

برآورد مؤلفه‌های واریانس حساسیت‌های محیطی خرد صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی در گاوهای هلستاین ایران

- جمشید احسانی‌نیا (نویسنده مسئول)
استادیار گروه کشاورزی، مجتمع آموزش عالی میناب، دانشگاه هرمزگان.
- نوید قوی حسین‌زاده
دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گیلان.

تاریخ دریافت: مهر ۱۳۹۷ تاریخ پذیرش: بهمن ۱۳۹۷

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۳۲۴۸۲۳۳۷

Email: ehsaninia@hormozgan.ac.ir

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22092/asj.2019.123816.1792

چکیده

تفاوت ژنتیکی در حساسیت‌های محیطی خرد از طریق ناهمگنی واریانس باقیمانده بین حیوانات قابل بررسی بوده و به نظر می‌رسد این تفاوت‌ها قابل توارث باشند. هدف از مطالعه حاضر، برآورد مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی و وراثت‌پذیری حساسیت‌های محیطی خرد صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی (SCS) در دوره اول شیردهی گاوهای هلستاین ایران بود. داده‌ها شامل ۱۴۶۶۴۹۸ رکورد روزآزمون تولید شیر و ۸۷۵۴۱۶ رکورد روزآزمون امتیاز سلول‌های بدنی بودند که طی سال‌های ۱۳۶۶ تا ۱۳۹۴ توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی جمع‌آوری شدند. برای تعیین اثرات ثابت برازش یافته در مدل تجزیه و تحلیل، از رویه GLM نرم‌افزار SAS استفاده شد. مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری حساسیت‌های محیطی خرد با استفاده از روش مدل خطی عمومی سلسله مراتبی مضاعف (DHGLM) و نرم‌افزار ASReml برآورد شدند. وراثت‌پذیری حساسیت محیطی خرد صفت تولید شیر (0.00201 ± 0.00014) و امتیاز سلول‌های بدنی (0.00188 ± 0.00018) نسبت به وراثت‌پذیری صفت تولید شیر (0.16 ± 0.08) و امتیاز سلول‌های بدنی (0.034 ± 0.007) کمتر بود. در حالی که ضریب تنوع ژنتیکی (GCV) برای واریانس باقیمانده صفات مذکور به ترتیب ۰/۱۸ و ۰/۱۶ برآورد شد که بیانگر پتانسیل اساسی برای پاسخ به انتخاب در هر دو صفت است. نتایج مطالعه حاضر نشان داد که ناهمگنی واریانس باقیمانده تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی در گاوهای هلستاین ایران تا حدودی تحت کنترل ژنتیکی است و بنابراین یکنواختی این صفات می‌تواند از طریق انتخاب برای واریانس باقیمانده بهبود یابد.

واژه‌های کلیدی: واریانس باقیمانده، گاو شیری، وراثت‌پذیری، ضریب تنوع ژنتیکی، یکنواختی

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 125 pp: 121-130

Estimation of Variance Component of Micro-environmental Sensitivity of Milk Yield and Somatic Cell Score in Iranian Holstein cows.

By: J. Ehsaninia*¹, N. Ghavi Hossein-Zadeh²

1- Assistant Professor, Department of Agriculture, Minab Higher Education Center, University of Hormozgan, Bandar Abbas, Iran.

2- Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran.

Received: October 2018

Accepted: February 2019

The genetic difference in micro-environmental sensitivities are measurable through the heterogeneity of the residual variance between animals and it can be seemed that these differences could be inherited. The objective of current study was to estimate the genetic variance components and heritability of micro-environmental sensitivities for milk yield and somatic cell score (SCS) traits in the first lactation of Iranian Holstein cows. Data included the 1,466,498 and 875,416 test day records for milk yield and somatic cell score, respectively, that were collected by the Animal Breeding Center and Promotion of Animal Products of Iran from 1987 to 2015. The GLM procedure of SAS software was used to determine the fixed effects which were fitted in the statistical model of analysis. Estimation of variance components and genetic parameters of micro-environmental sensitivity was performed using ASReml software, applying the double hierarchical generalized linear model (DHGLM). Heritability of micro-environmental sensitivity for milk yield (0.00201 ± 0.00014) and somatic cell score (0.00188 ± 0.00018) was lower compared with the heritability of milk yield (0.16 ± 0.08) and somatic cell score (0.034 ± 0.007). However, the genetic coefficient variation (GCV) for residual variance of the mentioned traits was estimated to be 0.18 and 0.16, respectively, which indicating a substantial potential for selection responses in both traits. The results of this study indicate that heterogeneity of residual variation in milk yield and somatic cell score of Iranian Holstein cows was partly under genetic control and therefore uniformity of these traits could be improved by selection for residual variance.

