نشریه علوم دامی
(پژوهش و سازندگی)

شماره ۱۰۳، تابستان ۱۳۹۳
ص‌ص: ۳۳~۴۲

مقایسه چندجمله‌ای‌های لژاندر در مدل رگرسیون تصادفی برای صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران

- **علی محمدی**
  دانش آموخته کارشناسی ارشد، دانشگاه تبریز
- **صادق علیجانی** (نویسنده مسئول)
  دانشیار، دانشگاه تبریز
- **اکبر تقی زاده**
  استاد، دانشگاه تبریز
- **مهدی بهلولی**
  دانشجوی دکتری، دانشگاه تبریز

تاریخ دریافت : شهریورماه ۹۱ تاریخ پذیرش : خرداد ماه ۹۲

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۹۴۶۳۷۱۸۴
Email: sad-ali@tabrizu.ac.ir

چکیده

در این تحقیق، جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی و مقایسه چندجمله‌ای‌های لژاندر در صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران از رکوردهای روزآزمون دوره شیردهی اول صفات مقدار تولید شیر، مقدار چربی، مقدار پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین شیر استفاده شد. این رکوردها از سال‌های ۱۳۸۵ تا ۱۳۸۹ توسط مرکز اصلاح نژاد کشور جمع‌آوری شده بود. پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش حداکثر درستنمائی محدود شده (REML) و مدل رگرسیون تصادفی با چندجمله‌ای‌های لژاندر درجه ۳ تا ۵ برآورد گردید. با توجه به نتایج حاصل، چندجمله‌ای لژاندر درجه ۵ برای برازش اثرات محیط دائمی و ژنتیکی افزایشی صفات مقدار تولید شیر، درصدهای چربی و پروتئین و چندجمله‌ای لژاندر درجه ٤ برای صفات مقادیر چربی و پروتئین شیر پیشنهاد شد. واریانس باقی‌مانده برای کل دوره شیردهی همگن در نظر گرفته شد. برای صفات مورد بررسی، حداکثر میزان واریانس محیط دائمی در اوایل دوره شیردهی و حداکثر میزان واریانس ژنتیکی افزایشی در اواخر دوره شیردهی برآورد گردید. میزان واریانس فنوتیپی صفات مورد بررسی در طول دوره شیردهی یکسان نبوده و در اوایل و اواخر دوره شیردهی مقدار آن بالاتر بود. حداقل میزان وراثت‌پذیری صفات مورد بررسی در اوایل دوره شیردهی بود. همبستگی ژنتیکی افزایشی بین روزهای شیردهی نزدیک به هم بیش از روزهای آزمون دور از هم بود. روند ژنتیکی تولید شیر در طول ۱۰ سال اخیر سیر صعودی را نشان داد، در حالیکه برای درصد چربی و درصد پروتئین شیر این روند کاهش یافت.

واژه‌های کلیدی: گاو شیری- مدل رگرسیون تصادفی-چندجمله‌ای‌های لژاندر - پارامترهای ژنتیکی - روند ژنتیکی.

Animal Sciences Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 103 pp: 33- 42

Comparison of Legendre polynomials in random regression model for production traits in Holstein dairy cattle of Iran

Ali Mohammadi[1], Sadegh Alijani[2], Akbar Taghizadeh[2] and Mehdi Buhloli[3]*

*1- M.S.C graduated of Genetics and Animal Breeding, University of Tabriz, Tabriz, Iran, 2- Members of scientific boards, department of Animal Science, University of Tabriz, Tabriz, Iran *Corresponding Author: Sadegh Alijani,E-mail:sad-ali@tabrizu.ac.irTel.: +989194637184 ,3- PhD Student, University of Tabriz,Iran.*

Received: September 2012 Accepted: June 2013

In order to estimate the genetic parameters and comparison legendre polynomials for production traits of Iranian Holstein dairy cattle test-day records of first lactation cows for milk yield, fat yield, protein yield, fat percentage and protein percentage traits were used. These records collected from 2006 to 2010, by the Animal Breeding center of Iran. The genetic parameters were estimated using REML algorithm by random regression model with legendre polynomials of order 3 to 5. According to the results, order 5 of legendre polynomials were proposed for fitting permanent environment and additive genetic effects for the milk yield, fat and protein percentages traits, and order 4 of legendre polynomials for the fat and protein yields. Residual variances were considered homogeneous over the lactation period. The Phenotypic variance of the considered traits during lactation was not constant and it was higher at the beginning and the end of lactation. Additionally, the estimated permanent environment variance was larger than genetic variances throughout the lactation. Estimates of heritability were found to be lowest during early lactation. The additive genetic correlation between lactation adjacent days were more than between distant test days. The genetic trend of milk yield was showed an increasing phase during the10 past years, while this genetic trend for fat and protein percentages declined.

Key words: Dairy cattle -Random regression model – Legendre polynomials - Genetic parameters - Genetic trend

مقدمه

استفاده از روش‌های مناسب ارزیابی گاوهای شیری منجر به افزایش دقت در انتخاب ژنتیکی حیوانات برای صفات تولیدی در کلیه کشورهایی شده است که برنامه‌های سازمان یافته اصلاح نژادی در آن‌ها دنبال می‌شود. روش‌های ارزیابی گاوهای شیری در چند دهه اخیر پیشرفت محسوسی را نشان داده است. از جمله این پیشرفت‌ها اجرای مدل‌های روزآزمون در ارزیابی‌های ژنتیکی گاوهای شیری است (Jensen, 2001). استفاده از رکوردهای روزآزمون یک مدل آماری دقیق را توسعه می‌دهد که می‌تواند تغییرات محیطی و ژنتیکی را برای رکوردهای روزآزمون محاسبه نماید (Kettunen, Mantysaari and Poso, 2000).

از مزایای استفاده از مدل‌های روزآزمون می‌توان به توانایی محاسبه اثرات محیطی برای هر روز آزمون، توانایی محاسبه روند شیردهی برای یک ژنوتیپ خاص و یا گروهی از حیوانات، عدم نیاز به استفاده از ضرایب تصحیح پیش از تجزیه رکوردها و امکان ارزیابی ژنتیکی برای تداوم تولید اشاره نمود (Jensen, 2001; Schaeffer 2004).

