ناهمگنی اجزای واریانس مقدار شیر در سطوح متفاوت تولید گاوهای هلشتاین ایران

محمد مرادی شهربابک[۱]، مصطفی صادقی[۱]، سید رضا میرائی آشتیانی[۱] و محمدباقر صیادنژاد[۲]

چکیده

در این پژوهش از رکوردهای زایش اول مربوط به ۹۵۹۴۵ رأس گاو هلشتاین، که طی سال‌های ۱۳۷۱ تا ۱۳۷۹ در ۶۵۱ گله توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور جمع‌آوری شده است، استفاده شد. رکوردها بر اساس ۳۰۵ روز شیردهی و دوبار دوشش در روز تصحیح شدند. داده‌ها براساس سطح تولید گله- سال به سه گروه تولیدی پایین (کمتر از ۵۲۷۵ کیلوگرم)، متوسط (۶۸۷۴- ۵۲۷۵ کیلوگرم) و بالا (بیشتر از ۶۸۷۴ کیلوگرم) دسته‌بندی شدند. برآورد مؤلفه‌های واریانس و کوواریانس و پارامترهای ژنتیکی با استفاده از مدل حیوانی یک صفتی برای هر یک از دسته‌ها و با استفاده از مدل حیوانی سه صفتی برای مقدار شیر در سطوح تولیدی و روش حداکثر درستنمایی محدود شده و الگوریتم بی‌نیاز از مشتق‌گیری (DFREML) انجام شد. نتایج آزمون بارتلت در بین هر سه سطح تولید گله- سال معنی‌دار (P<۰/۰۰۰۱) بوده و نشان دهنده عدم یک‌نواختی واریانس‌ها در بین سه سطح تولیدی می‌باشد. وراثت‌پذیری در تجزیه یک‌صفتی و سه‌صفتی مشابه و برای سطوح تولید پائین، متوسط و بالا به ترتیب ۰/۲۰۴۷، ۰/۲۷۶۴ و ۰/۱۹۵۹ بود. هم‌بستگی‌های ژنتیکی بین سطوح تولیدی در دامنه ۸۰ تا ۸۵ درصد و حداکثر هم‌بستگی ژنتیکی بین سطح تولید بالا و پائین قرار داشت، که این نتایج دال بر اثر ناهمگنی واریانس بر برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مورد مطالعه می‌باشد. بیشترین مقدار هم‌بستگی رتبه‌ای ارزش‌های اصلاحی بین مدل یک‌صفتی و سه‌صفتی مربوط به سطح تولید متوسط بوده و میانگین تغییرات رتبهٔ ارزش‌های اصلاحی حیوانات مشترک در ۱ درصد گاوهای ماده برتر بیشتر از ۵ درصد گاوهای نر برتر بود. تجزیه داده‌ها با استفاده از مدل سه صفتی باعث انتخاب درصد بیشتری از گاوهای ماده برتر در گله‌های با سطح تولید بالا شد.

واژه‌های کلیدی: تولید شیر، ناهمگنی واریانس، اجزای واریانس، هلشتاین

مقدمه

برآورد مؤلفه‌های واریانس برای مشخص نمودن سهم آثار ژنتیکی افزایشی، پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی، طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی و پیش‌بینی پیشرفت ژنتیکی ضروری است. یکی از فرض‌های مهم در ارزیابی حیوانات، فرض همگنی واریانس ژنتیکی و باقی‌مانده در محیط‌های مختلف، سطوح مختلف تولیدی و در طول زمان است، ولی در شرایطی که داده‌ها از محیط‌های غیریک‌نواخت و یا در زمان‌های متفاوت

۱. به ترتیب استادیار، کارشناس ارشد و دانشیار علوم دامی، دانشکده پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران

۲. کارشناس ارشد مرکز اصلاح نژاد دام کشور، کرج

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-04-24]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1385.10.3.35.9]

