Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Research on Animal Production, Vol. 15, Issue 4, 2024 p: 70-82

OPEN ACCESS

Research Paper

Estimation of Genetic Parameters of the Feed Efficiency Trait using the Random Regression Model in Dairy Cows

Fatemeh Ala Noshahr[1], Reza Seyedsharifi[2], Jamal Seifdavati[3], Nemat Hedayat-Evrigh[3]

1- Postdoctoral Researcher, Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran
2- Professor, Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil. Iran, (Corresponding author：reza_seyedsharifi@yahoo.com)
3- Professor, Department of Animal Sciences, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran

Received: 21 April, 2024 Accepted: 12 August, 2024

Extended Abstract

Background: With the increase in feed costs and the environmental impacts becoming more apparent, the global population growing, and a greater focus on sustainability, methods for improving the efficiency of converting feed into milk in dairy cows have become increasingly important. An efficient cow is one that consumes less feed for the same amount of milk and milk solids it produces, and remains healthy and fertile. This makes it possible to reduce costs without reducing production. Through technological advances, accurate measurements of feed efficiency traits, such as dry matter intake, body weight, residual feed intake, and milk composition, have become readily available. Therefore, this study aimed to estimate the genetic parameters of the feed efficiency trait and potential selection strategies for incorporating this economic trait into breeding programs.

Methods: In the present study, 35,478 records of dry matter intake (DMI), 36,353 records of energy-modified milk (ECM), 27,896 records of metabolic body weight (MBW), and 24,508 records of residual feed intake (RFI) from 5,123 first lactation Holstein cows from the National Breeding Center during 2008 to 2018 were used. In addition, cows with a first calving age greater than 40 months were excluded from the analysis. The pedigree file included information for up to 10 generations for the phenotyped cows, resulting in a pedigree file with 9,471 animals, of which 978 and 3,577 were sires and dams, respectively. Phenotypic data recorded from 5 to 305 DIM were used to create biweekly lactation (Bi-WL) groups by dividing DMI into 14 (total 21 Bi-WL classes). The main data were collected in the form of daily (DMI and MBW), weekly (ECM and MBW) and monthly (MBW) records. Therefore, animals should have at least two records for DMI, ECM and MBW in a given Bi-WL. Heritability, variance components and genetic correlations between lactation weeks were calculated during the lactation period using a random regression model. In order to estimate the covariance between traits, a two-trait random regression animal model was used. Homogeneous residual variances were considered for the two-trait analysis, to enable convergence of the results. Both single and two-trait models were analyzed using the AIREML algorithm by WOMBAT. Also, correction values for the random regression coefficients were implemented using the BLUP method by BLUPF90.

Results: Heritability estimates ranged from 0.17 to 0.41 for dry matter intake, 0.28 to 0.45 for energy-corrected milk, 0.48 to 0.78 for metabolic body weight, and 0.1 to 0.2 for residual feed intake. Heritability estimates for RFI were moderate, ranging from 0.2 in the first Bi-WL class to 0.13 in the last Bi-WL class with minimal heritability in Bi-WL classes 14 and 15 (0.1). Variation between lactation stages for RFI was also observed. Genetic correlations for RFI ranged from 0.26 to 0.99. The lowest correlations were observed between mid-lactation (Bi-WL classes 5 to 11; approximately 70 to 154 DIM) and late lactation (Bi-WL classes 12 to 21; approximately 168 to 305 DIM). Intratrait genetic correlations were strongest between closely spaced weeks of lactation for all traits studied. Genetic correlations between RFI and MBW ranged from 0.64 in early lactation to -0.45 in late lactation. Analysis of the proportion of bulls sharing the top 10% throughout lactation indicated that bulls with the highest ranking for RFI in mid-lactation were likely to remain among the top bulls throughout the rest of lactation. Also, the post-peak lactation period, i.e. days 140 to 226 of lactation (Bi-WL class 10 to 19), could be a good framework for selecting for feed efficiency traits.

Conclusion: To assess the effects of DMI, ECM, and MBW when selecting for RFI, the mean EBV for all traits was used, based on the top 10% of bulls for RFI. The EBV values from the top 10% of bulls for RFI were 2.79 standard deviations below the population mean, indicating that a

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]

[DOI: 10.61186/rap.15.4.70]

Copyright ©2024 Ala Noshahr et al. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 Unported License which allows users to read, copy, distribute and make derivative works for non-commercial purposes from the material, as long as the author of the original work is cited properly.

reduction in RFI (increase in efficiency) would be expected in the population if these animals were selected. Selection based on RFI favors animals with lower RFI values. Negative RFI values indicate that the animal is consuming less feed than expected based on production and other moderating factors. The estimated genetic correlations between traits over time suggest that potentially different metabolic mechanisms are active between lactation stages. Given the changes in these correlations over the lactation period, it is important to consider different lactation stages separately and to model all traits simultaneously in a selection program. Understanding the relationship between DMI, MBW, ECM, RFI and traits such as energy balance and body condition score is important for an integrated and successful approach to breeding for FE traits. Also, animals with high genetic potential for production tend to consume more feed to meet their high production needs. The aim of addressing feed use inefficiency is a potential way to improve farm efficiency while reducing producer costs.

Keywords: Dairy Cows, Dry Matter Intake, Energy Corrected Milk, Feed Efficiency, Metabolic Body Weight, Residual Feed Intake

How to Cite This Article: Ala Noshahr, F., Seyedsharifi, R., Seifdavati, J., & Hedayat-Evrigh, N. (2024). Estimation of Genetic Parameters of the Feed Efficiency Trait using the Random Regression Model in Dairy Cows. *Res Anim Prod,* 15(4), 70-82. DOI: 10.61186/rap.15.4.70

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]

[DOI: 10.61186/rap.15.4.70]

مقاله پژوهشی

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت بازده خوراک با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی در گاوهای شیری

فاطمه علاء نوشهر[۱]، رضا سید شریفی[۲]، جمال سیف دواتی[۳] و نعمت هدایت ایوریق[۳]

۱- پژوهشگر پسا دکتری، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران
۲- استاد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران، (نویسنده مسوول: reza_seyedsharifi@yahoo.com)
۳- استاد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۲/۰۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۵/۲۲
صفحه ۷۰ تا ۸۲

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: با افزایش هزینه‌های خوراک و آشکارتر شدن اثرات زیست محیطی، افزایش جمعیت جهانی و تمرکز بیشتر بر پایداری، روش‌های بهبود بازده تبدیل خوراک گاوهای شیری به شیر، اهمیت فزاینده‌ای یافته است. گاو کارآمد گاوی است که به‌همان میزان که شیر و مواد جامد شیر تولید می‌کند، غذای کمتری مصرف کرده و سالم و بارور می‌ماند. بنابراین، امکان کاهش هزینه‌ها بدون کاهش تولید فراهم می‌شود. از طریق پیشرفت‌های فناوری، اندازه‌گیری دقیق صفات مربوط به بازده خوراک، مانند مصرف ماده خشک، وزن بدن، مصرف خوراک باقیمانده و ترکیبات شیر به‌راحتی در دسترس قرار گرفته است. لذا این پژوهش با هدف برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت بازده خوراک و استراتژی‌های انتخاب بالقوه برای گنجاندن این صفت اقتصادی در برنامه‌های اصلاح نژادی، انجام گرفت.

