



دانشگاه گوارکداری و منابع طبیعی گیلان

نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان

جلد اول، شماره دوم، ۱۳۹۲

<http://ejrr.gau.ac.ir>

## بررسی اثر متقابل بین ژنوتیپ و سطح تولید در گاوهای هلستاین ایران با استفاده از رکوردهای روز آزمون

مهدی بهلولی<sup>۱</sup>، جلیل شجاع<sup>۲</sup> و \* صادق علیجانی<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup>دانشجوی دکتری گروه علوم دامی دانشگاه تبریز، <sup>۲</sup>استاد و استادیار گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

تاریخ دریافت: ۹۱/۰۴/۳۱؛ تاریخ پذیرش: ۹۱/۱۰/۰۹

### چکیده

در این تحقیق، رکوردهای تولید شیر و درصد چربی شیر گاوهای هلستاین ایران جهت بررسی اثر متقابل بین ژنوتیپ و سطح تولید با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی چند صفتی مورد استفاده قرار گرفت. رکوردهای شکم اول مربوط به گاوهای زایش کرده بین سالهای ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۹ از بانک اطلاعاتی مرکز اصلاح دام کشور استخراج گردید. گله - سالهای زایش از نظر میانگین تولید شیر و درصد چربی شیر به سه سطح کم تولید، متوسط تولید و پرتولید تقسیم شد. برای تولید شیر، ۸۲۷۲۹۵ رکورد از رأس گاو در ۲۱۴۶ گله - سال زایش و برای درصد چربی شیر، ۷۱۳۰۵۳ رکورد از رأس ۸۷۹۲۸ گله - سال زایش در فایل داده باقی ماند. مؤلفه‌های (کو) واریانس صفات تولیدی با روش حداکثر درستمایی محدود شده (REML) برآورد شد. در رابطه با تولید شیر، همبستگی رتبه‌ای ارزش‌های اصلاحی برآورد شده ۳۰۵ روز تولید بین دو گروه کم تولید و متوسط تولید برابر با ۰/۷۷ و بین کم تولیدها با پرتولیدها برابر با ۰/۷۸ و برای چربی شیر بین تمامی سطوح تولیدی، بالاتر از ۰/۹۰ به دست آمد. همبستگی ژنتیکی بین سطوح کم تولید و پرتولید و نیز بین سطوح کم تولید و متوسط تولید شیر در اوایل و اواخر دوره شیردهی کمتر از ۰/۸ برآورد شد؛ اما همبستگی بین سطوح متوسط تولید و پرتولید برای مقدار شیر و همچنین همبستگی بین تمامی سطوح تولیدی درصد چربی بالا بود. همبستگی‌های رتبه‌ای و ژنتیکی پایین‌تر از ۰/۸، بر وجود اثر متقابل قابل توجه بین ژنوتیپ و محیط با تغییر رتبه گاوهای نر در سطوح مختلف تولید دلالت دارد.

واژه‌های کلیدی: پارامتر ژنتیکی، سطح تولید، مدل رگرسیون تصادفی و همبستگی ژنتیکی.

\* مسئول مکاتبه: [Sad-ali@tabrizu.ac.ir](mailto:Sad-ali@tabrizu.ac.ir)

## مقدمه

اسپریم‌های مربوط به نژادهای خاصی از گاوهای شیری در نقاط مختلف ایران استفاده می‌گردد که اغلب برای بهبود تولید شیر جایگزین نژادهای بومی می‌شوند. با توجه به تنوع بالا در شرایط اقلیمی و سیستم‌های پرورشی و مدیریتی گله‌های گاو شیری ایران، اثرات محیطی پارامترهای تولیدی را تغییر می‌دهند. صفتی را که در دو محیط مختلف اندازه‌گیری می‌شود باید به عنوان دو صفت در نظر گرفت. در این صورت، اگر همبستگی ژنتیکی بالا باشد بدین معنی است که صفت در دو محیط توسط یک مجموعه از ژن‌ها کنترل می‌شود (فالکونرو ماکی، ۱۹۹۶).

اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط<sup>۱</sup> ( $G \times E$ ) به تفاوت حساسیت محیطی ژنوتیپ‌ها اشاره دارد. اگر رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها در محیط‌های متفاوت تغییر کند، دلیلی بر تفاوت بیان ژن در محیط‌های متفاوت خواهد بود (همامی و همکاران، ۲۰۰۸). افزایش تجارت بین‌المللی اسپریم و نیز افزایش ابزارهای دقیق و پیشرفته محاسباتی، ضرورت محاسبه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط را نشان می‌دهد (ایتربول، ۲۰۰۷). به‌طور معمول، رکوردگیری از تولید شیر یک گاو در بیش از یک محیط (کشورهای مختلف یا مناطق مختلف) امکان‌پذیر نیست. اما با گسترش تکنیک تلقیح مصنوعی در صنعت گاو شیری، دختران زیادی از گاوهای نر در مناطق و کشورهای مختلف توزیع یافته، بنابراین امکان محاسبه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط وجود دارد. در بیشتر مطالعات اثر متقابل ژنوتیپ و محیط برای تولید شیر با در نظر گرفتن صفت در محیط‌های متفاوت به عنوان صفات مختلف بررسی می‌گردد. زمانی که میانگین تولید شیر گله در زمان اوج تولید به عنوان توصیف‌گر محیطی مدنظر قرار می‌گیرد، اثر متقابل ژنوتیپ و محیط به وضوح دیده می‌شود (فیکز و همکاران، ۲۰۰۳). به‌طور کلی، اگر همبستگی ژنتیکی برای صفات تولیدی در محیط‌های مختلف بالاتر از ۰/۸ باشد، نشان‌دهنده اثر متقابل جزئی بوده و اگر پایین‌تر باشد نشان می‌دهد که اثر متقابل قابل توجهی وجود دارد (روبرتسون، ۱۹۵۹؛ مولدر و بایما، ۲۰۰۶). در یک تحقیق جهت بررسی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط، داده‌های مربوط به چهار استان در دو گروه آب و هوایی نیمه خشک (کرمانشاه و همدان) و مدیترانه‌ای (ایلام و کردستان) مورد مطالعه قرار گرفت (یعقوبی و همکاران، ۲۰۰۹). در این تحقیق همبستگی پایین برای تولید شیر در دو گروه نشان‌دهنده وجود اثر متقابل معنی‌دار بود. در مطالعه دیگری (همامی و همکاران، ۲۰۰۸)، واریانس ژنتیکی تولید

