Archive of SID

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

مقایسه برازش عملکرد توابع چند جمله‌ای در مدل رگرسیون تصادفی برای رکوردهای روزآزمون تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران

علی محمدی[۱]، صادق علیجانی[۲]، سید عباس رأفت[۳]، اکبر تقی‌زاده[۳] و مهدی بهلولی[۴]

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه تبریز نویسنده مسئول: alimohamadi36@gmail.com
۲، ۳ و ۴- استادیار، دانشیار و دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه تبریز

تاریخ دریافت: ۹۱/۶/۶ تاریخ پذیرش: ۹۱/۱۰/۳

چکیده

در این تحقیق، از ۷۰۱۲۱۲ رکورد روزآزمون تولید شیر از دوره شیردهی اول، ۱۹۹۹۰۳ رأس گاو شیری هلشتاین که از سال ۱۳۸۵ تا ۱۳۸۹ توسط مرکز اصلاح نژاد کرج جمع‌آوری شده بود، استفاده شد. مدل رگرسیون تصادفی با توابع چند جمله‌ای‌های لژاندر با درجات مختلف ۲ تا ۵ برای برازش اثرات ژنتیک افزایشی و محیط دائمی، ویلمینک و علی- شیفر تحت واریانس باقی‌مانده ثابت در کل دوره شیردهی مقایسه شدند. پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش حداکثر درستنمائی محدود شده (REML)، برآورد شدند. مقایسه مدل‌ها با استفاده از 2Logl-، معیار اطلاعات آکایک (AIC)، معیار اطلاعات بیزی (BIC)، واریانس باقیمانده (RV) و آزمون نسبت درستنمائی (LRT) انجام گرفت. با توجه به نتایج بدست آمده، مدل رگرسیون تصادفی با چندجمله‌ای لژاندر (۲،۵) به عنوان بهترین مدل انتخاب شد. واریانس باقی‌مانده همراه با افزایش درجه برازش اثرات محیط دائمی در چند جمله‌ای‌های لژاندر، کاهش یافت. واریانس محیط دائمی در اوایل دوره شیردهی بالاتر از دیگر مراحل دوره شیردهی و واریانس ژنتیک افزایشی در اوایل دوره نسبت به انتهای دوره شیردهی پایین‌تر برآورد شد. واریانس فنوتیپی تولید شیر در طول دوره شیردهی ثابت نبود و در ابتدا و انتهای دوره شیردهی بالاتر بود. دامنه وراثت‌پذیری در طول دوره شیردهی در بین توابع مختلف بین ۰/۰۸ تا ۰/۲۳ متغیر بود.

واژه های کلیدی: مدل رگرسیون تصادفی، توابع چند جمله‌ای، گاوشیری، وراثت‌پذیری

مقدمه

تولید شیر یکی از صفات مهم اقتصادی در صنعت پرورش گاو شیری می‌باشد که به صورت ماهانه رکوردبرداری می‌شود. استفاده از مدل با دقت بالا برای برآورد پارامترهای ژنتیکی سهم قابل توجهی در افزایش بهره‌وری برنامه‌های انتخاب دارد (۵). امروزه مدل‌های ارزیابی ژنتیکی برای صفات تولیدی قابل تکرار در طول

www.SID.ir

Archive of SID

زمان، بیشتر براساس مدل روزآزمون (TDM)[1] و با استفاده از رکوردهای روزآزمون به جای تولید کل در طی ۳۰۵ روز دوره شیردهی صورت می‌گیرد (۸).

تغییرات تولید شیر در طول دوره شیردهی برای هر گاو شیرده از یک منحنی خاصی به نام منحنی شیردهی تبعیت می‌کند و اندازه‌گیری‌های روزآزمون نقاطی روی این منحنی شیردهی می‌باشند. برای آنالیز رکوردهای روزآزمون تولید شیر، مدل‌های مختلفی از جمله مدل تکرار پذیری، رگرسیون ثابت و چند صفته را می‌توان مورد استفاده قرار داد. این مدل‌ها از جمله مدل‌های روزآزمون یک مرحله‌ای هستند که پس از چندین سال استفاده جهت آنالیز رکوردهای روزآزمون هر یک به دلیل عدم توجه به بخشی از خصوصیات معلوم صفات قابل رکوردگیری در طول زمان مورد انتقاد قرار گرفته‌اند (۲۴). استفاده از مدل روزآزمون اصلاحگر را قادر می‌سازد تا تصمیم‌گیری‌های قبل از انتخاب را برای صرفه‌جویی در زمان و هزینه برنامه‌های اصلاحی همراه با افزایش پاسخ انتخاب برای انتخاب ژنتیکی با توجه به کاهش فاصله نسلی انجام دهد. شفر و دکرز (۱۹) مدل رگرسیون تصادفی را برای آنالیز رکوردهای روزآزمون در گاو شیری پیشنهاد کردند. استفاده از مدل رگرسیون تصادفی برای رکوردهای روزآزمون، اجازه برآورد پارامترهای مربوط به شکل و منحنی شیردهی، از جمله تداوم شیردهی وابسته با سطح تولید را نیز می‌دهد (۱۵).

مدل رگرسیون تصادفی جهت افزایش صحت برآورد ارزش ارثی، اخیراً در ارزیابی‌های ژنتیکی گاوهای شیری در بیشتر کشورها مورد استفاده قرار می‌گیرد (۲۰).

در مدل رگرسیون تصادفی اثر ژنتیکی افزایشی حیوان با تعدادی ضریب رگرسیون تصادفی جایگزین می‌شود. در این مدل منحنی شیردهی هر حیوان از طریق برازش ضرایب رگرسیون تصادفی برای هر حیوان در مدل منظور می شود (۱۰).

با توجه به اینکه انتخاب تابع ریاضی مناسب برای توصیف اثرات ثابت و تصادفی عنصر کلیدی در مدل‌های رگرسیون تصادفی بشمار می‌رود، بنابراین با انتخاب مناسب این توابع برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی از جمله تولید شیر، می‌توان ارزیابی دقیق‌تری داشت (۲۳). توابع متعددی می‌توان برای برآورد پارامترهای ژنتیکی و برای شکل منحنی‌های شیردهی با مدل رگرسیون تصادفی استفاده نمود. اخیراً برای برآورد پارامترهای ژنتیکی از توابع پارامتری و منحنی شیردهی مانند توابع چند جمله‌ای‌های لژاندر، علی- شیفر، ویلمینک استفاده می‌شود (۴ و ۱۳). انتخاب تابع مناسب تحت تاثیر تعداد پارامترهای مورد ارزیابی از جمله مولفه‌های کو(واریانس) است (۲). تاکما و آکباس (۲۴)، توابع چند جمله‌ای‌های لژاندر، ویلمینک و علی- شیفر در مدل رگرسیون تصادفی را جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی تولید شیر مقایسه نموده و استفاده از مدل رگرسیون تصادفی با چند جمله‌ای‌های لژاندر را مناسب دانستند.

