیل نشده می‌باشد.

برای بررسی اثر روش‌های مختلف تبدیل داده بر ارزیابی ژنتیکی و همچنین تغییر رتبه گاوهای نر و ماده برتر بعد از تجزیه داده‌ها در نواحی مختلف جغرافیایی، ارزش‌های اصلاحی برآورد شده با هم مقایسه و همبستگی‌های رتبه‌ای برای گاوهای نر و ماده به طور جداگانه محاسبه شد. میانگین قدر مطلق تغییر رتبه، تعداد مشترک حیوانات و حداکثر تغییر رتبه‌ها برای ۱ درصد گاوهای ماده و ۵ درصد گاوهای نر برتر برای ناحیه جغرافیایی مدیرانه‌ای بررسی شد.

$Z_3, Z_2, Z_1$  = ماتریس طرح اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی

مستقیم برای هر یک از زیرگروه‌ها در سه دوره شیردهی

$b_3, b_2, b_1$  = بردار اثرات ثابت برای هر یک از زیرگروه‌ها

در سه دوره شیردهی

$u_3, u_2, u_1$  = بردار اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم

برای هر یک از زیرگروه‌ها در سه دوره شیردهی

$e_3, e_2, e_1$  = بردار اثرات باقیمانده برای هر یک از زیرگروه‌ها

در سه دوره شیردهی

قبل از تبدیل داده‌ها آزمون بارتلت به عنوان یک پیش‌آزمون، برای بررسی ناهمگنی واریانس‌ها انجام گرفت و سپس به منظور کاهش و یا رفع احتمالی ناهمگنی واریانس‌ها از روش‌های تبدیل باکس-کاکس<sup>۵</sup>، جذری<sup>۶</sup> و لگاریتمی<sup>۷</sup> استفاده شد. همه تبدیل‌ها با نرم افزار Foxpro 8.0 انجام شدند. در تبدیل باکس-کاکس، ابتدا با استفاده از نرم افزار R 3.0.1 مقدار لامبدا ( $\lambda$ ) محاسبه و سپس داده‌ها بر اساس فرمول زیر تبدیل شدند:

$$\frac{y^{\lambda}-1}{\lambda} \quad \text{if } \lambda \neq 0$$

$$y^* = \lambda G_y$$

$$G_y \ln y \quad \text{if } \lambda = 0$$

در رابطه بالا  $y^*$  داده تبدیل شده،  $y$  داده تبدیل نشده و  $\lambda$  توان تبدیل و  $G_y$  میانگین هندسی داده‌های تبدیل نشده است. در روش لگاریتمی از داده‌های مربوطه لگاریتم بر مبنای ۲ گرفته شد و تبدیل داده‌ها بر اساس رابطه زیر صورت گرفت:

$$y_{ij}^* = \text{Log}(y_{ij})$$

در رابطه فوق  $y_{ij}^*$  داده‌های تبدیل شده و  $\text{Log}(y_{ij})$  لگاریتم داده‌های تبدیل نشده است. در تبدیل جذری بر اساس رابطه زیر ریشه دوم داده‌ها گرفته شد:

$$y_{ij}^* = \sqrt{y_{ij}}$$

<sup>5</sup> - Box- Cox transformation

<sup>6</sup> - Square root transformation

<sup>7</sup> - Logarithmic transformation

## نتایج و بحث

آمار توصیفی مقدار پروتئین شیر در جدول ۲ نشان داده شده است. بر اساس نتایج جدول ۲، ضریب تغییرات مقدار پروتئین شیر از دوره شیردهی اول به سوم افزایش یافته است که نشان‌دهنده ناهمگن بودن واریانس‌ها بین سه دوره شیردهی می‌باشد. با توجه به ضریب تغییرات بیشترین و کمترین میزان یکنواختی واریانس مقدار پروتئین شیر به ترتیب مربوط به شیردهی اول و سوم می‌باشد. همچنین با افزایش میانگین تولید از دوره شیردهی اول به سوم ضریب تغییرات افزایش یافته است به طوری که گله‌های با میانگین تولید بالا بیشترین و گله‌های با میانگین تولید پایین کمترین مقدار ضریب تغییرات را دارند در واقع میزان یکنواختی در گله‌های با میانگین تولید بالا کمتر است.