1- Genotype by Environment Interaction

شیر گاوهای لوکزامبورگ بیشتر از تونس به دست آمد و همبستگی ژنتیکی بدست آمده برای تولید شیر بین دو کشور پایین تر از ۵۰ درصد بود.

مدل مناسب برای آنالیز داده‌های تکرار شده مانند صفت تولید شیر در طول دوره شیردهی، مدلی است که ساختار میانگین و کوواریانس را که در طول زندگی حیوان تغییر می‌کند، در برآورد پارامترهای ژنتیکی منظور کند. برای این منظور مدل رگرسیون تصادفی<sup>۱</sup> برای آنالیز رکوردهای روزآزمون در گاو شیری پیشنهاد گردید (شفر و دکرز، ۱۹۹۴). در ایران نیز مطالعات متعددی با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی انجام گرفته است (عبداله‌پور و همکاران، ۲۰۱۰ و مقدس‌زاده اهرابی و همکاران، ۲۰۰۵). در راستای تحقیقات انجام شده در این زمینه در سطح کشور، تحقیق حاضر به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی جهت بررسی اثر متقابل بین ژنوتیپ و سطح تولید، و تشخیص تغییر رتبه‌ی گاوهای نر در سطوح تولیدی مختلف انجام گرفت.

## مواد و روش‌ها

در این تحقیق از رکوردهای روز آزمون تولید شیرزایش اول گاوهای هلشتاین ایران استفاده شد. محدودیت‌های اعمال شده جهت ویرایش رکوردها شامل این موارد بود: رکوردهای مربوط به سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۹؛ سن در زمان زایش در فاصله ۲۱ تا ۴۶ ماهگی؛ رکوردهای موجود در بازه ۵ تا ۳۰۵ روز از دوره شیردهی (DIM)؛ تولید شیر در دامنه ۱/۵ تا ۷۵ کیلوگرم و درصد چربی در دامنه ۱/۵ تا ۹ درصد؛ گاوهای شیری دارای بیش از ۵ رکورد روز-آزمون و گله-سال‌های دارای بیش از ۱۰ گاو شیرده. در مرحله بعد، با استفاده از رویه FASTCLUS در نرم‌افزار SAS 9.1، میانگین گله-سال‌های زایش (HY) به سه سطح کم تولید، متوسط تولید و پرتولید تقسیم شدند. دامنه تولید در سطوح مذکور برای مقدار شیر به ترتیب از ۱۲/۹ تا ۲۳/۰، ۲۳/۰ تا ۲۳/۵ و ۲۹/۰ تا ۳۷/۷ کیلوگرم و برای درصد چربی به ترتیب از ۲/۶۲ تا ۳/۲۰، ۳/۲۰ تا ۳/۵۰ و ۳/۵۱ تا ۴/۱۸ درصد بود. اطلاعات آماری فایل داده در جدول ۱ ارائه شده است. تعداد گاو نر برای صفات تولید شیر و درصد چربی به ترتیب ۳۷۳ و ۴۰۵ رأس بود که در هر سه سطح تولید دارای حداقل ۱۰ رأس نتاج بودند. در فایل شجره تهیه شده جهت آنالیز مدل حیوان، برای مقدار شیر و درصد چربی به ترتیب، ۲۰۰۲۵۶ و

1- Random Regression Model

۱۸۲۶۸۲ رأس حیوان، ۳۲۹۵ و ۳۰۸۵ رأس گاو نر و ۱۲۳۹۰۸ و ۱۱۲۱۳۹ گاو ماده دارای نتاج باقی ماند. برای آماده‌سازی داده‌ها از نرم‌افزار ویژوال فاکس‌پرو (۲۰۰۴) استفاده گردید.

برای مدل پدری، فایل شجره در سه ستون، به ترتیب شامل شماره حیوان، شماره پدر و شماره پدربزرگ مادری<sup>۱</sup> تهیه شد. با استفاده از رویه GLM در نرم‌افزار SAS، معنی‌دار بودن اثرات ثابت آزمون شد. از آنجا که یک صفت در چند محیط (سطوح تولیدی مختلف) به عنوان چند صفت فرض می‌شود، بنابراین از مدل روز-آزمون رگرسیون تصادفی چندصفتی استفاده شد:

$$y_{ijklmu} = HTD_i + YC_j + Age_k + MF_l + \sum_{n=0}^3 \Phi_{tun} S_{un} + \sum_{n=0}^3 \Phi_{tmn} pe_{mn} + e_{ijklmu} \quad (1)$$