به دست می‌آید، این فرض ممکن است غیر واقعی باشد. ناهمگنی واریانس ژنتیکی و محیط دائمی و باقی‌مانده برای صفات تولیدی در تعدادی از مطالعات گزارش شده است (۲، ۳، ۴، ۶، ۹، ۱۰ و ۱۱). در برخی پژوهش‌ها ارتباط مثبتی بین میانگین تولید با واریانس صفات و یا با وراثت‌پذیری آنها تعیین شده است (۱۵ و ۱۶). در این حالت فرض همگنی واریانس‌ها سبب اشتباه در رتبه‌بندی حیوانات خواهد شد و گاوهای برتر در گله‌های با واریانس بزرگ‌تر، بالاتر ارزیابی می‌شوند و گاوهای ممتاز، بیشتر از گله‌های با واریانس بالا و میانگین بالا انتخاب می‌شوند (۱،۳و ۱۵).

گریک و ون ولک نشان دادند که وقتی ناهمگنی واریانس‌ها در آزمون نتاج نادیده گرفته شود، پیشرفت ژنتیکی بیش از ۳/۴ درصد کاهش می‌یابد. عواملی مانند سطح تولید، دوره‌های زمانی، مناطق جغرافیایی و مدیریت به عنوان منابع ناهمگنی واریانس‌های ژنتیکی و باقی‌مانده در جمعیت‌های حیوانی شناخته شده‌اند (۳، ۷، ۹، ۱۱ و ۱۲). تغییرات اندازه گله و مدیریت‌های متفاوت تغذیه‌ای برای گروه‌های مختلف گاوهای ماده در درون گله‌ها و نیز تفاوت در انتخاب و استفاده از نسبت‌های متفاوت ژن‌های خارجی در طول زمان، علل ناهمگنی واریانس‌های محیطی و باقی‌مانده در دوره‌های زمانی هستند (۳). در مطالعهٔ اثر سطح تولید، مؤلفه‌های واریانس در سطح تولید بالا بزرگ‌تر برآورد شدند (۹). برای رکوردهای تبدیل شده لگاریتمی نیز اجزای واریانس در سطح تولید بالا اندکی بیشتر از سطح تولید پایین بود. عدم اختلاف معنی‌دار هم‌بستگی‌های ژنتیکی بین سطوح مختلف تولیدی، نشان دهندهٔ این است که ناهمگنی مؤلفه‌های واریانس، ناشی از اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط نبوده است. اگر میزان واریانس درون گله‌ای همراه با افزایش میانگین سطح تولید زیاد شود، تغییر معیار گروه‌بندی داده‌ها از میانگین تولید شیر به واریانس درون گله‌ای سبب می‌شود که نسبتی از رکوردهای موجود در گروه با میانگین پائین به گروه با میانگین بالا تغییر مکان دهد (۹). اگر بین انحراف استاندارد و میانگین تولید، رابطهٔ مستقیم وجود داشته باشد، با تبدیل لگاریتمی داده‌ها می‌توان این ناهمگنی را تصحیح نمود (۱۸). در مطالعهٔ ایبانز و همکاران ۲۰ درصد از گاوهای ماده برتر در نتیجهٔ عمل استاندارد کردن داده‌ها از لیست حذف شدند (۱۱). جیانولا برای در نظر گرفتن ناهمگنی واریانس، تجزیه چند صفتی را پیشنهاد نموده است که رکوردهای هر سطح تولیدی به عنوان یک صفت در نظر گرفته می‌شود (۸).

با توجه به این که گاوهای هلشتاین در ایران در گله‌های مختلف دارای سطوح تولیدی متفاوت هستند ولی در ارزیابی‌های ژنتیکی، فرض همگنی مؤلفه‌های واریانس اعمال می‌شود، بنابراین هدف این پژوهش اثبات ناهمگنی واریانس بین سطوح متفاوت تولید شیر و اثر آن بر برآورد پارامترها و ارزیابی‌های ژنتیکی در گاوهای هلشتاین ایران بود. هم‌چنین در این خصوص مقایسهٔ تجزیه یک صفتی و سه صفتی و اثر آن بر ارزیابی‌های ژنتیکی و رتبه‌بندی حیوانات مورد توجه قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

