Archive of SID

مجله علوم کشاورزی و منابع طبیعی
سال دوازدهم ـ ویژه‌نامه علوم دامی ـ شهریور ۱۳۸٤
www.magiran.com/jasnr

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولید شیر و چربی در گاوهای هلشتاین با استفاده از رکوردهای روزآزمون

سیما مقدس‌زاده اهرابی[1]، مرادیاشا اسکندری‌نسب[1]، صادق علیخانی[2] و مختارعلی عباسی[3]

[1]گروه علوم دامی دانشگاه زنجان، [2]گروه علوم دامی، دانشگاه تبریز، [3]عضو هیات علمی مرکز تحقیقات امور دام و آبزیان سازمان جهاد کشاورزی استان زنجان

تاریخ دریافت: ۸۰/۱۱/۵؛ تاریخ پذیرش: ۸۳/۱۰/۲۶

چکیده

رکوردهای روزآزمون تولید شیر و چربی گاوهای هلشتاین زایش اول براساس مدل رگرسیون تصادفی (RR/CF) تک صفتی و روش حداکثر در ستنمایی محدود شده و مورد آنالیز قرار گرفت. رگرسیون‌های ثابت و تصادفی (ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی) طبق چندجمله‌ای‌های لژاندر از روز شیردهی در مدل منظور گردید. جهت برآورد مؤلفه واریانس باقیمانده در طول دوره شیردهی از تابع واریانس درجه ۳ استفاده شد. طبق نتایج حاصل، استفاده از مدلی با درجات برازش ۳ و ٤ به‌ترتیب برای توابع کوواریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی جهت آنالیز رکوردهای روز آزمون تولید شیر و نیز مدلی با درجه برازش ۳ برای هر دو تابع مذکور جهت آنالیز رکوردهای روز آزمون مقدار چربی مناسب به نظر می‌رسد. حداکثر میزان واریانس باقیمانده برای صفات تولید شیر و چربی در اوایل دوره شیردهی برآورد گردید. حداقل میزان واریانس ژنتیکی افزایشی در مورد صفات تولید شیر و چربی مربوط به اوایل دوره شیردهی و حداکثر مقدار مؤلفه مذکور در ماه هشتم از دوره برآورد گردید. حداقل میزان وارثت‌پذیری صفات مورد بررسی مربوط به اوایل دوره شیردهی بود. میزان پارامتر مذکور به سمت اواسط دوره شیردهی افزایش و در حدود ماه هشتم دوره شیردهی در حداکثر میزان خود بوده (۰/۲۸ برای تولید شیر و ۰/۲۲ برای تولید چربی)، سپس به سمت انتهای دوره شیردهی کاهش می‌یابد. همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی برآورد شده برای هر یک از صفات تولید شیر و مقدار چربی بین روزهای آزمون نزدیک بیش از روزهای آزمون دور از هم بود.

واژه‌های کلیدی: مدل رگرسیون تصادفی، توابع کوواریانس، تولید شیر و چربی، گاوهای هلشتاین

مقدمه

مدل‌های روزآزمون[1] به‌عنوان روشی آماری جهت آنالیز رکوردهای ماهانه مربوط به صفات تولیدی گاوهای شیری با هدف حداکثر استفاده از کلیه اطلاعات موجود از هر حیوان و بهبود دقت پیش‌بینی از ارزش اصلاحی حیوانات پیشنهاد شدند (جامروزیک و همکاران، ۲۰۰۱ و کتونن و همکاران، ۲۰۰۰).

در مدل‌های روزآزمون دو مرحله‌ای یا روش غیرمستقیم رکوردهای روزآزمون پس از تصحیح برای عوامل محیطی (نظیر گروه‌های مدیریتی، روز شیردهی، اثر آبستنی[2]، دفعات دو شش در روز و غیره) به رکوردهای

1- Test day models (TDM)

2- Days in milk (DIM)

www.SID.ir

Archive of SID

۳۰۵ روزه تصحیح و سپس آنالیز می‌شوند. در حالیکه در مدل‌های روزآزمون یک مرحله‌ای با برازش یک مدل آزمون مناسب رکوردهای روزآزمون به‌طور مستقیم مورد آنالیز قرار می‌گیرند (سوالو، ۲۰۰۰).

مدل‌های تکرارپذیری[1]، رگرسیون ثابت[2] و چند صفتی از جمله مدل‌های روزآزمون یک مرحله‌ای هستند که پس از چندین سال استفاده جهت آنالیز رکوردهای روزآزمون هر یک بدلیل عدم توجه به بخشی از خصوصیات معلوم صفات قابل رکوردگیری در طول زمان مورد انتقاد قرار گرفته‌اند (تک و شفر، ۱۹۹۳؛ سوالو، ۲۰۰۰؛ مایر، ۱۹۹۸a و وندرورف و شفر، ۱۹۹۷). با توجه به تغییر تدریجی کوواریانس بین رکوردهای در طول زمان رکوردگیری، استفاده از یک تابع کوواریانس[3] پیشنهاد شده است (وندروف و شفر، ۱۹۹۷). این روش جهت توصیف ساختار واریانس- کوواریانس ژنتیکی و فنوتیپی رکوردهای تکرار شده از هر حیوان در طول زمان به‌عنوان یک جایگزین مناسب برای مدل چندمتغیره ارائه شده است. برآورد تابع کوواریانس براساس استفاده از چند جمله‌ای‌های متعامد لژاندر[4] بوده و شامل دو مرحله است که مشروح آن در منابع مربوطه مورد بررسی قرار گرفته است (مایر، ۱۹۹۸b).