Key words: Residual variance, Dairy cow, Heritability, Genetic coefficient of variation, Uniformity.

مقدمه

دامی را به همراه خواهد داشت (Rönnegård و همکاران، ۲۰۱۰). در پرورش حیوانات اهلی، یکنواختی محصول نهایی مهم است و با کاهش حساسیت عوامل محیطی خرد می‌توان یکنواختی محصولات دامی را افزایش داد. حساسیت محیطی خرد (واریانس باقیمانده) اطلاعات مفید و ارزشمندی را برای دامداران در خصوص مدیریت گله ارائه می‌نماید و این خصوصیت می‌تواند به عنوان یک صفت با وراثت‌پذیری پایین در نظر گرفته شود و از طریق انتخاب برای آن، برای بهبود مقاومت حیوانات در برابر تغییرات محیطی و یکنواختی محصولات دامی اقدام نمود (and

گاوهای شیری که برای برخی از صفات نسبت به تغییرات محیطی مقاوم باشند و یکنواختی بیشتری داشته باشند در صنعت تولید مواد لبنی مطلوب هستند. یکنواختی صفات از طریق تفاوت‌های حیوانات در واریانس‌های باقیمانده قابل بررسی است و این تفاوت‌ها به نظر می‌رسد قابل توارث باشند (Rönnegård و همکاران، ۲۰۱۳). در بیشتر ارزیابی‌های مرسوم ژنتیکی، فرض بر این است که واریانس باقیمانده یکنواخت است. در حالیکه این فرض صحیح نبوده و علاوه بر تأثیر در ارزیابی‌های ژنتیکی Ehsaninia و همکاران، ۲۰۱۶) عدم یکنواختی محصولات

یک نسل انتخاب گزارش شده است (Mulder و همکاران، ۲۰۰۹). سایر مطالعات نیز نشان داده‌اند که واریانس باقیمانده وزن بدن جوجه‌های گوشتی نر و ماده، تعداد نوزاد در هر زایش خرگوش و وزن بدن حلزون تحت کنترل ژنتیکی است (Ros و همکاران، ۲۰۰۴؛ Rowe و همکاران، ۲۰۰۶؛ Wolc و همکاران، ۲۰۰۹؛ Yang و همکاران، ۲۰۱۰). در تحقیقی دیگر وراثت‌پذیری واریانس باقیمانده وزن بدن در جوجه‌های گوشتی نر و ماده به روش حداکثر درستی محدود شده به ترتیب 0.03 ± 0.003 و 0.04 ± 0.003 و ضریب تنوع ژنتیکی واریانس^۲ باقیمانده 0.35 و 0.57 گزارش شد (Mulder و همکاران، ۲۰۰۹). روش مدل خطی عمومی سلسله مراتبی مضاعف توسط Rönnegård و همکاران (۲۰۱۰) برای تخمین مؤلفه‌های واریانس حساسیت‌های محیطی خرد ارائه شده است. در این روش که ترکیبی از سرعت و برآوردهای نارایب است، معادلات مدل مختلط در دو سطح یکی مربوط به مشاهدات صفت موردنظر و دیگری مربوط به واریانس باقیمانده، به طور همزمان برآورد می‌شوند و پس از همگرایی پارامترهای ژنتیکی مربوط به صفت و واریانس محیطی به طور همزمان برآورد می‌شوند. محققین زیادی از این روش برای تخمین پارامترهای ژنتیکی واریانس باقیمانده صفات مختلف استفاده کرده‌اند (Vandenplas و همکاران، ۲۰۱۳؛ Felleki و همکاران، ۲۰۱۲؛ Mulder و همکاران، ۲۰۱۳؛ Sonesson و همکاران، ۲۰۱۳). هدف از این مطالعه برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی حساسیت‌های محیطی خرد برای داده‌های روزآزمون تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی دوره اول شیردهی در گاوهای هلشتاین ایران بود.

