

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

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

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

چکیده

در این تحقیق، تخمین پارامترها و ارزیابی ژنتیکی گاوهای 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 (فرزندان 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 پیش بینی شده گاوها با روش آماری بیزین (از طریق نمونه‌گیری گیبس با ۱۰۰۰۰۰ زنجیره با نرم افزار RRGIBBS) محاسبه شد. میانگین ارزش اصلاحی پیش بینی شده شیر ۳۰۵ روز برای گاوهای دارای رکورد برابر با ۵۲/۹۰ کیلوگرم ($P < 0/05$) بود. هم‌بستگی بین ارزش اصلاحی ماه‌های شیردهی با افزایش فاصله بین آنها کاهش نشان داد. بیشترین هم‌بستگی رتبه‌ای بین ماه‌های هشتم و نهم (۰/۹۹۸) و کمترین هم‌بستگی رتبه‌ای بین ماه‌های اول و دهم (۰/۳۱۲) بود. ارزش اصلاحی ماه‌های اول و ششم به ترتیب کمترین (۰/۵۵۳) و بیشترین (۰/۹۹۰) هم‌بستگی رتبه‌ای را با ارزش اصلاحی شیر ۳۰۵ روز داشت. روند ژنتیکی برآورد شده شیر ۳۰۵ روز بر حسب سال تولد گاوها ۱۷/۷۵ کیلوگرم در سال بود که به لحاظ آماری تفاوت معنی‌دار از صفر نداشت ($p \text{ value} = 0/165$).

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

مقدمه

هدف از اصلاح نژاد، بهبود ارزش ژنوتیپی دام برای صفاتی است که اهمیت اقتصادی دارند (۲۸). ارزش اصلاحی، ابزاری مناسب برای انتخاب حیوانات برتر به‌شمار می‌رود. حیواناتی حیواناتی که ژنوتیپ برتر را دارند برای ایجاد نسل بعد مورد انتخاب قرار می‌گیرند. فرزندان این حیوانات به‌طور 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 حداکثر رساندن سودآوری در کوتاه و بلند مدت انجام می‌گردد (۱۰). 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

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 پیش بینی 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 به‌شمار می‌رود (۲۰). ارزش اصلاحی حیوان باید تا حد امکان در زمان کوتاه‌تری پیش بینی شود تا از این طریق بتوان فاصله نسل را کاهش داد. به‌علاوه 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 مزبور بهتر از مدل‌های ۳۰۵ روز است که این امر ناشی از افزایش اطلاعات مورد استفاده در پیش بینی 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 به‌کار برده شده‌اند (۲۵).

مدل‌های تابعیت تصادفی اولین بار توسط هندرسون و هم‌چنین لیرد و ویر در سال ۱۹۸۲ معرفی و سپس توسط شیفر و دیگرز 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

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 مزبور 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 به‌دلیل 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 نظیر چند جمله‌ای لژاندر (Legendre polynomials) استفاده شده است (۷، ۸، 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 مزبور تأکید زیادی بر مشاهدات انتهایی (Extreme observations) می‌گذارند و این امر در مواقعی که مرتبه بالایی از برآزش 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 وایت 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

جدول ۱. مشخصات آماری رکوردهای مورد استفاده

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

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 مزبور مربوط به دوره اول شیردهی گاوهای بودند که در طی سال‌های ۱۳۸۴-۱۳۸۰ زایش داشتند. تعداد کل گله‌ها در فایل ارقام ۱۲۵ بود. داده‌های مزبور پس از چندین مرحله ویرایش (نظیر حذف گاوهای فاقد پدر یا مادر، حذف رکوردهای تکراری هر گاو برای هر ماه رکوردگیری) توسط نرم افزار بانک اطلاعاتی فاکس پرو بر روی داده‌های خام به دست آمد. میانگین تولید شیر روزانه $(\pm 6/47)$ ۲۸/۱۸ کیلوگرم و میانگین سن اولین زایش $(\pm 4/25)$ ۲۵/۷۴ ماه بود. در جدول ۱ برخی مشخصات آماری رکوردهای مورد استفاده ارائه شده است.