در مدل رگرسیون تصادفی[5] به‌عنوان یک مدل آماری دیگر، 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 می‌گردد (جامروزیک و شفر، ۱۹۹۷؛ کتسون و همکاران، ۲۰۰۰). منظور کردن شکل خاص منحنی شیردهی هر حیوان در مدل، ارزیابی حیوانات براساس تداوم شیردهی را امکان‌پذیر می‌سازد (جامروزیک و شفر، ۱۹۹۷؛ شفر و دکرس، ۱۹۹٤). تفکیک ارزش ژنتیکی افزایشی به ضرایب رگرسیون تصادفی برآورد شایستگی ژنتیکی حیوانات را در هر یک از روزهای شیردهی ممکن نموده و در حقیقت به مفهوم در نظر گرفتن روزهای مختلف شیردهی به‌عنوان صفات متفاوت است (وندرورف و شفر، ۱۹۹۷). بدین ترتیب با استفاده از این روش می‌توان واریانس ژنتیکی را برای هر روز آزمون و یا مجموعه‌ای از روزهای آزمون در طول دوره شیردهی محاسبه کرد (جامروزیک و شفر، ۱۹۹۷).

بررسی‌ها نشان داده‌اند مدل رگرسیون تصادفی که در آن ضرایب رگرسیون تصادفی براساس چندجمله‌ای‌های لژاندر برازش شده باشند همان مدل تابع کوواریانس خواهد بود. این یافته منجر به ارائه مدل RR/CF گردید. با اثبات معادل بودن مدل‌های رگرسیون تصادفی و تابع کوواریانس روش جدیدی جهت برآورد توابع کوواریانس با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی ارائه شد. در این روش مؤلفه‌های واریانس- کوواریانس ضرایب رگرسیون تصادفی، تعیین‌کننده تابع کوواریانس موردنیاز جهت برآورد کوواریانس بین هر جفت زمان رکوردگیری خواهند بود. با اثبات این مسئله از طریق یک پارامترسازی مجدد ساده حداکثر درستنمایی محدود شده[6] از ضرایب توابع کوواریانس با استفاده از رکوردهای روز آزمون و مدل رگرسیون تصادفی برآورد تصادفی برآورد گردید (سوالو، ۲۰۰۰؛ مایر، ۱۹۹۸b؛ مایر، ۱۹۹۸c؛ وندرورف و همکاران، ۱۹۹۸).

لازم به ذکر است تنها اختلاف موجود بین دو مدل RR و RR/CF این است که در مدل‌های RR/CF از چندجمله‌ای‌های متعامد لژاندر بجای توابع پارامتری توصیف‌کننده منحنی شردهی برای در نظر گرفتن شکل منحنی شیردهی در مدل استفاده می‌شود. در صورت برآورد ضرایب رگرسیون تصادفی براساس چندجمله‌ای‌های لژاندر از روز شیردهی نیاز به پیش فرض برای شکل منحنی شیردهی وجود نخواهد داشت که این امر به‌عنوان یکی از عمده‌ترین مزایای استفاده از

1- Repeability model
2- Fixed regression model (FRM)
3- Covariance function (CF)
4- Orthogonal Legendre polynomials (LP)
5- Random regression model (RRM)
6- Restricted Maximum Likelihood (REML)

www.SID.ir

Archive of SID

RR/CF در مقابل مدل رگرسیون تصادفی اولیه محسوب می‌گردد (مایر، ۱۹۹۸b؛ مایر، ۱۹۹۸c). به‌علاوه مشخص شده است که در صورت استفاده از مدل رگرسیون تصادفی براساس توابع پارامتری توصیف‌کننده منحنی شیردهی واریانس محیطی دائمی کمتر و واریانس‌های ژنتیکی افزایش بیش از حد واقعی برآورد می‌گردند. برهمین اساس محققین گزارش کردند مدل رگرسیون تصادفی براساس چندجمله‌ای‌های لژاندر در تجزیه واریانس به عوامل ژنتیکی و غیرژنتیکی بهتر عمل می‌کند، زیرا به نظر می‌رسد در صورت استفاده از توابع پارامتری منحنی شیردهی نظیر تابع علی و شفر بخشی از واریانس محیطی دائمی وارد مؤلفه واریانس ژنتیکی افزایش شده و در نتیجه، برآورد بالاتر واریانس ژنتیکی در این روش منجر به برآورد بیش از حد واقعی وراثت‌پذیری به‌ویژه در کرانه‌های دوره شیردهی می‌شود (کتون و همکاران، ۲۰۰۰).