یک مدل مناسب برای آنالیز داده‌های تکرار شده در سنین مختلف (داده‌های تکرار شده در زمان) مدلی است که بتواند ساختار میانگین و (کو)واریانس را که در طول زندگی حیوان متغیر می‌باشد، در برآورد پارامترهای ژنتیکی مورد نیاز منظور نماید (Jamrozik, Schaeffer and Dekkers, 1997). مدل‌های تکرارپذیری و چند صفته از جمله مدل‌های روزآزمون یک مرحله‌ای هستند که پس از چندین سال استفاده جهت آنالیز رکوردهای روزآزمون اخیراً به دلایلی از جمله عدم توجه به بخشی از خصوصیات ژنتیکی صفات قابل رکوردگیری در طول زمان و ثابت فرض کردن واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی در سراسر دوره شیردهی، کمتر مورد استفاده قرار می‌گیرند (Abdullahpour, Moradi Shahrbabak, Nejati Javaremi, and Vaez Torshizi, 2010). مطالعات مختلف نشان می‌دهند که وراثت‌پذیری تولید شیر در روزهای مختلف شیردهی

تغییر می‌نماید، همچنین همبستگی‌های ژنتیکی بین داده‌های تکراری، با افزایش فاصله‌های زمانی بین آنها کاهش می‌یابد (Jamrozik et al, 1997; Jakobsen, Madsen, Jensen, Pedersen and Sorensen, 2002; Jensen, 2001).

بنابراین اگر از رکوردهای روزآزمون برای محاسبه تولید ۳۰۵-روز استفاده شود، نمی‌توان این تغییر را در ساختار (کو)واریانس منظور کرد. دوم اینکه این فرض که تولید ۳۰۵-روز در زایش‌های مختلف نیز یک صفت واحد می‌باشد، صحیح نبوده و ایراداتی مشابه موارد فوق بر آن وارد است. در بین مدل‌هایی که از رکوردهای روزآزمون برای برآورد پارامترهای ژنتیکی استفاده می‌کنند، مدل رگرسیون تصادفی به طور وسیعی افزایش صحت برآورد ارزش اصلاحی را نشان داده و امروزه در بسیاری از کشورها از این مدل برای ارزیابی‌های ژنتیکی استفاده می‌شود (Cobuci, Costa, Neto and Freitas, 2011). اگرچه مفهوم کلی رگرسیون تصادفی برای اولین بار توسط Henderson (1984) ارائه گردید، ولی استفاده از این مدل در ابتدا به دلایل متعددی از جمله عدم احساس نیاز در استفاده از این مدل توسط محققین مختلف به دلیل عدم آشنایی با مزایای استفاده از این مدل و از همه مهمتر، نبود امکانات جهت انجام محاسبات نسبتاً حجیم با استقبال روبرو نشد. Schaeffer و Dekkers در سال 1994، برای اولین بار استفاده از مدل رگرسیون تصادفی را در یک مدل خطی برای آنالیز رکوردهای روزآزمون پیشنهاد کردند (Jamrozik et al, 1997). مدل رگرسیون تصادفی به دلیل رفع نواقص مدل‌های ذکر شده و همچنین به دلیل توانایی در برآورد ساختار (کو)واریانس بین رکوردهای روزآزمون در تابعی از روزهای مد نظر، جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی امروزه بیشتر مورد استفاده قرار می‌گیرد (Schaeffer, 2004). به طور تئوری هر تابعی می‌تواند درمدل رگرسیون تصادفی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی به کار برده شود، لیکن چندجمله‌ای‌های لژاندر عمومیت بیشتری دارند. چند جمله‌ای‌های لژاندر، عموماً برای برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس به دلیل سهولت اجرا، خصوصیات همگرایی خوب و همچنین به دلیل اینکه هیچ فرضی در مورد شکل منحنی ندارند، برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی در گاو شیری مناسب می‌باشند (Krikpatrick, Lofsvold and Bulmer, 1990; Van der werf, Goddard and Meyer, 1997; Biassus, Cobuci, Costa, Rorato, Neto, Cardoso, 2011). در کل چندجمله‌ای‌های لژاندر برای برآورد پارامترهای صفات تولیدی شیر (از جمله مقدار شیر، چربی و پروتئین شیر، درصدهای چربی و پروتئین شیر) استفاده می‌شوند (Bignardi, El Faro, Cardoso, Machado, Albuquerque, 2009; Liu, Reinhart and Reents, 2001). (2008) Razmkabir, Moradi Shahrbabak, Mohammadi, Alijani, Pakdel and Nejati Javaremi (2012); Rafat, Taghizadeh and Buhloli، برخی پارامترهای ژنتیکی تولید شیر گاوهای هلشتاین را با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی برآورد نمودند. همچنین Moghadaszadeh Ahrabi, Pasha Eskandarinasab, Alijani and Mokhtar Ali Abbasi (2004) با استفاده از رکوردهای روزآزمون و مدل رگرسیون تصادفی، صفات تولید شیر و مقدار چربی یک گله گاو هلشتاین را مورد بررسی قرار دادند. از جمله اشکالات کلی برخی از این تحقیقات صورت گرفته می‌توان به حجم کم داده‌های مورد استفاده اشاره نمود که این خود نیز به دلیل نبود امکانات محاسباتی و نرم‌افزاری مناسب می‌باشد. هدف از این تحقیق مقایسه چندجمله‌ای‌های لژاندر در برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روزآزمون صفات تولیدی شیر، گاوهای هلشتاین ایران بوسیله مدل رگرسیون تصادفی با داده‌های نسبتاً زیاد و همچنین محاسبه روند ژنتیکی این صفات می‌باشد.

مواد و روش‌ها

رکوردهای روزآزمون صفات تولیدی شیر گاوهای شیری از مرکز اصلاح نژاد کشور تهیه شد. رکوردها برای گاوهای دوره اول شیردهی در دامنه‌ی سنی ۲۱ تا ۴۶ ماهگی برای سال‌های ۱۳۸۵ تا ۱۳۸۹، و در بازه زمانی بین ۵ تا ۳۰۵ روز شیردهی (DIM[1])، استخراج شد. علاوه بر این گاوهایی انتخاب شدند که تا قبل از روز ۹۰ دوره شیردهی حداقل یک رکورد روزآزمون داشتند، در مرحله بعد، رکوردهای تولید شیر در دامنه ۱/۵ تا ۷۰ کیلوگرم و درصد چربی در دامنه ۱/۵ تا ۹ درصد و درصد پروتئین ۱ تا ۷ درصد در فایل داده باقی ماندند و گاوهای شیری دارای بیش از ۵ رکورد روزآزمون، گله- سال دارای حداقل ۴ گاو شیرده، و ماده‌هایی که پدرشان بیش از ۵ نتاج داشتند، انتخاب شدند (Hammami, Rekik, Soyeurt, Ben Gara and Gengler, 2008). در نهایت تعداد رکوردهای روزآزمون برای مقدار شیر، مقدار چربی، مقدار پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین شیر به ترتیب به ۷۰۱۲۱۲، ۵۹۶۳۲۹، ۵۰۵۷۹۳، ۶۵۷۰۰۴ و ۵۶۰۷۷۵ مورد رسید. گاوها براساس فصل زایش در ۴ گروه و بر اساس سن در زمان زایش در ۶ گروه به ترتیب، زیر ۲۶ ماه، ۲۶ تا ۲۸، ۲۸ تا ۳۰، ۳۰ تا ۳۲، ۳۲ تا ۳۳ و بزرگتر از۳۳ ماه قرار گرفتند. اطلاعات مربوط به فایل شجره ازسال

[1] - Days in milk

۱۳۶۲ تا ۱۳۸۹ و کل حیوانات موجود در شجره ۱۰۹۷۴۵۹ مورد بود. آزمون معنی‌داری اثرات ثابت در نرم‌افزار SAS با استفاده از رویه GLM، صورت گرفت.