1- Test Day Model

www.SID.ir

Archive of SID

مقدس‌زاده اهرابی و همکاران (۱۴)، با استفاده از رکوردهای روزآزمون و مدل رگرسیون تصادفی، صفات تولید شیر و مقدار چربی یک گله گاو هلشتاین را مورد بررسی قرار دادند. از جمله اشکالات کلی این تحقیقات صورت گرفته می‌توان به حجم کم داده‌های مورد استفاده اشاره نمود که این خود نیز به دلیل نبود امکانات محاسباتی و نرم‌افزاری مناسب می‌باشد. لذا، هدف از این مطالعه مقایسه سه تابع چند جمله‌ای لژاندر با درجات برازش مختلف برای اثرات ژنتیک افزایشی و محیط دائمی، ویلمینک و علی- شیفر، بوسیله معیارهای -2Logl، AIC، BIC، RV و همچنین LRT، برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولید شیر گاوهای شیری هلشتاین ایران می‌باشد و در نهایت دست‌یابی به اینکه کدام توابع دقت بالایی در برآورد این پارامترها خواهند داشت.

مواد و روشها

رکوردهای روزآزمون تولید شیر گاوهای شیری از مرکز اصلاح نژاد کرج تهیه شد. رکوردها برای گاوهای شکم اول در دامنه‌ی سنی ۲۱ تا ۴۶ ماهگی برای سال‌های ۱۳۸۵ تا ۱۳۸۹ و در بازه زمانی بین ۵ تا ۳۰۵ روز شیردهی (DIM)[1]، استخراج شد. علاوه بر این گاوهایی انتخاب شدند که تا قبل از روز ۹۰ از دوره شیردهی حداقل یک رکورد روزآزمون داشتند، در مرحله بعد، رکوردهای تولید شیر در دامنه ۱/۵ تا ۷۰ کیلوگرم در فایل داده باقی ماندند و گاوهای شیری دارای بیش از ۵ رکورد روزآزمون، گله- سال‌های دارای حداقل ۴ راس گاو شیرده، و ماده‌هایی که پدرشان بیش از ۵ نتاج داشتند، انتخاب شدند. در نهایت تعداد رکوردهای روزآزمون به ۷۰۱۲۱۲ مورد، که مربوط به ۱۹۹۹۰۳ حیوان بود، رسید. گاوها براساس فصل زایش در ۴ گروه و براساس سن در زمان زایش در ۶ گروه به ترتیب، زیر ۲۶ ماه، ۲۶ تا ۲۸، ۲۸ تا ۳۰، ۳۰ تا ۳۲، ۳۲ تا ۳۳ و بزرگتر از ۳۳ ماه قرار گرفتند. اطلاعات مربوط به فایل شجره از سال ۱۳۶۲ تا ۱۳۸۹ و کل حیوانات موجود در شجره ۱۰۹۷۴۵۹ مورد بود. آزمون معنی‌داری اثرات ثابت در نرم‌افزار SAS و با استفاده از رویه GLM، صورت گرفت (۱۸).

$$y_{tijkm} = HTD_i + Yc_j + MT_k + \sum_{n=1}^{p} AS_{mn}\,\Phi_n + \sum_{n=0}^{r} a_{mn}\,\Phi_n + \sum_{n=0}^{r} pe_{mn}\,\Phi_n + e_{tijkm}$$

که در این مدل، y_{tijklm}، tاُمین رکورد روزآزمون در زیر گروه‌های گله- سال- ماه رکورد روزآزمون (HTD) iاُم، در سال گوساله زایی (YC) jاُم (j=۴،۳،۲،۱) و دفعات دوشش (M) kاُم

1- Days In Milk

www.SID.ir

Archive of SID

(k=۳،۲) مربوط به حیوان mاُم، AS_{mn}، nاُمین ضریب رگرسیون ثابت برای سن- فصل زایش (برای هر کلاس سن- فصل زایش [۶ کلاس] منحنی شیردهی ثابتی در نظر گرفته شد) حیوان mاُم، a_{mn} و pe_{mn} به ترتیب nاُمین ضریب رگرسیون تصادفی اثر ژنتیک افزایشی و اثر محیط دائمی حیوان mاُم، p درجه برازش رگرسیون ثابت (p=۵،۴،۳،۲)، r، تعداد درجات توابع مختلف، Φ_n، چند جمله‌ای‌های لژاندر، ویلمینک و علی- شیفر nاُم برای روز tاُم مرتبط با حیوان mاُم می‌باشد. e_{tijklm}، اثرات تصادفی باقی‌مانده است. برای آماده‌سازی داده‌ها از نرم‌افزارهای Visual FoxPro 9.0 و SAS 9.1 (۱۸) و Pedigree (۱۷) استفاده گردید.

مدل اسکالر فوق به شکل ماتریسی به این صورت نوشته می‌شود:

$$y = Xb + Qa + Zpe + e$$

که y بردار مشاهدات، b بردار اثرات ثابت در مدل، a و pe به ترتیب بردار اثرات ژنتیک افزایشی و محیط دائمی، e بردار اثرات باقی‌مانده و X، Q و Z ماتریس‌های متناظر با ضرایب رگرسیون تصادفی و ثابت هستند. ساختار (کو)واریانس به این صورت تعریف می‌شود:

$$\text{var}\begin{bmatrix} a \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_P^2 & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

که در اینجا، G ماتریس کوواریانس ژنتیکی ضرایب رگرسیون تصادفی، $\otimes$ علامت ضرب کرونکر، A ماتریس ضرایب خویشاوندی بین حیوانات، σ_P^2 واریانس اثرات محیط دائمی، I ماتریس واحد و R ماتریس قطری واریانس باقی‌مانده هستند. برای محاسبه روز شیردهی استاندارد شده (d^*_t)، از رابطه زیر استفاده شد:

$$d^*_t = -1+2\left(\frac{d_t - d_{min}}{d_{max} - d_{min}}\right)$$

که (d_{min} (۵ و (d_{max} (۳۰۵ حداقل و حداکثر روزهای شیردهی و d_t، tاُمین روز شیردهی می‌باشند. برای tاُمین روز استاندارد شده شیردهی (d^*_t)، nاُمین چند جمله‌ای لژاندر $\Phi_{(D_i^*)i}$ به این صورت تعریف شد (۹):

$$\Phi_{(D_i^*)i} = \frac{1}{2^i}\sqrt{\frac{2i+1}{2}}\sum_{m=0}^{i/2}(-1)^m\binom{i}{m}\binom{2i-2m}{i}(D_i^*)^{i-2m}$$

که i، درجه چند جمله‌ای لژاندر است.

در تابع ویلمینک، (۱۱)

$$\Phi_{mn} = \Phi_{0mi\,0} + \Phi_{1mn1} + \Phi_{2mn2}$$

$$\Phi_{0mi\,0}=1 \text{، } DIM_t \Phi_{1mi\,1} = \text{، } \Phi_{2mi\,2} = exp^{(-0.05DIMt)}$$

که DIM_t، tاُمین روز شیردهی مد نظر می‌باشد.

و در تابع علی- شیفر، (۱۰)

$$\Phi_{mi} = (1 \;\; c \;\; c^2 \;\; d \;\; d^2)$$

$c = (t_{mn}/305)$ ،$d = \ln(1/c)$ ،t_{mn} ،nاُمین روز شیردهی می‌باشند.

www.SID.ir

Archive of SID

با استفاده از معیارهای -2Logl، AIC، BIC، RV و همچنین آزمون نسبت درستنمائی بهترین تابع مشخص شد. مدلی که پایین‌ترین مقادیر معیارهای ذکر شده را به خود اختصاص دهد، به عنوان مدل با دقت برازش بالا جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی تولید شیر انتخاب شد. که *k*، نشان دهنده تعداد پارامتر، *N*، تعداد مشاهدات و *r(x)*، رنک ماتریس ضرایب اثرات ثابت در مدل می‌باشد.