داده‌ها

داده‌های مورد استفاده در این پژوهش رکوردهای زایش اول مربوط به ۹۵۹۴۵ رأس گاو هلشتاین بود که در طی سال‌های ۱۳۷۱ تا ۱۳۷۹ در ۶۵۱ گله توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور جمع‌آوری شده است. رکوردها بر اساس ۳۰۵ روز شیردهی و دو بار دوشش در روز تصحیح شدند. داده‌های حیواناتی که سن آنها در شیردهی اول خارج از محدوده ۲۰ الی ۳۶ ماه بوده و هم‌چنین گله‌های با کمتر از ۵ رکورد در سال حذف شدند. آماده‌سازی و تنظیم داده‌ها با استفاده از نرم افزارهای Foxpro 2.6 انجام شد. داده‌ها بر اساس سطح تولید گله- سال به سه گروه تولیدی پایین (کمتر از ۵۲۷۵ کیلوگرم)، متوسط (۶۸۷۴-۵۲۷۵ کیلوگرم) و بالا (بیشتر از ۶۸۷۴ کیلوگرم) دسته‌بندی شدند. آزمون بارتلت برای آزمون ناهمگنی واریانس (۱۷) با استفاده از نرم‌افزار SAS 6.2 و از طریق Proc GLM و

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-04-24]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1385.10.3.35.9]

جدول ۱. خلاصه فایل شجره برای هر یک از دسته‌های سطوح تولیدی

سطح تولید	رکورد		تعداد حیوان در شجره	پدر	مادر	حیوان دارای فرزند	حیوان بدون فرزند
	تعداد	درصد					
پایین	۱۳۷۳۹	۱۴/۳۲	۲۲۳۷۶	۷۲۷	۹۵۶۰	۱۰۲۸۷	۱۲۰۸۹
متوسط	۶۷۰۱۶	۶۹/۸۵	۹۹۸۲۷	۱۳۶۰	۲۶۸۵۵	۴۸۲۱۵	۵۱۶۱۲
بالا	۱۵۱۹۰	۱۵/۸۳	۲۶۵۶۶	۶۰۰	۱۲۵۷۶	۱۳۱۷۶	۱۳۳۹۰

گزاره Means و گزینه HOVTEST=BARTLETT انجام شد. خلاصه فایل شجره برای هر یک از دسته‌بندی‌های انجام شده برای تولید شیر در جدول ۱ آمده است.

مدل‌ها

برآورد مؤلفه‌های واریانس و کوواریانس و پارامترهای ژنتیکی با استفاده از مدل حیوانی یک صفته برای هر یک از گروه‌ها و با استفاده از مدل حیوانی سه صفتی برای تولید شیر در سطوح تولیدی و روش حداکثر درستنمایی محدود شده و الگوریتم بی‌نیاز از مشتق‌گیری انجام شد (۱۴). مدل مورد استفاده در این پژوهش به صورت زیر می‌باشد:

$$y_{ijk} = \mu + HYS_i + b(Ag_j - \overline{Ag}) + a_j + e_{ijk}$$

که:

y_{ijk}= مشاهده kام مربوط به تولید شیر در حیوان jام در گله- سال- فصل iام

μ = میانگین جمعیت

a_j = اثر تصادفی jامین حیوان

HYS_i= اثر ثابت iامین گله- سال- فصل

Ag= اثر سن jامین حیوان در اولین زایش

b= ضریب تابعیت مقدار تولید شیر بر سن حیوان در اولین زایش

e_{ijk}= اثر باقی‌مانده

امید ریاضی معادله مدل به صورت زیر است:

$$E(y) = \mu + HYS_i + b(Ag_j - \overline{Ag}) \qquad V\begin{bmatrix} u \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & \cdot \\ \cdot & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

$$E(a) = \cdot \quad , \quad E(e) = \cdot$$

$$V(Y) = ZGZ`+R$$

برای در نظر گرفتن ناهمگنی واریانس از مدل سه صفتی استفاده گردید که تولید شیر در هر سطح تولید به عنوان یک صفت در نظر گرفته شد. مؤلفه‌های واریانس برآورد شده از تجزیه یک صفتی به عنوان پیش‌برآورد در تجزیه سه صفتی استفاده گردید. معادله مدل سه صفتی به شکل ماتریسی به شرح زیر است:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \\ \mathbf{y}_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \cdot & \cdot \\ \cdot & X_2 & \cdot \\ \cdot & \cdot & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \cdot & \cdot \\ \cdot & Z_2 & \cdot \\ \cdot & \cdot & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