هدف از این مطالعه استفاده از مدل رگرسیون تصادفی (مدل RR/CF) جهت آنالیز رکوردهای روزآزمون تولید شیر و چربی به‌منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مذکور است.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه از میان ۵٤٦۰۱ رکورد روز آزمون صفات تولید شیر و مقدار چربی گاوهای هلشتاین کشت و صنعت خرمدره تعداد ۱٤٦۸۷ رکورد روزآزمون تولید شیر و ۱٤٦٤۱ رکورد روز آزمون تولید چربی مربوط به ۱۸۹۷ رأس گاو هلشتاین زایش اول که دختران ۱۵٤ رأس گاو نر بوده و طی سال‌های ۱۳۷۱ تا ۱۳۸۰ زایش کرده بودند جهت تعیین پارامترهای ژنتیکی صفات مذکور استفاده شد.

لازم به ذکر است رکوردهای مورد استفاده مربوطه به روزهای ۵ تا ۳۰۵ اولین دوره شیردهی و سن زایش ۱۸ تا ۳٦ ماهگی بود. همچنین، پس از تعیین زیر گروه‌های مربوط به اثر تاریخ رکوردگیری که منجر به ایجاد ۱۲٦ گروه اولیه گردید، با توجه به تعداد مشاهدات در زیر گروه‌ها، ادغام زیرگروه‌های مجاور یا حذف برخی زیر گروه‌های به نحوی صورت گرفت که تعداد مشاهدات در هیچ یک از زیرگروه‌ها کمتر از ۵ مشاهده نباشد. در نتیجه تعداد زیرگروه‌های تاریخ رکوردگیری به ۹۹ زیر گروه کاهش یافت و حداقل تعداد مشاهده در هر زیر گروه ۱۱ مشاهده بود.

مدل دام رگرسیون تصادفی تک صنعتی

مدل استفاده به‌صورت زیر بود:

$$Y_{ijklmpq} = G_i + M_j + TD_k + S_l + Y_m + \sum_{n=1}^{\hat{n}} b_n (age_{ijklmpq})^n + \sum_{n=0}^{k} \beta_n \phi_n(\dim^*_{ijklmpq}) + \sum_{n=0}^{k_{ij}-1} \alpha_{pn} \phi_n(\dim^*_{ijklmpq}) + \sum_{n=0}^{k_{ij}-1} \gamma_{pn} \phi_n(\dim^*_{ijklmpq}) + \varepsilon_{ijklmpq}$$

اجزاء مدل عبارتنداز: $y_{ijklmpq}$ هر یک از رکوردهای روزآزمون صفات تولید شیر و چربی، G_i، اثر ثابت i امین گروه ژنتیکی که i=۱،۲ (منشأ اسپرم خارجی=۲ و منشأ اسپرم ایرانی=۱)، M_j، اثر ثابت j امین زیر گروه دفعات دو شش در روز که j=۱،۲، TD_k، اثر ثابت K امین تاریخ رکوردگیری که ۹۹، ...، K=۱؛ S_l، اثر ثابت l امین فصل زایش که ٤، ...،l=۱؛ Y_m، اثر ثابت m امین سال زایش که ۱۰، ...،m=۱؛ b_n، n امین ضریب رگرسیون برای اثر سن زایش، $age_{ijklmpq}$، اثر سن زایش (متغیر کمکی)؛ $(\dim^*_{ijklmpq})$، روز شیردهی استاندارد شده، $(\dim^*_{ijklmpq})$، n امین چندجمله‌ای لژاندر از روز شیردهی، β_n، n امین ضریب رگرسیون ثابت، α_{pn}، n امین ضریب رگرسیون تصادفی ژنتیکی افزایشی مربوط به p امین حیوان، γ_{pn}، n امین ضریب رگرسیون تصادفی محیطی دائمی مربوطه به p امین حیوان، k، درجه برازش رگرسیون ثابت (k=۵)، k_α و k_β، به‌ترتیب درجات برازش توابع کوواریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی و $\varepsilon_{ijklmpq}$، اثر تصادفی محیطی با باقیمانده مربوط به $y_{ijklmpq}$.

www.SID.ir

Archive of SID

مؤلفه واریانس باقیمانده از طریق یک تابع واریانس[1] درجه ۳ در محاسبات منظور گردید (البو کوارکو و مایر، ۲۰۰۱):

$$\sigma_i^2 = \sigma_e^2 \exp\left\{1 + \sum_{r=1}^{v-1} b_r (\dim_i^*)^r\right\} \qquad [۱]$$

در معادله ۱، σ_i^2 واریانس باقیمانده در j امین روز شیردهی، σ_e^2 عرض از مبدأ، b_r و v به‌ترتیب ضرایب و تعداد پارامترهای موجود جهت برآورد در تابع واریانس و $\dim_j^*$ عبارت از j امین روز شیردهی استاندارد شده در دامنه ۱- تا ۱+ با استفاده از رابطه ۲ است:

$$\dim_j^* = \left[\frac{2(\dim_j - \dim_{min})}{\dim_{max} - \dim_{min}}\right] - 1 \qquad [۲]$$

$\dim_{min}$ و $\dim_{max}$ در این رابطه به‌ترتیب روزهای ۵ و ۳۰۵ دروه شیردهی است.