Hill Mulder (۲۰۱۰). برای مثال همگنی و یکنواختی عملکرد گله‌های گاو شیری به طور معنی‌داری هزینه‌های مدیریت را کاهش می‌دهد (Vandenplas و همکاران، ۲۰۱۳). در حیوانات گوشتی، یکنواختی لاشه‌ها یک مزیت اقتصادی محسوب می‌شود زیرا پرورش‌دهندگان به دلیل تغییرات زیاد وزن و یا تغییر شکل لاشه‌ها توسط کشتارگاه‌ها جریمه می‌شوند (Mulder و همکاران، ۲۰۰۸). تغییرات دائمی در حساسیت‌های محیطی خرد فقط زمانی امکان‌پذیر است که برای واریانس باقیمانده تنوع ژنتیکی وجود داشته باشد. با کمک انتخاب می‌توان از تنوع ژنتیکی واریانس باقیمانده برای افزایش یکنواختی حیوانات استفاده نمود که یک مزیت اقتصادی است؛ اما انتخاب زمانی می‌تواند مؤثر باشد که بین حیوانات از لحاظ تغییرات فنوتیپی تنوع ژنتیکی وجود داشته باشد (Mulder و همکاران، ۲۰۱۳؛ Janhunnen و همکاران، ۲۰۱۲).

یکنواختی ژنتیکی حیوانات برای صفات با حد بهینه متوسط از قبیل تعداد نوزاد در هر زایش گوسفند (SanCristobal-Gaudy و همکاران، ۲۰۰۱) یا وزن تخم‌مرغ در مرغ‌های تخم‌گذار (Dekkers و همکاران، ۱۹۹۵) اهمیت ویژه‌ای دارد. در یک مطالعه انحراف استاندارد ژنتیکی واریانس باقیمانده صفت وزن بدن در جوجه‌های گوشتی بین ۲۰ تا ۶۰٪ گزارش شد (Rowe و همکاران، ۲۰۰۶). مطالعات نشان داده‌اند که واریانس محیطی تا حدودی تحت کنترل عوامل ژنتیکی بوده و بنابراین قابل توارث است (Neves و همکاران، ۲۰۱۲؛ Rönnegård و همکاران، ۲۰۱۳). واریانس باقیمانده صفات مختلف وزن تولد و از شیرگیری در جمعیت گاو گوشتی نلور دارای تنوع ژنتیکی بوده و یکنواختی این صفات می‌تواند از طریق انتخاب برای واریانس باقیمانده بهبود یابد (Neves و همکاران، ۲۰۱۱). کاهش بیش از ۳۰-۲۰ درصد میانگین واریانس باقیمانده وزن بدن در جوجه‌های گوشتی بعد از

¹ - Nellore

² - Genetic coefficient of variation = GCV

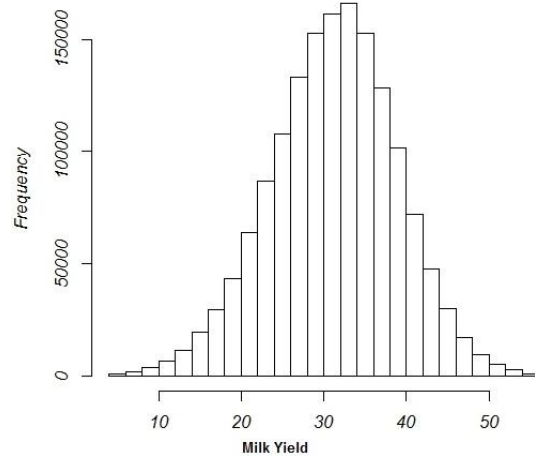
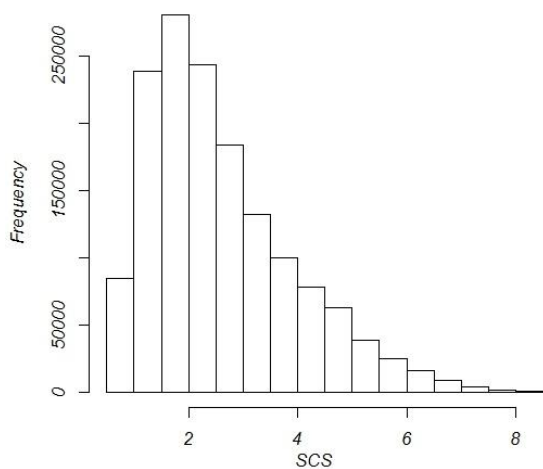
مواد و روش‌ها

برای انجام تحقیق حاضر از داده‌های ۱۴۶۶۴۹۸ رکورد روزآزمون تولید شیر و ۸۷۴۴۲۶ رکورد روزآزمون امتیاز سلول‌های بدنی مربوط به ۱۸۹۳۴۶ رأس گاو هلستاین شکم زایش اول در ۸۳۸ گل که طی سال‌های ۱۳۶۶ تا ۱۳۹۴ زایش داشته‌اند، استفاده شد. اطلاعات مذکور توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور جمع‌آوری شد. ویرایش و آماده‌سازی داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار Visual FoxPro 9.0 انجام شد. رکوردها برای گاوهای شکم اول در دامنه سنی ۱۸ تا ۳۶ ماهگی در زمان زایش و در بازه زمانی بین ۵ تا ۳۰۵ روز از دوره شیردهی (DIM) استخراج شدند (فرهنگ‌فر و همکاران، ۱۳۹۵). علاوه بر این

