

ارزیابی ژنتیکی تولید شیر در گاوهاشیری نژاد هلشتاین استان خراسان با استفاده از مدل تابعیت تصادفی تکه‌ای

همایون فرهنگ فر^{*}، حسین نعیمی‌پور و رضا لطفی^۱

(تاریخ دریافت: ۱۶/۱۲/۸۵؛ تاریخ پذیرش: ۱۴/۸/۸۶)

چکیده

در این تحقیق، تخمین پارامترها و ارزیابی ژنتیکی گاوهاشیری نژاد هلشتاین استان خراسان برای صفت شیر بر اساس یک مدل دام روز آزمون با تابعیت تصادفی تکه‌ای (Cubic spline random regression) انجام شد. داده‌های مورد استفاده ۳۲۸۵۴ رکورد روز آزمون شیر دو و سه بار دوشش در روز مربوط به ۳۸۴۲ رأس گاو هلشتاین شکم اول (فرزندهان ۴۶۶ رأس گاو نر) در ۱۲۵ گله بود که در بین سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۴ زایش داشتند. در مدل دام روز - آزمون، اثر عوامل ثابت محیطی گله - سال و ماه رکوردگیری - دفعات دوشش، متغیرهای کمکی خطی و درجه دوم سن زایش اول، درصد ژن هلشتاین (متغیر کمکی خطی)، اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی گاو قرار داده شد. در مدل مزبور به منظور در نظر گرفتن تفاوت‌های ژنتیکی و محیطی شکل منحنی شیردهی بین گاوها از تابعیت تصادفی تکه‌ای توان سوم استفاده شد. میانگین پسین ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده گاوها با روش آماری بیزین (از طریق نمونه‌گیری گیس با ۱۰۰۰۰۰ زنجیره با نرم افزار RRGIBBS) محاسبه شد. میانگین ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده شیر ۳۰۵ روز برای گاوها دارای رکورد برابر با ۹۰ کیلوگرم ($P < 0.005$) بود. همبستگی بین ارزش اصلاحی ماه‌های شیردهی با افزایش فاصله بین آنها کاهش نشان داد. پیشترین همبستگی رتبه‌ای بین ماه‌های هشتم و نهم (0.998) و کمترین همبستگی رتبه‌ای بین ماه‌های اول و دهم (0.312) بود. ارزش اصلاحی ماه‌های اول و ششم به ترتیب کمترین (0.0553) و بیشترین (0.990) همبستگی رتبه‌ای را با ارزش اصلاحی شیر ۳۰۵ روز داشت. روند ژنتیکی برآورد شده شیر ۳۰۵ روز بر حسب سال تولد گاوها $17/75$ کیلوگرم در سال بود که به لحاظ آماری تفاوت معنی‌دار از صفر نداشت ($p value = 0.165$).

واژه‌های کلیدی: ارزیابی ژنتیکی، گاو هلشتاین، تابعیت تصادفی تکه‌ای توان سوم

مقدمه

هدف از اصلاح نژاد، بهبود ارزش ژنتیکی دام برای صفاتی است که اهمیت اقتصادی دارند (۲۸). ارزش اصلاحی، ابزاری مناسب برای انتخاب حیوانات برتر به شمار می‌رود. حیواناتی حیواناتی که ژنتیک برتر را دارند برای ایجاد نسل بعد مورد انتخاب قرار می‌گیرند. فرزندهان این حیوانات به طور متوسط بهتر

اصلاح نژاد دام در کشاورزی امروز و آینده، دست کاری (Manipulation) تفاوت‌های بیولوژیکی بین حیوانات با استفاده از روش‌هایی است که با هدف به حداقل رساندن سودآوری در کوتاه و بلند مدت انجام می‌گردد (۱). در واقع،

۱. به ترتیب استادیار، کارشناس ارشد و دانش آموخته علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند

*: مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: hfarhangfar2003@yahoo.co.uk

ساختار واریانس - کواریانس صفاتی را که در یک دوره زمانی دارای تغییرات هستند، مدل نماید و در مقایسه با مدل چند متغیره تعداد پارامترهای کمتری برای آنالیز داده‌های تکرار دار در طول زمان نیاز دارد. با استفاده از مدل مذبور ضرورت ندارد که مشاهدات را برای سن و یا زمان خاص تصحیح نمود. مدل تابعیت تصادفی امکان استفاده مؤثرتر از داده‌های موجود برای هر حیوان را فراهم می‌آورد. این امر به دلیل آن است که در مدل تابعیت تصادفی اولاً برای هر حیوان بیش از یک رکورد استفاده می‌شود ثانیاً شکل منحنی شیردهی در سطح ژنتیکی و محیطی در نظر گرفته می‌شود.

در مدل‌های تابعیت تصادفی، از توابع مختلف نظری چند جمله‌ای لژاندر (Legendre polynomials) استفاده شده است (High order) (۲۱، ۲۲ و ۳۱). چند جمله‌ای‌های مرتبه بالا (High order) توانایی مدل سازی تغییرات در میانگین‌ها و واریانس‌ها را در امتداد یک مقیاس پیوسته دارند (۱۸). با این وجود، چند جمله‌ای‌های مذبور تأکید زیادی بر مشاهدات انتهایی (Extreme observations) می‌گذارند و این امر در موقعی که مرتبه بالایی از برآشش تابع در مدل وجود داشته باشد، مشکل زا خواهد بود (۱۸). برای رفع این مشکل، می‌توان از تابع اسپلاین (Spline function) به جای چند جمله‌ای‌های مرتبه بالا استفاده نمود (۱۸). تابع اسپلاین در حقیقت شامل چند جمله‌ای‌های تکه‌ای (Piece - wise polynomials) مرتبه پایین است که برای یک منحنی خاص در نقاطی به نام گره (Knot) به یکدیگر متصل می‌شوند (۱۷ و ۱۸). کاربرد اسپلاین‌ها برای آنالیز رکوردهای روز آزمون گاو‌های شیری توسط وايت و همکاران ارائه شده است (۳۳). نوع خاصی از منحنی اسپلاین، بی - اسپلاین (B-spline curve) نامیده می‌شود که دارای خواص عددی بهتر بلحاظ ایجاد همگرایی پایدار در برآورد اجزای واریانس و کواریانس مدل می‌باشد (۱۸).