در مدل پدری (۱)،  $y_{ijklmu}$ ، رکورد روزآزمون نتاج  $m$  گاو نر  $u$  در روز آزمون  $t$  ام در گله - سال-ماه رکوردگیری ( $HTD$ )،  $i$  ام، سال زایش ( $YC$ )،  $j$  ام، سن زایش ( $Age$ )،  $k$  ام و دفعات دوشش ( $MF$ )،  $l$  ام؛  $S_{un}$  و  $pe_{mn}$ ، به ترتیب  $n$  امین ضریب رگرسیون تصادفی گاو نر  $u$  ام و اثر محیطی دائمی برای گاو ماده  $m$  ام؛  $\Phi_{tun}$  و  $\Phi_{tmn}$  به ترتیب چندجمله‌ایهای لژاندر  $m$  ام برای روز  $t$  ام مرتبط با گاو نر  $u$  ام و گاو ماده  $m$  ام؛  $n$  درجه چندجمله‌ایها برای اثر ژنتیک افزایشی گاو نر و محیطی دائمی و  $e_{ijklmu}$  اثرات تصادفی باقیمانده است. مدل حیوان مشابه با مدل (۱) در نظر گرفته شد با این تفاوت که  $a_{um}$  جایگزین  $S_{un}$  شده و  $n$  امین ضریب رگرسیون تصادفی حیوان  $u$  ام می‌باشد. مدل پدری در نماد ماتریسی به این صورت است:

$$y = Xb + Qs + Zpe + e \quad (2)$$

در این رابطه،  $y$  بردار تولید روزآزمون؛  $b$  بردار ضرایب اثرات ثابت؛  $s$  و  $pe$  به ترتیب بردارهای ضرایب رگرسیون تصادفی برای اثرات ژنتیک افزایشی پدرها و محیط دائمی؛  $X$ ،  $Q$  و  $Z$  نیز ماتریس‌های متغیر کمکی و  $e$  بردار اثرات باقیمانده می‌باشد و ساختار (کو)واریانس اثرات تصادفی مربوطه به صورت رابطه (۳) مشخص می‌شود:

$$\text{var} \begin{bmatrix} s \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{G} \otimes \mathbf{A} & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{P} \otimes \mathbf{I} & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{I}\sigma_e^2 \end{bmatrix} \quad (3)$$

#### 1- Maternal Grand sire

که  $A$ ، ماتریس روابط خویشاوندی پدرها؛  $\otimes$ ، ضرب کرونکر؛  $G$  و  $P$ ، ماتریس‌های (کو)واریانس ضرایب رگرسیون تصادفی به ترتیب برای اثرات ژنتیک افزایشی نرها و محیط دایمی گاو ماده،  $I$  یک ماتریس واحد و  $\sigma_e^2$ ، واریانس باقیمانده است. جهت آنالیز مدل حیوان، در رابطه‌های (۲) و (۳) اثر تصادفی حیوانی ( $a$ ) جایگزین اثر تصادفی نری ( $s$ ) گردید. ماتریس (کو)واریانس‌های ضرایب رگرسیون تصادفی با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده با برنامه REMLF90 (میزتال و همکاران، ۲۰۰۲) تحت سیستم عامل لینوکس و با توجه به اینکه یک صفت در محیط‌های مختلف به عنوان صفات مختلف در نظر گرفته شد، برآورد شد. معیار همگرایی برای توقف تکرارها  $10^{-1}$  در نظر گرفته شد.

برای محاسبه وراثت‌پذیری با استفاده از مؤلفه‌های (کو)واریانس به دست آمده از طریق مدل پدری از فرمول (۴) استفاده شد:

$$h^2 = \frac{4\hat{\sigma}_s^2}{\hat{\sigma}_s^2 + \hat{\sigma}_{pe}^2 + \hat{\sigma}_e^2} \quad (4)$$

در این فرمول،  $\hat{\sigma}_{pe}^2 = qPq'$  و  $\hat{\sigma}_s^2 = qGq'$  می‌باشد که  $\hat{\sigma}_{pe}^2$ ،  $\hat{\sigma}_s^2$  و  $\hat{\sigma}_e^2$  به ترتیب واریانس ژنتیک افزایشی، واریانس محیط دائمی و واریانس باقیمانده می‌باشند. همچنین  $G$  و  $P$  به ترتیب ماتریس (کو)واریانس ضرایب رگرسیون تصادفی اثرات ژنتیک افزایشی و محیط دائمی و  $q$  نیز بردار چندجمله‌ای‌های مربوطه می‌باشد. با استفاده از فرمول (۴)، وراثت‌پذیری روزهای شیردهی پنجم تا ۳۰۵ام برآورد گردید. برای هر حیوان در رابطه با تولید شیر و درصد چربی در سه سطح تولید سه ارزش اصلاحی مربوط به روز-آزمون ۳۰۵ام، از رابطه  $q_t(\hat{a}_a)$  برآورد شد که  $\hat{a}_a$  بردار ضرایب رگرسیون تصادفی ژنتیک افزایشی حیوان مورد نظر ( $\hat{a}_{0s}$ ،  $\hat{a}_{1s}$ ،  $\hat{a}_{2s}$  و  $\hat{a}_{3s}$ ) و  $q_t$  بردار چندجمله‌ای‌های لژاندر روز ۳۰۵ام (کریک پاتریک و همکاران، ۱۹۹۰) می‌باشد. جهت تشخیص وجود اثر متقابل بین ژنوتیپ و سطح تولید از همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن و همبستگی ژنتیکی استفاده شد.