مواد و روش‌ها: در مطالعه حاضر از ۳۵۴۷۸ رکورد مصرف ماده خشک (DMI)، ۳۶۳۵۳ رکورد شیر اصلاح شده با انرژی (ECM)، ۲۷۸۹۶ رکورد وزن متابولیک بدن (MBW) و ۲۴۵۰۸ رکورد مصرف خوراک باقیمانده (RFI) از ۵۱۲۳ گاو هلشتاین اولین دوره شیردهی طی سال‌های ۲۰۰۸ تا ۲۰۱۸ مرکز اصلاح نژاد کشور استفاده شد. علاوه بر این، گاوهایی با اولین زایش بیش از ۴۰ ماه از تجزیه و تحلیل حذف شدند. فایل شجره شامل اطلاعات تا ۱۰ نسل برای گاوهای فنوتیپ شده بود که در نتیجه فایل شجره‌ای با ۹۴۷۱ حیوان ایجاد شد که از این تعداد ۹۷۸ و ۳۵۷۷ حیوان به‌ترتیب پدر و مادر بودند. داده‌های فنوتیپی ثبت شده از ۵ تا ۳۰۵ DIM برای ایجاد گروه‌های دوهفته‌ای شیردهی (Bi-WL) از تقسیم DMI به ۱۴(در مجموع ۲۱ کلاس Bi-WL)استفاده شد. داده‌های اصلی در قالب رکوردهای روزانه (DMI و MBW)، هفتگی (ECM و MBW) و ماهانه (MBW) جمع‌آوری شدند. بنابراین، حیوانات باید حداقل دو رکورد برای DMI، ECM و MBW در Bi-WL معین داشته باشند. وراثت‌پذیری، مؤلفه‌های واریانس و همبستگی‌های ژنتیکی بین هفته‌های شیردهی در طول دوره شیردهی با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی محاسبه شد. به‌منظور برآورد کوواریانس بین صفات از مدل حیوانی رگرسیون تصادفی دو صفتی استفاده شد. واریانس‌های باقیمانده همگن برای تجزیه و تحلیل دو صفتی در نظر گرفته شد، تا همگرایی نتایج را ممکن کند. هر دو مدل تک و دو صفتی با استفاده از الگوریتم AIREML توسط WOMBAT تجزیه و تحلیل شدند. همچنین ارزش‌های اصلاحی برای ضرایب رگرسیون تصادفی با استفاده از روش BLUP توسط BLUPF90 اجرا شد.

یافته‌ها: برآوردهای وراثت‌پذیری از ۰/۱۷ تا ۰/۴۱ برای مصرف ماده خشک، ۰/۲۸ تا ۰/۴۵ برای شیر تصحیح شده با انرژی، ۰/۴۸ تا ۰/۷۸ برای وزن متابولیک بدن و ۰/۱ تا ۰/۲ برای مصرف خوراک باقیمانده متغیر بود. برآوردهای وراثت‌پذیری برای RFI متوسط بود، از ۰/۲ در اولین کلاس Bi-WL تا ۰/۱۳ در آخرین کلاس Bi-WL با حداقل وراثت‌پذیری در کلاس‌های ۱۴ و ۱۵ Bi-WL (۰/۱). تغییرات بین مراحل مختلف شیردهی برای RFI نیز مشاهده شد. همبستگی‌های ژنتیکی برای RFI از ۰/۲۶ تا ۰/۹۹ متغیر بود. کمترین همبستگی بین اواسط شیردهی (کلاس ۵ تا ۱۱ Bi-WL؛ تقریباً ۷۰ تا ۱۵۴ DIM) و اواخر شیردهی (کلاس ۱۲ تا ۲۱ Bi-WL؛ تقریباً ۱۶۸ تا ۳۰۵ DIM) مشاهده شد. همبستگی‌های ژنتیکی درون صفتی بین هفته‌های شیردهی که نزدیک به‌هم بودند، برای تمام صفات مورد مطالعه قوی‌تر بود. همبستگی ژنتیکی بین RFI و MBW از ۰/۶۴ در اوایل شیردهی تا ۰/۴۵- در اواخر شیردهی متغیر بود. آنالیز نسبت گاوهای نر مشترک برای ۱۰ درصد بالا در طول شیردهی نشان داد که گاوهای نری که بالاترین رتبه را برای RFI در اواسط شیردهی دارند، احتمالاً در بین گاوهای نر برتر در سایر مقاطع شیردهی باقی بمانند. همچنین دوره بعد از اوج شیردهی یعنی روزهای ۱۴۰ تا ۲۲۶ شیردهی(کلاس ۱۰ تا ۱۹ Bi-WL) می‌تواند چارچوب خوبی برای انتخاب صفات بازده خوراک باشد.

نتیجه‌گیری: برای ارزیابی تأثیرات DMI، ECM و MBW هنگام انتخاب برای RFI، میانگین EBV برای همه صفات، بر اساس ۱۰ درصد گاوهای نر برتر برای RFI استفاده شد. مقادیر EBVها از ۱۰ درصد گاوهای نر برتر برای RFI دارای ۲/۷۹ انحراف استاندارد کمتر از میانگین جمعیت بود، که نشان می‌دهد در صورت انتخاب این حیوانات، کاهش RFI (افزایش کارایی) در جمعیت انتظار می‌رود. انتخاب بر اساس RFI به‌نفع حیوانات با مقادیر RFI پایین‌تر است. مقادیر منفی RFI نشان می‌دهد که حیوان بر اساس تولید و سایر عوامل تعدیل، خوراک کمتری از حد انتظار مصرف می‌کند. همبستگی‌های ژنتیکی برآورد شده بین صفات در طول زمان نشان می‌دهد که مکانیسم‌های متابولیکی بالقوه متفاوتی بین مراحل شیردهی فعال هستند. با توجه به تغییرات این همبستگی‌ها در طول دوره شیردهی، مهم است که مراحل مختلف شیردهی را به‌طور جداگانه در نظر بگیریم و در یک برنامه انتخابی همه صفات را به‌طور همزمان وارد مدل نمائیم. درک رابطه بین DMI، MBW، ECM، RFI و صفاتی مانند تعادل انرژی و امتیاز وضعیت بدن برای یک رویکرد یکپارچه و موفق، جهت اصلاح نژاد صفت FE مهم است. همچنین حیوانات با پتانسیل ژنتیکی بالا برای تولید، تمایل به مصرف غذای بیشتری برای برآوردن نیازهای تولیدی بالای خود دارند. هدف از توجه به ناکارآمدی استفاده از خوراک، یک روش بالقوه برای بهبود کارایی مزرعه و در عین حال کاهش هزینه‌های تولیدکننده است.

واژه‌های کلیدی: بازده خوراک، شیر اصلاح شده با انرژی، گاو شیری، مصرف ماده خشک، مصرف خوراک باقیمانده، وزن متابولیک بدن

مقدمه

با گسترش جمعیت جهانی و افزایش آگاهی مصرف‌کنندگان از شیوه‌های تولید دام، اهمیت تولید پایدار در صنایع شیری به‌طور فزاینده‌ای مورد تأکید قرار گرفته است. بهبود کارایی خوراک یکی از راه‌های افزایش پایداری و کاهش اثرات زیست‌محیطی مزارع شیری است. بهره‌وری خوراک به‌عنوان توانایی گاو برای تبدیل خوراک به شیر تعریف می‌شود. بنابراین، گاو کارآمد، گاوی است که در عین حفظ تولید شیر، خوراک کمتری مصرف کند. خوراک یک هزینه عمده در صنایع شیری است و بیش از نیمی از کل هزینه پرورش را تشکیل می‌دهد. مطالعات پیشین نشان داده‌اند که انتخاب برای بهبود بازده خوراک (FE) مستقیماً بر سود تولیدکنندگان،

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]
[DOI: 10.61186/rap.15.4.70]

هزینه‌های مزرعه، بازده عملیاتی آن و در نتیجه پایداری بلندمدت صنعت شیری تأثیر می‌گذارد (Tempelman *et al.*, 2015).

بازده خوراک را می‌توان با استفاده از روش‌های مختلف تخمین زد. به‌طور خلاصه، همه روش‌ها مقدار خوراک مصرفی، مقدار انرژی مورد نیاز برای حفظ عملکرد متابولیک پایه و مقدار شیر تولید شده را در نظر می‌گیرند (Connor, 2015). در این زمینه، اندازه گیری FE را می‌توان در دو دسته قرار داد: صفات اصلی و صفات باقیمانده (یا رگرسیون). صفات اصلی شامل صفاتی مانند ضریب تبدیل خوراک و بازده تبدیل خوراک می‌باشند. نسبت تبدیل خوراک مربوط به رشد است و معمولاً به‌صورت نسبت متوسط دریافت روزانه به میانگین افزایش روزانه اندازه‌گیری می‌شود. با توجه به ناکارآمدی آن برای محاسبه جذب انرژی اضافی (به‌عنوان مثال، تولید شیر)، نسبت تبدیل خوراک به‌طور کلی برای حیوانات شیری استفاده نمی‌شود (Berry & Crowley, 2013). بازده تبدیل خوراک به‌عنوان شاخص بهتر FE برای حیوانات شیری پیشنهاد شده است، زیرا واحدهای تولید را به‌ازای هر واحد خوراک مصرفی در نظر می‌گیرد.

