



ناهمگنی مؤلفه‌های واریانس رکوردهای روز آزمون تولید شیر و تأثیر آن بر پارامترهای ژنتیکی و ارزش اصلاحی گاوهای هلشتاین ایران

*جمشید احسانی‌نیا^۱، نوید قوی حسین‌زاده^۲، عبدالاحد شادپور^۳

^۱استادیار گروه کشاورزی، مجتمع آموزش عالی میناب، دانشگاه هرمزگان، دانشیار و آستاد گروه علوم دامی،

دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان

تاریخ دریافت: ۹۷/۱۱/۲۹؛ تاریخ پذیرش: ۹۸/۰۹/۰۶

چکیده

سابقه و هدف: در مطالعات متعددی واریانس‌های ژنتیکی، باقیمانده و فنوتیپی ناهمگن براساس ناحیه جغرافیایی و سطح تولید گله برای صفات تولیدی گزارش شده است. نادیده گرفتن ناهمگنی واریانس‌ها رتبه‌بندی نادرست گاوهای نر و ماده ممتاز، کاهش پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار و کاهش بازدهی برنامه‌های اصلاح نژادی را به همراه خواهد داشت. هدف پژوهش حاضر، بررسی ناهمگنی مؤلفه‌های واریانس برای رکوردهای روز آزمون تولید شیر و همچنین تأثیر روش پیش تصحیح داده‌ها بر کاهش ناهمگنی واریانس، ارزش‌های اصلاحی و تغییر رتبه‌بندی حیوانات برتر در جمعیت گاوهای هلشتاین ایران بود.

مواد و روش‌ها: داده‌های مورد استفاده در این تحقیق شامل ۱۸۴۳۹۸۵ رکورد روز آزمون شیر متعلق به ۳۰۱۱۹۷ رأس گاو هلشتاین شکم اول در ۹۸۳ گله بود که طی سال‌های ۱۳۶۵ تا ۱۳۹۵ زایش داشتند. اطلاعات مذکور توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور جمع‌آوری شده بود. رکوردها براساس میانگین سطح تولید گله-سال به سه گروه دسته‌بندی شدند. ناهمگنی واریانس‌ها با استفاده از آزمون لون بررسی شد. به منظور کاهش یا رفع احتمالی ناهمگنی واریانس‌ها از روش پیش تصحیح داده‌ها استفاده شد. مؤلفه‌های واریانس، برآوردهای وراثت‌پذیری و همچنین ارزش‌های اصلاحی با برنامه ASREML و مدل حیوانی برآورد شدند.

یافته‌ها: نتایج آزمون لون قبل از پیش تصحیح داده‌ها معنی‌دار بود ($P < 0/01$) که نشان‌دهنده ناهمگنی واریانس‌ها است. روش پیش تصحیح داده‌ها منجر به واریانس‌های همگن‌تر نشد؛ اما ناهمگنی را تا ۲۵ درصد کاهش داد. به کارگیری روش تصحیح باعث شد وراثت‌پذیری‌ها اندکی بالاتر باشند؛ به طوری که برآوردهای وراثت‌پذیری قبل و بعد از تصحیح ناهمگنی واریانس‌ها به ترتیب $0/007 \pm 0/319$ و $0/009 \pm 0/351$ بودند. تصحیح داده‌ها تأثیر قابل توجهی بر حیوانات ممتاز داشت و باعث شد به ترتیب ۱۴ و ۲۰ درصد نرها و ماده‌های ممتاز از لیست ۱ درصد حیوانات ممتاز در مقایسه با سناریوی واریانس همگن خارج شوند. همچنین، تفاوت قابل ملاحظه‌ای در تغییر رتبه حیوانات برتر اتفاق افتاد و بهترین گاوهای نر و ماده، به ترتیب رتبه‌های ۸ و ۲۳ را پس از تصحیح ناهمگنی واریانس داشتند.

*نویسنده مسئول: ehsaninia@hormozgan.ac.ir

نتیجه‌گیری: اجزای واریانس رکوردهای روزآزمون 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.

واژه‌های کلیدی: ارزیابی ژنتیکی، پیش‌تصحیح، روزآزمون مقدار شیر، گاو شیری، ناهمگنی واریانس

مقدمه

تصمیمات انتخاب در برنامه‌های اصلاح نژاد وابسته به ارزش اصلاحی برآورد شده است، نادیده گرفتن ناهمگنی واریانس انتخاب نادرست گاوهای برتر، از دست دادن پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار و کاهش کارایی برنامه‌های اصلاح نژادی را به همراه خواهد داشت (۲۶ و ۳۶). در گاوهای سیمنتال آلمانی گزارش شد که ناهمگنی اجزای واریانس تولید شیر سبب برآورد اریب ارزش‌های اصلاحی می‌شود (۲۳).

برای محاسبه ناهمگنی مؤلفه‌های واریانس روش‌های مختلفی نظیر تبدیل، تصحیح یا پیش‌تصحیح داده‌ها ارائه شده است (۱۵ و ۳۲). در حال حاضر در ارزیابی گاوهای شیری، یک روش ساده و متداول برای در نظر گرفتن ناهمگنی واریانس، پیش‌تصحیح داده‌ها بر اساس واریانس‌های فنوتیپی است (۳۲). استانداردسازی رکوردهای فنوتیپی پیش از آنالیز ژنتیکی پیش‌تصحیح نام دارد. در یک تحقیق، ناهمگنی واریانس فنوتیپی تولید شیر در جمعیت گاوهای هلشتاین اروگوئه بر اثر پیش‌تصحیح داده‌ها کاهش یافت (۴۲). در گاوهای شیری هلشتاین فریزین انگلستان، از بین سه روش تبدیل رادیکالی، تبدیل لگاریتمی و پیش‌تصحیح بر اساس انحراف معیار فنوتیپی گله-سال-فصل برای تصحیح ناهمگنی واریانس‌ها، روش آخر تاثیر بیشتری بر یکنواخت کردن داده‌ها داشت (۴۳). نیکولائو و همکاران (۲۰۰۴) نشان دادند ناهمگنی واریانس ارزیابی ژنتیکی دام‌های نر و ماده ممتاز را تحت تاثیر قرار می‌دهد و پیش‌تصحیح داده‌ها بر اساس انحراف استاندارد

کاربردهای اولیه روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی^۱ برای ارزیابی ژنتیکی گاو شیری با فرض همگن بودن مؤلفه‌های واریانس همراه بود (۴۱ و ۴۲). اما در مطالعات متعددی ناهمگنی اجزای واریانس برای صفات تولیدی در گاوهای شیری گزارش شده است (۱۵ و ۱۸). افزایش میانگین همراه با افزایش واریانس در صفات تولیدی یکی از دلایل اصلی ناهمگنی واریانس است (۱۹). برای گاوهای شیری سیاه و سفید لهستانی برآوردهای مختلفی از وراثت‌پذیری برای گله‌های با سطوح تولیدی مختلف بدست آمده است که بیانگر ناهمگن بودن واریانس‌ها است (۴۰). شواهد قابل توجهی نشان می‌دهند که واریانس‌ها بین گله‌ها و سطوح مختلف تولیدی همگن نیستند (۱ و ۲۵). در گاوهای هلشتاین فریزین اسپانیایی، عامل سطح تولید گله، ناحیه جغرافیایی و اندازه گله بیشترین تاثیر را بر ناهمگنی واریانس‌ها داشت (۲۱). در گاوهای هلشتاین آلمان نشان داده شد که هم واریانس ژنتیکی و باقیمانده و هم وراثت-پذیری بین مناطق مختلف شمال آلمان ناهمگن هستند (۱۳). اعمال مدیریتی و تغذیه‌ای و استراتژی‌های اصلاح نژادی در راستای افزایش پتانسیل ژنتیکی و سطح تولید حیوانات نیز از سایر عوامل ناهمگنی واریانس‌ها هستند (۲۹ و ۳۰). ناهمگنی واریانس سبب برآورد اریب ارزش‌های اصلاحی گاوها در گله-هایی می‌شود که میانگین پراکنش گله‌ها در آنها بالا یا پائین‌تر از حد واقعی است (۳۸). از آنجایی که