گاوهای انتخاب شدند که تا قبل از روز ۹۰ از دوره شیردهی حداقل یک رکورد روزآزمون داشتند و گاوهای شیری با بیش از ۸ رکورد روزآزمون، گله-سال‌های دارای حداقل ۱۰ رأس گاو شیرده و ماده‌هایی که پدرشان بیش از ۵ نتاج داشتند، انتخاب شدند (Kheirabadi و همکاران، ۲۰۱۳). کمینه و بیشینه تولید شیر روزانه گاوها در دامنه ۵ تا ۵۵ کیلوگرم و امتیاز سلول‌های بدنی در دامنه ۱/۲۱ تا ۶/۲۸ بود (Shadparvar and Yazdanshenas، ۲۰۰۵). برخی از شاخص‌های آمار توصیفی و نمودار فراوانی صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی در جدول ۱ و شکل ۱ ارائه شده است.

جدول ۱- آمار توصیفی داده‌های مربوط به تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی

صفت	تعداد رکورد	میانگین	انحراف معیار	حداقل	حداکثر
تولید شیر (کیلوگرم)	۱۴۶۶۴۹۸	۳۱/۴۱	۷/۶۱	۵	۵۵
امتیاز سلول‌های بدنی (سلول در میلی‌لیتر)	۸۷۴۴۲۶	۲/۳۴	۰/۹۸	۱/۲۱	۶/۲۸



شکل ۱- نمودارهای صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی مورد مطالعه

کاکس مطابق روابط زیر به امتیاز سلول‌های بدنی (SCS) تبدیل و به حالت نرمال نزدیک شدند:

برای صفت تعداد سلول‌های بدنی که داده‌های آن توزیع نرمال ندارند مشاهدات مربوطه با استفاده از تبدیل توانی یا باکس-

های تصادفی است. X ، Z_u و Z_p به ترتیب ماتریس‌های وقوع ارتباط دهنده رکوردها به اثرات ثابت، تصادفی و محیطی دائمی می‌باشند. سپس مدل واریانس باقیمانده به صورت زیر برآش شد:

$$V(e) = \exp(X_v \beta_v + Z_{u_v} u_v + Z_{p_v} p_v)$$

در مدل فوق، β_v بردار اثرات ثابت برای واریانس باقیمانده که شامل اثرات گله، سال-فصل-گوساله‌زایی، روزهای شیردهی و سن حیوان در زمان زایش، u_v و p_v به ترتیب بردار اثرات ژنتیکی افزایشی و اثرات محیطی دائمی برای واریانس باقیمانده و X_v ، Z_{u_v} و Z_{p_v} ماتریس‌های وقوع ارتباط دهنده رکوردها به اثرات ثابت، تصادفی و محیطی دائمی می‌باشند. فرض بر این است که u_v و p_v دارای توزیع نرمال چند متغیره می‌باشند:

$$p_v \sim N(0, I P_v^2) \quad u_v \sim N(0, A u_v^2)$$

در رابطه فوق، A ماتریس روابط خویشاوندی افزایشی، $\sigma_{u_v}^2$ واریانس ژنتیکی افزایشی برای واریانس باقیمانده، $\sigma_{p_v}^2$ واریانس تصادفی محیطی دائمی برای واریانس باقیمانده و I ماتریس واحد می‌باشند.

ضریب تنوع ژنتیکی که عبارت از نسبت انحراف معیار ژنتیکی واریانس باقیمانده به میانگین واریانس باقیمانده است، براساس فرمول زیر محاسبه شد:

$$GCV = \frac{\sigma_{Av}}{\sigma_e^2}$$

که σ_{Av} انحراف معیار ژنتیکی افزایشی حساسیت محیطی خرد و σ_e^2 میانگین واریانس باقیمانده است.

نتایج و بحث

مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی حساسیت‌های محیطی خرد صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی در شکم زایش اول در جدول ۲ ارائه شده است.

$$SCS = \frac{SCC^\lambda}{\lambda} - 1 \quad \text{برای } \lambda \neq 0$$

$$SCS = \log(SCC) \quad \text{برای } \lambda = 0$$

در تبدیل توانی یا باکس کاکس مقدار λ طوری تعیین می‌گردد که توزیع متغیر مورد نظر به توزیع نرمال نزدیک شود. در این پژوهش، برای تعیین مقدار λ از نرم‌افزار R 3.0.1 استفاده گردید. مقدار مورد نیاز برای تبدیل شمار سلول‌های بدنی به امتیاز سلول‌های بدنی ۰/۲۰۷- محاسبه شد.