که:

$\mathbf{y}_1$ = رکوردهای مربوط به تولید شیر در سطح تولید پایین

$\mathbf{y}_2$ = رکوردهای مربوط به تولید شیر در سطح تولید متوسط

$\mathbf{y}_3$ = رکوردهای مربوط به تولید شیر در سطح تولید بالا

$\mathbf{X}_1$، $\mathbf{X}_2$ و $\mathbf{X}_3$ = ماتریس‌های ضرایب عوامل ثابت برای سطوح تولید

$\mathbf{Z}_1$، $\mathbf{Z}_2$ و $\mathbf{Z}_3$ = ماتریس ضرایب عامل تصادفی برای سطوح تولید

$\mathbf{b}_1$، $\mathbf{b}_2$ و $\mathbf{b}_3$ = بردار اثر عوامل ثابت

$\mathbf{a}_1$، $\mathbf{a}_2$ و $\mathbf{a}_3$ = بردار ارزش‌های اصلاحی حیوانات (عوامل تصادفی)

$\mathbf{e}_1$، $\mathbf{e}_2$ و $\mathbf{e}_3$ = بردار اثرات باقی‌مانده

امید ریاضی و ماتریس واریانس- کوواریانس معادله مدل به شرح زیر است:

$$E(y) = Xb$$

$$V(y) = ZGZ`+R$$

$$V\begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \\ \mathbf{a}_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11} * A & g_{12} * A & g_{13} * A \\ g_{21} * A & g_{22} * A & g_{23} * A \\ g_{31} * A & g_{32} * A & g_{33} * A \end{bmatrix} = G$$

$$V\begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \\ \mathbf{e}_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} r_{11} & \cdot & \cdot \\ \cdot & r_{22} & \cdot \\ \cdot & \cdot & r_{33} \end{bmatrix} = \mathbf{R}$$

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-04-24]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1385.10.3.35.9]

جدول ۲. خلاصه آماری مقدار تولید شیر در هر یک از سطوح تولید

سطح تولید	تعداد داده	میانگین	انحراف معیار	انحراف اشتباه	ضریب تغییرات	ضریب چولگی
پایین	۱۳۷۳۹	۴۷۳۰/۲۴	۹۲۸/۶۲	۷/۹۲	۱۹/۶۱	۰/۱۱۲
متوسط	۶۷۰۱۶	۶۰۹۱/۴۰	۱۱۲۳/۳۸	۴/۳۴	۱۸/۴۴	−۰/۱۲۷
بالا	۱۵۱۹۰	۷۲۱۰/۱۸	۱۱۵۶/۷۴	۹/۳۹	۱۶/۰۴	−۰/۴۹۴
کل	۹۵۹۴۵	۶۰۷۴/۴۷	۱۲۹۵/۲۴	۴/۱۸	۲۱/۳۲	−۰/۰۳۴

A، G و R به ترتیب ماتریس ضرایب خویشاوندی و ماتریس واریانس – کوواریانس ژنتیکی افزایشی و باقی‌مانده است.

پس از تجزیه داده‌ها در هر سطح تولیدی، ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده با مدل یک‌صفتی و سه‌صفتی با هم مقایسه شد و هم‌بستگی‌های رتبه‌ای برای گاوهای نر و گاوهای ماده به طور جداگانه محاسبه شد. میانگین تغییر رتبه و تعداد حیوانات مشترک برای یک درصد گاوهای ماده و پنج درصد گاوهای نر ممتاز با هم مقایسه شدند.

نتایج و بحث

خلاصه آماری مقدار تولید شیر برای هر یک از دسته‌های مربوط به سطوح تولیدی در جدول ۲ ارائه شده است.