1. Best Linear Unbiased Prediction = BLUP

در زمان زایش ۲۰ تا ۴۰ ماه و تولید شیر در دامنه ۳ تا ۹۰ کیلوگرم در نظر گرفته شد. گاوهای ماده دارای بیش از ۵ رکورد روزآزمون، گله‌سال‌های با بیش از ۱۰ گاو ماده و گاوهای نری که در بیش از سه گله دختر داشتند، مشخص و انتخاب شدند. همچنین، به منظور اطمینان از ارتباط مناسب داده‌ها و کاهش اشتباه برآوردها، حداقل تعداد دختران به ازای هر گاو نر ۱۰ رأس در نظر گرفته شد.

در مرحله بعد، گله‌ها بر اساس میانگین رکوردهای روزآزمون و سطوح مختلف تولید گله-سال به سه دسته بالا، متوسط و پایین تقسیم شدند. ویرایش و آماده‌سازی داده‌ها با نرم افزار فاکس پرو نسخه ۲/۶ (۱۶) و تهیه فایل شجره با نرم‌افزار CFC نسخه ۹/۰ (۳۳) انجام شد. برای بررسی ساختار آماری داده‌ها، آزمون لون و معنی دار بودن اثرات ثابت از رویه GLM نرم افزار SAS نسخه ۹/۱ (۳۴) استفاده شد. خلاصه آماری داده‌های مورد استفاده در جدول ۱ ارائه شده است.

فنتوتیپی روش مناسبی برای کاهش واریانس‌های ناهمگن و ارزیابی صحیح حیوانات است (۲۹).

هدف پژوهش حاضر، بررسی ناهمگنی مؤلفه‌های واریانس رکوردهای روزآزمون تولید شیر در سطوح مختلف تولید گله-سال و تأثیر پیش‌تصحیح داده‌ها بر رفع یا کاهش ناهمگنی واریانس‌ها و ارزش‌های اصلاحی برآورد شده گاوهای هلشتاین ایران بود.

مواد و روش‌ها

ساختار فایل داده و شجره: به منظور بررسی همگنی مؤلفه‌های واریانس صفت تولید شیر در سطوح مختلف گله-سال از رکوردهای روزآزمون مربوط به گاوهای هلشتاین ایران که توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور گردآوری شده بود، استفاده شد. داده‌های مورد استفاده در این پژوهش، شامل ۱۸۴۳۹۸۵ رکورد روزآزمون تولید شیر متعلق به ۳۰۱۱۹۷ راس گاو هلشتاین شکم اول در ۹۸۳ گله بود که طی سال‌های ۱۳۶۵ تا ۱۳۹۵ زایش داشته‌اند. دامنه روزهای شیردهی در بازه ۵ تا ۳۰۵ روز و سن

جدول ۱: برخی آماره‌های توصیفی رکوردهای روزآزمون تولید شیر

Table 1. Some descriptive statistics of milk testday records

ضریب تغییرات (%) CV (%)	انحراف معیار (کیلوگرم) SD (kg)	میانگین (کیلوگرم) Mean (kg)	تعداد مشاهدات Number of observations	روزهای شیردهی Days in milk	مرحله شیردهی (ماه) Lactation (month)
21.33	7.31	31.63	176879	5-35	1
24.68	7.07	30.25	196734	36-65	2
20.78	6.83	33.86	189199	66-95	3
23.77	6.59	30.78	192876	96-125	4
24.56	7.88	32.88	190235	126-155	5
26.89	6.77	31.69	185994	156-185	6
25.74	7.53	30.55	183186	186-215	7
23.66	7.13	28.76	181678	216-245	8
24.87	6.98	31.43	177772	246-275	9
27.13	7.87	28.67	169432	276-305	10
24.34	7.19	31.05	1843985		کل Total

هشتاین که اندازه گله‌ها بزرگتر است، اصولاً مقادیر x پایین در نظر گرفته می‌شود. سپس از انحراف معیار وزنی برای محاسبه فاکتور تصحیح هر گله-روزآزمون استفاده شد:

$$Sf = \frac{S_{exp}}{S_{wgt}}$$

در رابطه فوق، S_{exp} انحراف معیار مورد انتظار براساس سطح تولید و S_{wgt} انحراف معیار وزنی است که از ترکیب انحراف معیار مشاهده شده برای هر گله-روزآزمون با انحراف معیار مورد انتظار که بر اساس سطوح تولیدی برآورده شده است، بدست آمد. در نهایت برای استانداردسازی رکوردهای روزآزمون تولید شیر از فرمول زیر استفاده شد:

$$Y_{adj} = \bar{y} + Sf \times (y - \bar{y})$$

در رابطه بالا، Y_{adj} رکورد تصحیح شده، y رکورد خام، \bar{y} میانگین کلی مشاهدات و Sf فاکتور تصحیح مورد استفاده هستند.

آنالیز ژنتیکی داده‌ها

برای واکاوی ژنتیکی رکوردهای روزآزمون از مدل رگرسیون تصادفی و نرم افزار (۱۷) ASReml 4.0 در دو مرحله یکی قبل از تصحیح ناهمگنی واریانس و دیگری پس از تصحیح واریانس‌های ناهمگن استفاده شد. مدل آماری مورد استفاده به شرح زیر بود:

$$y_{imnptv} = HTD_m + \sum_{f=1}^2 C_f (age_n)^f + \sum_{r=0}^k \beta_r \phi_r (dim_t) + \sum_{r=0}^{k_a-1} \alpha_{pr} \phi_r (dim_t) + \sum_{r=0}^{k_p-1} \gamma_{pr} \phi_r (dim_t) + e_{imnptv}$$

در مدل فوق، y_{imnptv} = رکورد روزآزمون i حاصل از t امین روز شیردهی در n امین سن زایش در گله-روزآزمون m ، HTD_m = اثر ثابت m امین گله-روزآزمون، C_f = f امین ضریب تابعیت ثابت مربوط به سن زایش، age_n = n امین سن زایش، k مرتبه برازش برای ضرایب تابعیت ثابت ($k=5$)، β_r = r امین

تصحیح ناهمگنی واریانس: برای استانداردسازی رکوردهای روزآزمون تولید شیر از روش پیش-تصحیح ارائه شده توسط Reents و همکاران (۳۲) استفاده شد. ابتدا رکوردهای روزآزمون با استفاده از مدل ثابت زیر برای اثرات ناحیه، سن و فصل زایش تصحیح شدند.