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 (۷، 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 مزبور عوامل محیطی عبارت از گله - سال رکوردگیری - ماه تولید - دفعات دوشش، زمان رکوردگیری، 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):

$$y = Xb + \Phi_A \alpha + \Phi_p \gamma + \varepsilon \quad [1]$$

امین گره (ثابت برای همه حیوانات)، p درجه برآزش تابع می‌باشد. تابع فوق برای هنگامی که درجه برآزش 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 بی‌زی، پارامترهای b ، α و γ به طور متوالی از توزیع کاملاً شرطی خود نمونه‌گیری می‌شوند. با فرض توزیع نرمال برای y و توزیع یک‌نواخت پیشین (Flat prior distribution) برای b ، 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 مزبور 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}

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 برآزش مدل، X ماتریس طرح مربوط به اثرات ثابت مدل، Φ_A ماتریس طرح حاوی کواریت‌های تعریف شده در تابع تکه‌ای برای ضرایب تصادفی ژنتیکی افزایشی و ماتریس طرح Φ_P حاوی کواریت‌های تعریف شده در تابع تکه‌ای برای ضرایب تصادفی محیط دائمی می‌باشند. در مدل مزبور مشاهدات دارای توزیع نرمال هستند و α ، γ و ϵ با یکدیگر هم‌بستگی ندارند. دیگر فرضیات مدل عبارت‌اند از:

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

$$\text{Var}(\alpha) = A \otimes K_A = G$$

$$\text{Var}(\gamma) = I_N \otimes K_R = R$$

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

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 Σ_ϵ ماتریس کواریانس محیطی موقت است. واریانس y عبارت است از (۱۶):

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

شکل 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):

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

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

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

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

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.

نتایج و بحث

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

$$K_A = \begin{bmatrix} ۱۲۴۱/۰۰ & -۲۸۴/۲۸ & ۲۱۶/۴۲ & -۷۲۹/۱۰ \\ & ۷۶/۲۰۷ & -۵۴/۴۶۷ & ۱۸۵/۸۶ \\ Symmetric & & ۶۵/۲۳۱ & -۱۴۵/۰۹ \\ & & & ۵۳۹/۶۲ \end{bmatrix}$$

ماتریس ضرایب C را می‌توان به ماتریس‌های $C_{S,S}$ ، $C_{S,s}$ ، $C_{s,s}$ و $C_{-s,-s}$ افزایش (Partitioning) نمود (۱۶). تعداد گره در تابع بی - اسپلاین از عواملی است که بر تعداد اجزای واریانس و کوواریانس 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 کوواریانس ژنتیکی و محیطی دائمی ۲۰ بود. افزون بر این، ماتریس کوواریانس محیطی موقت (Σ_E) در ۱۰ ماه شیردهی به صورت ناهمگن (Heterogeneous) (با کوواریانس برابر با صفر) فرض شد که در نتیجه آن، مجموع تعداد اجزای واریانس و کوواریانس 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

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

متغیر	تعداد رکورد	حداقل	حداکثر	میانگین	انحراف معیار
ارزش اصلاحی دختران	۳۸۴۲	-۱۷۸۳/۹۵	۱۵۹۷/۱۷	۵۲/۹۰	۴۴۴/۳۳
ارزش اصلاحی مادران	۳۵۲۱	-۱۱۵۷/۰۹	۱۲۱۰/۰۵	۲/۶۱	۲۵۰/۰۲
ارزش اصلاحی پدران	۴۶۶	-۱۰۳۱/۹۲	۱۷۱۵/۴۴	۱۰۲/۲۳	۴۸۴/۵۵
میانگین ارزش اصلاحی والدین	۳۹۸۷	-۸۳۷/۹۲	۱۰۷۰/۵۸	۵۲/۴۲	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 گاوهای 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 به‌طور معنی‌داری از میانگین گاوهای نر کمتر بود. میانگین ارزش اصلاحی دختران تقریباً نصف ارزش اصلاحی گاوهای نر بود. میانگین ارزش اصلاحی مادران تفاوت معنی‌دار 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 معنی‌دار آماری بین آنها وجود نداشت.