مدل حیوانی روزآزمون رگرسیون تصادفی مورد استفاده به صورت زیر بود (Lopez-Romero and Carabano, 2003):

$$y_{tijklm} = HTD_i + Yc_j + MT_k + \sum_{n=1}^{p} AS_{lmn}\,\Phi_n + \sum_{n=0}^{r} a_{mn}\,\Phi_n + \sum_{n=0}^{r} pe_{mn}\,\Phi_n + e_{tijklm}$$

که، y_{tijklm}، tاُمین رکورد روزآزمون در زیر گروه‌های گله-سال-ماه رکورد روزآزمون (HTD) iاُم، در سال گوساله زایی(Yc) jاُم (۱ تا ۵ =j) و دفعات دوشش(M) kاُم (k=2,3) مربوط به حیوان mاُم؛ nاُمین ضریب رگرسیون ثابت برای سن- فصل زایش AS_{mn}، lاُم (۱ تا ۶ =l) برای حیوان mاُم؛ a_{mn} و pe_{mn} به ترتیب nاُمین ضریب رگرسیون تصادفی اثر ژنتیک افزایشی و اثر محیط دائمی حیوان mاُم؛ p درجه برازش رگرسیون ثابت (۳ تا ۵=p)؛ r، تعداد درجات چندجمله‌ای‌های لژاندر مختلف (۳ تا ۵=r)؛ Φ_n، چندجمله‌ای‌های لژاندر nاُم برای روزtاُم مرتبط با حیوان mاُم؛ e_{tijklm}، اثرات تصادفی باقی‌مانده است.

برای محاسبه روند ژنتیکی صفات مورد بررسی از اثرات مربوط به ژنتیکی افزایشی که از جواب نهایی فایل داده مورد آنالیز استخراج شد، استفاده گردید. در نهایت میانگین ارزش اصلاحی حیوانات بر اساس سال تولد جهت محاسبه روند ژنتیکی تولید شیر و درصد چربی و درصد پروتئین شیر استفاده شد. برای آماده‌سازی داده‌ها از نرم‌افزارهای Visual FoxPro 9.0 و SAS 9.1 و استفاده گردید. برای آماده-سازی داده‌ها از نرم‌افزارهای Visual FoxPro 9.0 و SAS 9.1.3 و Pedigree (Sargolzae, 2002) استفاده شد. مؤلفه‌های واریانس با روش حداکثر درستنمایی محدودشده (REML) با استفاده از نرم-افزار REMLF90 (Misztal, Tsuruta , Strabel, Auvray , Druet and Lee , 2002) برآورد شدند. نمودارهای واریانس ژنتیکی افزایشی صفات مورد بررسی با استفاده از نرم‌افزار MATLABترسیم شدند.

مدل اسکالر فوق به شکل ماتریسی به این صورت نوشته می‌شود:

$$\mathbf{y=Xb + Qa + Zpe + e}$$

که y بردار مشاهدات، b بردار اثرات ثابت در مدل، a و pe به ترتیب بردار اثرات ژنتیک افزایشی و محیط دائمی، e بردار اثرات باقی‌مانده و X, Q و Z ماتریس‌های متناظر با ضرایب رگرسیون تصادفی و ثابت هستند. ساختار (کو)واریانس به این صورت تعریف شد (Jamrozik et al, 1997) :

$$\text{var}\begin{bmatrix}\mathbf{a}\\ \mathbf{pe}\\ \mathbf{e}\end{bmatrix}=\begin{bmatrix}\mathbf{G} & \mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0}\\ \mathbf{0} & & \mathbf{I}\sigma_p^2 & \mathbf{0}\\ \mathbf{0} & & \mathbf{0} & \mathbf{R}\end{bmatrix}$$

که در اینجا، G ماتریس کوواریانس ژنتیکی ضرایب رگرسیون تصادفی، علامت ضرب کرونکر، A ماتریس ضرایب خویشاوندی بین حیوانات، σ_p^2 واریانس اثرات محیط دائمی، I ماتریس واحد و R ماتریس قطری واریانس باقی‌مانده هستند.

برای محاسبه روز شیردهی استاندارد شده (d^*_t)، از رابطه زیر استفاده شد (Abdullahpour, Moradi Shahrbabak, Nejati Javaremi and Vaez Torshizi, 2010):

$$d^*_t = -1 + 2\left(\frac{d_t - d_{min}}{d_{max} - d_{min}}\right)$$

که(۵) d_{min} و(۳۰۵) d_{max} حداقل و حداکثر روزهای شیردهی و d_t، tاُمین روز شیردهی می‌باشند. برای tاُمین روز استاندارد شده شیردهی (d^*_t)، nاُمین چندجمله‌ای لژاندر $\Phi_{(D_i^*)i}$ به این صورت تعریف شد (Krikpatrick, Lofsvold, and Bulmer, 1990):

$$\Phi_{(D_i^*)i}=\frac{1}{2^i}\sqrt{\frac{2i+1}{2}}\sum_{m=0}^{i/2}(-1)^m\binom{i}{m}\binom{2i-2m}{i}(D_i^*)^{i-2m}$$

در این‌جا $i/2=(i-1)/2$ که i درجه چندجمله‌ای لژاندر و m تعداد شاخص مورد نیاز برای تعیین iاُمین چندجمله‌ای لژاندر است.

برای محاسبه وراثت‌پذیری روز مد نظر از رابطه زیر استفاده شد:

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

که $\sigma_a^2 = \mathbf{qGq}'$، $\sigma_{pe}^2 = \mathbf{qPq}'$ و σ_a^2، σ_{pe}^2 و σ_e^2 به ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی، واریانس محیط دائمی و واریانس باقیمانده می‌باشند. G و P به ترتیب ماتریس (کو) واریانس به دست آمده برای ضرایب رگرسیون تصادفی اثرات ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی حیوانات بوده و q نیز بردار چندجمله‌ای‌های روز مد نظر می‌باشد.

برای محاسبه همبستگی ژنتیکی بین روزهای مختلف شیردهی از فرمول

زیر استفاده شد:

$$r_g = \frac{Cov_{g(i,j)}}{\sqrt{Var_{g(i,i)} \times Var_{g(j,j)}}}$$

که $Cov_{g(i,j)}$، کواریانس ژنتیکی بین روز iام و jام؛ $Var_{g(i,i)}$ و $Var_{g(j,j)}$ به ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی روز iام و jام می‌باشند. تکرار برای رسیدن به همگرایی تا زمانی که مجموع مربعات تغییرات بین دو تکرار متوالی تقسیم بر آخرین مجموع مربعات به کمتر از 10^{-10} برسد ادامه یافت.