$$y_{ijklm} = htd_i + A_j + P_k + RAS_l + e_{ijklm}$$

در این رابطه، y_{ijklm} n امین رکورد روزآزمون ژامین گاو، htd_i اثر ثابت ژامین گله-روزآزمون، A_j اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی ژامین حیوان، P_k k امین اثر محیطی دائمی به مربوط به ژامین گاو، RAS_l اثر ناحیه-سن زایش-فصل گوساله‌زایی و e_{ijklm} اثرات تصادفی باقیمانده هستند. سپس باقیمانده‌های حاصل از مدل فوق برای محاسبه میانگین انحراف استاندارد تمام گله-روزآزمون‌ها بر اساس سطوح تولیدی پایین، متوسط و بالا استفاده شد. این انحراف استاندارد به عنوان انحراف استاندارد مورد انتظار (S_{exp}) در نظر گرفته شدند و با انحراف استاندارد مشاهده شده S_{obs} ترکیب و انحراف معیار وزنی (S_{wgt}) به شرح زیر محاسبه شد:

$$S_{wgt} = \frac{(n \times S_{exp} + n \times S_{obs})}{(X + n)}$$

در فرمول فوق، S_{exp} انحراف معیار مورد انتظار براساس سطوح تولیدی مختلف، S_{obs} انحراف معیار مشاهده شده برای هر گله-روزآزمون، n اندازه گله و x ضریب مورد استفاده است. مقدار x به اندازه کلاس‌های گله-روزآزمون بستگی دارد و مقادیر ۱۰، ۱۵، ۲۰، ۲۵ و ۳۰ برای x در نظر گرفته شد و تأثیر آنها بر فاکتور تصحیح ارزیابی شد. x های با مقادیر پایین-تر ($x=10$ و $x=15$) وزن بیشتری را به انحراف معیار مشاهده شده برای هر گله-روزآزمون خاص می‌دادند در حالی که x های با مقادیر بالا انحراف معیار وزنی را بیشتر به سمت میانگین انحراف معیار در سطح تولیدی خاص سوق می‌دادند. در نژادهایی مانند

نتایج و بحث

میانگین فنوتیپی رکوردهای روزآزمون تولید شیر در زایش نخست $7/19 \pm 31/04$ کیلوگرم بود (جدول ۱). بیشترین میانگین تولید شیر مربوط به ماه سوم شیردهی ($33/86 \pm 6/83$) و کمترین مقدار آن مربوط به ماه دهم شیردهی ($28/67 \pm 7/78$) بود. ضریب تغییرات بین ماه‌های مختلف شیردهی بین $20/78$ تا $27/13$ بود که نشان‌دهنده ناهمگنی واریانس‌ها است. با توجه به ضریب تغییرات، بیشترین یکنواختی مربوط به ماه سوم شیردهی بود و در انتهای منحنی شیردهی حداکثر غیریکنواختی مشاهده شد. برای کاهش ناهمگنی و یا رفع احتمالی ناهمگنی واریانس‌ها یک روش پیش‌تصحیح روی داده‌ها اعمال و سپس آزمون یکنواختی واریانس روی داده‌های تصحیح شده انجام شد که نتایج آن در جدول ۲ آمده است. آزمون لون برای تولید شیر در شکم زایش نخست قبل از پیش-تصحیح داده‌ها معنی‌دار بود ($P < 0/01$) که نشان-دهنده ناهمگن بودن واریانس‌ها در هر سه سطح تولید گله-سال است.

ارزش کای مربع بعد از پیش‌تصحیح داده‌ها نیز معنی‌دار شد که بیانگر ناهمگنی واریانس‌ها در سطوح مختلف تولید گله-سال است. اما میزان ناهمگنی واریانس‌ها پس از اعمال پیش‌تصحیح روی رکوردهای روزآزمون شیر به میزان قابل توجهی و در حدود ۲۵ درصد کاهش یافت. در موافقت با نتایج تحقیق حاضر، ناهمگنی واریانس‌های تولید شیر برای عواملی مانند سطح تولید گله، منطقه جغرافیایی و اندازه گله-سال نشان داده شده است (۱، ۴، ۱۵ و ۲۱). با تغییر معیار گروه‌بندی داده‌ها، تعداد رکوردهای موجود در هر یک از دسته‌ها نیز تغییر می‌کند و در واقع رکوردهای موجود بین گروه‌های با میانگین تولید

ضریب تابعیت ثابت، k_a مرتبه برازش برای ضرایب تابعیت تصادفی اثرات ژنتیکی افزایشی، k_p مرتبه برازش برای ضرایب تابعیت تصادفی اثرات محیطی دائمی، α_{pr} امین ضریب تابعیت تصادفی ارزش ژنتیکی افزایشی مربوط به گاو p ، γ_{pr} امین ضریب تابعیت تصادفی اثر محیطی دائمی مربوط به گاو p ، $\sigma_r^2(\text{dim}_1)$ امین ضریب چندجمله‌ای‌های لژاندر برای روزهای شیردهی t و e_{mptv} اثر تصادفی باقیمانده مدل است.

وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و اسپیرمن: برای محاسبه وراثت‌پذیری رکوردهای روزآزمون شیر طی مراحل مختلف شیردهی از رابطه زیر استفاده شد:

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

در این رابطه، $\sigma_a^2 = qGq'$ ، $\sigma_{pe}^2 = qPq'$ و σ_e^2 واریانس محیطی دائمی و واریانس باقیمانده هستند. G و P به ترتیب ماتریس (کو) واریانس بدست آمده برای ضرایب رگرسیون تصادفی اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی حیوانات و q نیز چندجمله‌ای‌های روز شیردهی موردنظر است. ابتدا ماتریس‌های کوواریانس ضرایب تابعیت ژنتیکی افزایشی و ضرایب تابعیت محیطی دائمی استخراج و سپس اجزای واریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی مراحل مختلف شیردهی محاسبه شدند. برای محاسبه همبستگی ژنتیکی بین مراحل مختلف شیردهی از فرمول زیر استفاده شد:

$$r_g = \frac{\text{Cov}_{g(i,j)}}{\sqrt{\text{Var}_{g(i,i)} \times \text{Var}_{g(j,j)}}}$$

که در رابطه بالا، $\text{Cov}_{g(i,j)}$ کوواریانس ژنتیکی بین روز i ام و j ام، $\text{Var}_{g(i,i)}$ و $\text{Var}_{g(j,j)}$ به ترتیب واریانس ژنتیکی روز i ام و j ام هستند. همبستگی بین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده به روش اسپیرمن محاسبه شد.

بالا، متوسط و پایین تغییر مکان می دهند که خود بر ناهمگنی واریانس ها مؤثر است.

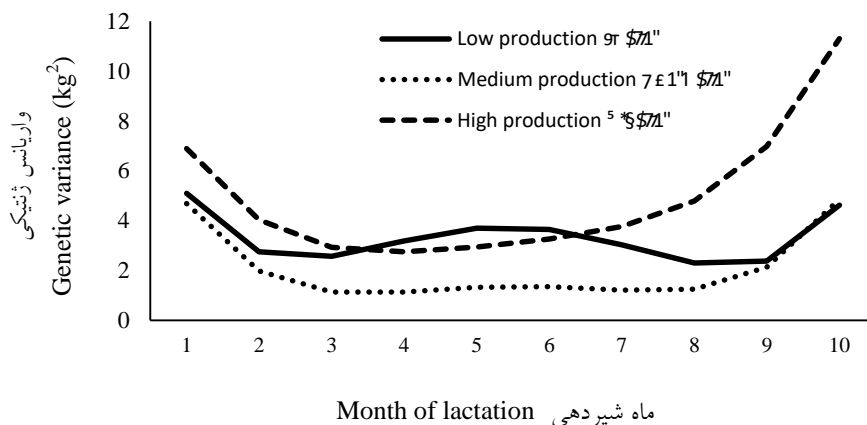
جدول ۲: آزمون لون برای بررسی ناهمگنی مؤلفه های واریانس قبل و بعد از پیش تصحیح داده ها