در زمینه انتخاب ژنتیکی برای FE، رکوردهای دقیقی از مصرف ماده خشک (DMI) مورد نیاز است (Brito *et al.*, 2020). با این‌حال، به‌دست آوردن سوابق DMI پر هزینه و زمان‌بر بوده و گنجاندن این صفت در برنامه‌های اصلاح‌نژادی، انتخاب را چالش برانگیز نموده است. معیارهای مختلفی از EF به‌عنوان صفات بالقوه برای گنجاندن در برنامه‌های اصلاحی مانند مصرف خوراک باقیمانده (RFI) (Koch *et al.*, 1963) مورد بحث قرار گرفته است. مصرف خوراک باقیمانده معمولاً به‌صورت باقیمانده یک رگرسیون خطی ثابت DMI در مخازن انرژی، مانند شیر تصحیح شده بر اساس انرژی (ECM) و وزن متابولیک بدن (MBW) تعریف می‌شود (Li *et al.*, 2018).

در اکثر مطالعات پیشین، تنها از چند نقطه زمانی خاص دوره شیردهی برای تجزیه و تحلیل صفات شاخصFE استفاده کرده‌اند (Li *et al.*, 2016)، اما تغییرات پویای فیزیولوژیکی در کل دوره شیردهی ممکن است تأثیر قابل‌توجهی بر تخمین دقیق پارامترهای ژنتیکی این صفات داشته باشند. به‌عنوان مثال، اوج شیردهی معمولاً بین شش تا هشت هفته پس از زایمان اتفاق می‌افتد و در این مرحله گاوها معمولاً در تعادل انرژی منفی قرار دارند (Connor *et al.*, 2013). از سوی دیگر، پس از اوج شیردهی، انرژی مازادی نسبت به انرژی خروجی در شیر مصرف می‌شود. علاوه بر این، گزارش شده است که مصرف خوراک در طول دوره شیردهی پویا است (Seymour *et al.*, 2020)، که همگی بر نیاز به تجزیه و تحلیل FE و صفات اساسی آن در کل دوره شیردهی تأکید می‌کنند.

مدل‌های رگرسیون تصادفی ابزار قدرتمندی برای در نظر گرفتن تنوع ژنتیکی یک صفت در طول زمان است که امکان تخمین مؤلفه‌های واریانس و ارزش‌های اصلاحی را برای تمام مقاطع زمانی ارزیابی‌شده فراهم می‌کند (Oliveira *et al.*, 2019a). علاوه بر این، مدل رگرسیون تصادفی (RRM) می‌تواند تأثیرات محیطی را در طول یک چرخه کامل شیردهی تغییر دهد، که می‌تواند دقت ارزش‌های اصلاحی را بهبود بخشد (Mohammadi *et al.*, 2013؛ Jamrozik & Schaeffer, 1997). به‌طور خلاصه، اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی به‌صورت انحراف از یک منحنی ثابت پیش‌بینی می‌شوند که به حیوانات اجازه می‌دهد، منحنی‌های متفاوتی در طول دوره شیردهی برای مصرف خوراک، وزن بدن، تولید شیر و غیره داشته باشند. بنابراین، اهداف اصلی این مطالعه عبارتند از: ۱) برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی DMI، ECM، MBW وRFI با استفاده از RRM گاوهای شیری در دوره اول شیردهی، و ۲) ارزیابی تأثیر بالقوه انتخاب برایRFI در مقاطع زمانی مختلف دوره شیردهی.

مواد و روش‌ها

داده‌ها و کنترل کیفی

داده‌ها شامل ۳۵۴۷۸ رکورد (DMI)، ۳۶۳۵۳ رکورد (ECM)، ۲۷۸۹۶ رکورد (MBW) و ۲۴۵۰۸ رکورد (RFI) از ۵۱۲۳ گاو هلشتاین اولین دوره شیردهی طی سال‌های ۲۰۰۸ تا ۲۰۱۸ مرکز اصلاح نژاد کشور بود. علاوه بر این، گاوهایی با اولین زایش بیش از ۴۰ ماه از تجزیه و تحلیل حذف شدند. فایل شجره شامل اطلاعات تا ۱۰ نسل برای گاوهای فنوتیپ شده بود که در نتیجه فایل شجره‌ای با ۹۴۷۱ حیوان ایجاد شد که از این تعداد ۹۷۸ و ۳۵۷۷ حیوان به‌ترتیب پدر و مادر بودند. صفت RFI متکی به مقادیر DMI، ECM و MBW ($BW^{0/75}$) بر اساس (NRC., 2001) و ECM بر اساس روش (Sjaunja *et al.*, 1990) محاسبه شد:

رابطه (۱)

$$ECM_{(kg)} = (0.25 \times milk_{kg}) + (12.2 \times fat_{kg}) + (7.7 \times protein_{kg})$$

رابطه (۲)

$$RFI_{(kg)} = DMI - predicated\ DMI$$
$$predicated\ DMI = [(0.372 \times ECM) + (0.0968 \times BW^{0.75})] \times (1 - e^{-0.192 \times (\frac{DIM}{7} + 3.67)})$$

داده‌های فنوتیپی ثبت شده از ۵ تا ۳۰۵ DIM برای ایجاد گروه‌های دوهفته‌ای شیردهی (Bi-WL) از تقسیم DMI به ۱۴(در مجموع ۲۱ کلاس Bi-WL) استفاده شد. داده‌های اصلی در قالب رکوردهای روزانه (DMI و MBW)، هفتگی (ECM و MBW) و ماهانه (MBW) جمع‌آوری شدند. بنابراین، حیوانات باید حداقل دو رکورد برای DMI، ECM و MBW در Bi-WL معین داشته باشند.

برآورد مؤلفه‌های واریانس

واریانس‌های ژنتیکی، محیطی دائمی (PE) و باقیمانده برای DMI، ECM، MBW و RFI با استفاده از مدل حیوان رگرسیون تصادفی تک صفتی برآورد شدند. واریانس‌های باقیمانده ناهمگن در چهار کلاس Bi-WL بین همه صفات توزیع شدند. کلاس‌ها شامل: ۱) ۱ تا ۵، ۲) ۶ تا ۱۰، ۳) ۱۱ تا ۱۵، و ۴) ۱۶ تا ۲۱ Bi-WL بودند. به‌منظور برآورد کوواریانس بین صفات از مدل حیوانی رگرسیون تصادفی دو صفتی استفاده شد. واریانس‌های باقیمانده همگن برای تجزیه و

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]
[DOI: 10.61186/rap.15.4.70]

تحلیل دو صفتی در نظر گرفته شد، تا همگرایی نتایج را ممکن کند. هر دو مدل تک و دو صفتی با استفاده از الگوریتم AIREML توسط WOMBAT (Meyer, 2007) تجزیه و تحلیل شدند.

مدل کلی مورد استفاده برای همه صفات به شرح زیر بود:

رابطه (۳)

$$y_{ijklm} = \mu + HY_k + AC_l + \sum_{n=0}^{2} YS_{mn}\,\emptyset_n(t_{ij}) + \sum_{n=0}^{2} a_{in}\,\emptyset_n(t_{ij}) + \sum_{n=0}^{2} pe_{in}\,\emptyset_{ln}(t_{ij}) + e_{ijklm}$$

که y_{ijklm} مشاهده گاو iام درj امین کلاس Bi-WL، μ میانگین کل، HY_k اثر ثابت Kامین گله-سال زایش (۶۹ سطح برای DMI، ۸۱ سطح برای ECM و ۶۱ سطح برای MBW و RFI)، AC_l اثر ثابت lامین کلاس سن زایش، YS_{mn} اثر nامین ضریب رگرسیون ثابت روی Bi-WL در mامین ماه-سال-فصل زایمان، a_{in} اثر nامین ضریب رگرسیون تصادفی برای اثر ژنتیکی افزایشی iامین گاو، pe_{in} اثر nامین ضریب رگرسیون تصادفی برای اثر محیط دائمی iامین گاو دارای رکورد، t_{ij} اثر کلاس Bi-WL استاندارد شده از ۱- تا ۱، $\varphi_n(t_{ij})$ ضریب لژاندر چند جمله‌ای (Kirkpatrick *et al.*, 1990) پارامتر n برای سن t_{ij} و e_{ijklm} اثر عوامل باقیمانده برای هر صفت است.