برای بررسی اثر عوامل ثابت بر صفات مورد مطالعه از رویه مدل‌های خطی کلی و نرم‌افزار SAS 9.1 استفاده شد. مؤلفه‌های واریانس حساسیت‌های محیطی خرد با روش مدل خطی عمومی سلسله مراتبی مضاعف و با استفاده از نرم‌افزار ASReml 4.0 (Gilmour و همکاران، ۲۰۰۹) برآورد شدند.

در روش مدل خطی عمومی سلسله مراتبی مضاعف مدلی که برازش می‌شود شامل دو قسمت میانگین (صفت موردنظر) و واریانس باقیمانده (حساسیت عوامل محیطی خرد) است. ابتدا مدل تابعیت تصادفی مربوط به صفت موردنظر برازش شده و سپس پاسخ‌های حاصل از برازش مدل اول (واریانس باقیمانده) به‌عنوان صفت برای مدل دوم در نظر گرفته می‌شود. از دو مدل تابعیت تصادفی و مدل واریانس باقیمانده برای تجزیه و تحلیل ژنتیکی صفت و حساسیت محیطی خرد مربوطه استفاده شد.

ابتدا مدل تابعیت تصادفی (مدل میانگین) زیر برازش شد:

$$y = X\beta + Z_u u + Z_p P + e$$

که در این مدل، y بردار مشاهدات، β بردار اثرات ثابت و شامل اثرات گله-سال-ماه-روزآزمون، سال-فصل-گوساله‌زایی، روزهای شیردهی و سن حیوان در زمان زایش، u بردار اثرات ژنتیکی افزایشی، P بردار اثرات محیطی دائمی و e بردار باقیمانده-

جدول ۲- مؤلفه‌های واریانس حساسیت‌های محیطی خرد برای تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی

مدل	پارامتر	صفت
		امتیاز سلول‌های بدنی
	h^2	تولید شیر
مدل میانگین	σ_a^2	0.16 ± 0.08
	σ_{PE}^2	38.25 ± 0.45
	h_v^2	45.34 ± 0.36
مدل واریانس باقیمانده	σ_{av}^2	0.00201 ± 0.00014
	σ_{pv}^2	0.0023 ± 0.0028
	σ_{pv}^2	0.0039 ± 0.0081
	σ_{pv}^2	0.0034 ± 0.0071
	GCV	0.16

$h^2 =$ وراثت‌پذیری، $\sigma_a^2 =$ واریانس ژنتیکی افزایشی، $\sigma_{PE}^2 =$ واریانس محیطی دائمی، $h_v^2 =$ وراثت‌پذیری حساسیت‌های محیطی خرد و $GCV =$ ضریب تنوع ژنتیکی حساسیت محیطی خرد

سلول‌های بدنی نسبت به صفات مربوطه پایین‌تر است و ممکن است حساسیت‌های محیطی خرد پاسخ ضعیفی به انتخاب نشان دهند اما به دلیل داشتن ضریب تنوع ژنتیکی نسبتاً بالا، واریانس باقیمانده این صفات می‌تواند از طریق انتخاب تغییر داده شود و نسبت به کاهش تنوع محیطی و افزایش یکنواختی صفات مذکور اقدام نمود. برآوردهای پایین وراثت‌پذیری صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی ضرورتاً بدین معنا نیست که حساسیت‌های محیطی خرد پاسخ ضعیفی نسبت به انتخاب نشان می‌دهند. وراثت-پذیری، نسبت واریانس ژنتیکی افزایشی به محیطی، پیش‌بینی‌کننده‌ای از پتانسیل ژنتیکی برای پاسخ به انتخاب است. ضریب تنوع ژنتیکی، نسبت انحراف معیار افزایشی به میانگین، نیز پتانسیل ژنتیکی یک صفت برای پاسخ به انتخاب را نشان می‌دهد. در مطالعه حاضر ضریب تنوع ژنتیکی نسبتاً خوبی برای صفات مورد مطالعه وجود داشت و این بدین معنا است که از طریق انتخاب می‌توان مقدار واریانس باقیمانده را کاهش داد.