طبق نتایج جدول ۲، ضریب تغییرات در گله‌های با سطح تولید بالا کمترین و در گله‌های با سطح تولید پایین بیشترین مقدار بوده و میزان یک‌نواختی در گله‌های با تولید بالا بیشتر است. تجزیه واریانس داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SAS در قالب یک مدل ثابت نشان می‌دهد که اثر گله، سال زایش، فصل زایش و سن زایش بر روی تغییرات میزان شیر تولیدی در زایش اول کاملاً معنی‌دار (P<۰/۰۰۰۱) است. نتایج آزمون بارتلت نیز در بین تمامی سطوح تولیدی معنی‌دار (P<۰/۰۰۰۱) بوده و نشان‌دهندهٔ عدم یک‌نواختی واریانس‌ها در بین سه سطح تولیدی می‌باشد. ایبانز و همکاران با انجام آزمون بارتلت، ناهمگنی واریانس‌ها را برای عواملی مانند دوره‌های زمانی، سطح تولید، منطقه جغرافیایی، اندازه گله و سال زایش مشخص نمودند (۱۰) و بیشترین سطح معنی‌داری در این تحقیق مربوط به سطح تولیدی و بعد از آن مربوط به دورهٔ زمانی و اندازه گله بود. نتایج مربوط به برآورد مؤلفه‌های واریانس با استفاده از مدل‌های یک‌صفتی و سه‌صفتی برای سطوح مختلف در جدول ۳ ارائه شده است.

نتایج نشان می‌دهد که واریانس ژنتیکی افزایشی در سطح تولید متوسط و واریانس باقی‌مانده در سطح تولید بالا بیشترین مقدار را دارد. وراثت‌پذیری برای سطوح تولیدی بالا کمترین و سطوح تولیدی متوسط، بیشترین است. در حالی که بعضی از تحقیقات هیچ ارتباطی بین وراثت‌پذیری یا واریانس فنوتیپی با میانگین تولید گزارش ننموده‌اند (۱۳، ۱۵ و ۲۰)، در تعدادی از تحقیقات ارتباط مثبتی بین میانگین تولید و وراثت‌پذیری و یا اجزای واریانس صفات تولیدی گزارش شده است (۲، ۸ و ۱۶). گریک و ون‌ولک وراثت‌پذیری تولید شیر در سطوح تولید پائین، متوسط و بالا را به ترتیب ۰/۱۳، ۰/۲۹ و ۰/۳۰ گزارش نمودند و نتیجه گرفتند که مقدار وراثت‌پذیری تحت تأثیر میانگین قرار می‌گیرد. ولی در تحقیقی دیگر مقدار وراثت‌پذیری در سه سطح تولیدی پایین، متوسط و بالا به ترتیب ۰/۲۲، ۰/۱۶۳ و ۰/۲۰۶ گزارش شد و ارتباطی بین سطح تولید و وراثت‌پذیری مشاهده نشد (۱۶). در پژوهش حاضر اجزای واریانس و وراثت‌پذیری در تجزیه یک‌صفتی و سه‌صفتی تفاوت اندکی دارند و مقدار هم‌بستگی بین میانگین تولید با واریانس فنوتیپی و واریانس ژنتیکی افزایشی به ترتیب ۰/۴۶ و۰/۶۹ به دست آمد. ویشر و همکاران هم‌بستگی بین میانگین تولید و واریانس فنوتیپی را بین ۰/۴تا ۰/۵ گزارش نمودند (۹).