نتایج آزمون بارتلت قبل از تبدیل داده‌ها در جدول ۳ آورده شده است. نتایج آزمون بارتلت در هر سه دوره شیردهی معنی‌دار شد ( $P < 0/01$ ) که بیانگر عدم یکنواختی واریانس‌ها در بین سه منطقه جغرافیایی است. بیشترین میزان عدم یکنواختی واریانس‌ها در دوره شیردهی اول مشاهده شد. مقدار کای مربع در سه دوره شیردهی نشان می‌دهد که ناهمگنی واریانس از دوره شیردهی اول به سوم کاهش یافته است. با استفاده از آزمون بارتلت و لون ناهمگنی واریانس‌ها برای نواحی مختلف جغرافیایی در کشورهای اسپانیا و یونان نشان داده شد (Nikolaou و همکاران، 2004؛ Ibanez و همکاران، 2008a).

برای کاهش ناهمگنی و یا رفع احتمالی ناهمگنی واریانس‌ها تبدیل لگاریتمی، جذری و باکس-کاکس روی داده‌ها اعمال و پس از آن آزمون یکنواختی واریانس روی داده‌های تبدیل شده انجام شد که نتایج آن در جدول ۴ آمده است. نتیجه آزمون بارتلت پس از تبدیل باکس-کاکس، معنی‌دار شدن ناهمگنی واریانس را در هر سه دوره شیردهی برای مقدار پروتئین شیر نشان می‌دهد ( $P < 0/01$ ). مقایسه ارزش‌های کای مربع قبل و بعد از تبدیل باکس-کاکس بیانگر این است که این نوع تبدیل ناهمگنی واریانس را در دوره شیردهی اول و سوم اندکی کاهش داده است. تبدیل جذری سبب شده که عدم یکنواختی مقدار پروتئین شیر از دوره شیردهی اول به سوم کاهش یابد به طوری که در دوره شیردهی سوم منجر به همگن شدن واریانس‌ها نیز شده است ( $P > 0/0583$ ).

تبدیل لگاریتمی در هر سه دوره شیردهی ناهمگنی واریانس‌ها را کاهش داده به طوری که میزان ناهمگنی از دوره شیردهی اول به سوم با این نوع تبدیل به میزان زیادی کاهش یافته است. در یک تحقیق بر روی گاوهای هلشتاین آمریکایی نشان داده شد که تبدیل لگاریتمی علاوه بر این که نتوانسته ناهمگنی واریانس‌ها را بر طرف کند بلکه باعث افزایش ناهمگنی شده است که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت ندارد (DeVeer و همکاران، 1987). برآوردهای واریانس و وراثت‌پذیری قبل از تبدیل و بدون دسته‌بندی داده‌ها در سه دوره شیردهی اول با مدل حیوانی تک-صفتی و سه صفتی در جدول ۵ آورده شده است.

جدول ۲- خلاصه آماری مقدار پروتئین شیر در سه دوره شیردهی اول

دوره شیردهی	رکورد (رأس)	میانگین (کیلوگرم)	انحراف معیار (کیلوگرم)	اشتباه معیار	ضریب تغییرات (%)	ضریب چولگی
اول	۱۴۱۶۷۰	۲۲۸/۸۱	۴۴/۵۸	۰/۱۱۸	۱۹/۴۸	-۰/۰۵
دوم	۱۱۵۳۹۵	۲۵۰/۴۸	۵۴/۵۲	۰/۱۶۱	۲۱/۷۷	-۰/۰۱
سوم	۸۲۵۲۹	۲۵۵/۶۲	۵۹/۲۲	۰/۲۰۶	۲۳/۱۷	۰/۰۳

جدول ۳- آزمون بارلت برای تست همگنی اجزای واریانس مقدار پروتئین شیر پیش از تبدیل داده‌ها

دوره شیردهی	درجه آزادی	ارزش کای مربع	سطح معنی دار بودن
اول	۲	۳۵۶/۳۰	۰/۰۰۰۱
دوم	۲	۳۳۳/۹۰	۰/۰۰۰۱
سوم	۲	۲۹۷/۹۰	۰/۰۰۰۱