ارزش اصلاحی I امین حیوان در m امین روز شیردهی با استفاده از معادله ۳ برآورد گردید (وندروورف و همکاران، ۱۹۹۸):

$$u_{im} = \sum_{j=0}^{k_i - 1} \phi_j (\dim_m^*) \alpha_{ij} \qquad [۳]$$

در این رابطه α_{ij} عبارتست از j امین حیوان.

برای تجزیه و تحلیل رکوردهای با مدل رگرسیون تصادفی (RR/CF) و روش REML از برنامه DXMRR موجود در نرم‌افزار DFREML3.1 استفاده و مقایسه مدل‌ها از نظر درجات برازش اعمال شده با استفاده از آماره آزمون χ^2 در سطح احتمال کمتر از ۵ درصد (P<۰/۰۵) انجام شد (مایر، ۱۹۹۸a).

نتایج و بحث

به‌منظور تعیین مدل رگرسیون تصادفی مناسب جهت تجزیه رکوردهای روزآزمون تولید شیر و چربی درجات برازش مختلف برای توابع کوواریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی مورد بررسی قرار گرفت (جدول ۱). فرض متغیر بودن واریانس باقیمانده در طول دوره شیردهی در مقایسه با فرض ثابت بودن آن سبب بهبود برازش توابع کوواریانس حاصل می‌شود، که بهبود برازش مدل می‌تواند ناشی از افزایش دقت برآورد مؤلفه واریانس باقیمانده در مراحل مختلف دوره شیردهی باشد (الوری و همکاران، ۱۹۹۹)، بنابراین در مدل‌های مورد بررسی تابع واریانس درجه ۳ برای اثر باقیمانده منظور گردید. در مورد صفت تولید شیر افزایش درجه برازش تابع کوواریانس محیطی دائمی از ۳ به ٤ منجر به افزایش معنی‌دار حداکثر لگاریتم تابع درستنمایی گردید، در حالیکه افزایش درجه برازش تابع کوواریانس ژنتیکی و تجزیه رکوردها براساس مدل ۳ افزایش معنی‌دار لگاریتم تابع درستنمایی نشد، یعنی افزایش لگاریتم تابع درستنمایی در مدل ۳ نسبت به مدل ۱ به دلیل منظور کردن بهتر اثرات محیطی دائمی در مدل بوده و در مورد اثرات ژنتیکی افزایشی درجه برازش کمتر نیز کافی و مناسب است. برای تجزیه رکوردهای موجود نیازی به استفاده از درجه برازش بالاتر نیست. در مورد رکوردهای روزآزمون صفت تولید چربی اختلاف بین ۳ مدل برازش شده معنی‌دار نبود. بدین ترتیب مدل رگرسیون تصادفی با درجات برازش ۳ و ٤ به‌ترتیب برای توابع کوواریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی ((٤ و LP(۳) برای تجزیه رکوردهای روزآزمون تولید شیر و درجه برازش ۳ برای هر دو تابع کوواریانس مذکور ((۳ و LP(۳) برای تجزیه رکوردهای روزآزمون تولید چربی پیشنهاد می‌شود. سایر محققین نیز استفاده از مدل‌های (٤ و LP(۳)، (۵ و LP(۵)، (٤ و LP(٤)، (۳ و LP(۲) و (٤ و LP(۳) را جهت آنالیز رکوردهای روزآزمون تولید شیر براساس مدل رگرسیون تصادفی پیشنهاد کرده‌اند (الوری و همکاران، ۱۹۹۹؛ پل و همکاران، ۲۰۰۰؛ جامروزیک و همکاران، ۲۰۰۱؛ جنگلر و همکاران، ۱۹۹۹؛ وندروورف و همکاران، ۱۹۹۸).

توابع واریانس درجه ۳ برای صفات تولید شیر و چربی براساس مدل‌های مناسب مربوطه و با توجه به رابطه ۲ به‌ترتیب زیر برآورد شدند.

1- Variance function (VF)

www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۱- ساختار مدل‌های رگرسیون تصادفی مورد بررسی همراه با حداکثر لگاریتم تابع درستنمایی در زمان همگرایی.

صفت	مدل	درجه برازش: رگرسیون تصادفی K_a	درجه برازش: رگرسیون تصادفی K_P	تعداد پارامترها	لگاریتم تابع درستنمایی
تولید شیر					
	۱	۳	۳	۱۶	-۲۸۲۰۱/۷۵
	۲	۳	٤	۲۰	-۲۸۱۵۳/۰۲
	۳	٤	٤	۲٤	۲۸۱٤۷/۵۱
تولید چربی					
	۱	۳	۳	۱۶	-۸٤۶۳۳/۱۳
	۲	۳	٤	۲۰	-۸٤۶۲۶/۸۹۱
	۳	٤	۳	۲٤	-۸٤۶۲۲/٤۹

$$\sigma_j^2 = 3.2143\exp(1-0.5846\dim_j^*) + 0.3765\dim_j^* + 0.2583\dim_j^{*2}$$