هم‌بستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی در سه سطح تولیدی با

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-04-24]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1385.10.3.35.9]

جدول ۳. مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری برای سطوح تولیدی در تجزیه یک‌صفتی و سه‌صفتی

سطح تولید	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
پائین	۱۳۸۳۷۲(۱۳۸۳۲۲)*	۵۳۷۴۸۸(۵۳۷۴۲۶)	۶۷۵۷۶۰(۶۷۵۷۴۸)	۰/۲۰۴۷±۰/۰۲۷(۰/۲۰۴۷±۰/۰۱۹)
متوسط	۲۹۷۳۶۵(۲۹۷۳۷۰)	۷۷۸۴۹۲(۷۷۸۴۹۰)	۱۰۷۵۸۵۷(۱۰۷۵۹۰۰)	۰/۲۷۶۴±۰/۰۱۲(۰/۲۷۶۴±۰/۰۱۰)
بالا	۲۴۴۹۳۹(۲۴۴۹۴۰)	۱۰۰۵۴۰۱(۱۰۰۵۴۴۰۰)	۱۲۵۰۳۴۰(۱۲۵۰۳۰۰)	۰/۱۹۵۹±۰/۰۲۳(۰/۱۹۵۹±۰/۰۱۸)

* : اعداد داخل پرانتز نتایج تجزیه سه صفتی است.

جدول ۴. هم‌بستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی در سه سطح تولیدی*

	پایین	متوسط	بالا
پایین	۰/۲۰۴۷	۰/۱۹۰۳	۰/۱۷۰۲
متوسط	۰/۸۱۳۱	۰/۲۷۶۴	۰/۱۸۶۲
بالا	۰/۸۵۰۰	۰/۸۰۴۶	۰/۱۹۵۹

* : هم‌بستگی‌های ژنتیکی در زیر قطر و هم‌بستگی‌های فنوتیپی در بالای قطر نشان داده شده‌اند. اعداد روی قطر مقدار وراثت‌پذیری را برای هر سطح تولیدی نشان می‌دهد.

استفاده از تجزیه سه صفتی در جدول ۴ ارائه شده است.

هم‌بستگی‌های ژنتیکی بین سطوح تولیدی در دامنه ۸۰ تا ۸۵ درصد قرار دارد و حداکثر هم‌بستگی ژنتیکی بین سطوح تولید بالا و پایین برآورد شده است. در مقابل هم‌بستگی فنوتیپی بین سطوح تولیدی، پایین است و در دامنه ۱۷ تا ۱۹ درصد قرار دارد. دانگ و مائو هم‌بستگی ژنتیکی بین سه سطح تولیدی را ۹۵ درصد و بالاتر و هیل و همکاران نیز هم‌بستگی ژنتیکی بین سطوح تولیدی را ۹۰ درصد و بالاتر گزارش کردند.

برای بررسی اثر تجزیه یک‌صفتی و سه‌صفتی بر ارزیابی ژنتیکی و رتبه‌بندی گاوهای نر و ماده، هم‌بستگی رتبه‌ای ارزش‌های اصلاحی برای ۵ درصد گاوهای نر و ۱ درصد گاوهای ماده به طور جداگانه انجام شد (جدول ۵).

نتایج جدول ۵ حاکی از آن است که مقدار هم‌بستگی رتبه‌ای ارزش‌های اصلاحی در سطح تولید متوسط بیشترین و نشان‌دهنده ارتباط نزدیک بین ارزیابی حیوانات نر و ماده در مدل یک صفتی و سه صفتی است. به منظور بررسی چگونگی تحت تأثیر قرار گرفتن ارزیابی گاوهای نر و ماده، رتبه‌بندی ۵ درصد کل گاوهای نر و ۱ درصد کل گاوهای ماده برتر مورد بررسی قرار گرفت. تعداد حیوانات مشترک رتبه‌بندی شده در مدل یک صفتی و سه صفتی در سطح تولید متوسط بیشترین بود. میانگین تغییرات رتبه در بین حیوانات مشترک در سطح تولید متوسط کمترین مقدار بود. در مقایسه بین جنس‌های نر و ماده مشاهده می‌شود که میانگین تغییرات گاوهای نر برتر نسبت به گاوهای ماده برتر کمتر است و این بیانگر این نکته است که تجزیه سه‌صفتی، تأثیر بیشتری بر رتبه‌بندی گاوهای ماده برتر دارد. در نظر گرفتن ناهمگنی واریانس و تصحیح آن با استفاده از تجزیه سه صفتی روی رتبه‌بندی گاوهای ماده بسیار مؤثر است. البته اگر گاوهای نر به طور تصادفی در گله‌های مختلف دختر نداشته باشند، این تصحیح روی رتبه‌بندی آنها نیز مؤثر خواهد بود (۱۹). در پژوهش حاضر میانگین رتبه گاوهای نر نیز تا حدودی تغییر کرده است و این نشان‌دهنده عدم انتخاب تصادفی گاوهای نر در گله‌های مختلف است. معمولاً گاوهای نر برتر در گله‌های پرتولید و بزرگ و با مدیریت بهتر استفاده