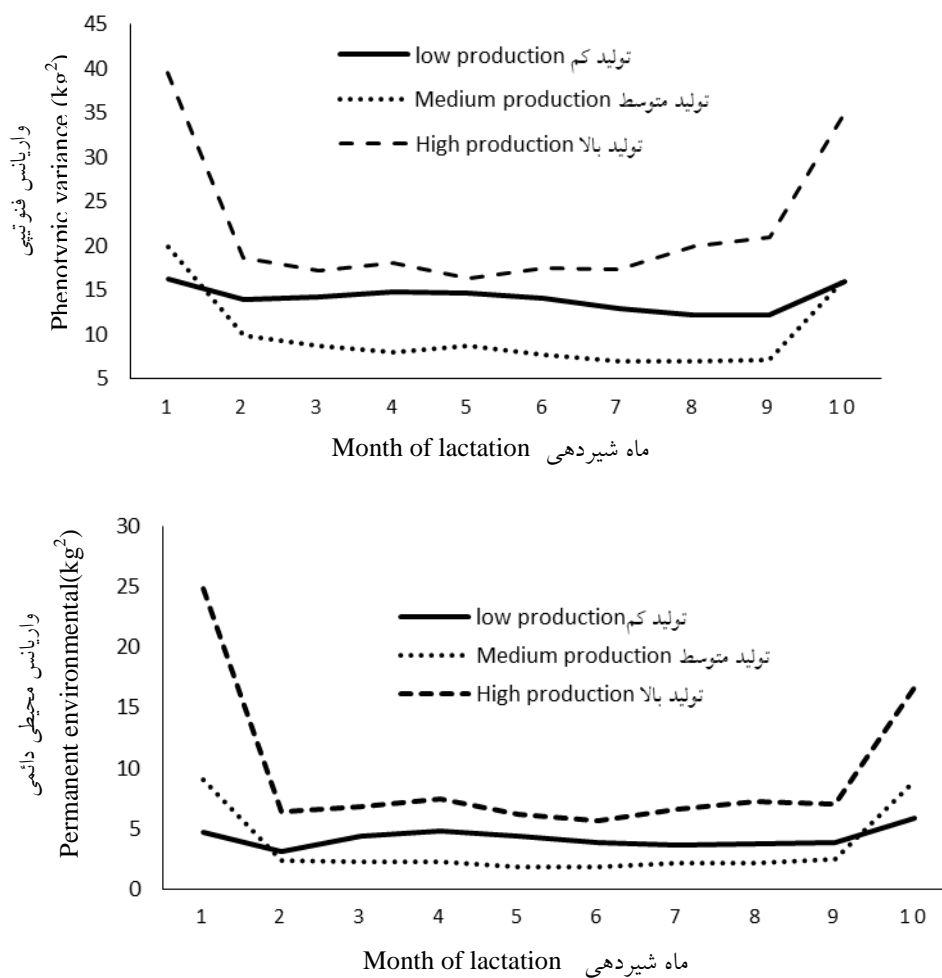
Table 2. Leven's test for investigating heterogeneity of variance components before and after data pre-correction

مقدار P p-value	مقدار کای مربع χ^2 - value	درجه آزادی Df		
0.001	5904.50	2	Befor pre-correction	قبل از پیش تصحیح
0.001	1485.32	2	After pre-correction	بعد از پیش تصحیح

مطابقت دارد (۴ و ۱۸) با این تفاوت که در مطالعه عیلو و همکاران (۲۰۱۴) گله های با تولید متوسط واریانس ژنتیکی بالاتری داشتند (۴). جنگلر و همکاران (۲۰۰۴) نشان دادند که گله های با سطح تولید بالا واریانس ژنتیکی بیشتری دارند و بیان داشتند گله هایی که از مدیریت مطلوب تری برخوردار باشند، بهتر می توانند پتانسیل ژنتیکی خود را بروز دهند (۱۸).

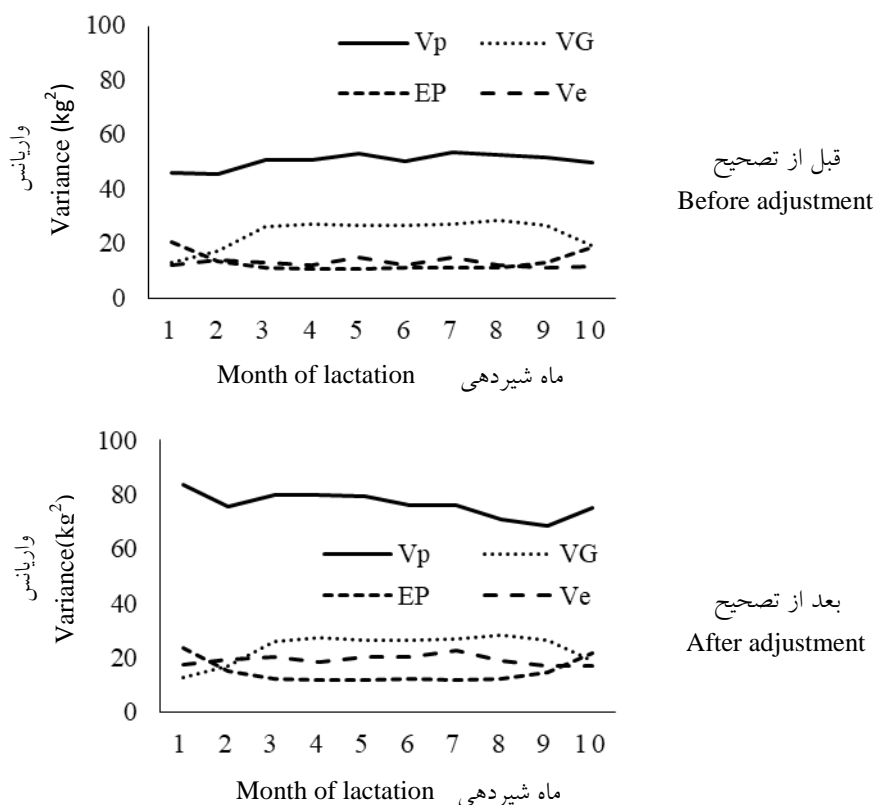
غیریکنواختی مؤلفه های واریانس رکوردهای روزآزمون تولید شیر بر اساس سطوح مختلف تولید گله-سال در شکل ۱ نشان داده شده است. همانگونه که ملاحظه می شود واریانس های ژنتیکی افزایشی، فنوتیپی و محیطی دائمی تولید شیر بین سطوح مختلف تولید گله-سال در دوره شیردهی نخست ناهمگن است. بیشترین و کمترین میزان این واریانس ها به ترتیب مربوط به گله-سال های با سطوح تولید بالا و متوسط است. که با یافته های سایر محققین





شکل ۱: ناهمگنی مؤلفه‌های واریانس بر اساس سطوح مختلف تولید گله-سال در ماه‌های مختلف شیردهی

Figure 1. Heterogeneity of variance components based on production herd-year levels at different lactation months



شکل ۲: واریانس‌های فنوتیپی (Vp)، ژنتیکی افزایشی (VG)، محیطی دائمی (EP) و باقیمانده (Ve) قبل و بعد از تصحیح ناهمگنی واریانس
Figure 2. Phenotypic (Vp), additive genetic (VG), permanent environment (EP) and residual variances before and after adjustment for heterogeneity of variance

همکاران (۲۰۱۱) و کوستا و همکاران (۲۰۰۸) مشابه (۶ و ۸)، اما با نتایج برخی محققین که بیشترین مقدار این پارامتر را در انتهای دوره شیردهی گزارش کردند، مغایرت دارد (۳۴، ۷ و ۱۹). روند کاهش واریانس ژنتیکی در انتهای دوره شیردهی ممکن است به تعداد کمتر رکوردهای تولید شیر مرتبط باشد (۶). به طور کلی، نمی‌توان در این مورد به معیار قطعی دست یافت به طوری که بیشترین مقدار این واریانس در برخی مطالعات در اوایل (۳۷)، در برخی در اواسط (۳۰)، در برخی در اوایل و اواسط (۲۲) و در برخی در اوایل و اواخر (۴۴) دوره شیردهی گزارش شده است.