جدول ۴- آزمون بارلت برای تست همگنی اجزای واریانس پس از تبدیل داده‌ها

دوره شیردهی	درجه آزادی	تبدیل لگاریتمی		تبدیل جذری		تبدیل باکس-کاکس	
		ارزش کای مربع	سطح معنی داری	ارزش کای مربع	سطح معنی داری	ارزش کای مربع	سطح معنی داری
اول	۲	۱۸۸/۳۰	۰/۰۰۰۱	۲۴۳/۲۰	۰/۰۰۰۱	۳۴۹/۶۰	۰/۰۰۰۱
دوم	۲	۱۶۸/۱۰	۰/۰۰۰۱	۲۴۲/۱۰	۰/۰۰۰۱	۳۳۶	۰/۰۰۰۱
سوم	۲	۷۰/۴۵	۰/۰۰۰۵	۵/۸۰	۰/۰۵۸۳	۲۷۳/۲۰	۰/۰۰۰۱

جدول ۵- اجزای واریانس و وراثت پذیری مقدار پروتئین شیر بدون دسته‌بندی داده‌ها

دوره شیردهی	صفت	$\sigma^2_a$	$\sigma^2_e$	$\sigma^2_p$	$h^2 \pm SE^*$
اول	چندصفتی	۲۲۲/۳۱	۹۰۹/۶۷	۱۱۳۱/۹۸	۰/۲۰±۰/۰۱
دوم	تک‌صفتی	۲۱۹/۷۷	۹۲۷/۱۸	۱۱۴۶/۹۵	۰/۱۹±۰/۰۱
	چندصفتی	۳۱۶/۶۵	۱۴۰۹/۷۳	۱۷۲۶/۳۸	۰/۱۸±۰/۰۱
سوم	تک‌صفتی	۳۰۶/۶۸	۱۴۹۶/۹۶	۱۸۰۳/۶۴	۰/۱۷±۰/۰۲
	چندصفتی	۳۵۵/۲۵	۱۸۹۶/۴۵	۲۲۵۱/۷۰	۰/۱۶±۰/۰۲
	تک‌صفتی	۳۴۷/۹۸	۱۹۰۸/۲۸	۲۲۵۶/۲۶	۰/۱۵±۰/۰۳

\* $\sigma^2_a$ : واریانس ژنتیکی افزایشی،  $\sigma^2_e$ : واریانس اثرات باقیمانده،  $\sigma^2_p$ : واریانس فنوتیپی،  $h^2$ : وراثت‌پذیری، SE: اشتباه معیار

کاهش وراثت‌پذیری از شیردهی اول تا سوم در تحقیقات دیگری نیز گزارش شده است (Dahlin و همکاران، 1998؛ Varkoohi و همکاران، 2007) که با نتایج تحقیق حاضر همخوانی دارد.

در تجزیه چندصفتی، واریانس‌های فنوتیپی نسبت به تجزیه تک-صفتی کوچک‌تر است به همین دلیل مقادیر وراثت‌پذیری در تجزیه چندصفتی نسبت به تجزیه تک‌صفتی اندکی بیشتر است.

نتایج نشان می‌دهند که میزان واریانس باقیمانده در تجزیه چندصفتی نسبت به تجزیه تک‌صفتی در هر سه دوره شیردهی کمتر است و مقدار آن در هر دو نوع آنالیز از شیردهی اول به سوم افزایش یافته است. واریانس افزایشی نیز از دوره شیردهی اول به سوم افزایش یافته است و بیشترین میزان واریانس افزایشی مربوط به شیردهی سوم و کمترین آن مربوط به شیردهی اول است. وراثت‌پذیری نیز از دوره شیردهی اول به سوم کاهش یافته است.