هدف از این تحقیق، استفاده از یک مدل روز آزمون شیر با تابعیت تصادفی تکه‌ای (اسپلاین) توان سوم در بررسی ژنتیکی

از نسل قبل خود بوده و لذا موجب بالا رفتن میانگین جمعیت می‌شوند. در گذشته روش‌های انتخاب مبتنی بر مقایسه فنوتیپ‌ها (به عنوان مثال مقایسه دختر با مادر) بود ولی از زمان معرفی روش آماری بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (Best Linear Unbiased Prediction (BLUP))، مقایسه بین حیوانات مبنای صحیح‌تری پیدا کرد. برآورد دقیق و پایا از پارامترهای ژنتیکی، رکن اساسی در امر اصلاح دام به شمار می‌روند (۲۰). ارزش اصلاحی حیوان باید تا حد امکان در زمان کوتاه‌تری پیش بینی شود تا این طریق بتوان فاصله نسل را کاهش داد. به علاوه برای هر حیوان باید اطلاعات مربوط به عملکرد تا حد امکان مورد استفاده قرار داده شود (رکورد دوره شیردهی کمتر از ۳۰۵ روز) تا منجر به کاهش اریبی ناشی از انتخاب شود (۲۱).

در دام‌های اهلی ارزیابی ژنتیکی برخی صفات نظیر میزان رشد و یا وزن در سنین مختلف (۱۹)، تعداد تخم مرغ در هفته‌های مختلف تخم گذاری (۶)، شمارش سلول‌های سوماتیک و تولید شیر در ماههای شیردهی (۱۱) که در طول زمان تکرار (Longitudinal data) می‌شوند را می‌توان با مدل‌های روز - آزمون انجام داد. در مورد صفت تولید شیر روزانه، مدل‌های مذبور بهتر از مدل‌های ۳۰۵ روز است که این امر ناشی از افزایش اطلاعات مورد استفاده در پیش‌بینی ارزش اصلاحی دام، تصحیح دقیق‌تر عوامل محیطی موقت (۱۴)، عدم نیاز به استفاده از ضرایب تصحیح ۳۰۵ روز (۳۰) و هم‌چنین در نظر گرفتن تفاوت‌های ژنتیکی در شکل منحنی شیردهی و تداوم شیردهی (۴ و ۱۴) می‌باشد. تاکنون مدل‌های روز - آزمون در گاو شیری، گوسفند و بز به کار برده شده‌اند (۲۵).

مدل‌های تابعیت تصادفی اولین بار توسط هندرسون و هم‌چنین لیرد و ویر در سال ۱۹۸۲ معرفی و سپس توسط شیفر و دیکرز در سال ۱۹۹۴ برای آنالیز رکوردهای تولید آزمون ماهیانه گاو‌های شیری پیشنهاد گردید (۲۵). برای مدل تابعیت تصادفی مزایای زیاد وجود دارد. تابعیت تصادفی قادر است

جدول ۱. مشخصات آماری رکوردهای مورد استفاده

آزمون ماهیانه	تعداد رکورد	میانگین شیر (کیلوگرم)	انحراف معیار شیر	ضریب تغییرات شیر	میانگین انحراف معیار	ضریب تغییرات	میانگین انحراف معیار	روز شیردهی (فاصله از زایش)	انحراف معیار	ضریب تغییرات	میانگین	روز شیردهی (فاصله از زایش)
۱	۳۸۴۲	۲۶/۷۴	۵/۹۷	۰/۲۲	۱۶/۷۵	۶/۷۵	۰/۴۰	۶/۷۵	۶/۷۵	۰/۲۲	۴۷/۰۴	۰/۱۳
۲	۳۸۱۳	۳۰/۷۹	۶/۳۱	۰/۲۰	۷۷/۱۸	۶/۸۱	۰/۰۸	۶/۸۱	۶/۸۱	۰/۲۰	۱۰۷/۴۰	۰/۰۶
۳	۳۸۱۲	۳۰/۴۵	۶/۲۹	۰/۲۰	۶/۲۹	۶/۷۱	۰/۰۶	۶/۷۱	۶/۷۱	۰/۲۱	۱۳۷/۵۸	۰/۰۵
۴	۳۸۲۲	۲۹/۷۵	۶/۲۹	۰/۲۱	۶/۲۴	۶/۸۹	۰/۰۵	۶/۸۹	۶/۸۹	۰/۲۱	۱۶۷/۸۷	۰/۰۴
۵	۳۵۸۴	۲۸/۸۷	۶/۲۴	۰/۲۱	۶/۲۰	۶/۷۸	۰/۰۴	۶/۷۸	۶/۷۸	۰/۲۲	۱۹۸/۰۶	۰/۰۳
۶	۳۳۹۲	۲۸/۱۸	۶/۲۰	۰/۲۲	۶/۱۱	۶/۸۹	۰/۰۲	۶/۸۹	۶/۸۹	۰/۲۲	۲۲۸/۴۴	۰/۰۲
۷	۳۲۳۰	۲۷/۳۳	۶/۱۱	۰/۲۲	۶/۱۶	۶/۷۲	۰/۰۲	۶/۷۲	۶/۷۲	۰/۲۳	۲۵۸/۳۶	۰/۰۲
۸	۲۹۹۶	۲۶/۲۸	۶/۱۶	۰/۲۳	۶/۰۶	۶/۸۴	۰/۰۲	۶/۸۴	۶/۸۴	۰/۲۳	۲۸۸/۹۱	۰/۰۲
۹	۲۵۸۰	۲۵/۴۳	۶/۱۱	۰/۲۴	۶/۱۱	۶/۸۳	۰/۶۰	۸۲/۶۴	۱۳۷/۴۸	۰/۲۲	۶/۴۷	۰/۶۰
۱۰	۱۷۸۳	۲۴/۸۲	۶/۱۱	۰/۲۴	۶/۰۶	۲۸/۱۸	۳۲۸۵۴	کل داده‌ها				