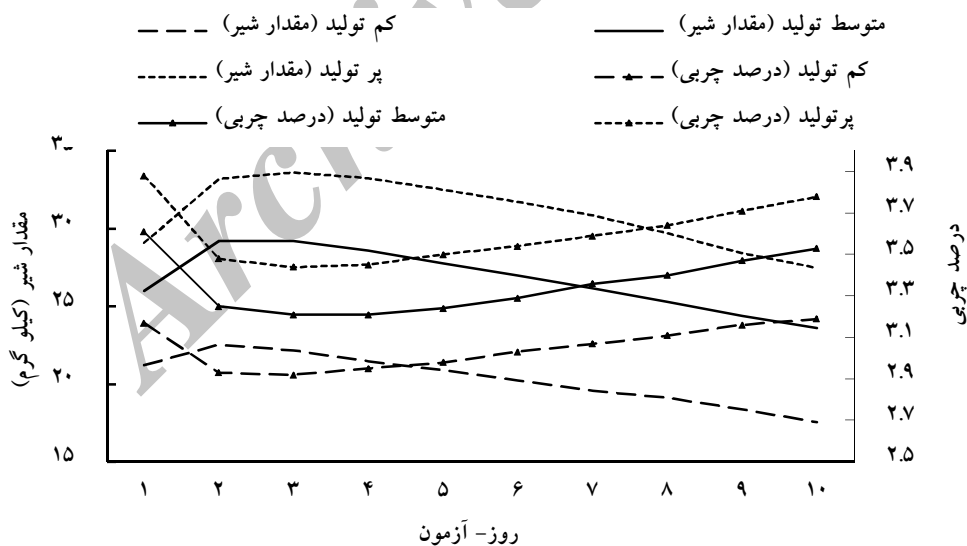
همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن بین سطوح مختلف تولید برای ارزش‌های اصلاحی حیوانات در این سطوح، با استفاده از رویه CORR در نرم‌افزار SAS محاسبه شد و همبستگی ژنتیکی بین سطوح مختلف تولید برای صفات مورد نظر نیز با استفاده از فرمول (۵) برآورد شد.

$$r_{g(i,j)} = \frac{qG_{(i,j)}q'}{\sqrt{qG_{(i,i)}q' \times qG_{(j,j)}q'}} \quad (5)$$

که، ماتریس (کو) واریانس ضرایب رگرسیون تصادفی برای صفت مد نظر در آمین و آمین سطح تولید، و به ترتیب ماتریس‌های (کو) واریانس ضرایب رگرسیون تصادفی صفت در آمین و آمین سطح تولید و بردار ضرایب لژاندر روز مد نظر می‌باشد.

### نتایج و بحث

دلیل اینکه در گروه گله-سال‌های زایش با سطح تولید پایین شیر، گاوهای شیرده و تعداد رکوردهای کمتری وجود دارد این است که گله‌ها کوچک بوده و مدیریت ضعیف اعمال گردیده است، لذا نسبت به دو گروه دیگر نتاج کمتری به ازای هر گاو نر وجود دارد و همین‌طور به دلیل استفاده از رویه FASTCLUS است که گروه‌بندی از روی واریانس متغیر (میانگین گله-سال‌های زایش) به نحوی انجام می‌دهد که واریانس داخل گروهی حداقل شود. برای تولید شیر در سطح کم تولید، متوسط سن در زمان زایش بالاتر و میانگین دفعات دوشش، کم‌تر از سایر سطوح تولید بود که می‌تواند به دلیل شرایط نامناسب پرورشی و مدیریت ضعیف باشد. میانگین تولید شیر در ماه دوم و سوم دوره شیردهی بیشتر از ماه‌های دیگر می‌باشد و درصد چربی شیر نیز به حداقل رسید (شکل ۱).



شکل ۱- میانگین تولید مقدار شیر و درصد چربی شیر سطوح مختلف تولید در ماه‌های مختلف شیردهی.

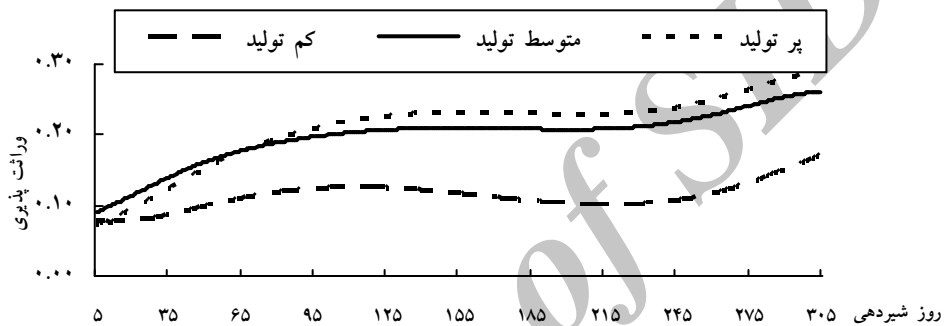
نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان (۱)، شماره (۲) ۱۳۹۲

جدول ۱- آمار توصیفی سه سطح تولید گروه‌بندی شده براساس میانگین تولید شیر و درصد چربی شیر در گله- سال‌های زایش مختلف.

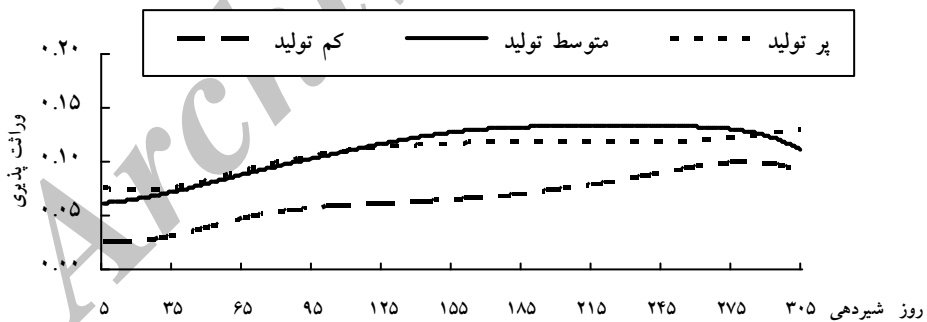
صفت	شیر (کیلوگرم)			چربی (درصد)			
	کم تولید	متوسط تولید	پرتولید	کل	کم تولید	متوسط تولید	پرتولید
تعداد حیوانات دارای رکورد (رأس)	۱۰۶۶۶	۳۰۸۵۴	۵۶۶۱۶	۹۸۱۳۶	۲۴۳۲۸	۴۶۸۵۳	۱۶۷۴۷
تعداد گاو نر (رأس)	۳۷۳	۳۷۳	۳۷۳	۳۷۳	۴۰۵	۴۰۵	۴۰۵
تعداد رکورد	۸۷۴۲۸	۲۶۱۲۶۹	۴۷۸۵۹۸	۸۲۷۲۹۵	۱۹۹۹۳۱	۳۷۶۲۲۶	۱۳۶۸۹۶
متوسط تعداد نتاج به ازای هر گاو نر	۲/۶	۸۲/۷	۱۵۱/۸	۲۶۳/۱	۶۰/۱	۱۱۵/۷	۴۱/۳
متوسط سن در زمان زایش (ماه)	۳۰/۲	۲۶/۹	۲۶/۶	۲۷/۰	۲۶/۸	۲۷/۰	۲۷/۰
میانگین دفعات دوشش	۲/۴	۲/۹	۳/۰	۲/۹	۳/۰	۲/۹	۲/۹
میانگین صفت (انحراف معیار)	۱۹/۹	۲۶/۷	۳۱/۲	۲۷/۵	۳/۰	۳/۴	۳/۷
تعداد گله- سال زایش	۴۲۰	۹۵۱	۷۷۵	۲۱۴۶	۶۴۳	۱۲۳۷	۵۱۵
تعداد گله- سال- ماه رکوردگیری	۴۷۸۲	۱۰۲۱۴	۸۰۰۳	۲۲۹۹۹	۶۲۲۵	۱۲۱۳۱	۵۰۶۶

وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفات تولید شیر و درصد چربی شیر با استفاده از مدل پدری برای سطوح مختلف تولید در شکل‌های ۲ و ۳ نشان داده شده است. به‌طورکلی وراثت‌پذیری در تابعی از روزهای شیردهی برای درصد چربی کمتر از مقدار شیر برآورد گردید که به‌دلیل بالا بودن اثرات محیطی دائمی و موقت نسبت به واریانس ژنتیک افزایشی برای این صفت می‌باشد (همامی و همکاران، ۲۰۰۸؛ عبدالله‌پور و همکاران، ۲۰۱۰؛ مقدس‌زاده اهرابی و همکاران، ۲۰۰۵). وراثت‌پذیری برآورد شده با مدل پدری برای مقدار تولید شیر در گروه‌های کم تولید، متوسط تولید و پر تولید به ترتیب در دامنه ۰/۰۸ تا ۰/۱۸، ۰/۰۹ تا ۰/۲۶ و ۰/۰۷ تا ۰/۲۹ و برای درصد چربی به‌ترتیب در دامنه ۰/۰۳ تا ۰/۱۰، ۰/۰۶ تا ۰/۱۳ و ۰/۰۷ تا ۰/۱۳ بود.

برای مقدار تولید شیر و درصد چربی، وراثت‌پذیری در اوایل دوره شیردهی پایین تخمین زده شده است. یکپاز دلایل پایین بودن وراثت‌پذیری این مورد است که حیوان در این بازه از محیط تأثیر بیشتری گرفته و در تعادل منفی انرژی قرار دارد و واریانس محیطی بیشتر می‌باشد (بیردا و همکاران، ۲۰۰۷). با نزدیک شدن به اواخر دوره شیردهی وراثت‌پذیری شیر و درصد چربی شیر افزایش یافت که روند آن مشابه با تحقیقات سایر محققین در این زمینه است (شادپرور و یزدان‌شناس، ۲۰۰۵؛ مقدس‌زاده اهرابی و همکاران، ۲۰۰۵؛ عبدالله‌پور و همکاران، ۲۰۱۰).



شکل ۲- وراثت‌پذیری تولید شیر در تابعی از روزهای مختلف شیردهی براساس سطوح مختلف تولید با استفاده از مدل پدیری.



شکل ۳- وراثت‌پذیری درصد چربی در تابعی از روزهای مختلف شیردهی براساس سطوح مختلف تولید با استفاده از مدل پدیری.



وراثت‌پذیری با استفاده از مدل حیوان در تابعی از روزهای شیردهی برای سطوح کم تولید، متوسط تولید و پر تولید برای تولید شیربه‌ترتیب در دامنه ۰/۰۵ تا ۰/۲۱، ۰/۰۵ تا ۰/۲۶ و ۰/۰۷ تا ۰/۲۸ و برای درصد چربی به‌ترتیب در دامنه ۰/۰۶ تا ۰/۱۸، ۰/۰۸ تا ۰/۱۵ و ۰/۱۰ تا ۰/۲۲ برآورد گردید. وراثت‌پذیری تولید شیر در تابعی از روزهای شیردهی مربوط به حیوانات موجود در سطوح پرتولید و متوسط تولید تفاوت چندانی نداشته و بیشتر از وراثت‌پذیری مربوط به گله-سال‌های زایش با میانگین تولید پایین برآورد شد. از دلایل بالا بودن وراثت‌پذیری در گله-سال‌های با تولید بالا می‌توان به بهتر بودن شرایط مدیریتی در گله‌های مربوطه و در نتیجه به توانایی حیوانات در بروز حداکثر توان ژنتیکی برای تولید شیر اشاره کرد، بنابراین سهم واریانس ژنتیکی در تولید شیر بیشتر شده و وراثت‌پذیری بالایی برآورد می‌گردد. تفاوت در روند تغییرات وراثت‌پذیری برآورد شده در تابعی از DIM نشان می‌دهد که بیان ژن در سطوح مختلف تولید فرق می‌کند. به‌طور کلی، دلیل بالا بودن وراثت‌پذیری در سطح تولید بالا می‌تواند در نتیجه بیان کامل و بهتر پتانسیل ژنتیکی واقعی باشد (هیل و همکاران، ۱۹۸۳؛ هایل-مریم و همکاران، ۲۰۰۸). وجود وراثت‌پذیری متفاوت برای صفات مدنظر در سطوح مختلف تولید، متعاقب تفاوت در واریانس‌های ژنتیک افزایشی و محیط دائمی می‌تواند دلیلی بر وجود اثر متقابل بین ژنوتیپ و سطوح مختلف تولید باشد (بیردا و همکاران، ۲۰۰۷؛ هایل-مریم و همکاران، ۲۰۰۸؛ همای و همکاران، ۲۰۰۸؛ هیز و همکاران، ۲۰۰۳).