برآوردهای وراثت‌پذیری تحقیق حاضر در دامنه برآوردهای مطالعات دیگران است (Dodenhoff and Swalve, 1998). اجزای واریانس و وراثت‌پذیری مقدار پروتئین شیر پس از تبدیل‌های مختلف در جدول ۷ آمده است. در دوره شیردهی اول قبل از تبدیل داده‌ها وراثت‌پذیری مقدار پروتئین در تجزیه چندصفتی  $0.19 \pm 0.01$  و تجزیه تک‌صفتی  $0.16 \pm 0.01$  بود که پس از به کارگیری روش‌های مختلف تبدیل مقادیر وراثت‌پذیری بین  $0.16 \pm 0.01$  و  $0.20 \pm 0.01$  متغیر بود و در واقع پس از تبدیل مقادیر وراثت‌پذیری اندکی افزایش یافته است. در دوره شیردهی دوم مقادیر وراثت‌پذیری نسبت به حالت قبل از تبدیل کمتر است. در دوره شیردهی سوم به کارگیری تبدیل جذری و باکس-کاکس سبب افزایش برآورد وراثت‌پذیری شده است و مقدار آن قبل از تبدیل در حالت تک‌صفتی  $0.15 \pm 0.03$  و چندصفتی  $0.16 \pm 0.02$  بود که پس از تبدیل جذری و باکس-کاکس مقدار آن به ترتیب  $0.16 \pm 0.02$  و  $0.12 \pm 0.01$  بود. تبدیل جذری در دوره شیردهی سوم سبب همگن شدن واریانس‌ها شد که خود می‌تواند عاملی برای افزایش مقدار وراثت‌پذیری نسبت به قبل از حالت تبدیل باشد. در منابع مختلف اثرات تبدیل داده بر برآوردهای وراثت‌پذیری مورد بررسی قرار گرفته است (Visscher و همکاران 1991؛ Nikolaou و همکاران، 2004؛ Varkoohi و همکاران، 2007). در یک مطالعه نشان داده شد که تبدیل باکس-کاکس داده‌های مقدار پروتئین شیر در گاوهای شیری نسبت به داده‌های تبدیل نشده، منجر به برآوردهای کمتر واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و باقیمانده و در نتیجه کاهش مقدار وراثت‌پذیری می‌شود که با نتایج پژوهش حاضر مطابقت دارد (Strabel and Szwaczkowski, 1997).

افزایش مؤلفه واریانس باقیمانده از شیردهی اول تا سوم و کاهش تعداد رکوردهای مورد استفاده از شیردهی اول تا سوم، سبب کاهش برآورد وراثت‌پذیری از شیردهی اول تا سوم شده است. علاوه بر این، واریانس فنوتیپی از شیردهی اول به سوم افزایش یافته است که به دلیل افزایش واریانس باقیمانده می‌باشد و این خود دلیلی برای کاهش وراثت‌پذیری است. کاهش وراثت‌پذیری از شیردهی اول تا سوم در تحقیقات دیگری نیز گزارش شده است (Varkoohi و همکاران، 2007) که با نتایج تحقیق حاضر همخوانی دارد.

اجزای واریانس و وراثت‌پذیری پس از دسته‌بندی داده‌ها به سه ناحیه جغرافیایی مدیترانه‌ای، خشک بیابانی و مرطوب در جدول ۶ آورده شده است. عدم یکنواختی واریانس‌های ژنتیکی افزایشی، باقیمانده و فنوتیپی در هر سه دوره شیردهی کاملاً مشهود است. برآوردهای وراثت‌پذیری نیز بین مناطق مختلف جغرافیایی متفاوت است و در دوره شیردهی اول برای منطقه خشک بیابانی بیشترین و برای ناحیه مرطوب کمترین مقدار است. وجود شرایط خاص آب و هوایی در مناطق مرطوب سبب بروز بیماری‌های انگلی و کاهش میانگین تولید حیوانات به دلیل بیماری می‌گردد.

در دوره‌های شیردهی دوم و سوم بیشترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به منطقه مرطوب است که علت آن می‌تواند تعداد کم داده‌های مربوط به این منطقه باشد. رکوردهای میزان پروتئین شیر روزهای اول تا صدم دوره شیردهی اول و کل دوره شیردهی اول در ۳۶ زیرمنطقه مربوط به شمال غرب آلمان مورد بررسی قرار گرفت و نشان داده شد که وراثت‌پذیری‌های به دست آمده برای روزهای اول تا صدم شیردهی در دامنه ۰/۲۷ تا ۰/۴۰ است.