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-04-24]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1385.10.3.35.9]

جدول ۵. هم‌بستگی رتبه‌ای، تعداد مشترک و میانگین تغییرات رتبه‌ای حیوانات نر و ماده در سه سطح تولیدی در تجزیه یک‌صفتی و سه صفتی

جنس حیوان		سطح تولید پایین	سطح تولید متوسط	سطح تولید بالا
نر	هم‌بستگی رتبه‌ای	۰/۷۶۱	۰/۹۷۰	۰/۸۱۰
	تعداد (۵٪)	۹۰	۹۰	۹۰
	تعداد مشترک	۴۵	۸۰	۶۳
	میانگین تغییرات رتبه	۴۱/۷	۱۱/۴	۳۴/۵
ماده	هم‌بستگی رتبه‌ای	۰/۹۴۰	۰/۹۶۱	۰/۹۱۲
	تعداد (۱٪)	۹۵۰	۹۵۰	۹۵۰
	تعداد مشترک	۷۱۶	۸۵۲	۶۶۴
	میانگین تغییرات رتبه	۲۸۷/۹	۱۱۳/۸	۳۹۷/۷

جدول ۶. تعداد و درصد گاوهای ماده انتخاب شده بر اساس تجزیه یک‌صفتی و سه‌صفتی

سطح تولید	تجزیه یک صفتی		تجزیه سه صفتی	
	درصد	تعداد	درصد	تعداد
پایین	۰	۰	۰/۰۲۲	۳
متوسط	۱/۳۴۴	۹۰۱	۱/۰۹۷	۷۳۵
بالا	۰/۳۲۲	۴۹	۱/۳۹۶	۲۱۲

می‌شوند. بولدمن و فریمن نشان دادند که رتبه‌های گاوهای نر برتر تغییرات کمتری نسبت به رتبه‌های گاوهای ماده برتر دارند و وقتی از مدل تصحیح شده برای ناهمگنی واریانس استفاده کردند، تأثیر زیادی بر رتبه‌بندی گاوهای ماده برتر داشت به طوری که ۲۰ درصد از ۱۰۰۰ گاو ماده‌ای که در مدل معمولی لیست شده بود، از لیست خارج شدند. ولی در مورد گاوهای نر فقط ۱۰ درصد از ۱۰۰ گاو برتر لیست شده در مدل معمولی از لیست خارج شدند. در مورد گاوهای ماده باقی‌مانده در لیست نیز تغییرات رتبه‌ای بسیار زیاد بود. بنابراین با توجه به میانگین تغییرات رتبه‌ای پایین برای نرهای برتر نتیجه می‌گیریم که تصحیح ناهمگنی بر رتبه گاوهای نر تأثیر زیادی ندارد ولی در مورد ماده‌های برتر این گونه نیست و تجزیه سه صفتی باعث شده است که بیشترین درصد افراد از گله‌های با سطح تولید بالا انتخاب شوند (جدول ۶).

در تجزیه یک‌صفتی بیشترین درصد گاوهای ماده برتر از سطح تولید متوسط انتخاب می‌شوند ولی در تجزیه سه‌صفتی بیشترین درصد گاوهای برتر از گله‌های با سطح تولید بالا انتخاب می‌شوند و این باعث بهبود ژنتیکی خواهد شد. در پژوهش بولدمن و فریمن نیز بیشترین درصد گاوهای ماده برتر از سطوح تولیدی بالا در مدل‌های تصحیح شده انتخاب شدند.