واریانس محیطی دائمی در ابتدا و انتهای دوره شیردهی بیشترین تغییر را داشت که با نتایج فوجی و

روند تغییرات مؤلفه‌های واریانس تولید شیر در مراحل مختلف شیردهی، قبل و بعد از تصحیح ناهمگنی واریانس‌ها در شکل ۲ ارائه شده است. واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی تولید شیر پس از تصحیح ناهمگنی واریانس اندکی افزایش یافتند. تغییرات واریانس ژنتیکی افزایشی از ابتدای دوره شیردهی به سمت میانه‌های دوره شیردهی افزایشی و تنها در اواخر دوره شیردهی کاهش محسوسی را نشان داد. بزرگتر بودن واریانس ژنتیکی افزایشی شیر روزآزمون در نیمه دوم دوره شیردهی نسبت به نیمه اول دوره بیانگر این مطلب است که حیوانات در این دوره تنوع ژنتیکی بالاتری دارند. در مورد واریانس ژنتیکی افزایشی، بیشترین مقدار مربوط به ابتدای دوره شیردهی بود که با نتایج کوبوسی و

مرحله اوج شیردهی باشد (۲۰). روند تغییرات واریانس فنوتیپی، نشان دهنده این واقعیت است که میزان این پارامتر در اوایل و اواخر شیردهی میل به افزایش دارد و حداقل آن مربوط به اواسط شیردهی است. دیروس و همکاران (۲۰۰۴) نیز حداقل مقدار واریانس فنوتیپی را در اواسط دوره شیردهی گزارش کردند (۹). بیگناردی و همکاران (۲۰۰۹) نشان دادند که واریانس فنوتیپی داده‌های روزآزمون تولید شیر طی دو هفته اول شیردهی بالا بوده، سپس تا اواسط دوره شیردهی کاهش یافته و در نهایت از هفته ۲۰ تا انتهای دوره شیردهی سیر صعودی داشت که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت دارد (۴). برآوردهای وراثت-پذیری تولید شیر در مراحل مختلف شیردهی قبل و بعد از تصحیح ناهمگنی مؤلفه‌های واریانس در جدول ۳ ارائه شده است.

سوزوکی (۲۰۰۶) برای رکوردهای روزآزمون تولید شیر در اولین دوره شیردهی گاوهای هلستاین ژاپنی مطابقت دارد (۱۳). کتونن و همکاران (۲۰۰۰) بیشترین مقدار واریانس محیطی دائمی را در اوایل و اواخر دوره شیردهی گزارش کردند و بیان داشتند که در اواسط دوره شیردهی واریانس محیطی دائمی دارای کمترین مقادیر و حداقل تغییرات است (۲۲). الگوی تغییرات نشان می‌دهد واریانس باقیمانده در ابتدای دوره شیردهی بیشترین مقدار را دارد و از ماه دوم به بعد تا انتهای دوره شیردهی شیب ملایمی نشان می‌دهد. استرایل و همکاران (۲۰۰۵) حداکثر واریانس باقیمانده را نیز در اوایل شیردهی گزارش کردند (۳۹). بالا بودن مقدار واریانس باقیمانده در اوایل دوره شیردهی می‌تواند به دلیل تغییرات فیزیولوژیکی پس از زایش، تأثیر ناهنجاری‌های متابولیکی بر تولید و همچنین عدم تعادل انرژی در

جدول ۳: برآوردهای وراثت‌پذیری در مراحل مختلف شیردهی قبل و بعد از تصحیح ناهمگنی مؤلفه‌های واریانس

Table 3. Estimates of heritability (\pm SE) at different stages of lactation before and after correction of heterogeneity of variance components

ماه شیردهی Month of lactation	قبل از تصحیح Before correction	بعد از تصحیح After correction
1	0.136 \pm 0.008	0.153 \pm 0.005
2	0.186 \pm 0.005	0.194 \pm 0.006
3	0.237 \pm 0.009	0.248 \pm 0.008
4	0.198 \pm 0.007	0.212 \pm 0.005
5	0.253 \pm 0.004	0.269 \pm 0.007
6	0.281 \pm 0.009	0.297 \pm 0.008
7	0.303 \pm 0.007	0.316 \pm 0.006
8	0.328 \pm 0.006	0.339 \pm 0.005
9	0.343 \pm 0.009	0.356 \pm 0.007
10	0.313 \pm 0.005	0.321 \pm 0.008
کل Total	0.319 \pm 0.007	0.351 \pm 0.009

نتایج نشان می‌دهد تصحیح ناهمگنی واریانس سبب افزایش وراثت‌پذیری در تمام مراحل مختلف شیردهی شده است. دلیل این امر را این گونه می‌توان توجیه کرد که نادیده گرفتن ناهمگنی واریانس بین گروه‌های

قبل از تصحیح، مقدار وراثت‌پذیری ۰/۱۳۶ تا ۰/۳۲۹ و پس از تصحیح ۰/۱۵۳ تا ۰/۳۴۱ برآورد شد. مقدار کل وراثت‌پذیری نیز قبل و بعد از تصحیح ناهمگنی واریانس به ترتیب ۰/۳۱۹ و ۰/۳۵۱ بود.

همبستگی رتبه‌ای بین ارزش‌های اصلاحی گاوهای نر و ماده ممتاز قبل و بعد از تصحیح ناهمگنی مؤلفه‌های واریانس در جدول ۴ ارائه شده است. نادیده گرفتن ناهمگنی واریانس، ارزیابی اریب و رتبه‌بندی اشتباه حیوانات را به همراه دارد. همانطور که مشاهده می‌شود همبستگی‌های رتبه‌ای بالایی بین ارزش اصلاحی گاوهای نر و ماده انتخاب شده در تمام درصدهای انتخاب حیوانات ممتاز وجود دارد و این همبستگی در گاوهای نر بالاتر از گاوهای ماده است. همبستگی رتبه‌ای بین همه گاوهای نر و ماده به ترتیب ۰/۹۹۴ و ۰/۹۹۷ بود. همبستگی‌های بالا بین همه گاوهای نر، قبل و بعد از تصحیح ناهمگنی واریانس، در مطالعات متعددی گزارش شده است. علیو و همکاران (۲۰۱۴) و استرابل و همکاران (۲۰۰۶) به ترتیب با به کارگیری فاکتورهای مختلف برای تصحیح ناهمگنی واریانس روزآزمون تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران و برزیل همبستگی رتبه‌ای بین ارزش‌های اصلاحی گاوهای نر ممتاز را به ترتیب ۰/۹۹۹ و ۰/۹۹۶ گزارش کردند (۱ و ۳۸) که با نتایج پژوهش حاضر همخوانی دارد. اوریسته و همکاران (۲۰۰۳) در گاوهای هلشتاین اروگوئه این همبستگی را بالاتر از ۰/۹۸۰ گزارش نمودند (۴۲).