تجزیه و تحلیل ژنتیکی رکوردهای روز - آزمون شیر را می‌توان با مدل روز آزمون انجام داد. در بین مدل‌های روز آزمون، مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی (Random regression) اخیراً بیشتر مورد توجه قرار گرفته است (۳۱ و ۳۵) و در آنالیز صفات تکراردار به عنوان روش استاندارد مورد قبول واقع شده‌اند (۱۷). در تحقیق حاضر به منظور پیش‌بینی ارزش اصلاحی گاوها از یک مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی تکه‌ای استفاده شد. در مدل مذبور عوامل محیطی عبارت از گله- سال رکورددگیری - ماه تولید - دفعات دوشش، زمان رکورددگیری، متغیرهای کمکی خطی و درجه دوم سن زایش اول و متغیر کمکی خطی درصد ژن هلشتاین (سهم ژنتیکی نژاد هلشتاین در حیوان دورگ) بودند. اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی گاو نیز در مدل قرار داده شد. به منظور در نظر گرفتن تفاوت‌های ژنتیکی و محیطی در شکل منحنی شیردهی گاوها از تابعیت تصادفی تکه‌ای با توان سوم (Cubic spline random regression) استفاده شد.

در فرم ماتریس مدل مورد استفاده به شکل زیر است (۱۶):

$$y = Xb + \Phi_A \alpha + \Phi_P \gamma + \varepsilon \quad [۱]$$

تولید شیر گاو نژاد هلشتاین در استان خراسان بود. محاسبه همبستگی رتبه‌ای بین ارزش اصلاحی شیر ۳۰۵ روز و شیر ماهیانه و همچنین برآورد روند ژنتیکی از دیگر اهداف این تحقیق بود.

مواد و روش‌ها

داده‌های مورد استفاده در این تحقیق، تعداد ۳۲۸۵۴ رکورد روز - آزمون ماهیانه (Monthly test day) شیر دو و سه بار دوشش در روز متعلق به ۳۸۴۲ رأس گاو شیری نژاد هلشتاین در استان خراسان بود. رکوردهای مذبور مربوط به دوره اول شیردهی گاوها بودند که در طی سال‌های ۱۳۸۰-۱۳۸۴ زایش داشتند. تعداد کل گله‌ها در فایل ارقام ۱۲۵ بود. داده‌های مذبور پس از چندین مرحله ویرایش (نظیر حذف گاوها فاقد پدر یا مادر، حذف رکوردهای تکراری هر گاو برای هر ماه رکورددگیری) توسط نرم افزار بانک اطلاعاتی فاکس پرو بر روی داده‌های خام به دست آمد. میانگین تولید شیر روزانه ($\pm 6/۴۷$) ۲۸/۱۸ کیلوگرم و میانگین سن اولین زایش ($\pm ۴/۲۵$) ۲۵/۷۴ ماه بود. در جدول ۱ برخی مشخصات آماری رکوردهای مورد استفاده ارائه شده است.

امین گره (ثابت برای همه حیوانات)، p درجه برازش تابع می‌باشد. تابع فوق برای هنگامی که درجه برازش صفر باشد $(p=0)$ دارای مقدار یک در طول دوره شیردهی است. تعداد گره مورد استفاده در تابع فوق برابر با ۲ (به دلیل محدود بودن امکانات محاسباتی و ایجاد همگرایی پایدار در محاسبات) قرار داده شد. با افزایش تعداد گره، تعداد اجزای واریانس و کواریانس ژنتیکی و محیطی دائمی مدل در تابعیت تصادفی افزایش پیدا می‌نماید که این امر سبب بروز مشکلات مرتبط با برآورد می‌شود. تابع بی-اسپلاین به کار برده شده در مدل ۱ در حقیقت نوع خاصی از منحنی تکه‌ای است که دارای خواص عددی مناسب می‌باشد (۱۷). بر اساس روش آماری بیزین، پارامترهای a ، b و γ به طور متوالی از توزیع کاملاً شرطی خود نمونه‌گیری می‌شوند. با فرض توزیع نرمال برای y و b ، توزیع یکنواخت پیشین (Flat prior distribution) برای a ،

توزیع شرطی u_s برابر است با (۱۶):

$$u_s \xrightarrow{N} (C_{s,s}^{-1}(r_s - C_{s,-s}\hat{u}_{-s}), C_{s,s}^{-1}) \quad [4]$$

معادلات مدل مختلط را برای مدل ۱ می‌توان به صورت زیر نوشت (۱۶):

$$\begin{bmatrix} X'\Sigma_\epsilon^{-1}X & X'\Sigma_\epsilon^{-1}\Phi_A & X'\Sigma_\epsilon^{-1}\Phi_P \\ \Phi_A'\Sigma_\epsilon^{-1}X & \Phi_A'\Sigma_\epsilon^{-1}\Phi_A + A^{-1} \otimes K_A^{-1} & \Phi_A'\Sigma_\epsilon^{-1}\Phi_P \\ \Phi_P'\Sigma_\epsilon^{-1}X & \Phi_P'\Sigma_\epsilon^{-1}\Phi_A & \Phi_P'\Sigma_\epsilon^{-1}\Phi_P + I \otimes K_R^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{\alpha} \\ \hat{\gamma} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'\Sigma_\epsilon^{-1}y \\ \Phi_A'\Sigma_\epsilon^{-1}y \\ \Phi_P'\Sigma_\epsilon^{-1}y \end{bmatrix} \quad [5]$$

معادلات مذبور را می‌توان به صورت $C\hat{u} = r$ نشان داد که در آن u بردار پارامترهای مدل و r بردار سمت راست در معادلات مدل مختلط و C ماتریس ضرایب است. از بردار u می‌توان بردار u_s را نمونه‌گیری (به روش گیبس (Gibbs sampling)) کرد که u_{-s} بردار مکمل آن است. به عبارت بهتر می‌توان نوشت (۱۶):

$$u' = (u'_s | u'_{-s}) \quad [6]$$

به همین ترتیب بردار r را به زیر بردارهای r_s و r_{-s} و

که در آن y بردار مشاهدات مربوط به رکوردهای روز آزمون شیر، b بردار حاوی اثرات ثابت مدل، α بردار حاوی ضرایب تصادفی تابع تکه‌ای برای اثر ژنتیکی افزایشی گاو، γ بردار حاوی ضرایب تصادفی تابع تکه‌ای برای اثر محیط دائمی گاو، ϵ بردار حاوی خطاهای مربوط به برازش مدل، X ماتریس طرح مربوط به اثرات ثابت مدل، Φ_A ماتریس طرح حاوی کواریات‌های تعریف شده در تابع تکه‌ای برای ضرایب تصادفی ژنتیکی افزایشی و ماتریس طرح Φ_p حاوی کواریات‌های تعریف شده در تابع تکه‌ای برای ضرایب تصادفی محیط دائمی می‌باشند. در مدل مذبور مشاهدات دارای توزیع نرمال هستند و α ، γ و ϵ با یکدیگر همبستگی ندارند. دیگر فرضیات مدل عبارت‌اند از:

$$E(\alpha) = 0 \quad E(\gamma) = 0 \quad E(\epsilon) = 0$$

$$Var(\alpha) = A \otimes K_A = G$$

$$Var(\gamma) = I_N \otimes K_R = R$$

$$Var(\epsilon) = Diag\{\sigma_k^2\} = \Sigma_\epsilon$$

که در آن N تعداد حیوانات دارای رکورد و I_N ماتریس واحد با اندازه N ، K_A و K_R به ترتیب ماتریس‌های کواریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی بین ضرایب تابعیت تصادفی و ϵ ماتریس کواریانس محیطی موقت است. واریانس y عبارت است از (۱۶):

$$\begin{aligned} Var(y) &= V = \Phi_A(A \otimes K_A)\Phi_A' \\ &\quad + \Phi_P(I_N \otimes K_R)\Phi_P' + Diag\{\sigma_k^2\} \\ &= \Phi_A G \Phi_A' + \Phi_P R \Phi_P' + \Sigma_\epsilon \end{aligned} \quad [2]$$

شكل کلی تابع تکه‌ای (از نوع بی-اسپلاین (B-Spline)، $B_{k,p}(t)$) که در مدل ۱ مورد استفاده قرار گرفت، به صورت زیر است (۱۷ و ۱۸):

$$\begin{aligned} B_{k,p}(t) &= \frac{t - T_k}{T_{k+p} - T_k} B_{k,p-1}(t) \\ &\quad + \frac{T_{k+p+1} - t}{T_{k+p+1} - T_{k+1}} B_{k+1,p-1}(t) \end{aligned} \quad [3]$$

که در آن t زمان شیردهی حیوان، T_k زمان شیردهی در

جدول ۲. برآورد بیزین اجزای واریانس، وراثت‌پذیری و تکرار‌پذیری شیر در آزمون‌های ماهیانه

پارامتر ژنتیکی		واریانس				ماه شیردهی
تکرار پذیری	وراثت پذیری	فتوتیپی	محیط موقت	محیط دائمی	ژنتیکی	
۰/۳۵۵	۰/۱۹۸	۳۴/۸۶۷	۱۵/۶۰۱	۱۲/۳۶۵	۶/۹۰۱	۱
۰/۴۳۵	۰/۱۵۸	۳۰/۲۰۰	۱۲/۲۷۶	۱۳/۱۴۴	۴/۷۸۱	۲
۰/۴۹۸	۰/۱۷۲	۳۰/۰۴۷	۹/۹۲۱	۱۴/۹۶۰	۵/۱۶۶	۳
۰/۵۰۷	۰/۱۹۱	۳۱/۱۸۸	۹/۴۱۱	۱۵/۸۲۰	۵/۹۵۶	۴
۰/۵۰۴	۰/۲۱۵	۳۱/۰۳۸	۸/۷۲۴	۱۵/۶۳۲	۶/۶۸۲	۵
۰/۴۸۲	۰/۲۴۳	۳۰/۷۹۵	۸/۴۵۵	۱۴/۸۵۱	۷/۴۸۹	۶
۰/۴۶۱	۰/۲۸۴	۲۹/۹۷۵	۷/۶۴۹	۱۳/۸۱۱	۸/۵۱۴	۷
۰/۴۰۶	۰/۳۰۷	۳۱/۴۰۷	۹/۰۱۲	۱۲/۷۳۹	۹/۶۵۶	۸
۰/۳۷۹	۰/۳۲۸	۳۲/۷۷۴	۹/۶۰۴	۱۲/۴۳۲	۱۰/۷۳۹	۹
۰/۴۵۹	۰/۳۵۴	۳۴/۰۸۳	۶/۳۷۹	۱۵/۶۲۷	۱۲/۰۷۶	۱۰
۰/۴۶۰	۰/۱۸۷	۳۱/۴۶۸	۱۱/۱۸۷	۱۴/۳۸۴	۵/۸۹۷	میانگین نیمه اول شیردهی
۰/۴۳۷	۰/۳۰۳	۳۱/۸۰۷	۸/۲۲۰	۱۳/۸۹۲	۹/۶۹۵	میانگین نیمه دوم شیردهی
۰/۴۴۹	۰/۲۴۵	۳۱/۶۳۷	۹/۷۰۳	۱۴/۱۳۸	۷/۷۹۶	میانگین کل دوره شیردهی

نمونه‌گیری گیبس با ۱۰۰,۰۰۰ زنجیره محاسبه شد. همبستگی بین ارزش اصلاحی در ماه‌های شیردهی و روند ژنتیکی (بر اساس روش تابعیت میانگین ارزش اصلاحی بر سال تولد حیوان) با استفاده از نرم افزار آماری SPSS محاسبه شد.

ماتریس ضرایب C را می‌توان به ماتریس‌های $C_{S,S}$ ، $C_{S,-S}$ و $C_{-S,-S}$ افزار (Partitioning) نمود (۱۶). تعداد گره در تابع بی - اسپلاین از عواملی است که بر تعداد اجزای واریانس و کواریانس ژنتیکی و محیطی دائمی برآورد شده تأثیر دارد. در مطالعه حاضر تعداد گره ۲ بود که بر اساس آن و همچنین توان سوم بودن تابع بی - اسپلاین به کار برده شده در مدل ۱، تعداد اجزای کواریانس ژنتیکی و محیطی دائمی ۲۰ بود. افزون بر این، ماتریس کواریانس محیطی موقت (Σ) در ۱۰ ماه شیردهی به صورت ناهمگن (Heterogeneous) (با کواریانس برابر با صفر) فرض شد که درنتیجه آن، مجموع تعداد اجزای واریانس و کواریانس قابل برآورد در مدل ۱ را به ۳۰ رساند.