همبستگی ژنتیکی بین روزهای مختلف دوره شیردهی متفاوت بود و با افزایش فاصله بین روزهای شیردهی، میزان همبستگی ژنتیکی کمتر می‌شد و کمترین همبستگی ژنتیکی بین روز ۵ام و روز ۳۰۵ام دوره شیردهی بود. بنابراین ساختار (کو) واریانس داده‌های تکرار شده در طول زندگی حیوان تغییر می‌کند و نشان می‌دهد میزان کنترل ژنتیکی در بخش‌های مختلف دوره شیردهی متفاوت بوده و با افزایش فاصله روزهای شیردهی از هم، همبستگی ژنتیکی کم‌تر می‌شود (شفر و دکرز، ۱۹۹۴).

همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن ارزش اصلاحی گاوهای نر بین سطوح تولیدی مختلف برای درصد چربی شیر بالاتر از مقدار شیر به دست آمد و دلیلی بر عدم وجود اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط می‌باشد و بدین معنی است که گاو نری که در محیط با سطح تولید پایین رتبه بالایی دارد در سایر محیط‌ها هم دارای رتبه بهتری بوده و لزومی برای انتخاب گاو نر خاص برای محیط پرورشی خاص وجود نخواهد داشت. جهت بررسی تغییر رتبه گاوهای نر در مراحل مختلف دوره شیردهی بین سطوح تولید متفاوت، چند روز از دوره شیردهی انتخاب شد و همبستگی ارزش‌های اصلاحی گاوهای

نر در دو گروه کم تولید و پرتولید برای مقدار شیر و درصد چربی شیر در جدول ۲ ارائه شده است. برای تولید شیر، بیشترین تغییرات در رتبه بندی گاوهای نر از شروع تولید تا رسیدن به اوج تولید است زیرا در این بازه زمانی همبستگی رتبه ای کم تر می باشد که نشان می دهد در این مرحله از دوره شیردهی، اثر متقابل بیشتری بین ژنوتیپ و محیط وجود دارد و دلیلی بر تفاوت بیان ژن بین سطوح تولیدی مذکور می باشد.

جدول ۲- همبستگی رتبه ای ارزش های اصلاحی گاوهای نر بین دو سطح کم و پرتولید برای برخی از روزهای دوره شیردهی اول.

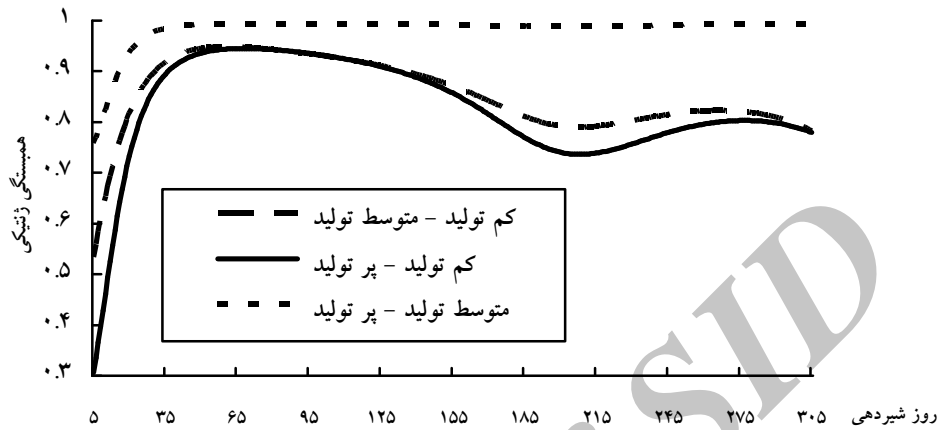
روز شیردهی	۵	۵۰	۱۰۰	۱۵۰	۲۰۰	۲۵۰	۳۰۵
مقدار شیر	۰/۳۲	۰/۷۷	۰/۹۷	۰/۸۸	۰/۸۲	۰/۸۵	۰/۸۸
درصد چربی	۰/۸۲	۰/۹۷	۰/۹۶	۰/۹۵	۰/۹۲	۰/۹۲	۰/۹۴

همبستگی رتبه ای اسپیرمن ارزش اصلاحی ۳۰۵ روز تولید شیر گاوهای نر بین سطوح کم تولید و متوسط تولید برابر با ۰/۷۷ و بین سطوح کم تولید و پرتولید برابر با ۰/۷۸ محاسبه شد و با توجه به نتایج هایل- مریم و همکاران (۲۰۰۸) و همامی و همکاران (۲۰۰۸) اثر متقابل قابل توجهی مشاهده شد که سبب می شود رتبه بندی گاوهای نر بین سطوح مذکور، متفاوت باشد (شکل ۴). اما به دلیل وجود همبستگی بالا (۰/۹۹) بین دو سطح متوسط تولید و پرتولید می توان گفت که اثر متقابل قابل ملاحظه- ای بین ژنوتیپ و محیط بین این دو سطح، وجود ندارد و تولید شیر توسط مجموعه یکسانی از ژن ها کنترل می شود. لذا رتبه برخی از گاوها در این سه گروه تغییر کرد (بیشترین تغییرات در گروه دوم و سوم در مقایسه با گروه اول می باشد) به عنوان مثال گله-سالهایی که دارای سطح تولید پایین بودند، گاو نری که دارای رتبه هشتم بود، در گله- سالهای متوسط تولید و پرتولید رتبه اول را به خود اختصاص داد.