برای مدل RRM تک صفتی از معادله فوق استفاده شد:

رابطه (۴)

$$y = Xb + Za + Wpe + e$$

که y بردار رکوردهای فنوتیپی، X، Z و W به‌ترتیب ماتریس اثرات ثابت (b)، ژنتیک افزایشی (a) و محیط دائمی (pe) و e بردار اثرات تصادفی باقیمانده می‌باشد.

محاسبه EBV

ارزش‌های اصلاحی برای ضرایب رگرسیون تصادفی با استفاده از روش BLUP (VanRaden, 2008) توسط BLUPF90 اجرا شد. قابلیت اطمینان (RELEBV) هر کلاس Bi-WL بر اساس واریانس خطای پیش‌بینی (PEV) برای هر صفت حیوان iام به‌صورت:

رابطه (۵)

$$PEV_i = \emptyset^t C^{ii} \emptyset$$

که در آن φ ماتریس تعریف شده قبلی از ضرایب مرتبط با تابع چند جمله‌ای لژاندر و C^{ii} زیرمجموعه معکوس معادلات مدل مختلط مربوط به اثر ژنتیکی iامین حیوان است. پس از آن، RELEBV حیوان iام در هر کلاس Bi-WL به‌صورت رابطه (۶) محاسبه شد:

رابطه (۶)

$$REL_{EBV_i} = 1 - \left(\frac{PEV_i}{\sigma_a^2(1+F_i)}\right)$$

که σ^2_a واریانس ژنتیکی افزایشی برای هر کلاس Bi-WL، و F_i ضریب همخونی برای حیوان iام است.

تأثیر انتخاب برای RFI در زمان‌های مختلف

نسبت ۱۰ درصد گاوهای نر برتر مشترک بین کلاس‌های Bi-WL مختلف برای ارزیابی تأثیر بالقوه انتخاب برای RFI در مقاطع زمانی مختلف مورد بررسی قرار گرفت. ۱۰ درصد گاوهای نر برتر بر اساس رتبه EBV برای RFI در هر کلاس Bi-WL انتخاب شدند. پس از آن، نسبت گاوهای نر برتر مشترک بین کلاس‌های Bi-WL به‌صورت رابطه (۷) محاسبه شد:

رابطه (۷)

$$C_{jj'} = \frac{N_{C_{jj'}}}{N_T} \times 100$$

که $C_{jj'}$ نسبت نرهای مشترک بین کلاس‌های j Bi-WL و j'، $N_{Cjj'}$ تعداد پدران مشترک بین کلاس‌های j Bi-WL و j' و N_T تعداد کل پدران است.

تغییرات میانگین EBV در طول زمان

مقادیر تخمینی ارزش اصلاحی با استفاده از تمام حیوانات دارای EBV، با میانگین صفر و انحراف استاندارد یک، استاندارد شدند. تغییرات در میانگین EBV در طول زمان برای تمام صفات مربوط به FE که در این مطالعه تجزیه و تحلیل شدند، با استفاده از ۱۰ درصد گاو نر برتر انتخاب شده برای RFI مورد ارزیابی قرار گرفتند. این مقایسه‌ها برای شناسایی تأثیر بالقوه انتخاب RFI بر صفات اساسی انجام شد.

نتایج و بحث

وراثت‌پذیری صفات

آمار توصیفی داده‌ها در جدول ۱ نشان داده شده است. وراثت‌پذیری برآورد شده برای DMI، ECM، MBW وRFI در طول زمان در شکل ۱ و تخمین مؤلفه‌های واریانس (واریانس ژنتیکی افزایشی، واریانس PE، واریانس فنوتیپی واریانس خطای باقیمانده)، وراثت‌پذیری و خطاهای استاندارد مربوطه آنها در جداول ۲ تا ۵ ارائه شده‌اند. به‌طور کلی، برآوردهای وراثت‌پذیری نسبتاً بالایی برایDMI مشاهده شد که از ۰/۱۷در کلاس Bi-WL ۱۴ (تقریباً در DIM۱۹۶)، تا ۰/۴۱ در کلاس Bi-WL ۲۱ (تقریباً در DIM ۲۹۴) متغیر بود. تخمین‌های وراثت‌پذیری برای ECM در طول دوره شیردهی نسبتاً پایدار باقی ماند و از ۰/۲۸ تا ۰/۴۵ متغیر بود. بیشترین وراثت‌پذیری برای MBW مشاهده شد، از ۰/۴۸ در کلاس‌های ۱۱ و Bi-WL ۱۲ (تقریباً در ۱۶۸ تا ۱۵۴ DIM)، تا ۰/۷۸ در پایان شیردهی (در کلاس Bi-WL ۲۱ و تقریباً در DIM ۲۹۶).

برآوردهای وراثت‌پذیری برای RFI متوسط بود، از ۰/۲ در اولین کلاس Bi-WL تا ۰/۱۳ در آخرین کلاس Bi-WL با حداقل وراثت‌پذیری در کلاس‌های ۱۴ و ۱۵ Bi-WL (۰/۱).

برآوردهای وراثت‌پذیری برای DMI مشابه تحقیقات پیشین (Li *et al.*, 2018؛ Krattenmacher *et al.*, 2019) بود. در مطالعه‌ای پارامترهای ژنتیکی ECM تخمین زده شده برای یک گله تحقیقاتی و یک مزرعه تجاری را مقایسه کرده و وراثت‌پذیری کمی بالاتر برای اواسط و اواخر شیردهی برای گله تجاری (۰/۵۳ تا ۰/۷) یافتند. وراثت‌پذیری برای گله تحقیقاتی (۰/۲۳ تا ۰/۳۵) در مقایسه با این مطالعه (۰/۲۸ تا ۰/۴۴) اندکی پایین‌تر گزارش شده است (Li *et al.*, 2018؛ Krattenmacher *et al.*, 2019).

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]

[DOI: 10.61186/rap.15.4.70]

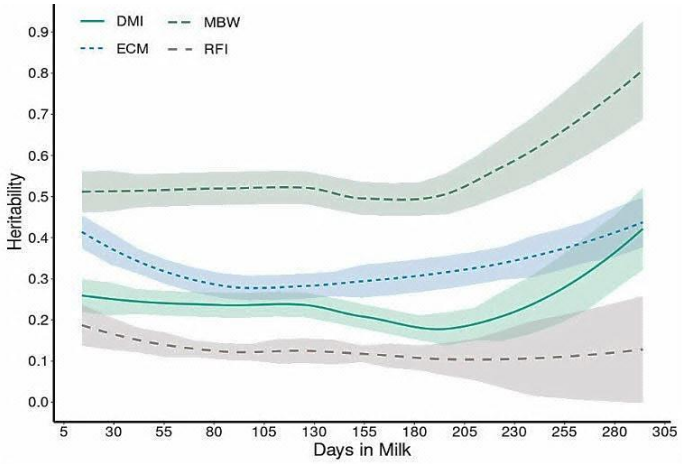
برآوردهای وراثت‌پذیری مشاهده شده در مطالعات پیشین برای MBW بین ۰/۱۷ تا ۰/۵۳ گزارش شده است (Manzanilla-Pech *et al.*, 2016)، که مشابه برآوردهای وراثت‌پذیری یافت شده در این مطالعه بود (۰/۵۶). برآوردهای وراثت‌پذیری یافت شده در مطالعه مانزانیلا پچ و همکاران (Manzanilla-Pech *et al.*, 2016) همان الگوی دامنه تخمین‌های وراثت‌پذیری در مطالعه حاضر بود که از ۰/۵۳ در اوایل شیردهی تا ۰/۷۹ در شیردهی بعدی متغیر بود.