جدول ۶- اجزای واریانس و وراثت پذیری مقدار پروتئین شیر پس از دسته بندی داده ها

دوره شیردهی	ناحیه جغرافیایی	$\sigma^2a$	$\sigma^2e$	$\sigma^2p$	$h^2 \pm SE$
اول	مدیترانه ای	۱۷۹/۷۶	۹۲۰/۰۲	۱۰۹۹/۷۸	۰/۱۶ ± ۰/۰۱
	خشک بیابانی	۲۱۴/۰۶	۹۸۲/۱۹	۱۱۹۶/۲۵	۰/۱۸ ± ۰/۰۱
	مرطوب	۱۲۶/۶۸	۸۲۷/۹۶	۹۵۴/۶۵	۰/۱۳ ± ۰/۰۲
دوم	مدیترانه ای	۲۳۴/۵۷	۱۴۶۸/۱۲	۱۷۰۲/۶۹	۰/۱۴ ± ۰/۰۱
	خشک بیابانی	۲۶۱/۸۵	۱۵۹۴/۰۵	۱۸۵۵/۹۰	۰/۱۴ ± ۰/۰۱
	مرطوب	۳۷۰/۳۲	۱۴۸۱/۱۶	۱۸۵۱/۴۷	۰/۲۰ ± ۰/۰۲
سوم	مدیترانه ای	۲۵۴/۸۵	۱۸۸۸/۸۶	۲۱۴۳/۷۱	۰/۱۴ ± ۰/۰۱
	خشک بیابانی	۲۷۹/۱۷	۱۹۴۷/۶۱	۲۲۲۶/۷۸	۰/۱۳ ± ۰/۰۲
	مرطوب	۳۷۹/۱۶	۱۶۰۸/۴۰	۱۹۸۷/۵۶	۰/۲۰ ± ۰/۰۱

\* $\sigma^2a$ : واریانس ژنتیکی افزایشی،  $\sigma^2e$ : واریانس اثرات باقیمانده،  $\sigma^2p$ : واریانس فنوتیپی،  $h^2$ : وراثت پذیری، SE: اشتباه معیار

جدول ۷- اجزای واریانس و وراثت پذیری مقدار پروتئین بعد از تبدیل داده ها

دوره شیردهی	روش تبدیل	$\sigma^2a$	$\sigma^2e$	$\sigma^2p$	$h^2 \pm SE$
اول	لگاریتمی	۰/۰۰۴۹۳۶	۰/۰۱۹۹۲۴	۰/۰۲۴۸۶	۰/۲۰ ± ۰/۰۱
	جذری	۰/۲۴۳	۱/۰۸	۱/۳۲۳	۰/۱۸ ± ۰/۰۲
	باکس-کاکس	۴۵۶/۳۵	۲۱۰۵/۴۷	۲۵۶۱/۸۲	۰/۱۶ ± ۰/۰۱
دوم	لگاریتمی	۰/۰۰۳۹۸۳	۰/۰۲۷۴۰۶	۰/۰۳۱۳۸۹	۰/۱۳ ± ۰/۰۲
	جذری	۰/۲۵۲	۱/۶۱۳	۱/۸۶۵	۰/۱۴ ± ۰/۰۲
	باکس-کاکس	۱۱۸/۰۵	۸۲۷/۰۵	۹۴۵/۱۱	۰/۱۲ ± ۰/۰۲
سوم	لگاریتمی	۰/۰۰۴۹۱۱	۰/۰۳۷۰۲۵	۰/۰۴۱۹۳۶	۰/۱۲ ± ۰/۰۱
	جذری	۰/۳۵۹	۱/۹۰۴	۲/۲۶۳	۰/۱۶ ± ۰/۰۲
	باکس-کاکس	۹۹/۵۰	۸۱۱	۹۱۰/۵۰	۰/۱۲ ± ۰/۰۱

\* $\sigma^2a$ : واریانس ژنتیکی افزایشی،  $\sigma^2e$ : واریانس اثرات باقیمانده،  $\sigma^2p$ : واریانس فنوتیپی،  $h^2$ : وراثت پذیری، SE: اشتباه معیار

جدول ۸- تعداد و درصد گاوهای ماده ممتاز بر اساس مناطق مختلف جغرافیایی و روش های مختلف تبدیل

ناحیه جغرافیایی	تبدیل لگاریتمی		تبدیل جذری		تبدیل باکس-کاکس	
	تعداد	%	تعداد	%	تعداد	%
مدیترانه ای	۱۰۰۲	۰/۸۸۶	۸۹۹	۰/۷۶	۱۱۰۱	۰/۹۷
خشک بیابانی	۳۴۹	۱/۳۰	۵۰۰	۱/۸۷	۲۶۹	۱/۰۷
مرطوب	۵	۰/۲۶	۱۷	۰/۸۶	۴۶	۲/۳۵

ژنتیکی پدران به مراتب بیشتر از تعداد رکوردهای موجود برای دخترانشان است، از این رو تغییر رتبه پدران برتر شایان توجه نیست. در یک مطالعه بر روی گاوهای هلشتاین نشان داده شد که رتبه‌های گاوهای نر ممتاز تفاوت کمتری نسبت به رتبه‌های گاوهای ماده ممتاز بین مدل‌های استفاده شده دارد و بیان شد که ناهمگنی واریانس‌ها اثر کمتری بر ارزیابی گاوهای نر دارد. در این تحقیق میزان همبستگی رتبه‌ای بین مدل‌ها برای گاوهای نر و ماده ۰/۹۹ بود که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت دارد (Ibanez و همکاران، 1999).