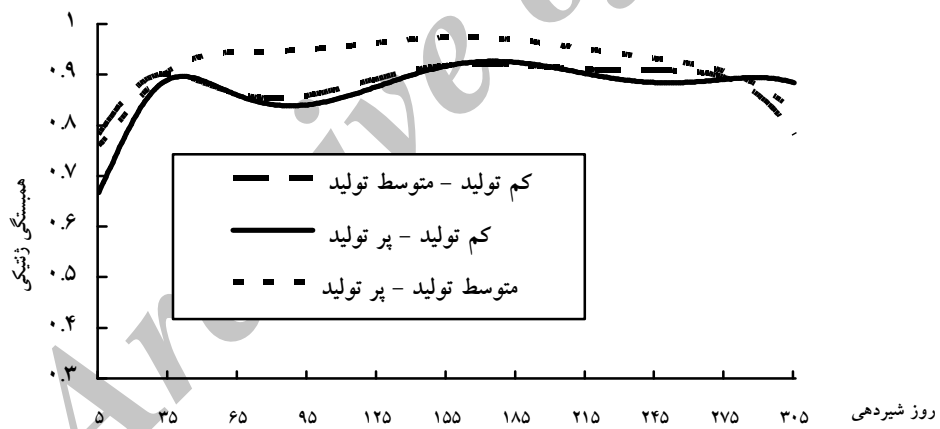


شکل ۴- ارزش اصلاحی ۳۰۵ روز تولید شیر در سطوح مختلف تولید برای ۱۰ رأس گاو نر دارای رتبه بالا در سطح پرتولید

در شکل‌های ۵ و ۶ همبستگی ژنتیکی بین روزهای شیردهی یکسان سطوح مختلف تولید برای صفات تولید شیر و درصد چربی شیر آورده شده است. این همبستگی‌ها با استفاده از مدل حیوان برآورد گردید که برای تولید شیر شیر، بین سطوح کم‌تولید و متوسط تولید و نیز بین سطوح کم‌تولید و پر تولید در اوایل و اواخر دوره شیردهی پایین‌تر از  $0/8$  برآورد شد و نشان می‌دهد که بین این سطوح تولید اثر متقابل قابل ملاحظه‌ای وجود دارد. در نتیجه رتبه‌بندی گاوهای نر در سطوح مدنظر متفاوت می‌باشد (روبرتسون، ۱۹۵۹؛ مولدر و بایما، ۲۰۰۶) که از طریق وجود همبستگی رتبه‌ای پایین بین سطوح کم‌تولید و پرتولید نیز قابل استنتاج است (جدول ۲). بنابراین حیوانی که در سطح پرتولید دارای ارزش اصلاحی بالایی است لزوماً در سطح تولید پایین دارای رتبه بالایی نخواهد بود. برای تولید شیر، به دلیل برآورد همبستگی ژنتیکی بالا بین سطوح متوسط‌تولید و پرتولید، اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط جزئی بود.



شکل ۵- همبستگی ژنتیکی بین روزهای شیردهی یکسان برای تولید شیر در سطوح مختلف تولید با استفاده از مدل حیوانی



شکل ۶- همبستگی ژنتیکی بین روزهای شیردهی یکسان برای درصد چربی در سطوح مختلف تولید با استفاده از مدل حیوانی

برای درصد چربی، همبستگی ژنتیکی بین روزهای یکسان سطوح مختلف تولید با اینکه در چند روز اول دوره شیردهی پایین تر از  $0/8$  برآورد شد، ولی بین سایر روزها بالاتر از  $0/8$  برآورد گردید.

به‌طور کلی به دلیل پایین بودن همبستگی ژنتیکی در اوایل دوره شیردهی برای صفات مورد بررسی، تغییر رتبه حیوانات بین سطوح مختلف تولید در این مرحله زیاد می‌باشد و به این دلیل می‌باشد که حیوان در تعادل منفی انرژی بوده و بین حیوانات به لحاظ سازگاری با شرایط به وجود آمده تفاوت وجود دارد؛ در نتیجه حساسیت حیوانات زیاد می‌باشد.

زمانی که محیط خارج از کنترل پرورش‌دهنده است، در آن صورت پرورش‌دهنده مجبور به انتخاب ژنوتیپی خواهد بود که با محیط مورد نظر سازگاری بیشتری داشته باشد. بنابراین، تنها راه این خواهد بود که برای هر محیط ژنوتیپ خاصی انتخاب گردد. این راهبرد پاسخ مناسبی برای افزایش تولید در محیط‌های مختلف را به دنبال خواهد داشت و باعث حفظ تنوع ژنتیکی خواهد شد. منابع مختلف و بررسی‌های انجام گرفته بر اهمیت‌اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط در برنامه‌های اصلاح نژادی گاوهای شیری اشاره دارند (همامی و همکاران، ۲۰۰۸ و مولدر و بایما، ۲۰۰۶). به طور کلی زمانیکه همبستگی ژنتیکی صفاتی در محیط‌های مختلف پایین باشد، اجرای برنامه اصلاح نژادی مجزا برای هر محیط کارایی بیشتری خواهد داشت.

با توجه به اینکه کشور ایران دارای مساحت زیاد بوده و شرایط آب و هوایی و سیستم‌های پرورشی و مدیریتی متنوعی دارد، بنابراین محاسبه و بررسی وجود اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط ضروری بوده که عدم بررسی آن می‌تواند کارایی برنامه‌های اصلاح نژادی را کاهش دهد. پیشرفت‌های حاصل در مدل‌های آماری و استفاده از مجموعه داده‌ی زیاد، محاسبه بهتر و دقیق‌تر همبستگی ژنتیکی و ارزش اصلاحی و نیز وراثت‌پذیری صفات در محیط‌های گسسته (مثل فصول گوساله‌زایی و مناطق مختلف) و پیوسته (دما و رطوبت) را ممکن می‌سازد و پیشنهاد می‌گردد اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط در ایران بررسی گردد و ژنوتیپ‌های سازگار با شرایط محیطی خاص شناسایی شوند.