برازش مدل ۱ توسط نرم افزار RRGIBBS (۱۵) انجام گردید و میانگین پسین (Posterior means) اجزای واریانس و ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده گاوها با روش آماری بیزین (از طریق

نتایج و بحث
میانگین پسین ماتریس‌های کواریانس ژنتیکی افزایشی (K_A)، محیطی دائمی (K_R) بین ضرایب تابعیت تصادفی و ماتریس کواریانس محیطی موقت (Σ) برای محاسبه اجزای واریانس نشان داده شده در جدول ۲ عبارت بودند از:

$$K_A = \begin{bmatrix} ۱۲۴۱/۰۰ & -۲۸۴/۲۸ & ۲۱۶/۴۳ & -۷۲۹/۱۰ \\ & ۷۶/۲۰۷ & -۵۴/۴۶۷ & ۱۸۵/۸۶ \\ \text{Symmetric} & & ۶۵/۲۳۱ & -۱۴۵/۰۹ \\ & & & ۵۳۹/۶۲ \end{bmatrix}$$

پتاک و شفر (۲۳) مدل روز - آزمون با تابعیت ثابت را برای ارزیابی ژنتیکی گاوهاشیری معرفی کردند که در آن از تابع چند جمله‌ای علی و شفر (۵) با چهار متغیر همراه (Covariate) (Covariate) چهت در نظر گرفتن تغییرات شکل منحنی شیردهی گاوها استفاده شد. بر اساس مدل مذبور، شکل منحنی شیردهی برای تمام گاوها یکسان در نظر گرفته می‌شود و فقط سطح تولید (عرض از مبدأ) به عنوان بخش تصادفی در دو سطح ژنتیکی و محیطی وجود دارد. در مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی، برای هر گاو ضرایب تابعیت (بر حسب نوع تابع به کار برده شده در آن) در دو سطح ژنتیکی و محیطی برآورد می‌شود (۲۶).

در تحقیق حاضر از تابع بی - اسپلاین در مدل روز آزمون استفاده شد ولی توابع دیگر به منظور در نظر گرفتن تغییرات تولید شیر در دوره شیردهی نیز مورد استفاده قرار گرفته اند (۱۴) که از نمونه آنها می‌توان تابع چند جمله‌ای علی و شفر (۱۴، ۱۳ و ۲۴)، تابع ویلمینک (۱۲ و ۳۴) و چند جمله‌ای‌های لزاندر (۳، ۷، ۸ و ۳۱) را نام برد. مزیت استفاده از تابع اسپلاین این است که می‌توان از آن به جای توابع چند جمله‌ای با درجه بالای (High degree polynomials) برآش (نظیر چند جمله‌ای‌های لزاندر) که اغلب مشکلاتی را در مورد قابلیت برآورد پارامترها ایجاد می‌نماید، استفاده کرد و منحنی تغییرات یک صفت را به شکل هموار شده‌ای (Smooth) در آورده (۱۷).

برآورد اجزای واریانس به روش بیزین، وراثت پذیری و تکرار پذیری شیر آزمون ماهیانه در جدول ۲ ارائه شده است. وراثت پذیری از ابتدای شیردهی به طرف انتهای آن افزایش نشان داد که مخالف با الگوی مشاهده شده توسط سیلوستره و همکاران (۲۷) در گاوهاشیری هلشتاین کشور فرانسه بود. وراثت پذیری ماههای شیردهی در تحقیق حاضر از لحظه مقدار کمتر از نتایج گزارش شده توسط ریکایا و همکاران (۲۴) برای گاوهاشیری هلشتاین کشور اسپانیا بود. واریانس محیطی دائمی برای ماههای اول و چهارم به ترتیب کمترین و بیشترین مقدار

$$K_R = \begin{bmatrix} 1542/4 & -436/18 & 262/78 & -917/14 \\ & 157/76 & -96/788 & 367/20 \\ \text{Symmetric} & & 116/76 & -28/.40 \\ & & & 1651/6 \end{bmatrix}$$

$$\Sigma_e = \begin{bmatrix} 15/601 & . & . & . & . & . & . & . & . \\ . & 12/276 & . & . & . & . & . & . & . \\ . & . & 9/921 & . & . & . & . & . & . \\ . & . & . & 9/411 & . & . & . & . & . \\ . & . & . & . & 8/722 & . & . & . & . \\ . & . & . & . & . & 8/405 & . & . & . \\ . & . & . & . & . & . & 7/649 & . & . \\ . & . & . & . & . & . & . & 9/012 & . \\ . & . & . & . & . & . & . & . & 9/604 \\ . & . & . & . & . & . & . & . & . \\ & & & & & & & & 6/279 \end{bmatrix} \text{ Symmetric}$$

برای ماتریس اجزای کواریانس ژنتیکی افزایشی بین ضرایب تابعیت تصادفی بی - اسپلاین (K_A) ویژه مقادیر (Eigenvalue) به ترتیب برابر با $1808/20$, $1808/20$, $7/409$, $23/774$, $7/407$ و $82/707$ بود که نشان می‌دهد حدود ۹۴ درصد تغییرات ژنتیکی شیر روز آزمون در یک دوره شیردهی ۳۰۵ روز توسط بخش عرض از مبدأ (Intercept) تابع بی - اسپلاین تشریح می‌شود. ویژه مقادیر ماتریس اجزای (کو) واریانس محیط دائمی بین ضرایب تابعیت تصادفی بی - اسپلاین (K_R) به ترتیب برابر با $2750/26$, $22/812$, $22/567$ و $711/893$ بود که بر اساس آن، عرض از مبدأ تابع مذبور حدود ۷۸ درصد از تغییرات محیط دائمی مؤثر بر تولید شیر را تشریح کرد. این امر نشان می‌دهد در صورتی که در ارزیابی ژنتیکی گاو شیری از مدل روز آزمون با تابعیت ثابت (Fixed regression model) (یعنی مدلی که در آن فقط عرض از مبدأ تابع بی - اسپلاین گنجانده شود) استفاده شود، گرچه بخش عمده تغییرات ژنتیکی تولید شیر توسط مدل در نظر گرفته می‌شود ولی تغییرات مرتبط با محیط دائمی حیوان به اندازه کافی تشریح نمی‌گردد. در این تحقیق، واریانس محیطی وقت در ماههای شیردهی به صورت جداگانه و بدون کواریانس با یکدیگر برآورده شدند. فرض کواریانس صفر بین ماههای شیردهی به دلیل محدودیت نرم افزار مورد استفاده بوده است. با این وجود، اگر امکان در نظر گرفتن کواریانس محیطی وقت بین ماههای شیردهی وجود داشته باشد ارزش ارثی پیش‌بینی شده هر گاو با دقت بیشتری به دست می‌آید.