و

$$\sigma_j^2 = 3062.89\exp(1-3818\dim_j^*) + 0.2667\dim_j^{*2} + 0.09739\dim_j^{*3}$$

با استفاده از توابع واریانس برآورد شده واریانس باقیمانده برای صفت مورد نظر در هر روز از دوره شیردهی قابل محاسبه خواهد بود. با توجه به شکل ۱ حداکثر میزان واریانس باقیمانده برای صفت تولید شیر مربوط به اوایل دوره شیردهی است. میزان واریانس باقیمانده در اوایل دوره شیردهی زیاد و دارای تغییرات شدید است. چنین روندی توسط سایر محققین نیز گزارش شده است (الوری و همکاران، ۱۹۹۹؛ جامروزیک و شفر، ۱۹۹۷؛ کتونن و همکاران، ۲۰۰۰). روند تغییرات واریانس باقیمانده تولید چربی نیز با تفاوت‌های جزئی مشابه صفت تولید شیر است، ولی سرعت و میزان افزایش آن در انتهای دوره شیردهی کمتر از تولید شیر می‌باشد (شکل ۲).

توابع کوواریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی موردنیاز (G,P) از طریق ماتریس واریانس- کوواریانس ضرایب رگرسیون برآورد شده و ماتریس ضرایب چند جمله‌ای‌های متعامد لژاندر و با استفاده از روابط ارائه شده در منابع برآورد گردید (وندروف و همکاران، ۱۹۹۸). به‌عنوان مثال برای تولید شیر خواهیم داشت:

$$G = 6.495 + 1.71(\dim_l^* + \dim_m^*) + 1.664\dim_l^*\dim_m^* - 2.289(\dim_l^{*2} + \dim_m^{*2}) - 0.587(\dim_l^{*2}\dim_m^* + \dim_l^*\dim_m^{*2}) + 1.322\dim_l^{*2}\dim_m^{*2}$$

و

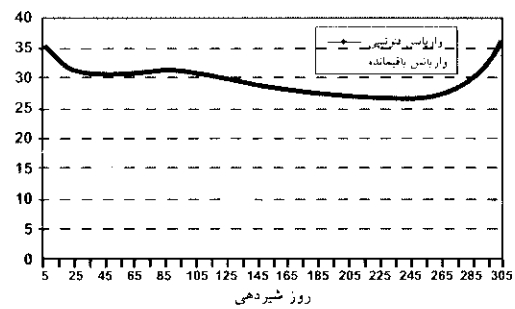
$$P = 13.27 - 2.533(\dim_l^* + \dim_m^*) + 17.367\dim_l^*\dim_m^* - 6.728(\dim_l^{*2} + \dim_m^{*2}) + 0.925(\dim_l^{*2}\dim_m^* + \dim_l^*\dim_m^{*2}) + 10.312\dim_l^{*2}\dim_m^{*2} + 4.191(\dim_l^{*3} + \dim_m^{*3}) - 16.076(\dim_l^{*3}\dim_m^* + \dim_l^*\dim_m^{*3}) - 1.472(\dim_l^{*3}\dim_m^{*2} + \dim_l^{*2}\dim_m^{*3}) + 22.031\dim_l^{*3}\dim_m^{*3}$$

بدین ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی هر روز از دوره شیردهی و نیز کوواریانس ژنتکی یافزایشی و محیطی دائمی بین هر دو روز از دوهر شیردهی با استفاده از توابع کوواریانس برآورد شده قابل محاسبه خواهد بود. بدیهی است واریانس فنوتیپی برای هر روز از دوره شیردهی از جمع مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی و باقیمانده برآورد شده برای آن روز از دوره شیردهی برآورد می‌شود. واریانس فنوتیپی در مراحل مختلف دوره شیردهی یکسان نیست (شکل‌های ۱ و ۲)،