برای آزمون نسبت درستنمایی نیز از فرمول زیر استفاده گردید:

$$LRT = 2 * (logr - logf)$$

آزمون نسبت درستنائی به عنوان معیار انتخاب مدل مطلوب که در آن $logr$، مدل با حداقل پارامتر و $logf$ مدل با حداکثر پارامتر می‌باشد. LRT، با استفاده از اختلاف لگاریتم درستنمائی (Logl) در مدل رگرسیون تصادفی با توابع چند جمله‌ای لژاندر با استفاده از آزمون خی‌دو (x^2) و اختلاف تعداد پارامترها در چند جمله‌ای‌های لژاندر با درجات مختلف به عنوان درجه آزادی تعین شد.

برای محاسبه وراثت‌پذیری روز مد نظر از رابطه زیر استفاده شد:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2}$$

که $\sigma_a^2 = qGq'$، $\sigma_{pe}^2 = qPq'$ و σ_a^2، σ_{pe}^2 و σ_e^2 به ترتیب واریانس ژنتیک افزایشی، واریانس محیط دائمی و واریانس باقیمانده می‌باشند. *G* و *P* به ترتیب ماتریس (کو)واریانس به دست آمده برای ضرایب رگرسیون تصادفی اثرات ژنتیک افزایشی و محیط دائمی حیوانات بوده و q نیز بردار چند جمله‌ای‌های روز مد نظر می‌باشد.

$$h_{305}^2 = \frac{\sigma_{a(305d)}^2}{\sigma_{a(305d)}^2 + \sigma_{pe(305d)}^2 + 305 \times \sigma_e^2}$$

که $\sigma_{a(305d)}^2$ و $\sigma_{pe(305d)}^2$ به ترتیب واریانس ژنتیک افزایشی و محیط دائمی برای ۳۰۵ روز تولید می‌باشند و σ_e^2، واریانس باقی مانده می‌باشد و q_{305d}، از جمع ضرایب لژاندر روز ۵ام تا روز ۳۰۵ام حاصل می‌شود.

برای آماده‌سازی داده‌ها از نرم‌افزارهای Visual FoxPro 9.0 و SAS 9.1 استفاده شد. مؤلفه‌های واریانس با روش حداکثر درستنمایی محدودشده (REML) و با استفاده از نرم‌افزار REMLF90 برآورد شدند.

نتایج و بحث

مشخصه‌های آماری صفت تولید شیر، به همراه تعداد حیوانات در جدول ۱، ارائه شد. منحنی میانگین تولید شیر در ماه‌های مختلف شیردهی در شکل ۱، نشان داده شد سطوح معیارهای مقایسه توابع ویلمینک، علی- شیفر و چند جمله‌ای لژاندر با درجات مختلف با مدل رگرسیون تصادفی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی مقدار تولید شیر در جدول ۲ ارائه شده است. انتخاب چند جمله‌ای‌های مختلف به عنوان بهترین و بدترین تابع برای مدل رگرسیون

www.SID.ir

Archive of SID

تصادفی بسته به نوع معیار مقایسه متفاوت است.

جدول ۱- مشخصه‌های آماری صفت تولید شیر (kg)

اطلاعات	
تعداد رکوردهای روزآزمون	۷۰۱۲۱۲
تعداد کل حیوانات رکورددار	۸۳۴۰۷
تعداد کل حیوانات	۱۹۹۹۰۳
گاو ماده دارای نتاج	۱۲۵۶۵۱
تعداد گاو نر دارای نتاج	۳۷۶۴
تعداد حیوانات بدون نتاج	۷۰۴۸۸
سن در زمان زایش	۲۱-۴۶
انحراف معیار	۷/۵۴۳
تعداد گله- سال- ماه رکوردگیری (HTD)	۱۶۳۶۵

مدلی که کمترین مقادیر معیارهای مورد استفاده را به خود اختصاص دهد بهترین مدل و مدلی که از نظر معیارهای مذکور بالاترین مقادیر را داشته باشد به عنوان مدل با عملکرد پایین معرفی می‌شود. مقادیر -2Logl، AIC، BIC برای توابع مختلف بین ۴۶۶۸۰۴۳ تا ۴۳۷۰۰۶۶ تغییر کردند.

شکل ۱- منحنی میانگین تولید شیر (کیلوگرم) در تابعی از ماه‌های رکوردگیری.

www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۲- معیارهای مقایسه مختلف برای مقدار شیر در توابع ویلمینک، علی- شیفر و چند جمله‌ای‌های لژاندر با درجات مختلف

توابع	تعداد پارامتر	-2Logl	LRT	AIC	BIC	RV
ویلمینک	۱۳	۴۴۴۸۶۹۳	-	۴۴۴۸۷۱۹	۴۴۴۸۷۶۹	۱۳/۹۷
علی-شیفر	۳۱	۴۶۶۷۸۶۳	-	۴۶۶۷۹۲۵	۴۶۶۸۰۴۳	۱۳/۰۹
لژاندر ۲،۲	۷	۴۵۶۹۴۷۰	-	۴۵۶۹۴۸۴	۴۵۶۹۵۱۱	۱۷/۰۳
لژاندر ۲،۳	۱۰	۴۴۰۲۱۲۲	۱۶۷۳۴۸*	۴۴۰۲۱۴۲	۴۴۰۲۱۸۰	۱۴/۴۹
لژاندر ۲،۴	۱۴	۴۳۸۰۴۲۳	۲۱۶۹۹*	۴۳۸۰۴۵۱	۴۳۸۰۵۰۵	۱۳/۱۰
لژاندر ۲،۵	۱۹	۴۳۷۰۰۶۶	۱۰۳۵۷*	۴۳۷۰۱۰۴	۴۳۷۰۱۷۶	۱۲/۲۹
لژاندر ۳،۲	۱۰	۴۵۶۹۴۹۲	-	۴۵۶۹۵۱۲	۴۵۶۹۵۵۰	۱۴/۵۷
لژاندر ۳،۳	۱۳	۴۵۵۹۷۸۰	۹۷۱۷*	۴۵۵۹۸۰۶	۴۵۵۹۸۵۶	۱۴/۴۹
لژاندر ۳،۴	۱۷	۴۴۵۴۹۰۰	۱۰۴۸۸۰*	۴۴۵۴۹۳۴	۴۴۵۴۹۹۹	۱۳/۲۲
لژاندر ۳،۵	۲۲	۴۴۴۰۳۵۰	۱۴۵۵۰*	۴۴۴۰۳۹۴	۴۴۴۰۴۷۸	۱۲/۴۵
لژاندر ۴،۲	۱۴	۴۵۷۱۵۱۵	-	۴۵۷۱۵۴۳	۴۵۷۱۵۹۶	۱۳/۴۱
لژاندر ۴،۳	۱۷	۴۵۷۰۳۶۸	۱۱۴۷*	۴۵۷۰۴۰۲	۴۵۷۰۴۶۸	۱۳/۳۳
لژاندر ۴،۴	۲۱	۴۵۵۴۹۷۳	۱۵۳۹۵*	۴۵۵۵۰۱۵	۴۵۵۵۰۹۵	۱۳/۲۲
لژاندر ۴،۵	۲۶	۴۴۸۳۰۱۲	۷۱۹۶۱*	۴۴۸۳۰۶۴	۴۴۸۳۱۶۴	۱۲/۴۴
لژاندر ۵،۲	۱۹	۴۵۷۷۰۶۳	-	۴۵۷۷۱۰۱	۴۵۷۷۱۷۴	۱۳/۲۴
لژاندر ۵،۳	۲۲	۴۵۷۱۴۹۷	۵۵۶۶*	۴۵۷۱۵۴۱	۴۵۷۱۶۲۵	۱۲/۷۰
لژاندر ۵،۴	۲۶	۴۵۶۴۹۹۳	۶۵۰۴*	۴۵۶۵۰۴۵	۴۵۶۵۱۴۴	۱۲/۴۵
لژاندر ۵،۵	۳۱	۴۵۴۷۴۱۳	۱۷۵۸۰*	۴۵۴۷۴۷۵	۴۵۴۷۵۹۴	۱۲/۴۴

(چند جمله‌ای‌های لژاندر (i,j) به ترتیب درجه برازش برای اثرات ژنتیک افزایشی و محیط دائمی) و *: تغییرات معنی‌داری (P<۰/۰۵).