تخمین وراثت‌پذیری مشاهده شده در این مطالعه برای RFI از ۰/۱ تا ۰/۲ متغیر بود و مطابق با گزارشات پیشین است (Li *et al.*, 2017؛ Tempelman *et al.*, 2015) که وراثت‌پذیری RFI را از ۰/۱ تا ۰/۲۵ تخمین زده‌اند. در مطالعه لی و همکاران (Li *et al.*, 2017) با استفاده از یک چند جمله‌ای مرتبه پنجم لژاندر و در مطالعه (Tempelman *et al.*, 2015) با استفاده از یک چند جمله‌ای مرتبه سوم لژاندر، منحنی وراثت‌پذیری نشان داده شد. منحنی وراثت‌پذیری در این مطالعه مشابه منحنی مبتنی بر تمپلمن و همکاران (Tempelman *et al.*, 2015) بود، که از همان چند جمله‌ای لژاندر در این مطالعه استفاده شد.

جدول ۱- آمار توصیفی صفات مصرف ماده خشک (DMI)، شیر اصلاح شده با انرژی (ECM)، وزن متابولیک بدن (MBW) و مصرف خوراک باقیمانده (RFI) در اولین دوره شیردهی

Table 1. Descriptive statistics for dry matter intake (DMI), energy corrected milk (ECM), metabolic body weight (MBW) and residual feed intake (RFI) for first lactation

صفت Trait	تعداد رکورد Number of records	تعداد حیوانات Number of Animals	میانگین Mean	انحراف استاندارد SD	حداقل Minimum	حداکثر Maximum
DMI (kg)	35478	3521	20.95	4.08	4.05	40.91
ECM (kg)	36353	4024	33.19	5.92	10.11	59.17
MBW(kg)	27896	3231	119.08	10.68	68.66	172.33
RFI(kg)	24508	3184	0	3.35	-18.90	17.28



شکل ۱- وراثت‌پذیری صفات مصرف ماده خشک (DMI)، شیر اصلاح شده با انرژی (ECM)، وزن متابولیک بدن (MBW) و مصرف خوراک باقیمانده (RFI) در طول دوره شیردهی (حاشیه خاکستری نشان‌دهنده خطای استاندارد برآوردها است)

Figure 1. Heritabilities estimated for dry matter intake (DMI), energy corrected milk (ECM), metabolic body weight (MBW), and residual feed intake (RFI) over the lactation (Shadowing indicates the standard error of the estimates)

جدول ۲- مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری مصرف ماده خشک (DMI) در کلاس‌های Bi-WL در طول شیردهی

Table 2. Variance components and heritability's estimated for dry matter intake over the bi-weekly segments of lactation

h^2	σ_p^2	σ_e^2	σ_{pe}^2	σ_a^2	Bi-weekly Segment
0.28(0.04)	8.73(0.37)	4.59(0.09)	1.74(0.28)	2.62(0.52)	1
0.24(0.04)	8.20(0.24)	4.59(0.09)	1.54(0.25)	1.92(0.29)	2
0.22(0.03)	7.92(0.18)	4.59(0.09)	1.51(0.21)	1.75(0.34)	3
0.22(0.03)	8.11(0.25)	4.59(0.09)	1.67(0.19)	1.78(0.24)	4
0.23(0.03)	8.35(0.37)	4.59(0.09)	1.76(0.20)	1.82(0.22)	5
0.23(0.03)	8.89(0.18)	4.59(0.09)	2.08(0.22)	2.10(0.25)	6
0.24(0.03)	9.32(0.37)	4.59(0.09)	2.24(0.23)	2.28(0.26)	7
0.25(0.03)	9.82(0.87)	4.59(0.09)	2.45(0.44)	2.41(0.31)	8
0.24(0.03)	10.11(0.93)	4.59(0.09)	2.66(0.52)	2.51(0.30)	9
0.24(0.03)	10.28(0.94)	4.59(0.09)	2.87(0.67)	2.48(0.26)	10
0.20(0.03)	11.51(0.96)	6.12(0.11)	3.11(0.92)	2.35(0.32)	11
0.19(0.03)	11.72(0.98)	6.12(0.11)	3.36(0.97)	2.24(0.33)	12
0.18(0.03)	11.98(0.99)	6.12(0.11)	3.68(0.97)	2.15(0.26)	13
0.17(0.03)	12.39(1.09)	6.12(0.11)	4.15(1.03)	2.16(0.28)	14
0.18(0.03)	13.32(1.37)	6.12(0.11)	4.76(1.23)	2.37(0.40)	15
0.21(0.03)	13.90(1.42)	5.32(0.15)	5.68(1.89)	2.78(0.52)	16
0.24(0.03)	16.12(2.01)	5.32(0.15)	6.83(2.25)	3.79(0.53)	17
0.28(0.03)	19.24(3.67)	5.32(0.11)	8.54(3.13)	5.36(0.89)	18
0.32(0.03)	22.31(4.59)	5.32(0.11)	10.70(3.66)	7.65(2.40)	19
0.37(0.03)	29.72(5.73)	5.32(0.11)	13.48(3.23)	10.89(3.78)	20
0.41(0.03)	36.66(6.88)	5.32(0.11)	17.08(4.57)	15.31(4.52)	21

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]
[DOI: 10.61186/rap.15.4.70]

جدول ۳- مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری شیر تصحیح شده با انرژی (ECM) در کلاس‌های Bi-WL در طول شیردهی
Table 3. Variance components and heritability's estimated for energy corrected milk over the bi-weekly segments of lactation

h2	σ_p^2	σ_e^2	σ_{pe}^2	σ_a^2	Bi-weekly Segment
0.41(0.04)	33.26(3.87)	10.40(0.15)	9.52(1.28)	14.38(1.58)	1
0.37(0.04)	30.75(3.12)	10.40(0.15)	8.67(1.09)	12.56(1.31)	2
0.34(0.03)	28.44(2.84)	10.40(0.15)	8.54(1.01)	9.49(1.11)	3
0.41(0.04)	27.25(2.37)	10.40(0.15)	8.48(1.28)	8.33(0.94)	4
0.30(0.04)	26.57(2.07)	10.40(0.15)	8.74(1.33)	7.39(0.83)	5
0.29(0.04)	23.67(1.94)	7.80(0.43)	9.02(1.47)	6.97(0.78)	6
0.28(0.04)	23.94(1.73)	7.80(0.43)	9.32(1.53)	6.80(0.67)	7
0.28(0.04)	24.32(1.98)	7.80(0.43)	9.69(1.62)	6.83(0.81)	8
0.28(0.04)	24.76(2.03)	7.80(0.43)	10.07(1.68)	6.94(0.88)	9
0.28(0.04)	25.21(2.21)	7.80(0.43)	10.31(1.73)	7.11(0.91)	10
0.30(0.04)	24.11(1.85)	6.23(0.13)	10.53(1.82)	7.28(0.93)	11
0.31(0.04)	24.37(1.92)	6.23(0.13)	10.69(1.85)	7.45(0.93)	12
0.31(0.04)	24.63(1.95)	6.23(0.13)	10.78(1.87)	7.61(0.95)	13
0.31(0.04)	24.88(1.97)	6.23(0.13)	10.83(1.92)	7.77(0.95)	14
0.32(0.04)	25.04(2.05)	6.23(0.13)	10.87(1.94)	7.98(0.98)	15
0.34(0.04)	24.54(2.12)	5.42(0.12)	10.90(1.96)	8.32(1.11)	16
0.35(0.04)	25.11(2.37)	5.42(0.12)	10.98(1.98)	8.79(1.31)	17
0.37(0.04)	26.07(2.97)	5.42(0.12)	11.19(2.12)	9.57(1.29)	18
0.39(0.04)	27.57(3.14)	5.42(0.12)	11.52(2.36)	10.73(1.67)	19
0.42(0.04)	29.83(3.48)	5.42(0.12)	12.21(2.74)	12.97(1.89)	20
0.45(0.04)	32.81(3.67)	5.42(0.12)	13.09(2.85)	14.73(2.36)	21