با استفاده از معیارهای *2Logl-*، *AIC*، *BIC* و *RV* بهترین تابع مشخص شد. مدلی که پایین‌ترین مقادیر معیارهای ذکر شده را به خود اختصاص داد، به عنوان مدل با دقت برازش بالا جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی شیر انتخاب شد.

$$AIC = -2Logl + 2k$$
$$BIC = -2Logl + klog(N - r(x))$$

که k، نشان دهنده تعداد پارامتر؛ N، تعداد مشاهدات؛ و $r(x)$، رنک ماتریس ضرایب اثرات ثابت در مدل می‌باشد (Lopez-Romero and Carabano, 2003; Takma and Akbas, 2009)

نتایج

مشخصه‌های آماری داده‌های مورد آنالیز، برای صفات مختلف به همراه تعداد حیوانات در گروههای مختلف در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱- اطلاعات آماری رکوردهای مقدار شیر، مقدار چربی، مقدار پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین و فایل شجره

اطلاعات	مقدار شیر(kg)	مقدار چربی(گرم)	مقدار پروتئین(گرم)	چربی ٪	پروتئین ٪
تعداد رکوردهای روزآزمون	۷۰۱۲۱۲	۵۹۶۳۲۹	۵۰۵۷۹۳	۶۵۷۰۰۴	۵۶۰۷۷۵
تعداد کل حیوانات رکورددار	۸۳۴۰۷	۷۳۹۴۷	۶۲۷۳۷	۷۹۸۵۶	۶۷۹۹۹
تعداد کل حیوانات	۱۹۹۹۰۳	۱۸۰۹۳۵	۱۵۳۹۳۸	۱۹۰۷۲۶	۱۶۲۵۵۵
تعداد گاو ماده دارای نتاج	۱۲۵۶۵۱	۱۱۴۳۱۱	۹۷۱۴۷	۱۱۹۶۶۱	۱۰۱۸۱۸
تعداد گاو نر دارای نتاج	۳۷۶۴	۳۶۰۵	۳۲۹۴	۳۷۰۴	۳۳۷۸
تعداد حیوانات بدون نتاج	۷۰۴۸۸	۶۳۰۱۹	۵۳۴۹۷	۶۷۳۶۱	۵۷۳۵۹
میانگین تولید	۳۰/۵۶±۷/۵۴۳	۱/۰۱۵±۰/۳۳۲	۰/۹۴۹±۰/۲۳۶	۳/۳۵±۱/۸۳	۳/۰۶±۱/۷۵
تعدادگله-سال-ماه رکوردگیری	۱۶۳۶۵	۱۴۷۱۴	۱۲۴۹۸	۱۶۰۲۹	۱۳۳۰۰
تعداد گله- سال زایش	۱۵۱۹	۱۳۵۳	۱۱۶۹	۱۴۶۳	۱۲۰۷

مقایسه درجات مختلف چندجمله‌ای لژاندر برای صفات مورد بررسی بوسیله معیارهای مختلف در جدول شماره ۲ ارائه شده است.

جدول ۲- مقایسه درجات مختلف چندجمله‌ای لژاندر بوسیله معیار 2Logl-، معیار اطلاعات آکایک (AIC)، معیار اطلاعات بیزی (BIC) و واریانس باقی‌مانده (RV)

صفت	مدل	تعداد پارامتر	-2Logl	AIC	BIC	RV
مقدار شیر	لژاندر (۳،۳)	۱۳	۴۵۵۹۷۸۰	۴۵۵۹۸۰۶	۴۵۵۹۸۵۶	۱۴/۴۹
	لژاندر (۴،۴)	۲۱	۴۵۵۴۹۷۳	۴۵۵۵۰۱۵	۴۵۵۵۰۹۵	۱۳/۲۲
	لژاندر (۵،۵)	۳۱	۴۵۴۷۴۱۳	۴۵۴۷۴۷۵	۴۵۴۷۵۹۴	۱۲/۴۴
مقدار چربی	لژاندر (۳،۳)	۱۳	۵۹۹۵۵۲	۵۹۹۵۷۸	۵۹۹۶۲۶	۰/۰۵۰
	لژاندر (۴،۴)	۲۱	۵۰۱۷۵۶	۵۰۱۷۹۸	۵۰۱۹۵۵	۰/۰۴۹
	لژاندر (۵،۵)	۳۱	۵۰۱۲۳۷	۵۰۱۲۹۹	۵۰۱۴۱۵	۰/۰۴۸
مقدار پروتیئن	لژاندر (۳،۳)	۱۳	۵۲۴۱۲۳	۵۲۴۱۴۹	۵۲۴۱۹۷	۰/۰۱۸
	لژاندر (۴،۴)	۲۱	۴۳۹۱۴۳	۴۳۹۱۸۵	۴۳۹۲۶۲	۰/۰۱۷

ادامه جدول ۲

	لژاندر (۵،۵)	۳۱	۴۳۹۰۷۵	۴۳۹۱۳۷	۴۳۹۲۵۱	۰/۰۱۶
درصد چربی	لژاندر (۳،۳)	۱۳	۱۷۸۶۴۸۶	۱۷۸۶۵۱۲	۱۷۸۶۵۶۱	۰/۴۲۵
	لژاندر (۴،۴)	۲۱	۱۷۴۵۹۷۶	۱۷۴۶۰۱۸	۱۷۴۶۰۹۷	۰/۴۱۱
	لژاندر (۵،۵)	۳۱	۱۷۲۳۶۱۲	۱۷۲۳۶۷۴	۱۷۲۳۷۹۲	۰/۴۰۳
درصد پروتئین	لژاندر(۳،۳)	۱۳	۴۸۴۱۵۸	۴۸۴۱۸۴	۴۸۴۲۳۲	۰/۰۶۴
	لژاندر (۴،۴)	۲۱	۴۸۲۸۵۴	۴۸۲۸۹۶	۴۸۲۹۷۴	۰/۰۶۱
	لژاندر (۵،۵)	۳۱	۴۸۰۵۹۳	۴۸۰۶۵۵	۴۸۰۷۷۰	۰/۰۵۸

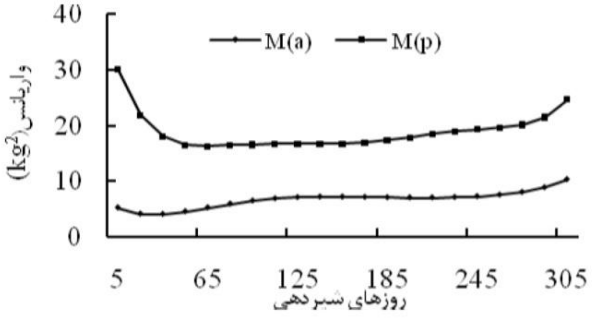
با توجه به مقادیر معیارهای مقایسه بدست آمده، مشخص شد چندجمله-ای لژاندر درجه (۵،۵) برای برازش اثرات محیط دائمی و ژنتیکی افزایشی، صفات مقدار تولید شیر، درصدهای چربی و پروتئین شیر دقت بالاتری دارد، به دلیل اینکه پایین‌ترین مقادیر معیارهای مقایسه مختلف (*-2Logl*، *AIC*، *BIC* و *RV*) را به خود اختصاص داد.