در بین مقادیر معیارهای ذکر شده برای توابع مختلف در مدل رگرسیون تصادفی، چند جمله‌ای لژاندر درجه ۲ برای برازش اثرات ژنتیک افزایشی و درجه ۵ برای اثرات محیط دائمی (۲،۵) به عنوان بهترین مدل انتخاب شد. این مدل مقادیر ۴۳۷۰۰۶۶، ۴۳۷۰۱۰۴، ۴۳۷۰۱۷۶ و ۱۲/۲۹ به ترتیب برای معیارهای -2Logl، AIC، BIC و RV را به خود اختصاص داد. در حالی که برای مدل رگرسیون تصادفی با تابع علی- شیفر بالاترین مقادیر معیارهای -2Logl، AIC و BIC به ترتیب با ۴۶۶۷۸۶۳، ۴۶۶۷۹۲۵ و ۴۶۶۸۰۴۳ بدست آمد. در حالی‌که این مدل بالاترین مقادیر معیارهای مذکور را به خود اختصاص داد، ولی نسبت به مدل رگرسیون تصادفی با توابع ویلمینک و چند جمله‌ای‌های لژاندر (۲،۲)، (۲،۳)، (۲،۴)، (۳،۲)، (۳،۳)، (۳،۴)، (۴،۲)، (۴،۳)، (۴،۴) و (۵،۲) دارای RV کمتری بود. عملکرد مدل علی- شیفر نسبت به مدل چند جمله‌ای لژاندر با درجه برازش یکسان (۵،۵) پایین‌تر برآورد شد. مدل رگرسیون تصادفی با تابع ویلمینک نسبت به چند جمله‌ای‌های لژاندر (۲،۴)، (۲،۵)

www.SID.ir

Archive of SID

و (۳،۵) دارای مقادیر بالاتری از تمام معیارهای مقایسه بود. همچنین مدل ویلمینک نسبت به چند جمله‌ای لژاندر (۲،۳) در خصوص معیارهای 2Logl-، AIC و BIC، مقادیر بالاتری را به خود اختصاص داد. علاوه بر آن مشاهده شد که تابع ویلمینک به غیر از مدل چند جمله‌ای‌های لژاندر (۲،۲)، (۳،۲)، (۳،۳)، (۲،۳) در بقیه موارد دارای RV بالاتری بود. مدل رگرسیون تصادفی با چند جمله‌ای لژاندر درجه ۲ برای برازش اثرات ژنتیک افزایشی و محیط دائمی (۲،۲) بالاترین RV (۱۷/۰۳) را به خود اختصاص داد و از این نظر به عنوان مدل با عملکرد ضعیف انتخاب شد. در آزمون نسبت درستنمائی، چند جمله‌ای‌های لژاندر با درجات مختلف برای اثرات ژنتیک افزایشی و محیط دائمی با مقادیر 2Logl- مربوط به هر کدام و در سطح احتمال (P<۰/۰۵) تست معنی‌داری شدند. با توجه به نتایج به دست آمده تمام چند جمله‌ای‌های لژاندر با درجات برازش برای اثرات ژنتیک افزایشی ثابت و محیط دائمی متغیر دو به دو باهم در سطح احتمال مذکور معنی‌دار بودند. با توجه به نتایج به دست آمده در خصوص چند جمله‌ای‌های لژاندر مشخص شد که با افزایش درجه برازش اثرات محیط دائمی نسبت به ژنتیک افزایشی، مقادیر معیارهای مذکور کاهش یافت، این موضوع در خصوص تغییرات واریانس باقی‌مانده در این مطالعه کاملاً مشهود است. این نتایج مطابق با نتایج بدست آمده توسط سایر محققین بود (۲، ۶، ۱۳، ۱۶ و ۲۴). مؤلفه‌های (کو)وارایانس برای ضرایب رگرسیون تصادفی ژنتیک افزایشی (a1، a2، a3، a4 و a5) و محیط دائمی (p1، p2، p3، p4 و p5) به دست آمده به وسیله مدل رگرسیون تصادفی تک صفته در جدول ۳ ارائه شده است. واریانس باقی‌مانده در کل دوره شیردهی همگن در نظر گرفته شد. واریانس‌های ژنتیک افزایشی در اشکال ۲، ۳ و محیط دائمی در اشکال ۴، ۵ برای صفت تولید شیر نشان داده شده است. واریانس ژنتیک افزایشی در ابتدای دوره شیردهی مقداری پایین‌تر از انتهای دوره به دست آمد.

www.SID.ir

Archive of SID

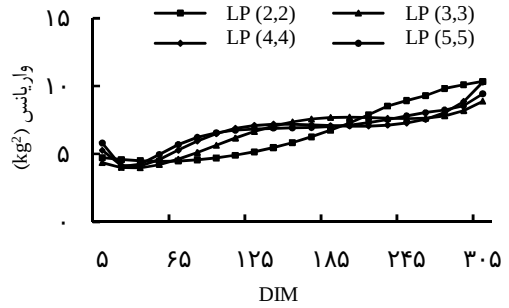
جدول ۳- مؤلفه‌های (کو)واریانس برای ضرایب رگرسیون تصادفی ژنتیک افزایشی (G) (a1، a2، a3، a4 و a5) و محیط دائمی (PE) (p1، p2، p3، p4، p5) تولید شیر با استفاده از توابع ویلمینک (W)، علی- شیفر (A) و چند جمله‌ای‌های لژاندر (LP)