جدول ۴- مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری وزن متابولیک بدن (MBW) در کلاس‌های Bi-WL در طول شیردهی
Table 4. Variance components and heritability's estimated for metabolic body weight over the bi-weekly segments of lactation

h^2	σ_p^2	σ_e^2	σ_{pe}^2	σ_a^2	Bi-weekly Segment
0.54(0.03)	61.32(2.05)	16.67(0.42)	12.12(2.71)	32.57(3.72)	1
0.51(0.04)	58.20(1.73)	16.67(0.42)	11.85(2.32)	30.84(3.21)	2
0.50(0.04)	57.08(1.52)	16.67(0.42)	11.98(2.09)	28.32(2.84)	3
0.50(0.03)	57.43(1.44)	16.67(0.42)	12.24(1.91)	28.53(2.66)	4
0.50(0.03)	58.66(1.39)	16.67(0.42)	12.67(1.88)	29.26(2.57)	5
0.53(0.04)	59.57(1.48)	14.84(0.25)	13.12(1.89)	30.51(2.68)	6
0.53(0.04)	60.50(1.54)	14.84(0.25)	13.71(2.03)	31.87(2.71)	7
0.53(0.04)	62.25(1.60)	14.84(0.25)	14.36(2.13)	33.16(2.88)	8
0.53(0.04)	64.64(1.67)	14.84(0.25)	15.06(2.25)	34.23(3.11)	9
0.53(0.04)	65.87(1.83)	14.84(0.25)	15.78(2.38)	35.10(3.79)	10
0.48(0.04)	74.42(1.83)	22.10(0.49)	16.48(2.50)	35.84(4.36)	11
0.48(0.04)	75.79(1.93)	22.10(0.49)	17.20(2.73)	36.60(4.74)	12
0.49(0.04)	77.60(2.09)	22.10(0.49)	17.68(3.10)	37.64(4.86)	13
0.49(0.04)	79.88(2.23)	22.10(0.49)	18.53(3.52)	39.41(4.97)	14
0.51(0.04)	82.86(2.66)	22.10(0.49)	19.14(4.21)	42.13(5.04)	15
0.61(0.05)	76.42(2.88)	10.58(0.33)	19.63(4.89)	46.27(5.14)	16
0.63(0.05)	83.33(3.57)	10.58(0.33)	19.87(6.22)	52.83(5.62)	17
0.66(0.08)	92.11(4.39)	10.58(0.33)	20.32(7.31)	62.25(5.83)	18
0.72(0.08)	99.86(5.88)	10.58(0.33)	20.57(7.42)	74.34(5.97)	19
0.74(0.09)	115.42(7.41)	10.58(0.33)	20.66(7.44)	92.49(6.13)	20
0.78(0.09)	137.97(9.15)	10.58(0.33)	20.73(7.53)	115.94(6.88)	21

جدول ۵- مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری مصرف خوراک باقیمانده (RFI) در کلاس‌های Bi-WL در طول شیردهی
Table 5. Variance components and heritability's estimated for residual feed intakeover the bi-weekly segments of lactation

h^2	σ_p^2	σ_e^2	σ_{pe}^2	σ_a^2	Bi-weekly Segment
0.20(0.04)	8.23(0.57)	4.49(0.08)	2.11(0.89)	1.52(0.57)	1
0.17(0.04)	7.37(0.47)	4.49(0.08)	1.76(0.48)	1.23(0.52)	2
0.14(0.04)	6.98(0.32)	4.49(0.08)	1.47(0.39)	0.98(0.44)	3
0.12(0.03)	6.78(0.30)	4.49(0.08)	1.44(0.36)	0.85(0.43)	4
0.12(0.03)	6.81(0.32)	4.49(0.08)	1.52(0.38)	0.82(0.42)	5
0.12(0.03)	7.03(0.45)	4.49(0.08)	1.61(0.39)	0.83(0.43)	6
0.12(0.03)	7.12(0.47)	4.49(0.08)	1.70(0.39)	0.87(0.45)	7
0.13(0.03)	7.23(0.49)	4.49(0.08)	1.75(0.40)	0.92(0.44)	8
0.13(0.03)	7.29(0.50)	4.49(0.08)	1.78(0.41)	0.96(0.44)	9
0.13(0.03)	7.34(0.51)	4.49(0.08)	1.79(0.41)	0.98(0.44)	10
0.11(0.02)	8.82(0.54)	6.05(0.13)	1.83(0.43)	0.99(0.45)	11
0.11(0.02)	8.93(0.56)	6.05(0.13)	1.93(0.45)	0.99(0.45)	12
0.11(0.02)	9.16(0.58)	6.05(0.13)	2.17(0.88)	0.98(0.44)	13
0.10(0.02)	9.65(0.62)	6.05(0.13)	2.63(0.92)	0.99(0.45)	14
0.10(0.02)	10.44(0.65)	6.05(0.13)	3.42(1.03)	1.05(0.51)	15
0.11(0.02)	10.77(0.77)	5.01(0.24)	4.65(1.14)	1.15(1.53)	16
0.11(0.04)	12.82(0.89)	5.01(0.24)	6.45(1.22)	1.36(1.55)	17
0.11(0.04)	15.74(0.98)	5.01(0.24)	8.93(1.79)	1.70(1.79)	18
0.11(0.05)	19.70(1.38)	5.01(0.24)	12.45(2.39)	2.24(2.14)	19
0.12(0.05)	26.65(1.97)	5.01(0.24)	17.14(2.67)	3.15(2.85)	20
0.13(0.05)	30.98(2.32)	5.01(0.24)	23.83(4.13)	4.27(3.09)	21

برآورد همبستگی ژنتیکی

پیشنهاد شده است که مصرف خوراک یک صفت ژنتیکی متفاوت در مراحل مختلف شیردهی است (Li *et al*., 2018). برای شناسایی این الگوهای بیولوژیکی در سراسر دوره شیردهی در گاوهای هلشتاین ایران، تغییرات همبستگی ژنتیکی در طول زمان در این صفت بررسی شد.

تغییرات DMI در اوایل دوره شیردهی (کلاس ۱ Bi-WL تا ۴؛ تقریباً ۵ تا ۵۶ DIM)، اواسط (کلاس ۵ Bi-WL تا ۱۱؛ تقریباً ۷۰ تا ۱۵۴ DIM) و اواخر شیردهی (کلاس ۱۲ Bi-WL تا ۲۱؛ تقریباً ۱۶۸ تا ۳۰۵ DIM) در شکل ۲ و ۳ نشان داده شده است. همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی DMI برای کلاس‌های Bi-WL نزدیک به یکدیگر، قوی‌تر بود. همبستگی‌ها بین ۰/۲- برای هفته‌های دور از هم (به‌عنوان مثال، کلاس ۸ Bi-WL و تقریباً ۱۱۲ DIM) و کلاس ۲۱ Bi-WL (تقریباً ۲۹۶ DIM) تا ۰/۹۹ برای هفته‌های نزدیک به‌هم (مثلاً کلاس ۶ و ۷ Bi-WL؛ تقریباً ۸۴ تا ۹۸ DIM)

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]
[DOI: 10.61186/rap.15.4.70]

متغیر بود. هنگام مقایسه همبستگی ژنتیکی بین اوایل، اواسط و اواخر شیردهی، با حرکت در طول دوره شیردهی، همبستگی کاهش یافت. این کاهش همبستگی ژنتیکی از اوایل تا اواخر شیردهی، به‌ویژه همبستگی ژنتیکی نزدیک به صفر یا منفی، در مطالعات پیشین نیز گزارش شده است (Li *et al*., 2018؛ Manzanilla-Pech *et al*., 2014). نتایج این مطالعه از این مفهوم حمایت می‌کند که DMI یک صفت ژنتیکی متفاوت در مراحل مختلف شیردهی است.