در برخی آزمایش‌های انتخاب (میزان رشد در مگس) و برنامه‌های اصلاح نژاد (زنده‌مانی خوک) پاسخ‌های ژنتیکی مناسبی برای صفات با وراثت‌پذیری پایین بدست آمده است (Janhunen و همکاران، ۲۰۱۲) که این ایده را تقویت می‌کند که واریانس

مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی برای حساسیت‌های محیطی خرد صفت تولید شیر به ترتیب ۰/۰۳۹ و ۰/۵۴۲ و برای امتیاز سلول‌های بدنی به ترتیب ۰/۰۲۸ و ۰/۴۷۱ برآورد شدند. برای تولید شیر، برآورد واریانس ژنتیکی مربوط به واریانس باقیمانده ۰/۰۳۹ و انحراف استاندارد ژنتیکی آن ۰/۱۸ بدست آمد اما مقدار انحراف استاندارد ژنتیکی برای امتیاز سلول‌های بدنی ۰/۱۶ بود. بنابراین می‌توان گفت که ۱ واحد تغییر در انحراف استاندارد ژنتیکی واریانس باقیمانده تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی به ترتیب سبب ۱۸ و ۱۶ درصد تغییر در واریانس باقیمانده هر کدام از صفات ذکر شده می‌شود. مقادیر وراثت‌پذیری حساسیت محیطی خرد برای تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی به ترتیب ۰/۰۰۲۰۱ و ۰/۰۰۱۸۸ بود. چنین نتایجی برای صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی در مطالعات سایر محققان (Rönnegård و همکاران، ۲۰۱۳؛ Vandenplas و همکاران، ۲۰۱۳) نیز مشاهده شده است. در موافقت با نتایج تحقیق حاضر، Vandenplas و همکاران (۲۰۱۳) وراثت‌پذیری واریانس باقیمانده تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی را در گاوهای هلشتاین والون به ترتیب ۰/۰۰۱۹۹ و ۰/۰۰۳۴۷ گزارش کردند. اگر چه وراثت‌پذیری واریانس باقیمانده تولید شیر و امتیاز

واریانس باقیمانده در مطالعه گونه‌های مختلف حیوانات در دامنه ۲۰ درصد یا بیشتر گزارش شده است (Mulder و همکاران، ۲۰۰۷؛ Neves و همکاران، ۲۰۱۲).

مطالعات اخیر نشان داده‌اند که بخشی از واریانس محیطی تحت کنترل عوامل ژنتیکی بوده و بنابراین قابل توارث می‌باشد (Felleki و همکاران، ۲۰۱۲؛ Rönnegård و همکاران، ۲۰۱۰؛ Hill and Mulder، ۲۰۱۰). در مطالعه Mulder و همکاران (۲۰۰۹) بر روی جوجه‌های گوشتی پس از یک نسل انتخاب میانگین واریانس باقیمانده وزن بدن ۲۰-۳۰٪ کاهش یافت و وراثت‌پذیری واریانس باقیمانده وزن بدن در جوجه‌های گوشتی نر و ماده به ترتیب ۰/۰۲۹ و ۰/۰۳۹ و ضریب تنوع ژنتیکی واریانس باقیمانده به ترتیب ۰/۳۵ و ۰/۵۷ گزارش شد. انتخاب بر اساس تنوع ژنتیکی حساسیت‌های محیطی خرد برای حالت‌هایی مهم است که به لحاظ اقتصادی داشتن افراد با تنوع پایین و مقادیر صفات در حد بهینه دارای اهمیت باشد. وقتی که برای واریانس باقیمانده تنوع ژنتیکی وجود داشته باشد و همچنین تعداد رکوردها به ازای هر نر زیاد باشد، به نظر می‌رسد که انتخاب برای کاهش واریانس باقیمانده مناسب‌تر باشد (Janhunnen و همکاران، ۲۰۱۲). علاوه بر این، ناهمگنی پایین واریانس باقیمانده دلالت بر این دارد که گاوها در محیط تولید حساسیت کمتری نسبت به شرایط نامساعد دارند و این یک معیار از یکنواختی است. بنابراین، واضح است که کاهش واریانس باقیمانده صفات موردنظر از طریق انتخاب و اصلاح نژاد سودمند است (Vandenplas و همکاران، ۲۰۱۳). در سایر مطالعات نیز نشان داده شده است که واریانس باقیمانده وزن تولد (Garreau و همکاران، ۲۰۰۶) و تعداد نوزاد در هر زایش (Yang و همکاران، ۲۰۱۰) در خرگوش تحت کنترل ژنتیکی است و ضریب تنوع ژنتیکی برای صفات مذکور به ترتیب ۰/۲۵ و ۰/۳۷-۰/۲۷ است و از این تفاوت‌های