چند جمله‌ای‌های مختلف						
LP (5,5)	LP (4,4)	LP (3,3)	LP (2,2)	A	W	G
۱۱/۳۴۰	۱۱/۳۴۰	۱۱/۲۲۰	۱۱/۶۶۰	۴۵/۵۷۰	۷/۳۲۷۰	a1 a1
۱/۴۷۹۰	۱/۴۵۷۰	۱/۴۴۶۰	۲/۲۸۷۰	۱۶/۶۵۰۰	-۰/۰۰۹۸	a2 a1
-۱/۰۴۶۰	-۰/۹۹۶۳	-۱/۱۳۹۰	-	-۴۳/۰۴۰	-۱۰/۱۹۰	a3 a1
۰/۴۷۳۱	۰/۵۵۰۶	-	-	-۴۰/۱۴۰	-	a4 a1
-۰/۳۱۴۷	-	-	-	۸	-	a5 a1
۱/۱۱۲۰	۱/۱۰۸۰	۱/۰۹۳۰	۱/۹۰۳۰	۷/۷۸۹۰	۰/۰۰۸۵	a2 a2
-۰/۰۹۲۶	-۰/۰۹۴۰	۰/۰۶۰۹	-	-۲۵/۶۸۰	۰/۰۱۷۴	a3 a2
۰/۰۱۴۴	۰/۰۳۲۲	-	-	-۱۵/۰۱۰	-	a4 a2
-۰/۰۲۲۲	-	-	-	۳/۰۴۳	-	a5 a2
۰/۶۸۴۲	۰/۶۴۳۰	۰/۷۶۸۱	-	۱۲۱/۷۰	۲۷/۷۸۰	a3 a3
-۰/۱۸۳۲	-۰/۱۸۷۷	-	-	۶۹/۳۲۰	-	a4 a3
۰/۰۵۹۰	-	-	-	-۱۳/۹۷۰	-	a5 a3
۰/۲۲۷۴	-۰/۲۶۰۷	-	-	۴۱/۳۵۰	-	a4 a4
-۰/۰۵۴۵	-	-	-	-۸/۴۸۳۰	-	a5 a4
-۰/۱۳۲۷	-	-	-	۱/۷۹۱۰	-	a5 a5
						PE
۲۸/۳۳۰	۲۸/۱۷۰	۲۸/۱۴۰	۲۷/۲۰	۲۰/۸۵۰	۲۵	p1 p1
۱/۵۳۷۰	۱/۴۴۶۰	۱/۵۷۰	۰/۸۱۷۹	۷/۵۰۵	-۰/۰۶۸۵	p2 p1
-۱/۱۶۵۰	-۱/۱۵۳۰	-۰/۷۵۳۱	-	-۱۸/۷۵۰	-۱۹/۳۱۰	p3 p1
۰/۱۰۸۴	-۰/۰۰۴۳	-	-	-۹/۵۱۲	-	p4 p1
-۰/۵۸۶۷	-	-	-	۰/۴۸۳۲	-	p5 p1
۵/۴۸۲۰	۵/۳۰۴۰	۵/۴۷۵۰	۵/۳۱۲۰	۱۰/۷۴۰	۰/۰۰۴۳۱	p2 p2
-۰/۳۸۰۵	-۰/۵۸۷۶	-۰/۴۵۸۳	-	-۳/۹۱۸	۰/۰۶۱۷	p3 p2
-۰/۴۳۹۸	-۰/۳۹۷۸	-	-	-۷/۳۶۳	-	p4 p2
۰/۰۵۹۶	-	-	-	۱/۶۰۲	-	p5 p2
۲/۲۷۴۰	۲/۱۹۵۰	۲/۴۹۴۰	-	۲۲/۶۰	۶۳/۷۱۰	p3 p3
-۰/۴۴۳۱	-۰/۴۸۸۸	-	-	۱۲/۷۴۰	-	p4 p3
-۰/۲۷۴۸	-	-	-	-۰/۸۶۷۶	-	p5 p3
۱/۰۲۲	۰/۱۸۸۰	-	-	۱۷/۳۶۰	-	p4 p4
-۰/۴۱۰۲	-	-	-	-۳/۰۲۰	-	p5 p4
۰/۶۶۰	-	-	-	۰/۶۷۶۷	-	p5 p5

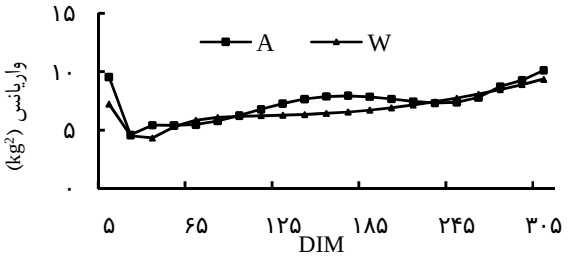
www.SID.ir

Archive of SID

بعد از افت واریانس ژنتیک افزایشی در ابتدای دوره تقریباً از روز ۲۵ شیردهی به بعد سیر صعودی ملایمی تا اواخر دوره شیردهی مشاهده شد و در انتهای دوره حداکثر واریانس ژنتیک افزایشی مشاهده شد. محدوده تغییرات واریانس ژنتیکی افزایشی برای چند جمله‌ای‌های لژاندر (۲،۲)، (۳،۳)، (۴،۴) و (۵،۵) و همچنین توابع ویلمینک و علی- شیفر برای روزهای مختلف شیردهی به ترتیب ۴/۴۵ تا ۱۰/۳۵، ۳/۹۷ تا ۸/۸۹، ۴/۱۰ تا ۱۰/۲۷، ۴/۰۸ تا ۹/۴۴، ۴/۳۱ تا ۹/۳۵، ۴/۵۷ تا ۱۰/۱۲، (kg^2) به دست آمد. محدوده تغییرات واریانس محیط دائمی نیز برای چند جمله‌ای‌های لژاندر (۲،۲)، (۳،۳)، (۴،۴) و (۵،۵) و همچنین توابع ویلمینک و علی- شیفر برای روزهای مختلف شیردهی به ترتیب ۱۳/۵۳ تا ۲۲/۹۸، ۱۴/۹۶ تا ۲۳/۷۷، ۱۵/۰۴ تا ۲۴/۲۷، ۱۵/۰۳ تا ۲۱/۲۱، ۱۴/۹۴ تا ۲۴/۸۷ و ۱۵/۶۲ تا ۲۳/۸۶، (kg^2) برآورد شد. این نتایج با نتایج گزارش شده به وسیله سایر محققان (۲ و ۶) تفاوت ناچیزی نشان داد.



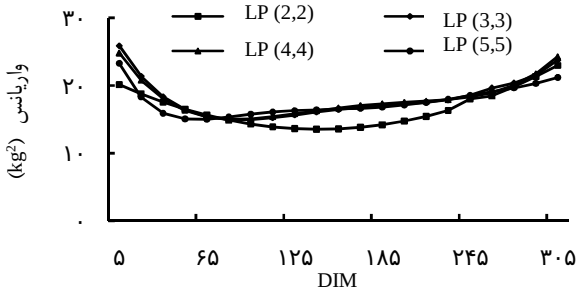
شکل ۲- واریانس ژنتیکی افزایشی به وسیله چند جمله‌ای‌های لژاندر (LP) در تابعی از روزهای شیردهی (DIM).



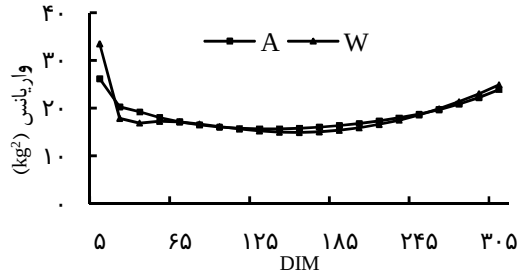
شکل ۳- واریانس ژنتیکی افزایشی به وسیله توابع ویلمینک (W) و علی- شیفر (A) در تابعی از روزهای شیردهی (DIM).

www.SID.ir

Archive of SID



شکل ۴- واریانس محیط دائمی به وسیله چند جمله‌ای‌های لژاندر (LP) در تابعی از روزهای شیردهی (DIM).



شکل ۵- واریانس محیط دائمی به وسیله توابع ویلمینک (W) و علی- شیفر (A) در تابعی از روزهای شیردهی (DIM).