مشابه DMI، تغییرات بین مراحل مختلف شیردهی برای RFIنیز مشاهده شد. همبستگی‌های ژنتیکی برای RFI از ۰/۲۶ تا ۰/۹۹ متغیر بود. کمترین همبستگی بین اواسط شیردهی (کلاس ۵ تا ۱۱ Bi-WL؛ تقریباً۷۰ تا ۱۵۴ DIM) و اواخر شیردهی (کلاس ۱۲ تا ۲۱ Bi-WL؛ تقریباً ۱۶۸ تا ۳۰۵ DIM) مشاهده شد. در مطالعه‌ای نتایج مشابهی با کمترین همبستگی در اواسط شیردهی و همبستگی قوی در مراحل بعدی شیردهی گزارش شده است (Liinamo *et al*., 2015؛ Alijani, 2015).

تخمین‌های همبستگی ژنتیکی برای ECM، تنوع مشابهی با DMI نداشت، زیرا در سراسر دوره شیردهی تقریباً مشابه بود. همبستگی‌ها از ۰/۳۸ بین اوایل (کلاس ۱ تا ۴ Bi-WL؛ تقریباً ۵ تا ۵۶ DIM) و اواخر شیردهی (کلاس ۱۲ تا ۲۱ Bi-WL؛ تقریباً ۱۶۸ تا ۳۰۵ DIM) تا ۰/۹۹ بین کلاس‌های Bi-WL نزدیک به‌هم بود. با حرکت بین مراحل شیردهی، میانگین همبستگی ژنتیکی بین اوایل و اواخر شیردهی به ۰/۵۴ کاهش یافت، که در آن کمترین همبستگی ژنتیکی مشاهده شده ۰/۳۸، بین کلاس اول و ۱۴ Bi-WL (تقریباً ۵ تا ۱۹۶ DIM) بود. در مطالعه لی و همکاران (Li et al., 2018) همبستگی متوسط (۰/۵) بین اوایل و اواخر شیردهی، و در مطالعه کراتنمچر و همکاران (Krattenmacher et al., 2019) همبستگی ۰/۵۹را به‌عنوان کمترین همبستگی بین تمام هفته‌ها در اوایل تا اواسط شیردهی گزارش کردند. این مسئله مهم است که چگونه ECM تغییر کرده و با مراحل مختلف شیردهی ارتباط دارد، زیرا بسته به زمانی‌که این صفت در طول دوره شیردهی ارزیابی می‌شود، می‌تواند پیامدهای مهمی در انتخاب برای بهبود تولید شیر و بازده خوراک داشته باشد.

مشابه ECM، MBW در طول دوره شیردهی در مقایسه با DMI همبستگی ثابت‌تری داشت. همبستگی ژنتیکی MBW بین مراحل مختلف شیردهی بین ۰/۳۸ تا ۰/۹۹ بود. حداقل همبستگی مشاهده شده (۰/۳۸) بین کلاس اول و ۱۴ Bi-WL (تقریباً ۵ تا ۱۹۶ DIM) برآورد شد. این در حالی است که مطالعات پیشین وزن بدن را به‌جای MBW در نظر گرفته بودند. در مطالعه لی و همکاران (Li et al., 2018) همبستگی بین Bi-WL به‌عنوان سازگارترین همبستگی برای وزن بدن در مقایسه با DMI وECM، برابر یا بیشتر از ۰/۷۴ برای مقاطع زمانی مختلف در طول دوره شیردهی گزارش شده است. از آنجایی‌که MBW دارای همبستگی ژنتیکی نسبتاً متوسط تا قوی در سراسر شیردهی است، نیاز به اندازه‌گیری متعدد همانند DMI در طول شیردهی ندارد. با این‌حال، توجه به این نکته مهم است که، تغییرات وزن بدن در طول دوره شیردهی می‌تواند پیامدهایی در مورد FE، سلامت و عملکرد حیوانات داشته باشد.

همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی برآورد شده بین صفات در مراحل مختلف شیردهی متفاوت بود (شکل ۳). روند همبستگی ضعیف بین مصرف خوراک (DMI) و تولید (ECM) در اوایل شیردهی، افزایش به همبستگی متوسط یا زیاد در اواسط تا اواخر شیردهی، در مطالعات دیگر گزارش شده است (Li *et al*., 2018; Krattenmacher *et al*., 2019). همبستگی‌های ضعیف در اوایل شیردهی می‌تواند به‌دلیل عدم تأمین نیاز مصرف خوراک برای تولید شیر باشد. انتقال به همبستگی‌های مثبت قوی‌تر با پیشرفت دوره شیردهی با نقاط شیردهی که در آن خوراک مصرف‌شده تقاضای تولید را برآورده می‌کند، همزمان بود (Liinamo *et al*., 2012). علاوه بر این، همبستگی‌های مشاهده شده در اوایل شیردهی نشان می‌دهد که انتخاب برای افزایش ECM تغییر کوچکی در DMI و RFI خواهد داشت. با این‌حال، افزایش تولید بدون افزایش DMI، به‌ویژه در اوایل شیردهی، پتانسیل افزایش تعادل انرژی منفی را در پی دارد (Li *et al*., 2018). گسترش تعادل منفی انرژی اثرات نامطلوب زیادی دارد که مهم‌ترین آنها مربوط به سلامت و باروری است (Banos and Coffey, 2010). بنابراین، در اوایل شیردهی بایستی از انتخاب برای بهبود بازده خوراک و افزایش تولید شیر خودداری شود.

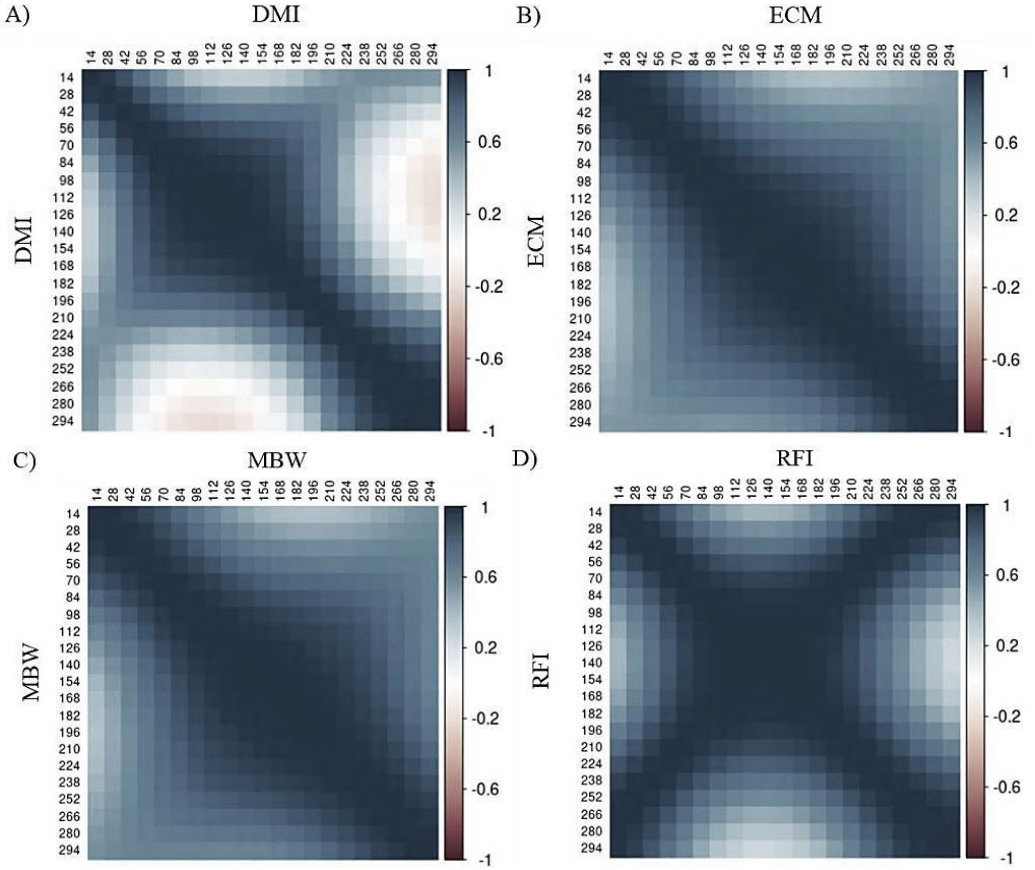
همبستگی ژنتیکی بین MBW و ECM تغییر در تخصیص انرژی در طول دوره شیردهی را بیشتر نشان می‌دهد. در این مطالعه، همبستگی ژنتیکی بین MBW و ECM از ۰/۴ تا ۰/۰۸− متغیر بود، که از همبستگی مثبت پایین در اوایل شیردهی به‌سمت همبستگی منفی در اواخر شیردهی حرکت کرد. لی و همکاران (Li *et al*., 2018) نیز همبستگی مثبت پایینی در اوایل شیردهی برای این صفات گزارش کردند که نشان می‌دهد، گاوهای درشت‌تر ظرفیت بیشتری برای تولید شیر در اوایل شیردهی دارند. تغییر سریع همبستگی‌ها به سمت همبستگی‌های منفی ضعیف مشاهده شده در این مطالعه ممکن است نشان دهد که حیوان در مراحل بعدی شیردهی، بیشتر روی افزایش وزن تمرکز می‌کند، زیرا تولید شیر کاهش می‌یابد.