باقیمانده از طریق انتخاب قابل تغییر است. به همین نحو، در یک مطالعه مقدار واریانس باقیمانده پس از یک نسل انتخاب وقتی که همراه با ارزش فنوتیپی صفت در یک شاخص انتخاب وارد شد تا حدود ۱۰ درصد کاهش یافت (Mulder و همکاران، ۲۰۰۸) که بیانگر امکان کاهش میزان واریانس باقیمانده از طریق انتخاب است. ضریب تنوع ژنتیکی واریانس باقیمانده صفات مذکور در دامنه نتایج سایر محققین قرار دارد (Rönnegård و همکاران، ۲۰۱۳؛ Vandenplas و همکاران، ۲۰۱۳). در یک مطالعه بر روی گاوهای هلشتاین سوئدی واریانس ژنتیکی افزایشی برای حساسیت محیطی خرد تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی به ترتیب ۰/۰۴۹ و ۰/۰۴۶ و ضریب تنوع ژنتیکی برای هر دو صفت ۰/۲۲ گزارش و بیان شد که تغییر یک واحد انحراف معیار ژنتیکی واریانس باقیمانده صفات مذکور، واریانس باقیمانده را تا ۲۰ درصد کاهش می‌دهد (Rönnegård و همکاران، ۲۰۱۳).

Vandenplas و همکاران (2013) در تحقیق بر روی گاوهای هلشتاین والون^۳ در کشور بلژیک ضریب تنوع ژنتیکی واریانس باقیمانده تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی را ۰/۱۷ و ۰/۱۶ و وراثت‌پذیری صفات مذکور را به ترتیب ۰/۰۰۱۹۹ و ۰/۰۰۳۴۷ گزارش کردند که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت دارد. وراثت‌پذیری حساسیت‌های محیطی خرد مربوط به وزن بدن و وراثت‌پذیری وزن بدن ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان در کشور فنلاند به ترتیب ۰/۰۲۴ و ۰/۰۳۵ گزارش شده و بیان شد اگرچه وراثت‌پذیری حساسیت محیطی پایین است اما ضریب تنوع ژنتیکی بالاتر واریانس باقیمانده (۳۷ درصد) نسبت به صفت وزن بدن (۱۴ درصد) بیانگر وجود واریانس ژنتیکی افزایشی بیشتر برای حساسیت‌های محیطی خرد است و امکان کاهش واریانس باقیمانده از طریق انتخاب وجود دارد (Janhunnen و همکاران، ۲۰۱۲). سطوح قابل ملاحظه‌ای از تنوع ژنتیکی برای

³ - Wallon

Genetic Research, 94: 307-317.

Garreau, H., Bolet, G., Larzul, C., Robert-Granie, C., Saleil, G., SanCristobal, M. and Bodin, L. (2008). Results of four generations of a canalizing selection for rabbit birth weight. *Livestock Science*, 119: 55-62.

Gilmour, A. R., Gogel, B. J., Cullis, B. R. and Thompson, R. (2009). *ASReml User Guide Release*. VSN International Ltd: Hemel Hempstead.

Hill, W. G. and Mulder, H. A. (2010). Genetic analysis of environmental variation. *Genetic Research*, 92: 381-395.

Janhunen, M., A. Kaune, A., Vehvilainen, H. and Jarvisalo, O. (2012). Genetics of Microenvironmental Sensitivity of Body Weight in Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*) Selected for Improved Growth. *Plos One*, 7: 6, 1-8.

Kheirabadi, K., Alijani, S., Zavadilová, L., Rafat, A. S. and Moghaddam, G. (2013). Estimation of genetic parameters for daily milk yields of primiparous Iranian Holstein cows. *Archiv Tierzucht*, 5644: 455-466.

Mulder, H. A., Bijma, P. and Hill, W. G. (2007). Prediction of breeding values and selection response with genetic heterogeneity of environmental variance. *Genetics*, 175:1895-1910.

Mulder, H. A., Bijma, P. and Hill, W. G. (2008). Selection for uniformity in livestock by exploiting genetic heterogeneity of residual variance. *Genetic Selection Evolution*, 40: 37-59.

Mulder, H. A., Hill, W. G., Vereijken, A. and Veerkamp, R. F. (2009). Estimation of genetic variation in residual variance in female and male broilers. *Animal*, 3: 1673-1680.

ژنتیکی در واریانس باقیمانده بین حیوانات می‌توان برای به دست آوردن محصولات همگن و یا حیوانات نسبتاً مقاوم در برابر تغییرات محیطی اقدام نمود.