حداکثر میزان واریانس محیط دائمی در اوایل دوره شیردهی که واریانس ژنتیک افزایشی در این دوره پایین است، مشاهده شد. بعد از این مرحله واریانس محیط دائمی روند نزولی نشان داد و در نهایت در انتهای دوره شیردهی دوباره افزایش ناچیزی مشاهده شد (۱، ۲، ۷، ۱۴، ۲۱ و ۲۲). واریانس‌های ژنتیک افزایشی، محیط دائمی و فنوتیپی برای روزهای خاصی از دوره شیردهی با استفاده از چند جمله‌ای‌های لژاندر با درجات برازش مختلف برای اثرات ژنتیک افزایشی و محیط دائمی در جداول ۴ و ۵ نشان داده شده است. با توجه به نتایج به دست آمده مشخص شد که در صورت استفاده از مدل رگرسیون تصادفی براساس توابع پارامتری توصیف کننده منحنی شیردهی واریانس‌های ژنتیکی افزایشی بیش از حد واقعی برآورد می‌گردند. در واقع مشخص شد که در صورت استفاده از توابع علی- شیفر و ویلمینک بخشی از واریانس محیط دائمی وارد مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی افزایشی شده و در نتیجه، واریانس ژنتیکی افزایشی به خصوص در اوایل دوره شیردهی بالاتر از زمانی بود که از چند جمله‌ای‌های لژاندر استفاده شد. همچنین شکل خاص و مدل ریاضی این توابع نیز از دیگر

www.SID.ir

Archive of SID

دلایل این امر است. همین عامل باعث برآورد وراثت‌پذیری بیش از حد واقعی به خصوص در اوایل دوره شیردهی می‌باشد. چنین نتایجی در دیگر مطالعات نیز مشاهده شده است (۱۲). نمودار ورایانس‌های فنوتیپی (اشکال ۶ و ۷) مؤید این مطلب است که تغییرات رکوردهای روزآزمون تولید شیر در اوایل و انتهای دوره شیردهی مشهود و در اواسط دوره شیردهی رونـد تقـریـباً یکـنواخـتی وجـود دارد. سـایـر محققان نیز حـاکثر واریانس فنوتیپی را در ابتدا و انتهای دوره شیردهی مشاهده نمودند (۱۲ و ۱۴).

جدول ۴- واریانس‌های ژنتیک افزایشی (AG)، محیط دائمی (PE) و فنوتیپی (Phenotypic) برای روزهای خاصی از دوره شیردهی با استفاده از چند جمله‌ای‌های لژاندر (LP)

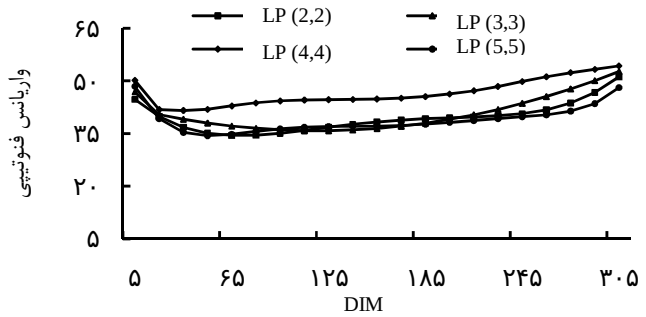
	چند جمله‌ای‌های لژاندر						
مؤلفه‌های واریانس	DIM	LP (2,3)	LP (2,4)	LP (2,5)	LP (3,2)	LP (3,4)	LP (3,5)
AG	۵	۴/۴۱	۲/۸۷	۴/۳۷	۹/۳۹	۴/۵۶	۴/۲۸
	۶۵	۴/۴۳	۳/۶۵	۴/۴۱	۴/۶۵	۴/۶۴	۴/۵۴
	۱۲۵	۵/۰۱	۴/۷۴	۵/۰۰	۹/۳۸	۶/۳۹	۶/۴۵
	۱۸۵	۶/۱۶	۶/۱۶	۶/۱۷	۱۱/۰۴	۷/۴۵	۷/۵۴
	۲۴۵	۷/۸۷	۷/۸۹	۷/۸۹	۸/۱۷	۷/۶۱	۷/۶۱
	۳۰۵	۱۰/۱۶	۹/۹۵	۱۰/۱۸	۱۳/۴۳	۸/۷۹	۸/۸۵
PE	۵	۳۶/۳۷	۵۷/۹۶	۷۶/۰۲	۱۹/۵۸	۳۰/۶۷	۳۱/۸۶
	۶۵	۱۵/۸۵	۱۸/۰۵	۲۰/۸۵	۱۵/۳۳	۱۶/۷۵	۱۹/۰۸
	۱۲۵	۱۹/۳۹	۲۲/۲۳	۲۰/۶۸	۱۳/۶۹	۱۷/۱۹	۱۶/۸۷
	۱۸۵	۲۰/۳۸	۱۸/۸۲	۱۸/۸۴	۱۴/۶۶	۱۷/۱۲	۱۷/۲۱
	۲۴۵	۱۷/۳۳	۱۸/۷۰	۱۹/۹۹	۱۸/۲۵	۱۹/۰۵	۲۰/۲۴
	۳۰۵	۳۳/۸۶	۲۵/۳۰	۲۵/۶۹	۲۴ /۴۴	۲۵/۷۲	۲۲/۵۴
Phenotypic	۵	۵۵/۲۷	۷۳/۹۴	۹۲/۶۹	۴۶/۵۴	۴۸/۴۵	۴۸/۵۹
	۶۵	۳۴/۷۷	۳۴/۷۹	۳۷/۵۵	۳۴/۵۵	۳۴/۶۱	۳۶/۰۶
	۱۲۵	۳۸/۸۹	۴۰/۰۷	۳۷/۹۷	۳۷/۶۴	۳۶/۸۰	۳۵/۷۷
	۱۸۵	۴۱/۰۳	۳۸/۰۸	۳۷/۳۰	۴۰/۲۷	۳۷/۸۰	۳۷/۱۹
	۲۴۵	۳۹/۶۹	۳۹/۶۹	۴۰/۱۸	۴۰/۹۸	۳۹/۸۸	۴۰/۳۰
	۳۰۵	۵۸/۵۰	۴۸/۳۵	۴۸/۱۶	۵۲/۴۴	۴۷/۷۳	۴۳/۸۴

www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۵- واریانس‌های ژنتیک افزایشی (AG)، محیط دائمی (PE) و فنوتیپی (Phenotypic) برای روزهای خاصی از دوره شیردهی با استفاده از چند جمله‌ای‌های لژاندر (LP)