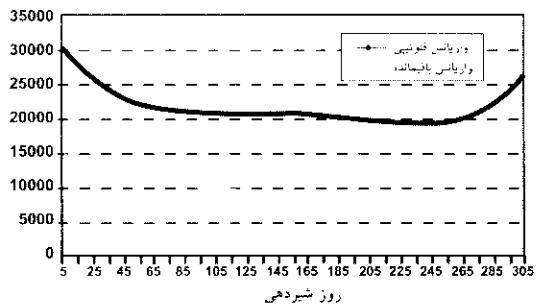
www.SID.ir

Archive of SID

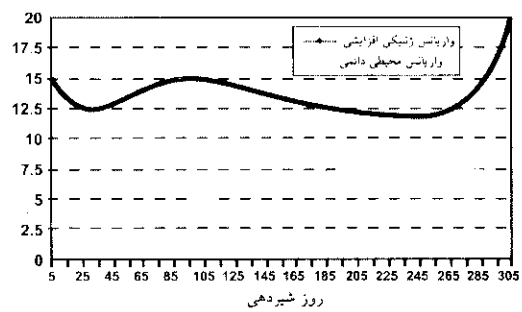
بطوریکه تغییرات رکوردهای مربوط به مراحل ابتدایی و انتهایی دوره شیردهی نسبت به رکوردهای مربوط به اواسط دوره شیردهی بیشتر است. براین اساس در مدل‌سازی آماری برای رکوردهای روزآزمون منظور کردن چنین واریانس‌های غیریکنواختی در محاسبات حائز اهمیت خواهد بود. روند تغییرات واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی صفات تولید شیر و چربی در طول دوره شیردهی در شکل‌های ۳ و ٤ ارائه شده است. روند مشابهی برای مؤلفه‌های واریانس مذکور توسط سایر محققین گزارش شده است (الوری و همکاران، ۱۹۹۹؛ کتونن و همکاران، ۲۰۰۰). روند تغییرات وراثت‌پذیری صفت تولید شیر در طول دوره شیردهی در شکل ۵ ارائه شده که مشابه گزارش سایر محققین است. تحقیقات متعدد انجام شده نیز نشان داده است که وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفات تولید شیر و چربی براساس رکوردهای روزآزمون در اولین بوده، به سمت انتهای دوره شیردهی کاهش می‌یابد (الوری و همکاران، ۱۹۹۹؛ جنگلر و همکاران، ۱۹۹۹؛ فرهنگ‌فر و همکاران، ۲۰۰۱؛ کتونن و همکاران، ۲۰۰۰؛ گادینی و همکاران، ۱۹۹۸؛ ندر و همکاران، ۱۹۹۲).



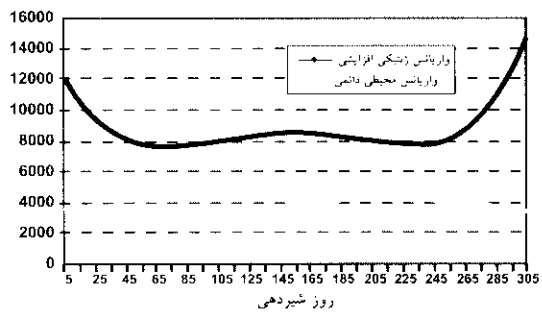
شکل ۱ تغییرات واریانس فنوتیپی و باقیمانده در طول دوره شیردهی برای صفت تولید شیر (مجذور کیلوگرم).



شکل ۲ـ تغییرات واریانس فنوتیپی و باقیمانده در طول دوره شیردهی برای صفت تولید چربی (مجذور گرم).



شکل ۳ـ تغییرات واریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی در طول دوره شیردهی برای صفت تولید شیر (مجذور کیلوگرم).



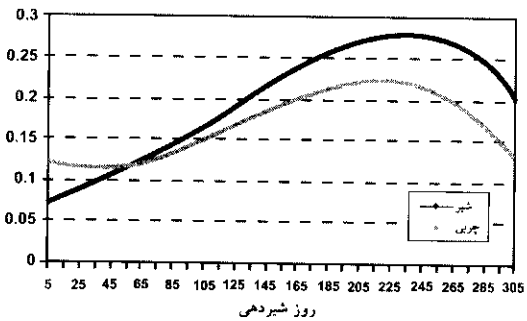
شکل ٤ـ تغییرات واریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی در طول دوره شیردهی برای صفت تولید چربی (مجذور گرم).

www.SID.ir

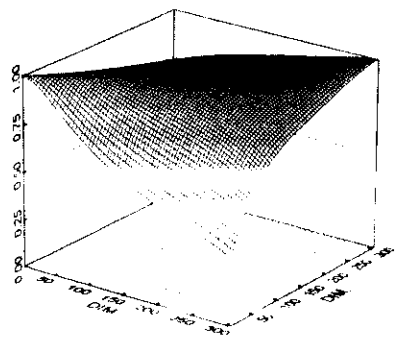
Archive of SID

حداقل میزان وراثت‌پذیری تولید شیر در اوایل دوره شیردهی به میزان ۰/۰۷۵ برآورد گردید. این مقدار به سمت اواسط دوره شیردهی افزایش و در حدود ماه هشتم دوره شیردهی به حداکثر میزان خود (۰/۲۷۸) رسیده، سپس به سمت انتهای دوره شیردهی کاهش می‌یابد(۰/۱۹۹). برخی محققین نیز با آنالیز رکوردهای روزآزمون تولید شیر براساس مدل‌های چند صفتی و رگرسیون تصادفی حداکثر میزان وراثت‌پذیری این صفات را دقیقاً در ماه هشتم از دوره شیردهی گزارش کرده‌اند (الوری و همکاران، ۱۹۹۹؛ پندر و همکاران، ۱۹۹۲؛ جنگلر و همکاران، ۱۹۹۹). پایین بودن میزان وراثت‌پذیری در اوایل دوره شیردهی تنها به دلیل بالا بودن میزان واریانس باقیمانده نیست، بلکه به کوچک بودن مؤلفه واریانس ژنتیکی افزایشی در این مرحله نیز مربوط می‌شود. همچنین افزایش میزان وراثت‌پذیری در اواسط دوره شیردهی تابع افزایش واریانس ژنتیکی افزایشی و کاهش واریانس باقیمانده است. روند تغییرات وراثت‌پذیری صفت تولید چربی در طول دوره شیردهی نیز در شکل ۵ ارائه شده است که با تفاوت‌های جزئی مشابه روند مشاهده شده برای پارامتر مذکور در مورد صفت تولید شیر است. روند مشابهی برای وراثت‌پذیری تولید چربی براساس مدل‌های مختلف روزآزمون توسط سایر محققین گزارش شده است (جنگلر و همکاران، ۱۹۹۹؛ کتونن و همکاران، ۲۰۰۰ و گادینی و همکاران، ۱۹۹۸).