تصحیح ناهمگنی واریانس سبب شد که ۱۴ درصد نرهای برتر از لیست نرهای ممتاز خارج شوند. بدین معنی که در هنگام انتخاب یک درصد حیوانات ممتاز، ۱۴ درصد گاوهای نر بعد از تصحیح ناهمگنی واریانس انتخاب نمی‌شوند در حالی که در مورد حیوانات ماده این میزان ۲۰ درصد بود که بیانگر این مطلب است که تصحیح ناهمگنی واریانس اثر کمی بر تغییر رتبه گاوهای نر دارد و میزان حذف و تغییرات رتبه در حیوانات ماده ممتاز بیشتر از حیوانات نر است به طوری که، پس از تصحیح ناهمگنی واریانس، میزان حذف در ۱، ۵ و ۵۰ درصد

هم‌عصر سبب پوشاندن قسمتی از تفاوت ژنتیکی بین افراد و در نتیجه کاهش وراثت‌پذیری برآورد شده در حالت عدم تصحیح برای ناهمگنی واریانس می‌شود. برآوردهای وراثت‌پذیری در ابتدای دوره شیردهی پایین است که ممکن است به علت پایین بودن واریانس ژنتیکی افزایشی و عدم توانایی حیوانات برای بروز پتانسیل ژنتیکی باشد. پس از ماه اول و با تثبیت شرایط تولیدی حیوان تا اواخر دوره شیردهی میزان وراثت‌پذیری افزایش می‌یابد. افزایش میزان وراثت‌پذیری در نیمه دوم دوره شیردهی تابعی از افزایش واریانس ژنتیکی افزایشی و کاهش واریانس باقیمانده است. چنین روندی در سایر تحقیقات نیز گزارش شده است (۵، ۶ و ۳۵).

بیاسوس و همکاران (۲۰۱۰) دامنه و روند مشابهی از وراثت‌پذیری را برای تولید شیر گاوهای هلشتاین برزیل گزارش کردند (۲)، در حالی که برآوردهای وراثت‌پذیری در مطالعه حاضر نسبت به برآوردهای کوستا و همکاران (۲۰۰۸) پایین‌تر بودند (۸)، زیرا آنها واریانس محیطی دائمی و واریانس باقیمانده را در طول مراحل مختلف شیردهی همگن فرض کرده بودند. ساختار متفاوت داده‌ها و شرایط محیطی مختلف نیز می‌توانند از عوامل موثر در برآوردهای وراثت‌پذیری باشند. بیگناردی و همکاران (۲۰۰۸) نتایج مشابهی را در تجزیه و تحلیل داده‌های روزآزمون شیر گاوهای هلشتاین برزیل با استفاده از مدلی که واریانس باقیمانده را در طول دوره شیردهی ناهمگن فرض می‌کرد، نسبت به مدلی که واریانس باقیمانده را همگن در نظر می‌گرفت، ارائه نمودند (۳). اوریسته و همکاران (۲۰۰۳) وراثت‌پذیری تولید شیر گاوهای هلشتاین اروگوئه را قبل و بعد از تصحیح ناهمگنی واریانس به ترتیب ۰/۲۳ و ۰/۲۷ گزارش کردند (۴۲).

گاوهای ماده ممتاز به ترتیب ۲۰، ۱۶ و ۸ درصد و برای گاوهای نر ممتاز ۱۴، ۱۱ و ۵ درصد بود. این یافته‌ها مشابه نتایج سایر پژوهش‌ها است (۱۲ و ۴۲).

جدول ۴: همبستگی رتبه‌ای، درصد و تعداد حیوانات نر و ماده ممتاز خارج شده از لیست انتخاب قبل و بعد از تصحیح ناهمگنی

واریانس‌ها

Table 4. Spearman's rank correlation, percentage and the number of top sires and dams excluded from the list of selected before and after heterogeneity of variances

همبستگی رتبه‌ای	میانگین تغییر	درصد حیوانات	تعداد حیوانات	تعداد حیوانات	درصد حیوانات	حیوانات
Spearman's rank correlation	Mean change EBVs	Percentage excluded animals	No. of excluded animal	No. of selected animals	Percentage of selected animals	Animals
0.841	-26	20	602	3012	1	
0.853	-36	16	2410	15060	5	مادر
0.938	-21	8	6024	75299	50	Dam
0.992	-2	0	0	301197	100	
0.901	-18	14	5	35	1	
0.945	-13	11	19	174	5	پدر
0.994	+2	5	87	1745	50	sire
0.997	-11	0	0	3489	100	

از تصحیح ناهمگنی واریانس‌ها ایجاد شده است. این اختلاف به خصوص در رتبه‌بندی دختران دارای رکورد نسبت به پدرانشان بیشتر است. به عنوان مثال، بهترین گاوهای نر و ماده قبل از تصحیح ناهمگنی واریانس، به ترتیب رتبه‌های ۸ و ۲۳ را پس از تصحیح ناهمگنی واریانس داشتند. پانتو و همکاران (۲۰۱۲) نیز تغییر رتبه نرهای برتر را پس از تصحیح ناهمگنی واریانس در جمعیت گاو شیری برزیل گزارش کردند (۲۹). از عوامل مؤثر بر صحت پیش-بینی ارزش اصلاحی حیوانات می‌توان وراثت‌پذیری، تعداد رکوردهای موجود به ازای هر رأس دام، مدل مورد استفاده و تعداد هم‌گله‌ای‌ها را بر شمرد. از آن جا که دختران گاوهای نر به طور تصادفی بین گله‌های مختلف توزیع می‌شوند تغییر رتبه پدران برتر نسبت به ماده‌های ممتاز کمتر است (۱۸ و ۳۸).

اوربسته و همکاران (۲۰۰۳) برای ۱ و ۵ درصد گاوهای ممتاز هلشتاین اروگونه‌ای همبستگی رتبه‌ای را به ترتیب ۰/۶۹ و ۰/۷۸ گزارش کردند (۴۲). در پژوهشی دیگر، ۴۲ گاو بعد از تصحیح ناهمگنی واریانس از لیست ۱ درصد گاوهای ماده ممتاز (۸۹۰ حیوان) خارج شدند (۱۰) که مطابق با نتایج پژوهش حاضر است. گاوهای نر در بیشتر گله‌ها فرزند دارند و همچنین تعداد رکوردهای موجود برای ارزیابی ژنتیکی پدران به مراتب بیشتر از تعداد رکوردهای موجود برای دخترانشان است، از این رو تغییر رتبه نرها نسبت به ماده‌های برتر کمتر است.

رتبه‌بندی ده گاو نر و ماده برتر بر اساس میانگین ارزش‌های اصلاحی تولید شیر قبل و بعد از تصحیح ناهمگنی مؤلفه‌های واریانس در جدول ۵ ارائه شده است. نتایج نشان می‌دهند که تفاوت‌های قابل توجهی در تغییر رتبه‌بندی گاوهای نر و ماده برتر قبل و بعد

جدول ۵: رتبه‌بندی ده پدر و مادر برتر قبل و بعد از تصحیح ناهمگنی واریانس‌ها

Table 5. Ranking of 10 top sires and dams before and after adjustment for heterogeneity of variances

رتبه گاوهای ماده ممتاز Rank of top dams		رتبه گاوهای نر ممتاز Rank of top sires	
بعد از تصحیح After correction	قبل از تصحیح Before correction	بعد از تصحیح After correction	قبل از تصحیح Before correction
23	1	8	1
75	2	11	2
49	3	27	3
11	4	10	4
38	5	31	5
86	6	15	6
28	7	11	7
16	8	20	8
63	9	54	9
103	10	41	10

هشتم و نهم (۰/۹۸۵) بدست آمد و پس از تصحیح ناهمگنی واریانس این مقادیر بین ماه‌های ذکر شده به ترتیب ۰/۴۰۳ و ۰/۹۹۱ بود. همبستگی ژنتیکی افزایشی ماه‌های شیردهی نزدیک به هم زیاد و با افزایش فاصله بین آنها به تدریج کاهش یافت.