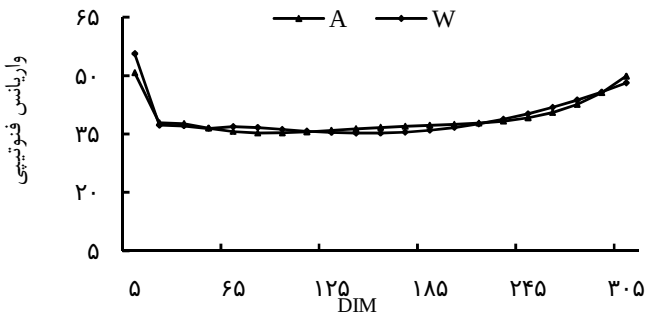
مؤلفه‌های واریانس	DIM	چند جمله‌ای‌های لژاندر					
		LP (4,2)	LP (4,3)	LP (4,5)	LP (5,2)	LP (5,3)	LP (5,4)
AG	۵	۱۸/۸۰	۱۱/۴۶	۴/۹۴	۱۴/۰۹	۱۴/۱۹	۱۴/۹۷
	۶۵	۶/۵۴	۶/۳۷	۵/۱۶	۹/۶۸	۹/۵۶	۹/۷۳
	۱۲۵	۱۱/۳۲	۷/۱۰	۷/۰۵	۸/۲۴	۷/۱۷	۷/۱۹
	۱۸۵	۱۰/۸۳	۷/۰۸	۷/۱۳	۷/۳۵	۶/۸۰	۷/۷۷
	۲۴۵	۹/۱۸	۷/۲۷	۷/۳۰	۸/۷۲	۹/۶۲	۹/۶۹
	۳۰۵	۱۱/۲۵	۱۰/۲۸	۹/۹۷	۲۴/۰۸	۸/۳۸	۱۰/۳۸
PE	۵	۱۹/۳۵	۲۹/۹۶	۳۱/۱۹	۲۴/۸۲	۲۳/۴۳	۲۳/۳۰
	۶۵	۱۵/۲۷	۱۶/۲۹	۱۸/۶۲	۱۶/۹۶	۱۵/۱۸	۱۵/۰۳
	۱۲۵	۱۳/۷۶	۱۶/۶۸	۱۶/۴۵	۱۶/۳۴	۱۶/۰۵	۱۶/۲۹
	۱۸۵	۱۴/۵۲	۱۷/۳۸	۱۷/۴۸	۱۷/۹۷	۱۷/۴۹	۱۶/۸۴
	۲۴۵	۱۷/۸۴	۱۹/۲۹	۲۰/۴۶	۱۹/۸۴	۱۸/۲۵	۱۸/۵۲
	۳۰۵	۲۳/۶۳	۲۴/۶۱	۲۱ /۹۰	۲۳/۹۵	۲۴/۳۶	۲۱/۲۱
Phenotypic	۵	۵۱/۵۶	۴۸/۴۵	۴۸/۵۷	۵۳/۱۵	۵۰/۳۲	۵۰/۸۷
	۶۵	۳۵/۲۳	۳۴/۷۸	۳۶/۲۲	۴۲/۸۸	۳۷/۴۴	۳۷/۳۷
	۱۲۵	۳۸/۴۰	۳۶/۹۹	۳۵/۹۹	۴۴/۶۸	۳۵/۹۲	۳۶/۰۹
	۱۸۵	۳۸/۷۶	۳۷/۶۸	۳۷/۰۵	۴۵/۵۶	۳۶/۹۹	۳۷/۲۱
	۲۴۵	۴۰/۴۳	۳۹/۷۷	۴۰/۲۱	۴۹/۷۹	۴۰/۵۷	۴۰/۸۱
	۳۰۵	۴۸/۲۱	۴۸/۱۱	۴۴/۳۱	۳۷/۵۰	۴۵/۴۵	۴۴/۲۰



شکل ۶- واریانس فنوتیپی تولید شیر (kg^2) به وسیله توابع چند جمله‌ای لژاندر (LP) در تابعی از روزهای شیردهی (DIM).

www.SID.ir

Archive of SID

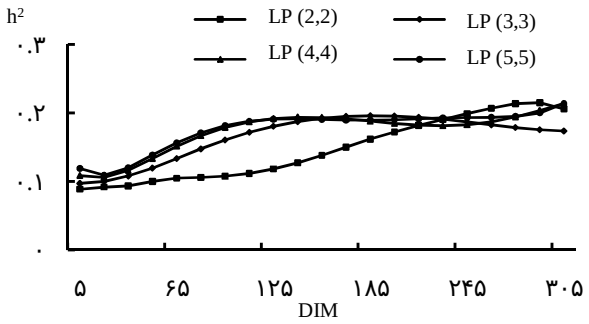


شکل ۷- واریانس فنوتیپی تولید شیر (kg^2) به وسیله توابع ویلمینک (W) و علی- شیفر (A) در تابعی از روزهای شیردهی (DIM).

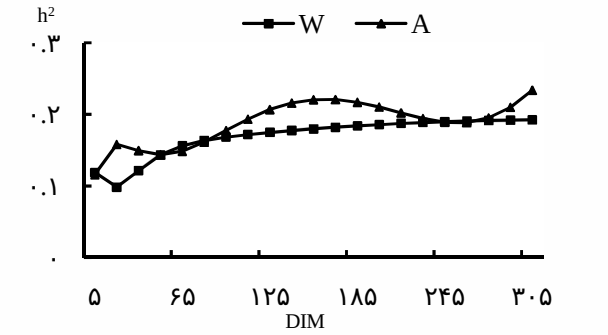
در این مطالعه حداقل میزان وراثت‌پذیری تولید شیر در توابع مختلف در اوایل دوره شیردهی مشاهده شد. دامنه وراثت‌پذیری در محدوده ۰/۰۹ تا ۰/۲۱، ۰/۰۸ تا ۰/۲۰ و ۰/۱۱ تا ۰/۲۳ به ترتیب بوسیله چند جمله‌ای‌های لژاندر، ویلمینک و علی- شیفر برآورد گردید (اشکال ۸ و ۹). در کل در تمام مدل‌ها، وراثت‌پذیری تولید شیر در طول دوره شیردهی سیر صعودی نشان داد. این افزایش در وراثت‌پذیری تنها مربوط به افزایش مقادیر مؤلفه‌های واریانس ژنتیک افزایشی نبود، بلکه به کاهش مقادیر مؤلفه‌های محیط دائمی بین مدل‌ها نیز بر می‌گردد (۲ و ۶). دلیل اینکه وراثت‌پذیری در اوایل دوره شیردهی پایین می‌باشد این است که واریانس محیط دائمی در این مرحله از شیردهی بالا بوده و با توجه به اینکه در اواخر دوره شیردهی واریانس ژنتیک افزایشی بالاتر بود لذا در این بخش از دوره شیردهی وراثت‌پذیری بیشترین مقدار بود (۳، ۵، ۱۱ و ۲۱). وراثت‌پذیری ۳۰۵روز بر خلاف وراثت‌پذیری روزآزمون بالاتر برآورد شد. به طوری که با استفاده از توابع چند جمله‌ای لژاندر (۵،۲)، ویلمینک و علی- شیفر به ترتیب میزان وراثت‌پذیری ۳۰۵ روز، ۰/۲۸، ۰/۲۹ و ۰/۲۸ به دست آمد.

www.SID.ir

Archive of SID



شکل ۸- وراثت‌پذیری (h^2) مقدار تولید شیر به وسیله چند جمله‌ای‌های لژاندر (LP) با درجات مختلف در تابعی از روزهای شیردهی (DIM).



شکل ۹- وراثت‌پذیری (h^2) مقدار تولید شیر به وسیله توابع ویلمینک (W) و علی- شیفر (A) در تابعی از روزهای شیردهی (DIM).