جدول ۳. مشخصات آماری ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده (کیلوگرم) شیر ۳۰۵ روز

متغیر	میانگین ارزش اصلاحی والدین	تعداد رکورد	حداقل	حداکثر	میانگین	انحراف معیار
ارزش اصلاحی دختران	۳۸۴۲	-۱۷۸۳/۹۵	۱۵۹۷/۱۷	۵۲/۹۰	۴۴۴/۳۳	۴۴۴/۳۳
ارزش اصلاحی مادران	۳۵۲۱	-۱۱۵۷/۰۹	۱۲۱۰/۰۵	۲/۶۱	۲۵۰/۰۲	۲۵۰/۰۲
ارزش اصلاحی پدران	۴۶۶	-۱۰۳۱/۹۲	۱۷۱۵/۴۴	۱۰۲/۲۳	۴۸۴/۵۵	۴۸۴/۵۵
میانگین ارزش اصلاحی والدین	۳۹۸۷	-۸۳۷/۹۲	۱۰۷۰/۵۸	۵۲/۴۲	۲۸۷/۷۵	۲۸۷/۷۵

افزایش صحت ارزیابی همراه باشد. میانگین وراثت پذیری شیر در کل دوره شیردهی از مقدار گزارش شده توسط موسترت و همکاران (۲۰) که از مدل روز آزمون تکرار پذیر در گاوهاش هلشتاین استفاده کردند بیشتر بود.

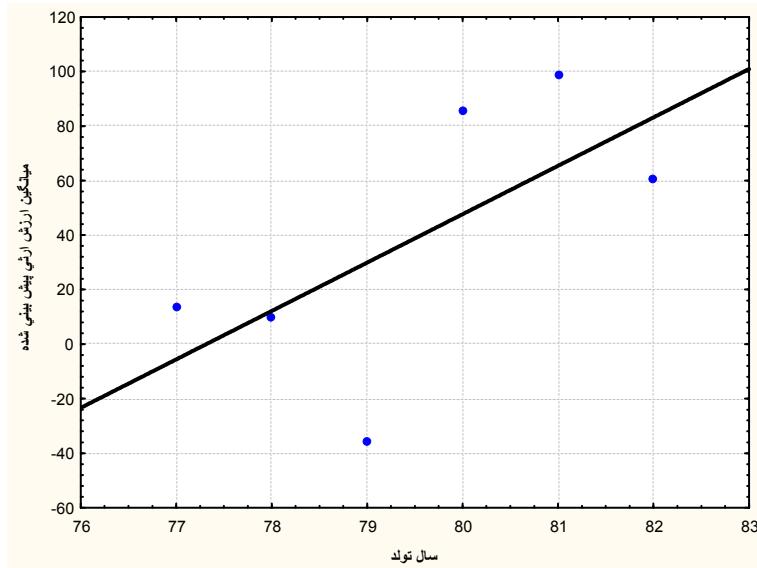
در جدول ۳ برخی مشخصات آماری ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده شیر ۳۰۵ روز ارائه شده است. میانگین ارزش اصلاحی مادران به طور معنی‌داری از میانگین گاوهاش نر کمتر بود. میانگین ارزش اصلاحی دختران تقریباً نصف ارزش اصلاحی گاوهاش نر بود. میانگین ارزش اصلاحی مادران تفاوت معنی دار آماری از صفر نداشت. از این‌رو می‌توان گفت ظرفیت ژنتیکی فرزندان ایجاد شده در طی سال‌های مورد مطالعه در این تحقیق تابع ارزش اصلاحی اسپرم‌های مورد استفاده در سطح گله‌ها بوده است. مقایسه بین میانگین ارزش اصلاحی دختران با میانگین ارزش اصلاحی والدین آنها (بر اساس آزمون نمونه‌های جفت شده (Paired sample t test)) نشان داد که تفاوت معنی دار آماری بین آنها وجود نداشت.

به طور کلی ارزش اصلاحی فرزند برابر است با مجموع میانگین ارزش‌های اصلاحی والدین و اثر نمونه‌گیری مندلی ($a_{offspring} = [(a_{sire} + a_{dam})/2] + MS$) (Mendelian sampling). چون در سطح یک جمعیت اثر نمونه‌گیری مندلی میانگین صفر دارد از این‌رو میانگین ارزش اصلاحی فرزندان برابر با میانگین ارزش اصلاحی والدین آنها خواهد بود یعنی $E(a_{offspring}) = \frac{1}{2}E(a_{sire} + a_{dam})$.

بود که بر اساس آن تکرار پذیری شیر در ماه‌های مزبور به ترتیب کمترین و بیشترین مقدار را داشت. واریانس محیطی موقت و فنوتیپی در ماه اول شیردهی بیشترین مقدار بود که مشابه با نتایج تحقیقات پیشین (۹) است. بالا بودن مقدار واریانس محیطی موقت در ماه اول شیردهی می‌تواند به دلیل عدم در نظر گرفتن برخی اثرات محیطی باشد که بر روی تولید شیر در ابتدای شیردهی گاو مؤثر می‌باشد. در ماه آخر دوره شیردهی کمترین و بیشترین مقدار واریانس محیطی موقت و ژنتیکی مشاهده شد. ریکایا و همکاران (۲۴) کمترین و بیشترین واریانس ژنتیکی را به ترتیب در ماه‌های ۱۰ و ۴ و برای واریانس محیطی موقت در ماه‌های ۷ و ۱۰ گزارش نمود.