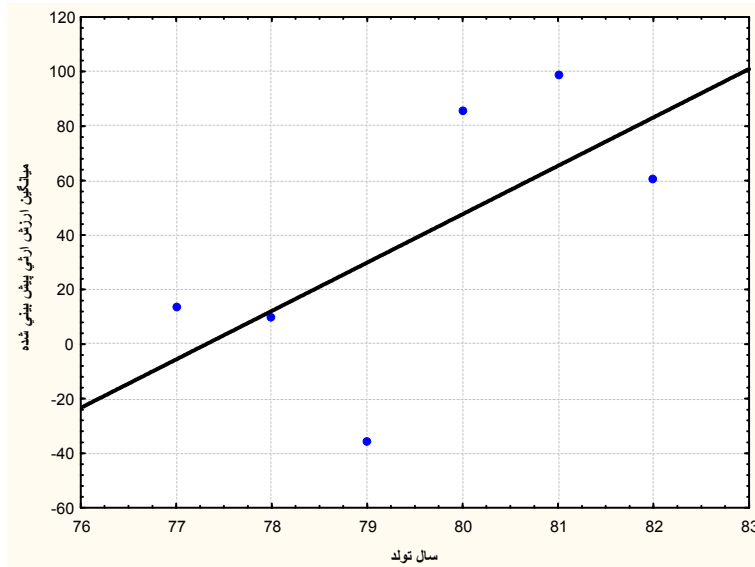
به‌طور کلی ارزش اصلاحی فرزند برابر است با مجموع میانگین ارزش‌های اصلاحی والدین و اثر نمونه‌گیری مندلی (Mendelian sampling) $(a_{\text{offspring}} = [(a_{\text{sire}} + a_{\text{dam}}) / 2] + MS)$. چون در سطح یک جمعیت اثر نمونه‌گیری مندلی میانگین صفر دارد از این‌رو میانگین ارزش اصلاحی فرزندان برابر با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

$$E(a_{\text{offspring}}) = \frac{1}{2}E(a_{\text{sire}} + a_{\text{dam}})$$

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 به‌دست آمده نشان داد که نیمه اول دوره شیردهی ۳۰۵ روز وراثت پذیری کمتر نسبت به نیمه دوم آن داشت که مشابه نتیجه به‌دست آمده توسط فرهنگ فر و رضائی (۳) در گاوهای هلشتاین ایران و دروت و همکاران (۸) در گاوهای هلشتاین فرانسه می‌باشد. به‌طور 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.

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



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

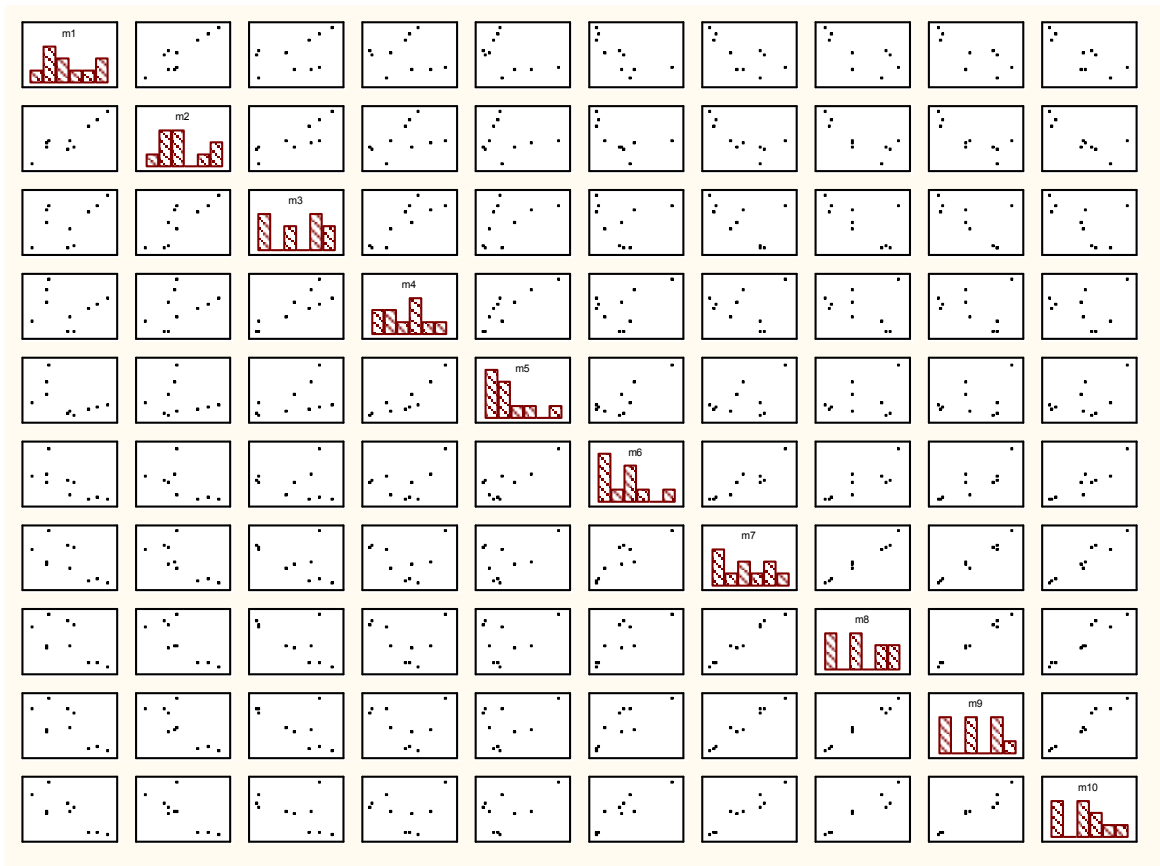
با ارزش اصلاحی بالا در گله‌ها شناسایی و با دقت زیاد نیز انتخاب شوند روند ژنتیکی مناسب را می‌توان در نسل‌های آینده انتظار داشت. افزون بر این، اگر از اسپرم‌های با کیفیت خوب نیز در تلقیح ماده‌ها استفاده شود می‌توان روند ژنتیکی مناسبی را در طول نسل‌ها انتظار داشت.