همبستگی رتبه‌ای ارزش اصلاحی در هر سه روش تبدیل برای گاوهای ماده بیشتر از گاوهای نر است. بیشترین تعداد حیوانات مشترک برای گاوهای نر و ماده برتر مربوط به تبدیل باکس-کاکس و کمترین تعداد مربوط به تبدیل لگاریتمی است. بنابراین وقتی که از مدل‌های تبدیل مختلف برای رفع و یا کاهش ناهمگنی واریانس‌ها در ارزیابی ژنتیکی گاوهای شیری استفاده می‌شود رتبه گاوهای ماده بیشتر تحت تأثیر قرار می‌گیرد و نسبت متفاوتی از گاوهای ماده ممتاز از فهرست خارج می‌شوند به طوری که بر اساس روش‌های تبدیل باکس-کاکس و لگاریتمی به ترتیب ۳/۴۶ و ۲۷/۴۷ درصد از ۱۴۱۶ گاو ماده ممتاز که در مدل معمولی فهرست شده بودند از لیست خارج شدند و این مقادیر برای گاوهای نر ممتاز به ترتیب ۶/۸۸ و ۴۲/۶۶ بودند.

تعداد و درصد گاوهای ماده ممتاز انتخاب شده بر اساس روش-های مختلف تبدیل برای مناطق جغرافیایی مدیترانه‌ای، خشک بیابانی و مرطوب در جدول ۸ آمده است. در روش‌های تبدیل لگاریتمی و جذری بیشترین درصد گاوهای ماده ممتاز از ناحیه خشک بیابانی انتخاب می‌شوند اما بیشترین تعداد گاوهای ماده ممتاز از ناحیه مدیترانه‌ای انتخاب می‌شوند در صورتی که در روش تبدیل باکس-کاکس بیشترین درصد گاوهای ممتاز از ناحیه مرطوب اما بیشترین تعداد گاوهای ماده ممتاز از ناحیه مدیترانه‌ای انتخاب می‌شوند.

مقایسه رتبه ارزش اصلاحی گاوهای نر و ماده ممتاز با استفاده از مدل‌های مختلف، بر اساس ناحیه جغرافیایی مدیترانه‌ای در جدول ۹ آورده شده است. بیشترین مقدار همبستگی رتبه‌ای ارزش‌های اصلاحی برای گاوهای نر و ماده مربوط به تبدیل باکس-کاکس است و نشان دهنده این است که رتبه گاوهای نر و ماده در روش تبدیل باکس-کاکس حداقل تغییرات را دارد. با بررسی میانگین تغییرات رتبه ۱ درصد گاوهای ماده ممتاز و ۵ درصد گاوهای نر ممتاز می‌توان این موضوع را مشاهده نمود.

میانگین تغییر رتبه ارزش‌های اصلاحی حیوانات مشترک در ۱ درصد گاوهای ماده ممتاز بیشتر از ۵ درصد گاوهای نر ممتاز است. به دلیل این که گاوهای نر اغلب در بیشتر گله‌ها فرزند دارند، ممکن است ناهمگنی واریانس‌ها اثر کمی روی تغییر رتبه گاوهای نر داشته باشد. همچنین تعداد رکوردهای موجود برای ارزیابی

جدول ۹- مقایسه رتبه ارزش اصلاحی گاوهای نر و ماده ممتاز در ناحیه جغرافیایی مدیترانه‌ای با استفاده از مدل‌های مختلف