نتیجه‌گیری

فاکتورهای محیطی و ژنتیکی بر واریانس باقیمانده صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی گاوهای هشتتین ایران تأثیر دارند و حساسیت عوامل محیطی خرد برای صفات مذکور می‌تواند یک صفت با وراثت‌پذیری پایین در نظر گرفته شود و با توجه به وجود ضریب تنوع ژنتیکی برای صفات مذکور، از طریق انتخاب نسبت به کاهش حساسیت محیطی خرد و در نتیجه افزایش یکنواختی اقدام نمود.

منابع

فرهنگ‌فر، ه.، سالاری، م و اصغری، م. (۱۳۹۵). برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روز آزمون شیر گاوهای هلشتاین استان تهران با استفاده از مدل تابع کواریانس. نشریه پژوهش‌های علوم دامی، جلد ۲۶، شماره ۴، ص. ۱۱-۱.

Dekkers, J. C. M., Birke, P. V. and Gibson, J. P. (1995). Optimum linear selection indexes for multiple generation objectives with non-linear profit functions. *Journal of Animal Science*, 61: 165-175.

Ehsaninia, J., Ghavi Hossein-Zadeh, N. and Shadparvar, A. A. (2016). Homogeneity and heterogeneity of variance components for milk and protein yield at different cluster sizes in Iranian Holsteins. *Livestock Science*, 188: 174-181.

Felleki, M., Lee, D., Lee, Y., Gilmour, A. R. and Ronnegard, L. (2012), Estimation of breeding values for mean and dispersion, their variance and correlation using double hierarchical generalized linear models.

- Mulder, H. A., Rönnegård, L., Fikse, F., Veerkamp, R. F. and Strandberg, E. (2013). Estimation of genetic variance in macro- and micro-environmental sensitivity using double hierarchical generalized linear models. *Genetic Selection Evolution*, 45: 1-14
- Neves, H. H. R., Carneiro, R. and Queiroz, S. A. (2012). Genetic and environmental heterogeneity of residual variance of weight traits in Nelore beef cattle. *Genetic Selection Evolution*, 44: 1-12.
- Neves, H. H. R., Carneiro, R., Roso, V. M. and Queiroz, S. A. (2011). Genetic variability of residual variance of production traits in Nelore beef cattle. *Livestock Production Science*. 142: 164-169.
- R Core Team. (2010). R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- Rönnegård, L., Felleki, M., Fikse, W. F., Mulder, H. A. and Strandberg, E. (2010). Genetic heterogeneity of residual variance- Estimation of variance components using double hierarchical generalized linear models. *Genetic Selection Evolution*, 42: 1-10.
- Rönnegård, L., Felleki, M., Fikse, W. F., Mulder, H. A. and Strandberg, E. (2013). Variance component and breeding value estimation for genetic heterogeneity of residual variance in Swedish Holstein dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 96: 2627-2636.
- Ros, M., Sorensen, D., Waagepetersen, R., Dupont-Nivet, M., SanCristobal, M., Bonnett, J. C. and Mallard, J. (2004). Evidence for genetic control of adult weight plasticity in the snail *Helix aspersa*. *Genetics*, 168: 2089-2097.
- Rowe, S. J., White, I. M. S., Avendano, S. and Hill, W. G. (2006). Genetic heterogeneity of residual variance in broiler chickens. *Genetic Selection Evolution*, 38: 617-635.
- SanCristobal-Gaudy, M., Bodin, L., Elsen, J. M. and Chevalet, C. (2001). Genetic components of litter size variability in sheep. *Genetic Selection Evolution*, 33: 249-271.
- 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-Australasian Journal of Animal Science*. 18, 9: 1231-1236.
- Sonesson, A. K., Ødegård, J. and Rönnegård, L. (2013). Genetic heterogeneity of within-family variance of body weight in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Genetic Selection Evolution*, 45: 1-8.
- Vandenplas, J., Bastin, C., Gengler, N. and Mulder, H. A. (2013). Genetic variance in micro-environmental sensitivity for milk and milk quality in Walloon Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, 96: 5977-5990.
- Wolc, A., White, I. M. S. Avendano, S. and Hill, W. G. (2009). Genetic variability in residual variation of body weight and conformation scores in broiler chickens. *Poultry Science*, 88:1156-1161.
- Yang, Y., Christensen, O. F. and Sorensen, D. (2010). Analysis of a genetically structured variance heterogeneity model using the Box-Cox transformation. *Genetic Research*, 93: 33-46.