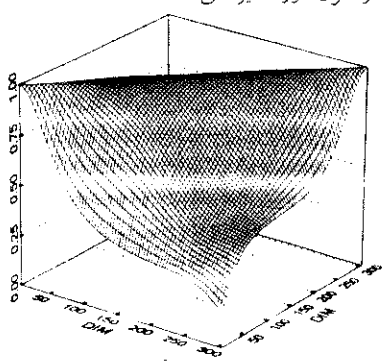
حداکثر میزان همبستگی ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی برای تولید شیر بین روزهای شیردهی مجاور برآورد گردید. میزان این پارامترها به موازات افزایش فاصله بین روزهای شیردهی کاهش می‌یابد. میزان پارامترهای مذکور بین روزهای شیردهی دور از هم پایین و حداقل میزان همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی بین روزهای ۵ و ۳۰۵ دوره شیردهی به‌ترتیب به میزان ۰/۳۶ و ۰/۱۷ برآورد گردید (شکل‌های ٦ و ۷). در مورد صفت تولید چربی نیز همانند تولید شیر حداکثر میزان همبستگی ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی بین روزهای شیردهی مجاور برآورد گردید (شکل‌های ۸ و ۹). مشابه روند حاضر توسط سایر محققین نیز گزارش شده است (پندر و همکاران، ۱۹۹۲؛ جامروزیک و شفر، ۱۹۹۷؛ جنگلر و همکاران، ۱۹۹۹).



شکل ۵ـ تغییرات وراثت‌پذیری صفات تولید شیر و چربی در طول دوره شیردهی.



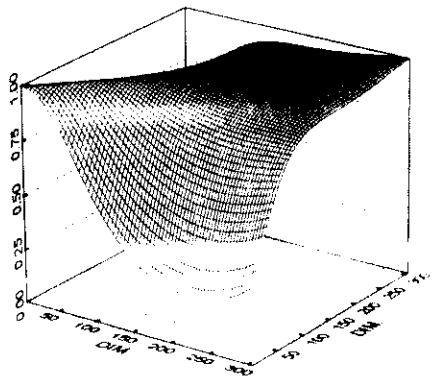
شکل ٦- همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی برآورد شده بین روزهای شیردهی برای صفت تولید شیر.



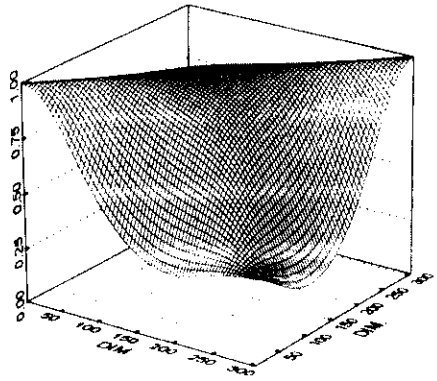
شکل ۷- همبستگی‌های محیطی دائمی برآورد شده بین روزهای شیردهی براس صفت تولید شیر.

www.SID.ir

Archive of SID



شکل ۸- همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی برآورد شده بین روزهای شیردهی برای صفت تولید چربی.



شکل ۹- همبستگی‌های محیطی دائمی برآورد شده بین روزهای شیردهی برای صفت تولید چربی.

ارزش اصلاحی i امین حیوان در m امین روز شیردهی با استفاده از رابطه زیر که بسط یافته معادله ۳ است، برآورد گردید:

$$u_{im} = 0.7071\alpha_{0i} + 1.2247\,\mathrm{dim}^{*}_{m}\,\alpha_{1i} + (2.3717\,\mathrm{dim}^{*2}_{m} - 0.7906)\alpha_{2i}$$

در این رابطه α_{0i}، α_{1i} و α_{2i} عبارتند از: ۳ ضریب رگرسیون تصادفی ژنتیکی افزایشی برآورد شده برای I امین حیوان. از آنجا که در حالت استفاده از چند جمله‌ای‌های متعامد لژاندر ارزش اصلاحی برآورد شده در کل دوره شیردهی بیشتر تحت تأثیر α_0 خواهد بود، در نتیجه ارزش اصلاحی مربوط به تولید در کل دوره شیردهی را می‌توان به‌صورت $301\times EBV(\alpha_0)$ تخمین زد. به عبارت دیگر، رتبه‌بندی حیوانات را می‌توان به سهولت براساس α_0 برآورد شده برای آنها انجام داد. همچنین رتبه‌بندی حیوانات برای تداوم شیردهی را نیز می‌توان با توجه به α_1 برآورد شده برای حیوانات انجام داد (جامروزیک و همکاران، ۲۰۰۱).