روش تبدیل		عنوان	حیوان
تبدیل باکس-کاکس	تبدیل جذری	تبدیل لگاریتمی	
۰/۹۱	۰/۸۳	۰/۴۱	همبستگی رتبه‌ای
۲۱۸	۲۱۸	۲۱۸	حیوانات ممتاز (۵٪)
۲۰۳	۱۸۶	۱۲۵	تعداد مشترک
۲۴/۸۳	۳۵/۶۶	۷۰/۱۴	میانگین تغییرات رتبه
۷۳/۱۴	۹۶/۲۷	۲۴۲/۱۴	حداکثر تغییرات رتبه
۰/۹۴	۰/۸۹	۰/۶۵	همبستگی رتبه‌ای
۱۴۱۶	۱۴۱۶	۱۴۱۶	حیوانات ممتاز (۱٪)
۱۳۶۷	۱۲۸۶	۱۰۲۷	تعداد مشترک
۸۲/۴۵	۱۰۱/۸۲	۱۴۹/۱۶	میانگین تغییرات رتبه
۲۰۱/۷۶	۸۲۹/۳۶	۱۱۴۹/۱۷	حداکثر تغییرات رتبه

## منابع

- Costa, C.N. (1998). An investigation into heterogeneity of variance for milk and fat yields of Holstein cows in Brazilian herd environments. *Genetics and Molecular Biology*. 22(3): 375-381.
- 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. *Journal of Animal Science*. 66(2): 307-318.
- DeVeer, J.C. and Van Vleck, L.D. (1987). Genetic parameters for first lactation milk yields at three levels of herd production. *Journal of Dairy Science*. 70:1434.
- Dodenhoff, J. and Swalve, H.H. (1998). Heterogeneity of variances across regions of northern Germany and adjustment in genetic evaluation. *Livestock Production Science*. 53: 225-236.
- Dong, M.C. and Mao, I.L. (1990). Heterogeneity of co variance and heritability in different levels of intraherd milk production variance and of herd average. *Journal of Dairy Science*. 73(3): 843-851.
- Gengler, N., Wiggans, G.R. and Gillon, A. (2004). Estimated heterogeneity of phenotypic variance of test-day yield with a structural variance model. *Journal of Dairy Science*. 87(6): 1908-1916.
- Gianola, D. (1986). On selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. *Theoretical and Applied Genetics*. 72: 671-677.
- Groeneveld, E., Kovac, M. and Mielenz, N. (2008). VCE User's Guide and Reference Manual. Version 6.0. *Institute of Farm Animal Genetics, Neustadt, Germany*. 1-125.
- Ibanez, M. A., Carabano, M.J., Foulley, L. and Alenda, R. (1996). Heterogeneity of herd-period phenotypic variances in the Spanish HolsteinFriesian cattle: sources of heterogeneity and genetic evaluation. *Livestock Production Science*. 45: 137-147.

در مقایسه بین گاوهای نر و ماده مشاهده می‌شود که میانگین تغییرات رتبه گاوهای نر برتر نسبت به گاوهای ماده برتر کمتر است و این بیانگر این است که روش‌های مختلف تبدیل تأثیر بیشتری بر رتبه‌بندی گاوهای ماده ممتاز دارند و در نظر گرفتن ناهمگنی واریانس، رفع و یا کاهش آن با استفاده از روش‌های مختلف تبدیل روی رتبه‌بندی گاوهای ممتاز مؤثر است و این تصحیح در صورتی روی رتبه‌بندی گاوهای نر مؤثر است که به طور تصادفی در گله‌های مختلف دختر نداشته باشند (Visscher و همکاران 1991؛ Varkoohi و همکاران، 2007).

در دوره شیردهی سوم که تبدیل جذری منجر به همگنی واریانس-ها شده بود، حدود ۹ درصد از ۱۴۱۶ گاو ماده ممتاز و ۱۴ درصد از ۲۱۸ گاوهای نر برتر از لیست خارج شدند. در یک مطالعه ۲۰ درصد از ۱۰۰۰ گاو ماده ممتاز در نتیجه تصحیح ناهمگنی واریانس‌ها از طریق استاندارد کردن داده‌ها از لیست حذف شدند و همبستگی برآورد شده بین ارزش اصلاحی ۱۰۰۰ گاو ماده برتر قبل و بعد از استاندارد کردن ۰/۸۲ بود و تنها ۹ درصد از ۱۰۰۰ گاو نر برتر بعد از استاندارد کردن از لیست خارج شدند (Ibanez و همکاران، 1999). در تحقیقی دیگر نشان داده شد، ناهمگنی واریانس‌ها سبب تغییر رتبه گاوهای نر ممتاز شده و تصحیح ناهمگنی واریانس‌ها از طریق روش‌های مختلف تبدیل سبب شد که به ترتیب ۲۵ و ۳۲ درصد گاوهای نر و ماده برتر از لیست خارج شوند که با نتایج پژوهش حاضر مطابقت دارد (Ibanez و همکاران، 1996).