همچنین برای صفات مقادیر چربی و پروتئین شیر ملاحظه شد که بین چندجمله‌ای لژاندر (۴،۴) و (۵،۵) تفاوت چندانی وجود نداشت، بنابراین برای برازش پارامترهای ژنتیکی این صفات در نظر گرفتن چندجمله‌ای لژاندر (۴،۴) کافی می‌باشد. پارامترهای ژنتیکی صفات مورد بررسی بر اساس بهترین چندجمله‌ای لژاندر در مدل رگرسیون تصادفی پیشنهاد شده، برآورد گردیدند.

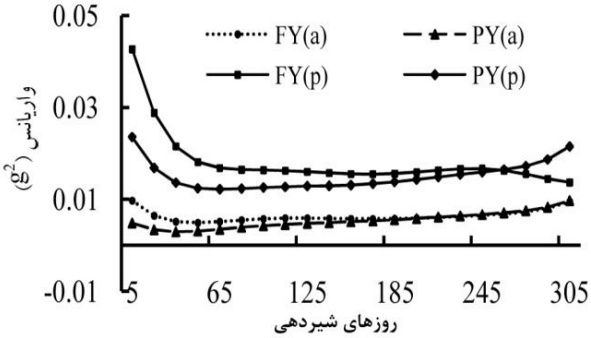
وراریانس‌های ژنتیک افزایشی و محیط دائمی برای مقدار شیر در شکل ۱-۱، مقدار چربی و مقدار پروتئین شیر در شکل ۱-۲ و درصد چربی و درصد پروتئین شیر در شکل ۱-۳ برای هر روز از دوره شیردهی، نشان داده شده است. واریانس ژنتیکی افزایشی در اوایل دوره شیردهی برای تمام صفات مورد بررسی پایین‌تر از واریانس محیط دائمی بدست آمد و بتدریج با ادامه شیردهی روند صعودی ناچیزی نشان داد. به دلیل این‌که بیشترین تغییرات تولید، در اوایل دوره شیردهی دیده می‌شود، همچنین به جهت اینکه در این دوره به لحاظ فیزیولوژیکی، حیوان در شرایط خاصی قرار می‌گیرد، لذا واریانس محیط دائمی در این دوره از شیردهی، بالا و بعد از افت آن (روز ۳۰ از دوره شیردهی)، روند تقریباً یکنواختی تا انتهای دوره برای صفات مورد بررسی مشاهده شد.

چنین نتایجی در مطالعات دیگر محققان (De Roose, Harbers and Jong, 2004; Costa, Melo, Pakcer, Teixeira and Cobuci, 2008; Cobuci, Costa, Neto, Freitas, 2011) نیز مشاهده شده است. تغییرات واریانس فنوتیپی صفات مختلف در تابعی از روزهای شیردهی در شکل ۲ نشان داده شده است.

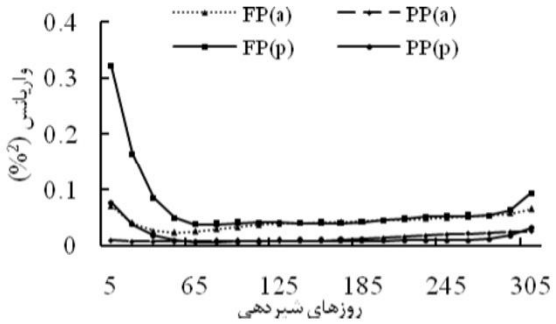
تغییرات رکوردهای روزآزمون مربوط به صفت تولید شیر، درصد چربی و درصد پروتئین در ابتدا و انتهای دوره شیردهی مشهود است ولی تغییرات مقادیر چربی و پروتئین تقریباً روند یکنواختی را تا انتهای دوره شیردهی نشان دادند این نتایج مطابق با نتایج بدست آمده بوسیله El Faro, Cardoso and Albuquerque (2008) و Moghaddaszade Ahrabi et al, (2004) می‌باشد.



شکل ۱-۱- واریانس‌های ژنتیک افزایشی (a) و محیط دائمی (p) مقدار تولید شیر (M) در تابعی از روزهای شیردهی

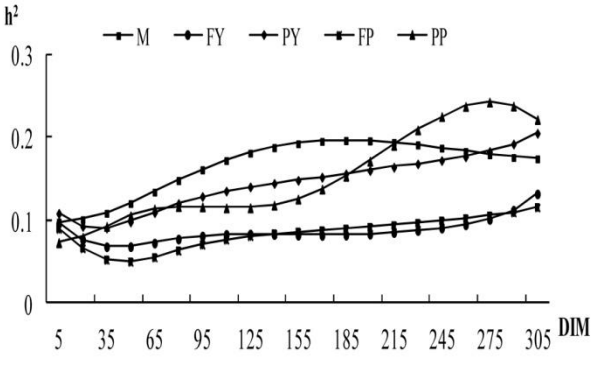


شکل ۱-۲- واریانس ژنتیک افزایشی (a) و محیط دائمی (p) برای مقدار چربی (FY) و مقدار پروتئین (PY) در تابعی از روزهای شیردهی

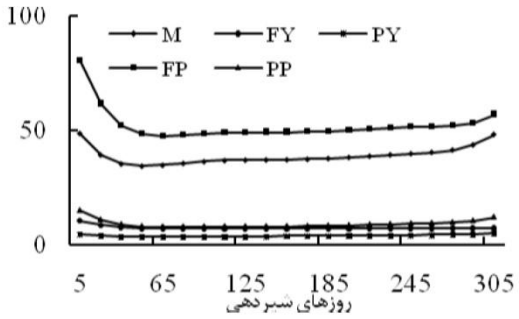


شکل ۱-۳- واریانس‌های ژنتیک افزایشی (a) و محیط دائمی (p) برای درصد چربی (FP) و درصد پروتئین (PP) در تابعی از روزهای شیردهی