همبستگی‌های ژنتیکی تولید شیر برای مراحل مختلف شیردهی قبل و بعد از تصحیح ناهمگنی واریانس‌ها در جدول ۶ ارائه شده است. کمترین و بیشترین میزان همبستگی ژنتیکی قبل از تصحیح به ترتیب بین ماه‌های اول و دهم (۰/۳۷۴) و ماه‌های

جدول ۶: همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی تولید شیر قبل از تصحیح (پایین قطر) و پس از تصحیح (بالای قطر)

Table 6. Additive genetic correlations for milk yield before (lower diagonal) and after (upper diagonal) correction

10	9	8	7	6	5	4	3	2	1	ماه شیردهی Month of lactation
0.403	0.442	0.499	0.528	0.549	0.601	0.659	0.692	0.735	1	1
0.503	0.509	0.527	0.564	0.589	0.675	0.806	0.966	1	0.714	2
0.658	0.702	0.749	0.781	0.858	0.901	0.959	1	0.928	0.689	3
0.687	0.783	0.860	0.934	0.949	0.977	1	0.950	0.774	0.684	4
0.746	0.864	0.932	0.944	0.987	1	0.972	0.870	0.653	0.595	5
0.756	0.894	0.938	0.989	1	0.980	0.940	0.824	0.571	0.544	6
0.877	0.955	0.981	1	0.982	0.938	0.901	0.771	0.535	0.515	7
0.932	0.989	1	0.975	0.932	0.925	0.845	0.736	0.521	0.476	8
0.996	1	0.985	0.943	0.885	0.845	0.772	0.674	0.501	0.438	9
1	0.980	0.927	0.854	0.748	0.732	0.671	0.648	0.498	0.376	10

ژنتیکی نیز کم می‌شود (۲۰). همبستگی ژنتیکی بین مراحل مختلف شیردهی رکوردهای روزآزمون تولید

وقتی فاصله بین ماه‌های شیردهی افزایش می‌یابد کوواریانس ژنتیکی بین آنها کاهش یافته و همبستگی

نتیجه‌گیری

نتایج تحقیق حاضر نشان داد مؤلفه‌های واریانس رکوردهای روزآزمون تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران براساس سطوح مختلف تولید گله-سال ناهمگن است و ناهمگنی واریانس، بر پارامترهای ژنتیکی و ارزش‌های اصلاحی برآورد شده اثر می‌گذارد. گاوهای ماده نسبت به گاوهای نر بیشتر تحت تاثیر فرض همگنی واریانس قرار می‌گیرند و پیش‌تصحیح داده‌ها ضمن کاهش ناهمگنی واریانس، بر رتبه‌بندی و ارزیابی ژنتیکی گاوهای نر و ماده ممتاز موثر است. بنابراین، پیشنهاد می‌شود، ناهمگنی واریانس در زمان ارزیابی ژنتیکی و انتخاب گاوهای نر و ماده ممتاز در نظر گرفته شود.

تشکر و قدردانی

از مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور به جهت در اختیار قرار دادن داده‌های مورد نیاز جهت انجام این تحقیق تقدیر و تشکر می‌شود.

منابع

- Aliloo, H., Miraie-Ashtiani, S.R., Moradi Shahrebabak, M., Urioste, J.I. and Sadeghi, M. 2014. Accounting for heterogeneity of variance in Iranian Holstein test-day milk yield records. *Journal of Livestock Science*. 167: 25-32.
- Biassus, I.O., Cobuci, J.A., Costa, C.N., Rorato, P.R.N., Neto, J.B. and Cardoso, L.L. 2011. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 40: 85-94.
- Bignardi, A., Faro, L., Cardoso, V., Machado, P. and De Albuquerque, L. 2008. Random regression models to estimate test day milk yield genetic parameters of Holstein cows in southeastern Brazil. *Journal of Livestock Production Science*. 123: 1-7.
- Bignardi, A.B., El Faro, L., Cardoso, V.L., Machado, P.F. and Albuquerque, L.G. 2009. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. *Journal of Livestock Science*. 123: 1-7.
- Cho, C.I., Alam, M., Choi, T.J., Choy, Y.H., Choi, J.G., Lee, S.S. and Cho, K.H. 2016. Models for estimating genetic parameters of milk production traits using random regression models in Korean Holstein cattle. *Asian-Australas. Journal of Animal Science*. 29(5): 607-614.
- Cobuci, J.A., Costa, C.N., Netoand, J.B. and Freitas, A.F. 2011. Genetic parameters for milk production by using random regression models with different alternatives of fixed regression modeling. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 40: 557-567.

شیر در دوره شیردهی نخست مثبت بود. بعد از تصحیح ناهمگنی واریانس مقدار آن افزایش یافت که با نتایج بدست آمده توسط برخی از محققین مطابقت دارد (۲۱ و ۲۲) اما با نتایج سایر پژوهشگران (۳، ۲۶ و ۲۷) که همبستگی ژنتیکی را بین برخی از مراحل مختلف شیردهی منفی گزارش کرده اند، همخوانی ندارد. در گاوهای هلشتاین استان کرمانشاه، افزایش فاصله بین ماه‌های شیردهی با کاهش همبستگی بین آنها همراه بود و کمترین مقدار همبستگی ژنتیکی برابر ۰/۵۶ و بین ماه چهارم و دهم گزارش شد (۳۴) که مطابق با نتایج پژوهش حاضر است. نتایج متفاوت همبستگی‌های ژنتیکی صفات تولید شیر در مطالعات مختلف احتمالاً به بخش ثابت منحنی شیردهی شامل فاکتورهای محیطی مختلف و توابع منحنی شیردهی در تجزیه و تحلیل رگرسیون مرتبط است.