نتایج تحقیق حاضر نشان دادند که اجزای واریانس مقدار پروتئین شیر در جمعیت گاوهای هلشتاین ناهمگن است و میانگین تغییر رتبه برای ۱ درصد گاوهای ماده ممتاز بیشتر از ۵ درصد گاوهای نر برتر است و تبدیل جذری روش مناسبی برای رفع ناهمگنی اجزای واریانس مقدار پروتئین شیر گاوهای هلشتاین ایران است. بنابراین پیشنهاد می‌شود اثر ناهمگنی واریانس در زمان ارزیابی ژنتیکی و انتخاب گاوهای نر و ماده ممتاز در نظر گرفته شود.

- Ibanez, M.A., Carabano, M.J. and Alenda, R. (1999). Identification of sources of heterogeneous residual and genetic variances in milk yield data from the Spanish Holstein-Friesian population and impact on genetic evaluation. *Livestock Production Science*. 59(1): 33-49.
- Ibanez-Escriche, N., Varona, L., Sorensen, D. and Noguera, J.L. (2008a). A study of heterogeneity of environmental variance for slaughter weight in pigs. *Animal*. 2(1): 19-26.
- Lidauer, M., Emmerling, R. and Mantysaari, E.A. (2008). Multiplicative random regression model for heterogeneous variance adjustment in genetic evaluation for milk yield in Simmental. *Journal of Animal Breeding and Genetic*. 125(3): 147-159.
- Markus, S., Mantysaari, E.A., Strandén, I., Eriksson, J.A. and Lidauer, M.H. (2014). Comparison of multiplicative heterogeneous variance adjustment models for genetic evaluations. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 131(3):237-246.
- Nikolaou, M., Kominakis, A.P., Rogdakis, E. and Zampitis, S. (2004). Effect of mean and variance heterogeneity on genetic evaluations of Lesbos dairy sheep. *Livestock Production Science*. 88(1-2): 107-115.
- Robert-Granie, C., Bonati, B., Boichard, D. and Barbat, A. (1999). Accounting for variance heterogeneity in French dairy cattle genetic evaluation. *Livestock Production Science*. 60(2-3): 343-357.
- Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. and Colleau, J.J. (2006). CFC: A tool for monitoring genetic diversity. Proc. 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., CD-ROM Communication 27-28. Belo Horizonte, Brazil, Aug. 13-18.
- Short, T.H., Blake, R.W., Quaas, R.L. and Van Vleck, L.D. (1990). Heterogeneous within-herd variance. 1. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of grade Holstein cows. *Journal of Dairy Science*. 73(11): 3312-3320.
- Strabel, T. and Szwaczkowski, T. (1997). Additive genetic and permanent environmental variance components for test day milk traits in Black-White cattle. *Livestock Production Science*. 48: 91-98.
- Strabel, T., Jankowski, T. and Jamrozik, J. (2006). Adjustments for heterogeneous herd-year variances in a random regression model for genetic evaluations of polish Black-and-White cattle. *Journal of Applied Genetics*. 47(2): 125-130.
- Urioste, J.I., Gianola, D., Rekaya, R., Fikse, W.F. and Weigel, K.A. (2001). Evaluation of extent and amount of heterogeneous variance for milk yield in Uruguayan Holsteins. *Journal of Animal Science*. 72(2): 259-268.
- Varkoohi, S., Merabani-Yeganeh, H., Miraei-Ashtiyani, S.R. and Ghavi-Hosseini-zadeh, N. (2007). Heterogeneity of variance for milk traits at climital regions in Holstein dairy cattle in Iran and the best methods for data transformation. *Pakistan journal of biological sciences*. 10(9):1556-1558.
- Visscher, P.M., Thompson, R. and Hill, W.G. (1991). Estimation of genetic and environmental variances for fat yield in individual herds and an investigation into heterogeneity of variance between herds. *Livestock Production Science*. 28(4): 273-290.