با توجه به حجم بالای داده‌های مورد استفاده در این مطالعه و به دلیل زمان‌بر بودن محاسبات، واریانس باقی‌مانده برای کل دوره شیردهی همگن در نظر گرفته شد، که در بیشتر مطالعات در داده‌های گاو شیری به این صورت بوده است (Costa et al, 2008). وراثت‌پذیری صفات مختلف مورد بررسی در شکل ۳ نشان داده شده است. وراثت-پذیری صفات مورد بررسی در اوایل دوره شیردهی پایین‌تر از سایر مراحل شیردهی برآورد گردید. وراثت‌پذیری مقدار تولید شیر در ابتدای دوره شیردهی پایین‌ترین مقدار (۰/۰۹) و بالاترین میزان آن در ماه هفتم و هشتم از دوره شیردهی برآورد شد. همچنین برای درصد چربی و درصد پروتئین نیز وراثت‌پذیری برآورد شده در اوایل دوره شیردهی پایین (۰/۰۸ و ۰/۰۷ به ترتیب برای درصد چربی و درصد پروتئین) و بالاترین میزان آن در اواخر دوره شیردهی بدست آمد. میزان وراثت-پذیری مقدار تولید شیر نسبت به دیگر صفات بدون در نظر گرفتن میزان بالای وراثت‌پذیری درصد پروتئین در اواخر دوره شیردهی، بالاتر بدست آمد، که مطابق نتایج Swalve, (1995) بود.

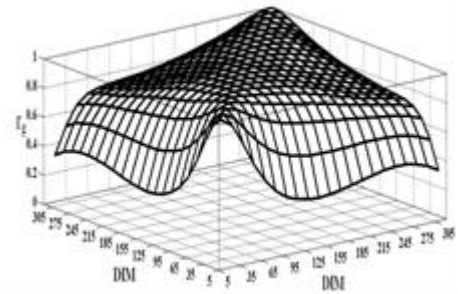


شکل ۳- برآورد وراثت‌پذیری تولید شیر (M)، مقدار چربی (FY)، مقدار پروتئین (PY)، درصد چربی (FP) و درصد پروتئین (PP)

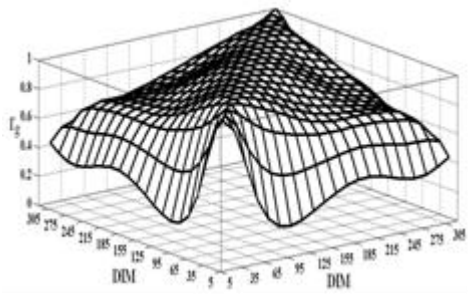


شکل ۲- واریانس‌های فنوتیپی مقدار تولید شیر (M)، مقدار چربی (FY ×۱۰۰)، مقدار پروتئین (PY ×۱۰۰)، درصد چربی (FP ×۱۰۰)، درصد پروتئین (PP ×۱۰۰) در طول دوره شیردهی

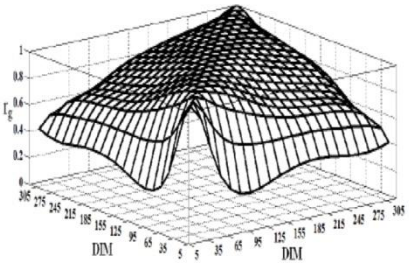
وراثت‌پذیری مقدار چربی و مقدار پروتئین نیز با توجه به پایین بودن آن-ها در اوایل دوره شیردهی (۰/۰۹ و ۰/۱۰ به ترتیب برای مقدار چربی و مقدار پروتئین شیر) در اواخر دوره شیردهی روند افزایشی را نشان دادند این نتایج، با نتایج دیگر محققان (Cobuci et al, 2011; Shadparvar and Yazdanshenas, 2005; Buhloli and Alijani, 2012; Jensen, 2001) مطابقت دارد. همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی بین روزهای مختلف شیردهی (اشکال ۴-۱ تا ۴-۵) برای صفت تولید شیر ۰/۴۶ تا ۱، درصد چربی ۰/۳۲ تا ۱، درصد پروتئین ۰/۲۱ تا ۱، مقدار چربی ۰/۲۹ تا ۱ و برای مقدار پروتئین ۰/۲۳ تا ۱ بدست آمد، که مطابق با نتایج Jakobsen et al, (2002) بود.



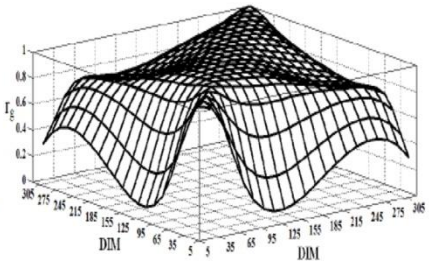
شکل ٤-۱- همبستگی ژنتیکی افزایشی تولید شیر در تابعی از روزهای شیردهی



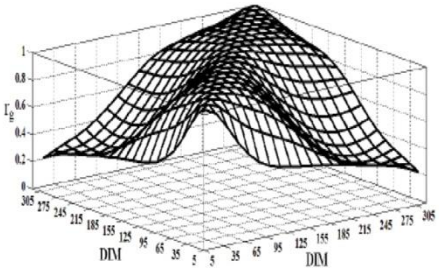
شکل ٤-۲- همبستگی ژنتیکی افزایشی مقدار چربی در تابعی از روزهای شیردهی