از عوامل مؤثر بر صحت پیش بینی ارزش اصلاحی حیوان می‌توان تعداد رکوردهای موجود برای هر حیوان، تعداد هم‌گله‌ای‌ها آن و وراثت پذیری را بر شمرده (۲۸). تحقیقات هم‌چنین وجود ناهمگنی واریانس بین گله‌ها را در سال‌های مختلف زایش نشان داده است (۲۹) به‌طوری که نادیده گرفتن آن موجب ارزیابی 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 مزبور (که دارای ۱۰ ستون و ۱۰ ردیف برای کل ۱۰ ماه شیردهی است) مشاهده می‌گردد که هم‌بستگی بین ماه‌های نزدیک به یکدیگر بیشتر از هم‌بستگی بین ماه‌های دور از هم بود که مشابه با روند به‌دست آمده در سایر تحقیقات (۳)، ۷، ۸ و ۹ 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 معنی‌دار نداشت. در مقایسه با جمعیت گاو هلشتاین ایران، روند ژنتیکی برآورد شده در تحقیق حاضر از مقدار گزارش شده توسط ساقی و همکاران (۲) کمتر ولی از عدد متوسط به‌دست آمده توسط دادپسند طارم‌سری و همکاران (۱) بیشتر بود. نمودار تابعیت خطی (Linear regression) روند ژنتیکی برآورد شده در شکل ۱ نشان داده شده است.

روند ژنتیکی به‌دست آمده در تحقیق حاضر گرچه مثبت و نسبتاً مناسب بود ولی معنی‌دار نبودن آن از لحاظ آماری به‌دلیل بالا بودن اشتباه معیار برآورد روند است که نشان می‌دهد میانگین ارزش اصلاحی نتاج متولد شده در بین سال‌های ۱۳۷۶-۱۳۸۳ 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 آزمون‌های ماهیانه (به ترتیب از سمت چپ به راست مستطیل‌ها مربوط به ماه‌های شیردهی ۱ تا ۱۰ می‌باشد).

دام‌های والد می‌تواند موجب کاهش فاصله بین دو نسل و در نتیجه افزایش میزان پیشرفت ژنتیکی گردد.

سپاسگزاری

داده‌های 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 می‌نمایند.

نشان دهنده این واقعیت است که در سطح ژنتیکی مقدار شیر در این بخش‌ها تقریباً مستقل از یکدیگر هستند (۹). به‌طور کلی، هنگامی که هم‌بستگی بین دو متغیر بالا است می‌توان ارزش اصلاحی یک متغیر را با دقت زیاد از روی رابطه خطی آن با دیگر متغیر به‌دست آورد. این امر می‌تواند دارای اهمیت زیاد در برنامه اصلاح نژاد گاو شیری باشد چون از طریق آن می‌توان انتخاب حیوانات را زودتر انجام داد و در نتیجه هزینه‌های پرورشی کاهش می‌یابد. انتخاب زود هنگام

منابع مورد استفاده

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

- محیطی ایران. اولین سمینار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، طیور و آبزیان کشور، صفحات ۲۸-۲۴.
۳. فرهنگ فر، ه. و ه. رضائی. ۱۳۸۳. برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای آزمون ماهیانه شیر در گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از تابع کواریانس. مجموعه مقالات اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، جلد دوم، صفحات ۶۷۸-۶۷۵.
۴. مرادی شهر بابک، م. ۱۳۸۰. تداوم شیردهی در گاوهای 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