نتایج به دست آمده نشان داد که نیمه اول دوره شیردهی ۳۰۵ روز وراثت پذیری کمتر نسبت به نیمه دوم آن داشت که مشابه نتیجه به دست آمده توسط فرهنگ فر و رضائی (۳) در گاوهاش هلشتاین ایران و دروت و همکاران (۸) در گاوهاش هلشتاین فرانسه می‌باشد. به طور کلی، الگوی تغییرات وراثت پذیری رکوردهای روز - آزمون شیر می‌تواند تحت تأثیر عوامل مختلفی نظیر نوع تعریف گروه‌های هم‌زمان، ساختار داده‌ها و تابع مورد استفاده برای در نظر گرفتن شکل منحنی شیردهی قرار گیرد.

تکرار پذیری شیر در نیمه اول بیشتر بود. بنابراین انتخاب ژنتیکی گاوها برای تولید شیر در نیمه دوم شیردهی می‌تواند با



شکل ۱. خط واپا زی میانگین ارزش اصلاحی پیش بینی شده ۳۰۵ روز بر حسب سال تولد گاوها

با ارزش اصلاحی بالا در گله‌ها شناسائی و با دقت زیاد نیز انتخاب شوند روند ژنتیکی مناسب را می‌توان در نسل‌های آینده انتظار داشت. افروزن بر این، اگر از اسپرم‌های با کیفیت خوب نیز در تلقیح ماده‌ها استفاده شود می‌توان روند ژنتیکی مناسبی را در طول نسل‌ها انتظار داشت.

از عوامل مؤثر بر صحت پیش بینی ارزش اصلاحی حیوان می‌توان تعداد رکوردهای موجود برای هر حیوان، تعداد هم گله‌ای‌ها آن و وراثت پذیری را برشمرد (۲۸). تحقیقات هم‌چنین وجود ناهمگنی واریانس بین گله‌ها را در سال‌های مختلف زیش نشان داده است (۲۹) به طوری که نادیده گرفتن آن موجب اریبی پیش بینی ارزش اصلاحی شده و در نهایت دقت ارزیابی ژنتیکی را کم می‌نماید (۳۲).

پراکنش ارزش اصلاحی پیش بینی شده بین ماه‌های شیردهی برای ۱۰ گاو برتر در شکل ۲ نشان داده شده است. بر اساس نمودار مذبور (که دارای ۱۰ ستون و ۱۰ ردیف برای کل ۱۰ ماه شیردهی است) مشاهده می‌گردد که همبستگی بین ماه‌های دور از هم بود که مشابه با روند به دست آمده در سایر تحقیقات (۳، ۷، ۸، ۹ و ۲۷) است. پایین بودن میزان همبستگی بین ارزش اصلاحی حیوان در دو طرف ابتدایی و انتهایی منحنی شیردهی

آنالیز تابعیت میانگین ارزش اصلاحی پیش بینی شده حیوانات دارای رکورد (که دارای اطلاعات کامل در فایل ارقام بودند) بر حسب سال تولد آنها نشان داد که متوسط تغییرات سالیانه ژنتیکی صفت شیر ۳۰۵ روز ۱۷/۷۵ کیلوگرم بود ولی به لحاظ آماری از صفر تفاوت معنی دار نداشت. در مقایسه با جمعیت گاو هلشتاین ایران، روند ژنتیکی برآورده شده در تحقیق حاضر از مقدار گزارش شده توسط ساقی و همکاران (۲) کمتر ولی از عدد متوسط به دست آمده توسط دادپسند طارمسری و همکاران (۱) بیشتر بود. نمودار تابعیت خطی (Linear regression) روند ژنتیکی برآورده شده در شکل ۱ نشان داده شده است.

روند ژنتیکی به دست آمده در تحقیق حاضر گرچه مثبت و نسبتاً مناسب بود ولی معنی دار نبودن آن از لحاظ آماری به دلیل بالا بودن اشتباه معیار برآورده روند است که نشان می‌دهد میانگین ارزش اصلاحی نتاج متولد شده در بین سال‌های ۱۳۸۳-۱۳۷۶ تغییرات زیاد داشته است. از آنجایی که یکی از عوامل مؤثر بر میزان پیشرفت ژنتیکی در یک جمعیت صحت ارزیابی ژنتیکی حیوانات در انتخاب آنها برای ایجاد نسل فرزندان می‌باشد لذا می‌توان گفت در برنامه کاربردی اصلاح نژاد گاو شیری نژاد هلشتاین استان خراسان چنانچه حیوانات



شکل ۲. ماتریس پراکنش ارزش اصلاحی پیش بینی شده شیر روزانه بین آزمون های ماهیانه (به ترتیب از سمت چپ به راست مستطیل ها مرتبه ماه های شیردهی ۱ تا ۱۰ می باشد).

دام های والد می توانند موجب کاهش فاصله بین دو نسل و در نتیجه افزایش میزان پیشرفت ژنتیکی گردد.

سپاسگزاری

داده های مورد استفاده در این تحقیق توسط سازمان جهاد کشاورزی استان خراسان رضوی ارائه شد. بدینوسیله مولفان مراتب تشکر و سپاسگزاری خود را از مسئولین محترم این سازمان اعلام می نمایند.

نشان دهنده این واقعیت است که در سطح ژنتیکی مقدار شیر در این بخش ها تقریباً مستقل از یکدیگر هستند (۹). به طور کلی، هنگامی که هم بستگی بین دو متغیر بالا است می توان ارزش اصلاحی یک متغیر را با دقت زیاد از روی رابطه خطی آن با دیگر متغیر به دست آورد. این امر می تواند دارای اهمیت زیاد در برنامه اصلاح نژاد گاو شیری باشد چون از طریق آن می توان انتخاب حیوانات را زودتر انجام داد و در نتیجه هزینه های پرورشی کاهش می یابد. انتخاب زود هنگام

منابع مورد استفاده

- دادپسند طارمسری، م.، م. مرادی شهر بابک، س.ر. میرائی آشتیانی و م.ب. صیاد نژاد. ۱۳۸۰. مطالعه روند تغییرات ژنتیکی صفات تولیدی در گاوهاش هلشتاین. اولین سمینار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، طیور و آبزیان کشور، صفحات ۱۸-۲۳
- ساقی، د.ع.، م. مرادی شهر بابک، س.ر. میرائی آشتیانی و ا. نجاتی جوارمی. ۱۳۸۰. سازگاری گاوهاش شیری هلشتاین در شرایط