شکل ٤-۳- همبستگی ژنتیکی افزایشی مقدار پروتئین در تابعی از روزهای شیردهی



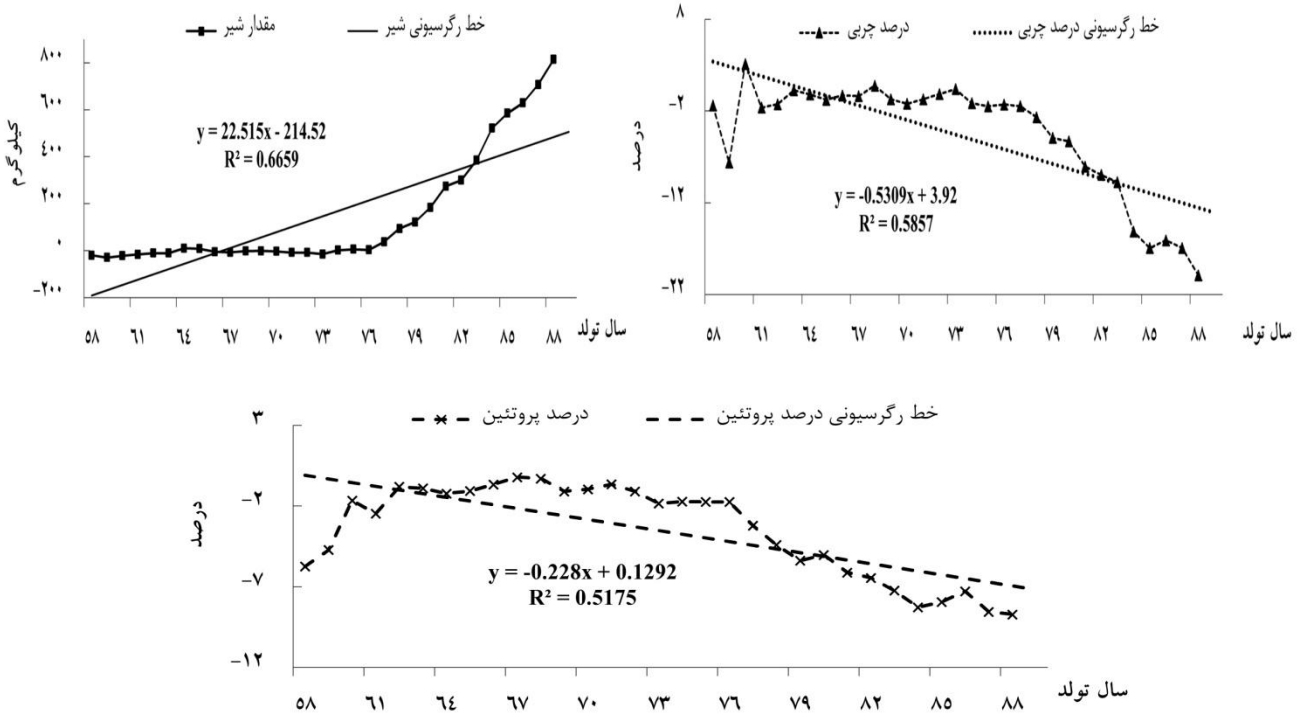
شکل ٤-٤- همبستگی ژنتیکی افزایشی درصد چربی در تابعی از روزهای شیردهی



شکل ٤-٥- همبستگی ژنتیکی افزایشی درصد پروتئین در تابعی از روزهای شیردهی

همبستگی ژنتیکی افزایشی بین روزهای شیردهی برای مقدار تولید شیر بالاتر از دیگر صفات بدست آمد. به طور کلی دامنه تغییرات همبستگی ژنتیکی افزایشی در روزهای مختلف شیردهی برای مقدار تولید شیر پایین‌تر از دیگر صفات بود. جهت ارزیابی تأثیر برنامه‌های اصلاحی در گذشته و آینده، لازم است که روند ژنتیکی در جمعیت‌های گاو شیری محاسبه شود.روند ژنتیکی مثبت برای مقدار تولید شیر و روند ژنتیکی منفی برای درصد چربی و درصد پروتئین شیر بر اساس سال تولد حیوانات مشاهده شد (شکل ۵).

این نشان دهنده بهبود روند تولید شیر در جمعیت گاوهای هلشتاین ایران می‌باشد که با نتایج Saheb Honar, Moradi Shahr Babak, Miraei Ashtiani and Sayaad Nejad, (2007); Abdullahpour, (2011), مطابقت دارد.



شکل ٥- روند ژنتیکی صفات مقادیر تولید شیر، درصدهای چربی و پروتئین شیر در تابعی از سال تولد حیوانات

بحث

با توجه به نتایج بدست آمده از مقادیر معیارهای مقایسه، مشخص شد که با افزایش درجه چندجمله‌ای لژاندر، دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی، افزایش یافت. مقادیر معیارهای مذکور برای صفات مورد بررسی با افزایش درجه چندجمله‌ای لژاندر کاهش یافت. کاهش RV، با افزایش درجات چندجمله‌ای به دلیل در نظر گرفتن عوامل محیطی بهتر در مدل می‌باشد، که مطابق با نتایج بدست آمده توسط Lopez-Romero Cobuci et al, (2011) ; et al, and Carabano, (2003) Biassus (2011) ; Takma and Akbas, (2009); بود. به لحاظ اینکه تغییرات تولید در اوایل دوره شیردهی بیشتر به اثرات محیط دائمی حیوان مربوط می‌شود و تفاوت بین حیوانات در این دوره مشهودتر است لذا واریانس محیط دائمی در این مرحله بالا برآورد شد. دلیل پایین بودن میزان وراثت‌پذیری در اوایل دوره شیردهی، بالا بودن میزان واریانس محیط دائمی در این مرحله از دوره شیردهی می‌باشد. با توجه به اینکه در ادامه دوره شیردهی واریانس ژنتیکی افزایشی روند صعودی را نشان داد لذا وراثت‌پذیری صفات مورد بررسی نیز به طبع آن سیر صعودی به خود گرفت. با توجه به اینکه مشاهده شد واریانس فنوتیپی در اوایل دوره شیردهی بالا بود، بدین معنی است که تغییرات زیادی در این بخش از دوره شیردهی وجود دارد و بدلیل اینکه سهم بیشتری از این واریانس به واریانس محیط دائمی مربوط می‌شود، لذا وراثت‌پذیری در اوایل دوره شیردهی پایین بدست آمد. با توجه به اینکه مدل رگرسیون تصادفی ساختار واریانس-کوواریانس داده‌های تکرار شده در طول زمان یا زندگی حیوان را در نظر می‌گیرد، لذا با این مدل مؤلفه‌های واریانس-کواریانس مجزایی برای روزهای مختلف شیردهی برآورد می‌شود که از آن می‌توان همبستگی ژنتیکی افزایشی بین روزهای مختلف را برآورد کرد. همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی برای روزهای آزمون نزدیک به هم بالا و با دور شدن روزهای آزمون از هم این همبستگی کمتر شد (Moghaddaszade Ahrabi et al, 2004). روند ژنتیکی منفی برای درصد چربی و درصد پروتئین در نتیجه تأکید بیشتر بر روی تولید شیر و توجه کمتر به درصدهای چربی و پروتیئن شیر در برنامه‌های انتخابی در سطح مزرعه در طول سال‌های گذشته و همچنین وجود همبستگی ژنتیکی منفی بین مقدار تولید شیر با درصدهای چربی و پروتئین شیر است (Abdullahpour et al, 2010).

نتایج مقایسه مدل‌های مختلف نشان داد که استفاده از چندجمله‌ای لژاندر درجه ۴ (برای برازش اثرات ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی) برای برآورد پارامترهای ژنتیکی گاوهای هلشتاین شکم اول مناسب می‌باشد. به لحاظ اینکه افزایش درجه برازش چندجمله‌ای‌های لژاندر نیاز به زمان و نیز نرم افزارهای محاسباتی قوی‌تری دارد و همچنین به دلیل اینکه سهم عمده تنوع در صفات تولید شیر در طول دوره شیردهی توسط چند جمله اول تابع لژاندر (۴ جمله اول) تبیین می‌گردد، لذا استفاده از این درجه برازش (چندجمله‌ای لژاندر درجه ۴) در مدل رگرسیون تصادفی پیشنهاد می‌شود.

تشکر و قدردانی

از مرکز اصلاح نژاد دام کشور به خاطر در اختیار قرار دادن داده‌های مورد نیاز تشکر و قدردانی می‌گردد.