با توجه به نتایج به دست آمده مشخص شد که با افزایش درجات برازش اثرات محیط دائمی در چند جمله‌ای لژاندر به دلیل منظور کردن بهتر اثرات محیطی در مدل، دقت مدل‌ها افزایش می‌یابد. لذا با توجه به معیارهای مقایسه، مناسب‌ترین تابع در مدل رگرسیون تصادفی، جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران، چند جمله‌ای لژاندر (۵،۲)، تشخیص داده شد. برآورد وراثت‌پذیری با توابع مورد استفاده در این مطالعه نشان داد که پایین‌ترین میزان آن در اوایل دوره شیردهی است. واریانس محیط دائمی در اوایل دوره شیردهی بالا برآورد گردید و این خود دلیلی بر پایین بودن میزان وراثت‌پذیری در اوایل دوره شیردهی است.

www.SID.ir

Archive of SID

منابع

1. Albuquerque, L.G. and K. Meyer. 2005. Estimates of covariance functions for growth of Nelore cattle applying a parametric correlation structure to model within-animal correlations. Livest. Prod. Sci., 93: 213-222.
2. Biassus, L.D.O., J.A. Cobuci, C.N. Costa, P.R.N. Rorato, J.B. Neto and L.L. Cardoso. 2011. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. Journal Revista Brasileira de Zootecnia. 40(1): 85-94.
3. Bohlouli, M. and S. Alijani. 2012. Genotype by environment interaction for milk production traits in Iranian Holstein dairy cattle using random regression model. Livestock Resarch for Rural Development, 24: 7.
4. Bohmanova, J., J. Miglior, I. Jamrozik, F. Misztal and P.G. Sullivan. 2008. Comparison of random regression models with Legendre polynomials and linear splines for production traits and somatic cell score of canadian Holstein Cows. Journal of Dairy Science. 91: 3627-3638.
5. Cobuci, J.A., C.N. Costa, J.B. Neto and A.F. deFreitas. 2011. Genetic parameters for milk production by using random regression models with different alternatives of fixed regression modeling. Journal Revista Brasileira de Zootecnia. 40(3): 557-567.
6. Costa, N.C., C.M.R.D. Melo, L.U.A.F.D. Pakcer, N.M. Teixeira and J.A. Cobuci. 2008. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. Journal Revist Brasileira de Zootecnia. 37: 602-608.
7. De Roose, A.P.W., A.G.F. Harbers and G. Jong. 2004. Random herd curves in a test-day model for milk, fat and protein production of dairy cattle in the Netherlands. Journal Dairy Science. 87: 2693-2701.
8. Druet, T., F. Jaffrezic and V. Ducrocq. 2005. Estimation of genetic parameters for test day records of dairy traits in the first three lactations. Genetics Selection Evolution. 37: 257-271.
9. Jakobsen, J.H., P. Madsen, J. Jensen, J. Pedersen, L.G. Christensen and D.A. Sorensen. 2002. Genetic Parameters for Milk Production and Persistency for Danish Holsteins Estimated in Random Regression Models using REML. Journal of Dairy Science. 85: 1607-1616.
10. Jamrozik, J., L.R. Schaeffer and J.C.M. Dekkers. 1997. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. Journal of Genetics and Breeding. 80: 1217-1226.
11. Jensen, J. 2001. Genetic Evaluation of dairy cattle using test-day models. Journal of Dairy Science, 84: 2803-2812.
12. Kettunen, A., E.A. Mantysaari and J. Poso. 2000. Estimation of genetic parameters for daily milk yield of primiparous Ayrshire cows by random regression test-day models. Livestock Production Science. 66: 251-261.
13. Lopez-Romero, P. and M.J. Carabano. 2003. Comparing alternative random regression models to analyses first lactation daily milk yield data in Holstein Friesian cattle. Journal of Livestock Production Science. 82: 81-96.
14. Moghaddaszadeh Ahrabi, S., M. Pasha Eskandarinasab, S. Alijani and A. Mokhtar Ali.

www.SID.ir

Archive of SID

2004. Genetic evaluation of a holstein dairy cattle herd for milk and fat yield traits using test day records and random regression model.1th congress on animal science and Aquaculture Iran. (In Persian)

15. Moradi Shahrbabak, M. 1997. Studies of random regression test day models and persistency for iranian holstein production traits. PhD Thesis, University of Guelph. 151 pp.
16. Pool, M.H., L.L.G. Janss and T.H.E. Meuwissen. 2000. Genetic parameters of Legendre polynomials for first parity lactation curves. Journal of Dairy Science. 83: 2640-2649.
17. Sargolzaei, M. 2000. Pedigree, user guide. Department of animal and genetic, Animal Science Research institute. Karaj. Iran.
18. SAS Institute Inc. 2003. SAS 9.1.3 Help and Documentation, Cary, NC: SAS Institute Inc.
19. Schaeffer, L.R. and J.C.M. Dekkers. 1994. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. Proc. 5th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. Guelph Ontario Canada. pp: 443-446.
20. Schaeffer, L.R. 2004. Application of random regression models in animal breeding. Journal of Livestock production science. 86: 35-45.
21. Shadparvar, A.A. and M.S. Yazdanshenas. 2005. Genetic parameters of milk yield and milk fat percentage test day records of Iranian Holstein cows. Journal of Animal Science. 9: 1231-1236.
22. Strabel, T., J. Szyda, E. Ptak and J. Jamrozik. 2005. Comparison of random regression test-day models for polish black and white cattle. Journal of Dairy Science. 88: 3688-3699.
23. Takma, C. and Y. Akbas. 2007. Estimates of genetic parameters for test day milk yields of a Holstein Friesian herd in Turkey with random regression models. Journal Archiv Tierzucht Dummerstorf. 50(1): 327-336.
24. Takma, C. and Y. Akbas. 2009. Comparison of fitting performance of random regression models to test day milk yields in Holstein Friesians. Journal of Kafkas University Veterinary Fakultesi Dergisi. 15(2): 261-266.

www.SID.ir

Archive of SID

Comparison of Fitting Performance of Polynomial Functions in Random Regression Model for Test Day Milk Yield in of Iranian Holstein Dairy Cattle

Ali Mohammadi[1], Sadegh Alijani[2], Seyed Abbas Rafat[3], Akbar Taghizadeh[3] and Mehdi Buhloli[4]

1- M.Sc. Student, University of Tabriz (Corresponding author: alimohamadi36@gmail.com)
2, 3 and 4- Assistant Professor, Associate Professor and M.Sc. Student, University of Tabriz
Received: 27, August, 2012 Accepted: 23, December, 2012

Abstract

In this research, 701212 test day record for milk yield of first lactation of 199903 Holstein cows from 2006 to 2010 that were collected by Karaj breeding center were used. Random regression model with Legendre polynomials fitting order 2 to 5 of additive genetic effects and permanent environmental effects, Wilmink and Ali-Schaeffer functions were compared under homogeneous residual variance assumption throughout lactation. Genetic parameters were estimated using restricted maximum likelihood (REML). For comparison of models, from -2logL, Akaike's information criterion (AIC), Bayesian information criterion (BIC), Residual Variance (RV) and Likelihood ratio test (LRT) was used. Based on obtained results, random regression model with Legendre polynomial function (2,5) were chosen as better model. Residual variance decreased as the increase of fitting order for permanent environmental effects in Legendre polynomials. Permanent environmental variance was estimated higher in early lactation than the other lactation stages and additive genetic variance in the early lactation was lower than at the end of lactation. Phenotypic variance of milk yield during lactation was not constant, it was higher at the beginning and the end of lactation. The heritability during lactation did vary among different functions, range from 0.08 to 0.23.

Keywords: Random Regression Model, Polynomial Functions, Dairy Cattle, Heritability

www.SID.ir