- محیطی ایران. اولین سمینار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، طیور و آبزیان کشور، صفحات ۲۴-۲۸.
۳. فرهنگ فر، ه. و ه. رضائی. ۱۳۸۳. برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای آزمون ماهیانه شیر در گاوهاي هلشتاین ایران با استفاده ازتابع کواریانس. مجموعه مقالات اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، جلد دوم، صفحات ۶۷۸-۶۷۵.
۴. مرادی شهر بابک، م. ۱۳۸۰. تداوم شیردهی در گاوهاي شیری. مجله علوم کشاورزی ایران ۳۲: ۱۹۳-۲۰۲.
5. Ali, T.E. and L.R. Schaeffer. 1987. Accounting for covariances among test day milk yield in dairy cows. *Can. J. Anim. Sci.* 67:637-644.
 6. Anang, A., N. Mielenz and L. Schuler. 2002. Monthly model for genetic evaluation of laying hens. II. Random regression. *Br. Poult. Sci.* 384-390.
 7. Brotherstone, S., I.M.S. White and K. Meyer 2000. Genetic modelling of daily milk yield using orthogonal polynomials parametric curves. *Anim. Sci.* 70:407-415.
 8. Druet, T., F. Jaffrezic, D. Boichard and V. Ducrocq. 2003. Modeling lactation curves and estimation of genetic parameters for first lactation test-day records of French Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 86:2480-2490.
 9. Druet, T., F. Jaffrezic and V. Ducrocq. 2005. Estimation of genetic parameters for test day records of dairy traits in the first three lactations. *Genet. Selec. and Evol.* 37:257-271.
 10. Hammond, K. 1992. The new era in genetic improvement of livestock. PP. 1-12. In: K. Hammond, H.U. Graser and C.A. McDonald (Eds.), *Animal Breeding, the Modern Approach*. A Postgraduate Foundation Publication.
 11. Heringstad, B., Y.M. Chang, D. Gianola and G. Klemetsdal. 2003. Genetic analysis of longitudinal trajectory of clinical mastitis in first-lactation Norwegian cattle. *J. Dairy Sci.* 86:2676-2683.
 12. Jamrozik, J., G.J. Kistemaker, J.C.M. Dekkers and L.R. Schaeffer. 1997. Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analyses of test day yields. *J. Dairy Sci.* 80:2550-2556.
 13. Jamrozik, J. and L.R. Schaeffer. 1997. Estimation of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. *J. Dairy Sci.* 80:762-770.
 14. Jensen, J. 2001. Genetic evaluation of dairy cattle using test-day model. *J. Dairy Sci.* 84:2803-2812.
 15. Meyer, K. 2002. "RRGIBBS" – A program for simple random regression analyses via Gibbs sampling. In Proceedings of 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.
 16. Meyer, K. 2003. Random Regression Models for Analysis of Longitudinal Data in Animal Breeding. Technical notes, PP. 1-24.
 17. Meyer, K. 2005. Advances in methodology for random regression analyses. *Austr. J. Exp. Agric.* 45:847-858.
 18. Meyer, K. 2005. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. *Genet. Selec. and Evol.* 37:473-500.
 19. Meyer, K. and W.G. Hill. 1997. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or 'repeated records by restricted maximum likelihood. *Livestock Prod. Sci.* 47:185-200.
 20. Mostert, B.E., H.E. Theron, F.H.J. Kanfer and E. Van Marle-Koster. 2006. Test-day models for South African dairy cattle for participation in international evaluations. *Afr. J. Anim. Sci.* 36:58-70.
 21. Pool, M.H. 2000. Test-day models. Breeding value estimation based on individual test-day records. PhD thesis, department of genetics and reproduction, institute for animal science and health, The Netherlands.
 22. Pool, M.H. and T.H.E. Meuwissen. 2000. Reduction of the number of parameters needed for a polynomial random regression test day model. *Livestock Prod. Sci.* 64:133-145.
 23. Ptak, E. and L.R. Schaeffer. 1993. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. *Livestock Prod. Sci.* 34:23-34.
 24. Rekaya, R., M.J. Carabano and M.A. Toro. 1999. Use of test day yield for genetic evaluation of production traits in Holstein-Friesian cattle. *Livestock Prod. Sci.* 57:203-217.
 25. Schaeffer, L.R. 2004. Application of random regression models in animal breeding. *Livestock Prod. Sci.* 86:35-45.
 26. Schaeffer, L.R. and J.C.M. Dekkers. 1994. Random regression in animal models for test day production in dairy cattle. In. Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, NSW, Australia, 11-16 January 1994, Volume 18:443-446.
 27. Silvestre, A.M., F. Petim-Batista, and J. Colaco. 2005. Genetic parameter estimates of Portuguese dairy cows for milk, fat, and protein using a spline test-day model. *J. Dairy Sci.* 88:1225-1230.
 28. Simm, G. 1998. *Genetic Improvement of Cattle and Sheep*. Farming Press., UK.
 29. Strabel, T., T. Jankowski and J. Jamrozik 2006. Adjustment for heterogeneous herd-year variances in a random regression model for genetic evaluations of Polish Black and White cattle. *J. Appl. Genet.* 47:125-130.
 30. Tsvetanova, Y. 2004. Linear models for breeding value estimation of dairy cattle based on test day records. *Trakia J. Sci.* 3:65-69.
 31. Van Der Werf, J.H.J., M.E. Goddard and K.Meyer. 1998. The use of covariance functions random regressions for

- genetic evaluation of milk production based on test day records. *J. Dairy Sci.* 81:3300-3308.
32. Visscher, P.M. and W.G. Hill. 1992. Heterogeneity of Variance and dairy cattle breeding. *Anim. Prod.* 55:321-329.
33. White, I.M.S., R. Thompson and S. Brotherstone. 1999. Genetic and environmental smoothing of lactation curves with cubic splines. *J. Dairy Sci.* 82:632-638.
34. Wilmink, J.B.M. 1987. Adjustment of test-day milk, fat and protein yield for age, season and stage of lactation. *Livestock Prod. Sci.* 16:335-348.
35. Yang, R., L.R. Schaeffer and J. Jamrozik. 2004. Robust estimation of breeding values in a random regression test-day model. *J. Anim. Breed. and Genet.* 121: 221-228