منابع

1.Albuquerque, L.G., and Meyer, K. 2001. Estimates of covriance for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. J. Anim. Sci. 79:2776-2789.

2.Farhangfar, H., Rowlinson, P., and Willis, M.B. 2001. Genetic correlations between 305- day and monthly test day milk yield in primiparous Iranian Holsteins. Proc. British Society Anim. Sci. p. 219.

3.Gadini, C.H., Keown, J.F., and Van Vleck, L.D. 1998. Genetic parameters of test day milk, fat and protein yields. Proc. 6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale, Austealia. 23:311-314.

4.Giengler, N., Tijani, A., Wiggans, G.R., and Misztal, I. 1999. Estimation of (co) variance function coefficients for test day yield with a restricred maximum likelihood algorithm. J. Dairy Sci. 82: 1849 (online only).

5.Jamrozik, J., and Schaeffer, L.R. 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. J. Dairy Sci. 80" 762-770.

6.Jamrozil, J., Schaeffer, L.R., and Weigel, K.A. 2001. International genetic evaluation of dairy sires and cows using first lactation test day yields. Interbull open meeting, Budapest, Hungary, August 29-31.

7.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. Livest. Prod. Sci. 66: 251-261.

www.SID.ir

Archive of SID

8.Merer, K. 1998a. DXMRR-A program to estimete covariance functions for longitudinal data by redtricted maximum likelihood. Proc. 6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale, Australia. 27: 465-466.
9.Meyer, K. 1998b. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. Genet. Select. Evol. 30: 221-240.
10.Meyer, K. 1998c. Modelling records: covariance functions and random regression models to analyse animal breeding data. Proc. 6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale, Australia. 25: 517-520.
11.Olori, V.E., Hill, W.G., and Brothersrone, S. 1999. The structure od the residual error variance of test day milk, W.G., and Thompson, R. 1992. Genetic parameters of test day records of British Holstein- Friesian heifers. Anim. Prod. 55: 11-12.
12.Ptak, E., and Schaeffer, L.R. 1993. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. Livest. Prod. Sci. 34: 23-34.
13.Pool. M.H., Janss, L.G., and Meuwissen, TH.E. 2000. Genetic parameters of Legendre polynmials for first parity lactation curves. J. Dairy Sci. 83: 2640-2649.
14.Scharffer, L.R., and Dekkers, J.C.M. 1994. Random regressions in animal models for test- day production in dairy cattle. Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Guelph, Canada. 18:443-446.
15.Swalve, H.H. 2000. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. J. Dairy Sci. 83: 1115-1124.
16.Van Der Werf, J.H.J., and Schaeffer, L.R. 1997. Random regression in animal breeding. Course notes. CGIL Guelph, June 25-28.
17.Van Der Werf, J.H.J., and Schaeffer, L.R. 1997. Random regression in animal breeding. Conurse notes. CGIL. Guelph., Goddard, M.E., and Meyer, K. 1998. The use of covariance functions and random regressions for genetic eveluation of milk production based on test day records. J. Dairy Sci., 81:3300-3308.

www.SID.ir

Archive of SID

J. Agric. Sci. Natur. Resour., Vol. 12(3), Aug-sep 2005
www.magiran.com/jasnr

Estimation of genetic parameters for milk and fat yield traits of Holstein dairy cattle using test day records

S. Moghadas zadeh Ahrabi[1], M.P. Eskandari Nasab[1], S. Alijani[2] and M.A. Abasi[3]
[1]Former Post-graduated Student of Animal science and Asisstant professor of Agriculture Faculty of Zanjan University, [2]Faculty member of Agriculture Faculty of Tabriz University, [3]Faculty member of Aquatics and Animal affair Research Center of Zanjan province, Iran.

Abstract

Test dat milk and fat yield records from first calving Holsteins were analyzed using single trait random regression test day model (RR/CF model) and restricted maximum likelihood method. Fixed random regressions (additive genetic and permanent environmental) were modeled with orthogonal legendre polynomials on days in milk. Residual variance components during lactation were estimated using 3th order variance function. According to the results, for milk yield trait a random regression model with 3 and 4 orders of fit for additive genetic and permanent environmental covariance functions, respectively and for fat yiled trait 3 order of fit for both covariance functions are suitable. Phenotypic variance during lactation was not constant and was higher at the beginning and the end of lactation. Maximum residual variance for milk and fat yield traits was estimated in early lactation. Minimum and maximum additive genetoc variance for both traits was estimated at the begimming and 8th month of lactation, respectively. Estimates of heritability were found to be lowest during early lactation. This parameter increased to mid lactation and maximized nearly in the 8th month of lactation (0.28 for milk yield and 0.22 for fat yield). Additive genetic and permanent environmental correlations between adjacent test days were more than between distant test days.

Keywords: Random regression model; Covariance functions; Milk and fat yield; Holesteins

www.SID.ir