منابع مورد استفاده

Abdullahpour, R., Moradi Shahrbabak, M., Nejati Javaremi, A. and Vaez Torshizi, R. (2010). Genetic analysis of daily milk, fat percentage and protein percentage of Iranian first lactation Holstein cattle. World Applied Sciences Journal, Vol, 10, No, 9, pp: 1040-1046.

Biassus, L.D.O., Cobuci, J.A., Costa, C.N., Rorato, P.R.N., Neto, J.B. and Cardoso, L.L. (2011). Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. Journal Revista Brasileira de Zootecnia, Vol, 40, No, 1, pp: 85-94.

Bignardi, A.B., El Faro, L., Cardoso, V.L., Machado, P.F. and Albuquerque, L.G.d. (2009). Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. Livestock Science, Vol, 123, pp: 1-7.

Bohlouli, M. and Alijani, S. (2012). Genotype by environment interaction for milk production traits in Iranian Holstein dairy cattle using random regression model. Livestock Research for Rural Development, Vol, 24, No, 7, p: 7.

Cobuci, J.A., Costa, C.N., Neto, J.B. and Freitas, A.F. (2011). Genetic parameters for milk production by using random regression models with different alternatives of fixed regression modeling. Revist Brasileira de Zootecnia, Vol, 40, No, 3, pp:557-567.

Costa, N.C., Melo, C.M.R.D., Pakcer, l.U.A.F.D., Teixeira, N.M. and Cobuci J.A. (2008). Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. Revist Brasileira de Zootecnia, Vol, 37, No, 4, pp: 602-608.

De Roos, A.P.W., Harbers, A.G.F. and Jong G. (2004). Random herd curves in a test-day model for milk, fat and protein production of dairy cattle in the Netherlands. Journal Dairy Science, Vol, 87, pp: 2693-2701.

El Faro, L., Cardoso, V.L. and Albuquerque, L.G.d. (2008). Variance component estimates applying random regression models for test-day milk yield in Caracu heifers (Bos taurus Artiodactyla, Bovidae). Genetics and Molecular Biology, Vol, 31, pp: 665-673.

Hammami, H. 2009. Genotype by Environment Interaction for Production Traits of Holsteins Using Two Countries as Model: Luxembourg and Tunisia. Ph.D. Thesis, Animal Science Unit, Gembloux Agricultural University, Gembloux, Belgium.

Henderson, C.R. (1984). Application of linear models in animal breeding. University of Guelph, Canada.

Jakobsen, J.H.P., Madsen, J., Jensen, J., Pedersen, L.G. and Sorensen, D.A. (2002). Genetic Parameters for Milk Production and Persistency for Danish Holsteins Estimated in Random Regression Models using REML. Journal Dairy Science, Vol, 85, pp:1607-1616.

Jamrozik, J., Schaeffer, L.R. and Dekkers, J.C.M. (1997). Genetic Evaluation of Dairy Cattle Using Test Day Yields and Random Regression Model. Journal of Genetics and Animal Breeding, Vol, 80, pp: 1217-1226.

Jensen, J. (2001). Genetic Evaluation of Dairy Cattle Using Test-Day Models. Journal of Dairy Science, Vol, 84, pp: 2803-2812.

Kettunen, A. and Mantysaari, E A, Poso J. (2000). Estimation of genetic parameters for daily milk yield of primiparous Ayrshire cows by random regression test-day models. Livestock Production Science, Vol, 66, pp: 251-261.

Krikpatrick, M, Lofsvold, D. and Bulmer, M. (1990). Analysis of the inheritance, selection and evaluation of growth trajectories. Genetics, Vol, 124, pp: 979-993.

Liu, Z, Reinhart, F. and Reents, R. (2001). Application of a random regression model to genetic evaluations of test day yields and somatic cell scores in dairy cattle. Interbull Bulletin No, 26, pp: 159-166.

Lopez-Romero, P. and Carabano, M.J. (2003). Comparing alternative random regression models to analyses first lactation daily milk yield data in Holstein–Friesian cattle. Journal Livestock Production Science. Vol, 82, pp: 81-96.

Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T., Lee, D.H. (2002). BLUPF90 and related programs (BGF90), Proc, 7th WCGALPP, Montpellier, France. CD-ROM Communication, 28: 07.

Moghaddaszadeh Ahrabi, S., Pasha Eskandarinasab, M., Alijani, S. and Abbasi, M.A. (2004). Genetic Evaluation of a Holstein Dairy Cattle herd for milk and fat yield traits using test day records and Random Regression Model.1th congress on animal science and aquaculture Iran.(In Farsi)

Mohammadi, A., Alijani, S., Rafat, S.A., Taghizadeh, A. and Buhloli, M (2012). Comparison of Fitting Performance of Polynomial Functions in Random Regression Model for Test Day Milk Yield in of Iranian Holstein Dairy Cattle. Research on Animal productions 6, pp: 46-63. (In Farsi)

Razmkabir, M., Moradi Shahrbabak, M., pakdel, A. and Nejati Javaremi, A. (2008). Estimation of genetic parameters for milk production test day records in dairy cattle. 3th Iranian congress on animal science.(In Farsi)

Sahebhonar, M., Moradi Shahr Babak, M., Miraei Ashtiani, S.R. and Sayaadnejad, M.B. (2010). Estimation of genetic trends and factors affecting production traits in Iranian Holstein Cattle. Journal of Animal Science Iran, period 41, pp: 173-184.(In Farsi)

Sargolzae, M.(2002).Pedigree, user guide.Department of animal and genetic, Animal Science Research institute. Karaj. Iran.

SAS Institute Inc.(2003). SAS 9.1.3 Help and Documentation, Cary, NC: SAS Institute Inc.

Schaeffer, L.R. (2004). Application of random regression models in animal breeding. Journal Livestock Production Science, Vol, 86, pp: 35-45.

Schaeffer, L.R. and Dekkers, J.C.M. (1994). Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. Proc. 5th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. Guelph, Ontario, kCanada, pp :443-446.

Shadparvar, A.A. and Yazdanshenas, M.S. (2005). Genetic parameters of milk yield and milk fat percentage test day records of Iranian Holstein cows. Journal Animal Science, Vol, 9, pp:1231-1236.

Swalve, H.H. (1995). The effect of test day models on the estimation of genetic parameters and breeding values for dairy traits. Journal Dairy Science, Vol, 78, pp: 929-938.

Takma, C. and Akbas, Y. (2009). Comparison of Fitting Performance of Random Regression Models to Test Day Milk Yields in Holstein Friesians. Journal Kafkas University Veterinary Fakultesi Dergisi. Vol, 15, No, 2, pp: 261-266.

Van der werf, J.H.J., Goddard, M.E. and Meyer, k. (1998). The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. Journal Dairy Science, Vol,81,pp:3300-3308.