### سیاسگزاری

از مرکز اصلاح نژاد کشور برای تهیه و آماده نمودن داده‌ها و همکاری و مساعدت در اجرای این تحقیق قدردانی می‌گردد.

### منابع

1. Abdollahpour, R., MoradiShahrBabak, M., Nejati-Javaremi, A., and VaezTorshizi, R. 2010. Genetic analysis of daily milk, fat percentage and protein percentage of Iranian first lactation Holstein cattle. J. World Appl. Sci. 10:1042-1046.

2. Beerda, B., Ouweltjes, W., Sebek, L.B., Windig, J.J., and Veerkamp, R.F. 2007. Effects of genotype by environment interactions on milk yield, energy balance, and protein balance. *J. Dairy Sci.* 90:219–228.
3. Falconer, D.S., and MacKay, T.F.C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th edition. Longman Group, Essex, UK.
4. Fikse, W.F., Rekaya, R., and Weigel, K.A. 2003. Genotype × Environment interaction for milk production in Guernsey cattle. *J. Dairy Sci.* 86:1821–1827.
5. Haile-Mariam, M., Carrick, M.J., and Goddard, M.E. 2008. Genotype by environment interaction for fertility, survival, and milk production traits in Australian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 91:4840–4853.
6. Hammami, H., Rekik, B., Soyeurt, H., Bastin, C., and Gengler, N. 2008. Genotype × environment interaction for milk yield in Holsteins using Luxembourg and Tunisian populations. *J. Dairy Sci.* 91:3661–3671.
7. Hayes, B.J., Carrick, M., Bowman, P., and Goddard, M.E. 2003. Genotype × environment interaction for milk production of daughters of Australian dairy sires from test-day records. *J. Dairy Sci.* 86:3736–3744.
8. Hill, W.G, Edwards, M., and Thompson, R. 1983. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. *Animal Production*. 36: 59-68.
9. Interbull. 2007. Genetic evaluations: Description of GES as applied in member countries. <http://www-interbull.slu.se/eval/framesida-genev.htm>.
10. Krikpatrick, M., Lofsvold, D., and Bulmer, M. 1990. Analysis of the inheritance, selection and evaluation of growth trajectories. *Genetics*. 124: 979-993.
11. Microsoft Visual FoxPro 9.0. Copyright© 1988-2004, Microsoft Corporation.
12. Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T., and Lee, D.H. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proc. 7th WCGALPP, Montpellier, France. CD-ROM communication. 28:07.
13. MoghaddaszadehAhrabi, S., EskandariNasab, M.P., Alijani, S., and Abbasi, M.A. 2005. Comparison structure of residual variance of milk yield trait based on the analysis of test day records in random regression models. *J. Agri. Sci. Natur. Resour.* 12:27-34. (In Persian)
14. Mulder, H.A., and Bijma, P. 2006. Benefits of cooperation between breeding programs in the presence of genotype by environment interaction. *J. Dairy Sci.* 89:1727–1739.
15. Robertson, A. 1959. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics*. 15:469-485.
16. SAS Institute Inc. 2003. *SAS 9.1.3 Help and documentation*, Cary, NC: SAS Institute Inc.
17. Schaeffer, L.R., and Dekkers, J.C.M. 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 18:443-446.
18. 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. 18: 1231-1236.
19. Yaeghoobi, R., Roshanfekar, H., Mamooee, M., Fayazi, J., Ashayerizadeh, A., Bojarpour, M., and BeigiNasiri, M.T. 2009. Genotype by environmental interaction for milk and fat production across western provinces of Iran. J. Anim. Vet. Adv. 8:2110-2114.

Archive of SID



Gorgan University of Agricultural  
Sciences and Natural Resources

*J. of Ruminant Research, Vol. 1 (2), 2013*  
<http://ejrr.gau.ac.ir>

## **Investigation of interaction between genotype and production level in Iranian Holstein dairy cattle using test day records**

**M. Bohlouli<sup>1</sup>, J. Shodja<sup>2</sup> and \*S. Alijani<sup>2</sup>**

<sup>1</sup> Ph.D Student, Dept. of Animal Sciences, University of Tabriz

<sup>2</sup> Prof., and Assistant Prof., Dept. of Animal Sciences, University of Tabriz

Received: 07/21/2012; Accepted: 11/29/2012

### **Abstract**

In this research, milk yield and fat percentage records of Iranian Holstein dairy cattle were used for investigating the existence of genotype by production level interaction via multi-trait random regression model. The records of first lactation were extracted from the database of National Animal Breeding Center for cows calved between 2001 and 2010. Herd-years of calving were grouped in low, medium and high production levels based on milk yield and fat percentage. For milk yield, 827295 records from 98136 cows/2146 herds and for fat percentage, 713053 records from 87928 cows/2395 herds remained in the data file. (Co)variance components for milk production traits were estimated by restricted maximum likelihood (REML) method. For milk yield, rank correlations of estimated breeding values for 305-d yield between low and medium production levels and between low and high production levels were 0.77 and 0.78, respectively and for fat percentage, among all levels were higher than 0.90. Genetic correlations between low and high production levels and between low and medium production levels of milk yield in early and late lactation period were less than 0.8; but correlation between medium and high production levels of milk production and between all levels of fat percentage were high. Re-ranking of sires in different production levels led to ratings and genetic correlations lower than 0.8 implying to significant presence between genotype and environment interaction.

**Keywords:** Genetic parameters; Production level; Random regression model; Genetic correlation

---

\*Corresponding Authors; Email: Sad-ali@tabrizu.ac.ir