سپاسگزاری

بدین وسیله از معاونت پژوهشی دانشگاه تهران که اعتبار لازم جهت اجرای این طرح را فراهم آوردند و هم‌چنین از مرکز اصلاح نژاد دام کشور برای فراهم نمودن داده‌های مورد نیاز این پژوهش سپاسگزاری می‌نمائیم.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-04-24]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1385.10.3.35.9]

منابع مورد استفاده

1. Boldman, K. G. and A. E. Freeman. 1990. Adjustment for heterogeneity of variances by herd production level in dairy cow and sire evaluation. J. Dairy Sci. 73:503-510.
2. Brotherstone, S. and W. G. Hill. 1986. Heterogeneity of variance among herds for milk production. Anim. Prod. 42:297-304.
3. Deveer, J. C. and L. D. Van Vleck. 1987. Genetic parameters for first lactation milk yields at three levels of herd production. J. Dairy Sci. 70:1434 –1440.
4. Dodenhoff, J. and H. H. Swalve. 1998. Heterogeneity of variances across regions of northern Germany and adjustment in genetic evaluation. Livest. Prod. Sci. 53:225-230.
5. Dong, M. C. and I. L. Mao. 1990. Heterogeneity of (Co) variance and heritability in different levels of intra herd milk production variance and of herd average. J. Dairy Sci.73: 743-747.
6. Everett, R. W., J. F. Keown and J. F. Taylor. 1982. The problem of heterogeneous whitin herd variances when identifying elite cows. J. Dairy Sci. (Suppl.1)100(Abstr).
7. Garrick, D. J. and L. D. Van Vleck .1987. Aspect of selection for performance in several environments with heterogeneous variance. J. Anim. Sci. 65:709-417.
8. Gianola, D. 1986. On selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. Theor. Appl. Genet. 72: 671- 680.
9. Hill, W. G., M. R. Edwards and M. K. A. Ahmad. 1983. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. Anim. Prod. 36: 59-68.
10. Ibanez, M. A., M. J. Carabano, J. L. Foulley and R. Alenda. 1993. The heterogeneity of herd period phenotypic variances in the Spanish Holstein-Friesian cattle: stratification and statistical analysis. Livest. Prod. Sci. 34:89-101.
11. Ibanez, M. A., M. J. Carabano, J. L. Foulley and R. Alenda. 1996. Heterogeneity of herd period phenotypic variances in the Spanish Holstein-Friesian cattle: Sources of heterogeneity and genetic evaluation. Livest. Prod. Sci. 45:137-145.
12. Ibanez, M. A., M. J. Carabano and R. Alenda. 1999. Identification of sources of heteregeneous residual and genetic variances in milk yield data from the Spanish Holstein-Friesian population and impact on genetic evaluation. Livest. Prod. Sci. 59:33-42.
13. Meinert, T. R., R. E. Pearson, V. E. Vinson and G. Cassell. 1988. Effect of within herd variance and herd mean production on response to selection within herd. J. Dairy Sci. 71:3405-3415.
14. Meyer, K. 1998. DFREML: Program to estimate variance components by restricted maximum liklihood, using a drivative free algorithm, user notes. Ver: 3.0. 29 pp.
15. Mirande, S. L. and L. D. Van Vleck. 1985. Trend in genetic and phenotypic variances for milk production. J. Dairy Sci. 68:2278-2288.
16. Powell, R. L., H. D. Norman and B. T. Weinland. 1983. Cow evalution at different milk yields of herds. J. Dairy Sci. 66:148-155.
17. Snedecor, G. W. and W. G. Cochran. 1973. Statistical Methods. 6th ed., The Iowa State University Press., Iowa, USA.
18. Vinson, W. E. 1987. Potential bias in genetic evaluation from differences in variation within herds. J. Dairy Sci. 70: 2456-2462.
19. Visscher, P. M. and W. G. Hill. 1992. Heterogeneity of variance and dairy cattle breeding. Anim. Prod. 55: 321-330.
20. Winkelman, A. and L. R. Scheaffer.1988. Effect of heterogeneity of variance in dairy sire evaluation. J. Dairy Sci. 71:3033-3039.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2024-04-24]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1385.10.3.35.9]