7. Cobuci, J.A., Euclides, R.F., Lopes, P.S., Costa, C.N., Torres, R.D. and Pereira, C.S. 2005. Estimation of genetic parameters for test-day milk yield in Holstein cows using a random regression model. *Journal of Genetics and Molecular Biology*. 28: 75-83.
8. Costa, C.N., Melo, D.E., Packer, I.U., Freitas, A., Teixeira, N. and Cobuci, J.A. 2008. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 4: 602-608.
9. De Roos, A.P.W., Harbers, A.G.F. and De Jong, G. 2004. Random herd curves in a test-day model for milk, fat, and protein production of dairy cattle in the Netherlands. *Journal of Dairy Science*. 87: 2693-2701.
10. Dodenhoff, J. and Swalve, H.H. 1998. Heterogeneity of variances across regions of northern Germany and adjustment in genetic evaluation. *Journal of Livestock Production Science*. 53: 225-236.
11. 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. *Journal of Livestock Science*. 188: 174-181.
12. Ehsaninia, J., Ghavi Hossein-zadeh, N. and Shadparvar, A.A. 2016. The effect of heterogeneity of variance components on genetic evaluation of protein yield in Holstein top sires and dams. *Animal Science Journal*. 114: 101-114. (In Persian).
13. Fujii, C. and Suzuki, M. 2006. Comparison of homogeneity and heterogeneity of residual variance using random regression test-day models for first lactation Japanese Holstein cows. *Journal of Animal Science*. 77: 28-32.
14. Gengler, N., Dusseldorf, T., Wiggans, G.R., Wright, J.R. and Druet, T. 2001. Heterogeneity of (co)variance components for Jersey type traits. *Journal of Dairy Science*. 84: 1772 - 1790.
15. Gengler, N., Wiggans, G.R. and Gillon, A. 2005. Adjustment for heterogeneous covariance due to herd milk yield by transformation of test-day random regressions. *Journal of Dairy Science*. 88: 2981- 2990.
16. 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.
17. Gilmour, A.R., Gogel, B.J., Cullis, B.R. and Thompson, R. 2009. ASReml User Guide Release. VSN International Ltd: Hemel Hempstead.
18. 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. *Journal of Livestock Production Science*. 59(1): 33-49.
19. Ilatsia, E.D., Muasya, T.K., Muhuyi, W.B. and Kahi, A.K. 2007. Genetic and phenotypic parameters for test day milk yield of Sahiwal cattle in the semi-arid tropics. *Animal*. 1: 185-192.
20. Jafari Torbaghan, M., Farhangfar, H., Bashtni, M., Mohammad Nazari, B. and Sarir, H. 2012. Genetic evaluation of cows for milk protein yield trait using fixed and random regression test day models. *Animal Production Research*. 2: 9-20. (In Persian).
21. Jakobsen, J.H., Madsen, P., Jensen, J., Pedersen, J., Christensen, L.G. and Sorensen, D.A. 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.
22. Kettunen, A., Mantysaari, E.A. and Poso, J. 2000. Estimation of genetic parameters for daily milk yield of primiparous Ayrshire cows by random regression test-day models. *Journal of Livestock Production Science*. 6: 251-261.
23. 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 Genetics*. 125(3): 147-159.
24. 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 Genetic*. 131(3): 237-246.
 25. Microsoft Visual FoxPro 9.0. Copyright 1988-2004. Microsoft Corporation.
 26. Miglior, F., Gong, W., Wang, Y., Kistemaker, G.J., Sewalem, A. and Jamrozik, J. 2009. Genetic parameters of production traits in Chinese Holsteins using a random regression test-day model. *Journal of Dairy Science*. 92: 4697-706.
 27. Muir, B.L., Kistemaker, G., Jamrozik, J. and Canavesi, F. 2007. Genetic parameters for a multiple-trait multiple-lactation random regression test-day model in Italian Holsteins. *Journal of Dairy Science*. 90: 1564-1574.
 28. Nikolaou, M., Kominakis, A.P., Rogdaki, E. and Zampitis, S. 2004. Effect of mean and variance heterogeneity on genetic evaluations of Lesbos dairy sheep. *Journal of Livestock Production Science*. 88: 107-115.
 29. Panetto, J.C.C., Val, J.E., Marcondes, C.R., Peixoto, M.G.C.D., Verneque, R.S., Ferraz, J.B.S. and Golden, B.L. 2012. Female fertility in a Guzerat dairy subpopulation: Heterogeneity of variance components for calving intervals. *Journal of Livestock Science*. 145: 87-94.
 30. Pool, M.H., Janss L.L.G. and Meuwissen, T.H.E. 2000. Genetic parameters of Legendre polynomials for first-parity lactation curves. *Journal of Dairy Science*. 83: 2640-2649.
 31. Reents, R., Dopp, L., Schmutz, M. and Reinhardt, F. 1998. Impact of application of a test-day model to dairy production traits on genetic evaluations of cows. *Interbull Bull*. 17: 49-54.
 32. Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. and Colleau, J.J. 2006. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. *Proc. 8th World Congr. Genetic Applied Livestock Production*. CD-ROM Communication 27-28. Belo Horizonte Brazil. Aug. 13-18.
 33. SAS Institute Inc. 2009. *Statistical Analysis System (SAS) User's Guide*. SAS Institute. Cary. N.C. USA.
 34. Savar sofla, S., Varkohi, S. and Karkhaneh, A. 2017. Investigation of genetic parameters for milk production trait of Holstein cows in Kermanshah province using random regression model. *Journal of Animal Science*. 114: 11-20. (In Persian).
 35. 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-Australian Journal of Animal Science*. 18: 1231-1236.
 36. Stanton, T.L. 1990. Genotype by environment interaction for Holstein milk yield in Colombia, Mexico and Puerto Rico. *Journal of Dairy Science*. 74(5): 1700-1714.
 37. Strabel, T. and Mistral, I. 1999. Genetic parameters for first and second lactation milk yield of Polish Black and White cattle with random regression test-day models. *Journal of Dairy Science*. 82: 2805-2810.
 38. 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.
 39. Strabel, T., Szyda, J., Ptak, E. and Jamrozik, J. 2005. Comparison of random regression test-day models for Polish Black and White cattle. *Journal of Dairy Science*. 88(10): 3688-3699.
 40. Szydowski, M. and Szwaczkowski, T. 1993. The effect of grouping herds according to production level on the heritability of milk traits in cattle. *Journal of Animal Science*. 11: 295-300.
 41. 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.
42. Urioste, J.I., Rekaya, R., Gianola, D., Fikse, F. and Weigel, K.A. 2003. Model comparison for genetic evaluation of milk yield in Uruguayan Holsteins. Journal of Livestock Production Science. 84: 63-73.
43. Visscher, P.M. and Hill, G.H. 1992. Heterogeneity of variance and dairy cattle breeding. Journal of Animal Production. 55(3): 321-329.
44. Zavadilová, L., Jamrozik, J. and Schaeffer, L.R. 2005. Genetic parameters for test-day model with random regressions for production traits of Czech Holstein cattle. Czech Journal of Animal Science 50: 142-154.



Heterogeneity of variance components for milk yield test-day records and their effects on genetic parameters and breeding values of Iranian Holstein cows

*J. Ehsaninia¹, N. Ghavi Hosseini-Zadeh², A. A. Shadparvar³

¹Assistant Prof., Dept. of Agriculture, Minab Higher Education Center, University of Hormozgan, Bandar Abbas, Iran, ²Associate Prof., and ³Professor, Dept. of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran

Received: 02/18/2019; Accepted: 11/27/2019

Abstract

Background and objectives: Numerous studies have reported heterogeneous genetic, residual, and phenotypic variances for production traits based on geographical region and herd production level. Ignoring the heterogeneity of variances will lead to improper ranking and selection of top sires and dams, loss of expected genetic gain and decreased efficiency of breeding programs. The objective of this study was to investigate the heterogeneity of variance components for milk test-day records as well as the impact of data pre-adjustment method on reducing the heterogeneity of variance, breeding values and changing the rank of top animals in population of Holstein cows in Iran.

Materials and methods: The data set consisted of 1,843,985 milk test day records from 199,353 first lactation cows in 983 herds calved between 1986 and 2016. Data had been collected by the National Breeding Center and improvement of animal production of Iran. Records were classified into three different groups based on the average of herd-year production level. The heterogeneity of variances was studied using the Leven's test. In order to reduce or remove the heterogeneity of variances, a pre-correction method was used. Variance components, heritabilities and breeding values were estimated using the ASREML program and animal model.

Results: The results of Leven's test before data pre-correction were significant ($P < 0.01$) which indicated the heterogeneity of variance. Data correction did not result in homogenous variances; but variance heterogeneity decreased up to 25%. Applying the pre-correction method resulted in slightly higher heritabilities so that heritability estimates were 0.319 ± 0.007 and 0.351 ± 0.009 before and after adjustment for heterogeneity of variance, respectively. Adjustment of data had a considerable effect on top animals, such that 14% and 20% of top sires and dams, respectively, were excluded from the top 1% listed animals when compared to the homogenous variance scenario. A substantial difference was observed in changing the rank of the top animals and ranking previously top-ranked sire and dam as 8 and 23 ranks after adjustment of heterogeneity of variance, respectively.

Conclusion: Variance components of milk test-day records in Holstein cows were heterogeneous. Therefore, it could be suggested that the effects of heterogeneity of variance to be considered during evaluating and selecting genetically superior sires and dams.

Keywords: Dairy cattle, Genetic evaluation, Pre-correction, Test-day milk yield, Heterogeneity of variance.

*Corresponding author; ehsaninia@hormozgan.ac.ir