همبستگی ژنتیکی بین DMI و MBW در طول دوره شیردهی متفاوت بود. همبستگی‌ها از ۰/۷۶ در اوایل تا ۰/۲۷− در اواخر شیردهی متغیر بود. یک الگوی تقریباً یکسان بین همبستگی ژنتیکی RFI و MBW مشاهده شد که از ۰/۶۴ در اواسط تا ۰/۴۵− در اواخر شیردهی متغیر بود. در مطالعه‌ای همبستگی ضعیفی پس از زایمان با افزایش جزئی در طول دوره شیردهی گزارش شده است (Hüttmann *et al*., 2009)، در حالی که مانزالینا پچ و همکاران (Manzanilla-Pech et al., 2014) و لی و همکاران (Li *et al*., 2018)، بیشترین همبستگی را در اوایل شیردهی (به‌ترتیب هفته‌های ۴ و ۷) و کاهش همبستگی‌ها در طول دوره شیردهی گزارش کردند. این تغییرات در همبستگی‌ها نشان می‌دهد که افزایش

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]
[DOI: 10.61186/rap.15.4.70]

مصرف خوراک در مراحل اولیه شیردهی سبب بهبودMBW در اوایل شیردهی می‌شود، اما ممکن است پیامدهای منفی در مراحل بعدی شیردهی داشته باشد.

همبستگی‌های ژنتیکی برآورد شده بین صفات در طول زمان نشان می‌دهد که مکانیسم‌های متابولیکی بالقوه متفاوتی بین مراحل شیردهی فعال هستند (Manzanilla-Pech *et al*., 2014; Li *et al*., 2018). با توجه به تغییرات این همبستگی‌ها در طول دوره شیردهی، مهم است که مراحل مختلف شیردهی را به‌طور جداگانه در نظر بگیریم و در یک برنامه انتخابی همه صفات را به‌طور همزمان وارد مدل نمائیم. درک رابطه بین DMI، MBW، ECM، و RFI و صفاتی مانند تعادل انرژی و امتیاز وضعیت بدن برای یک رویکرد یکپارچه و موفق، جهت اصلاح‌نژاد صفت FE مهم است.

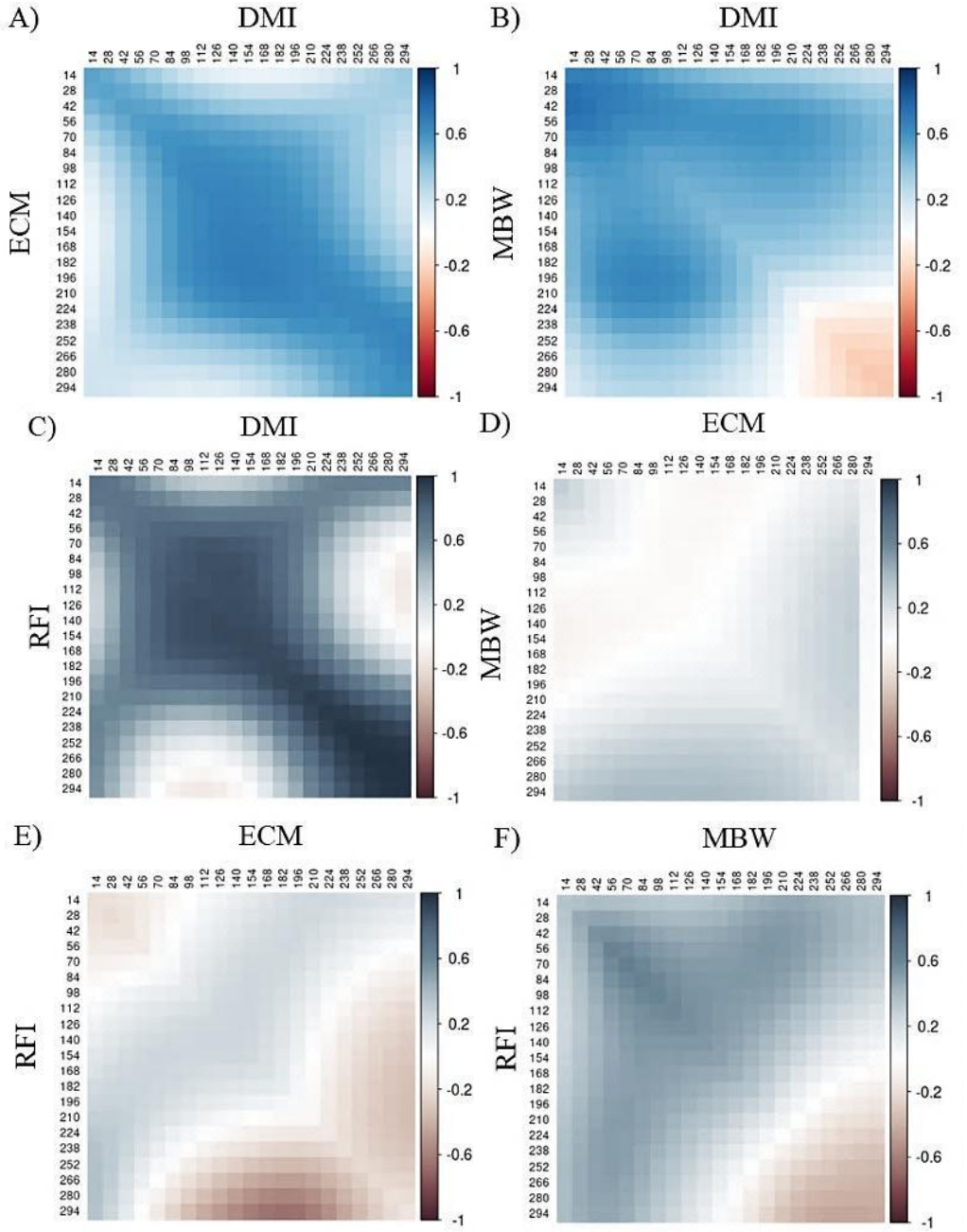


شکل ۲- همبستگی ژنتیکی داخل صفتی A) مصرف ماده خشک (DMI)، B) شیر تصحیح شده با انرژی (ECM)، C) وزن متابولیک بدن (MBW) و D) مصرف خوراک باقیمانده (RFI) در طول دوره شیردهی

Figure 2. Heat map of within-trait genetic correlations for: A) dry matter intake (DMI); B) energy corrected milk (ECM); C) metabolic body weight (MBW); and D) residual feed intake (RFI) over the lactation days

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]

[DOI: 10.61186/rap.15.4.70]



شکل ۳- همبستگی ژنتیکی بین صفات A) مصرف ماده خشک (DMI)، B) شیر تصحیح شده با انرژی (ECM)، C) وزن متابولیک بدن (MBW) و D) مصرف خوراک باقیمانده (RFI) در طول دوره شیردهی

Figure 3. Heat map of genetic correlations between traits for: A) dry matter intake (DMI); B) energy corrected milk (ECM); C) metabolic body weight (MBW); and D) residual feed intake (RFI) over the lactation days

تاثیر انتخاب RFI در مقاطع مختلف دوره شیردهی

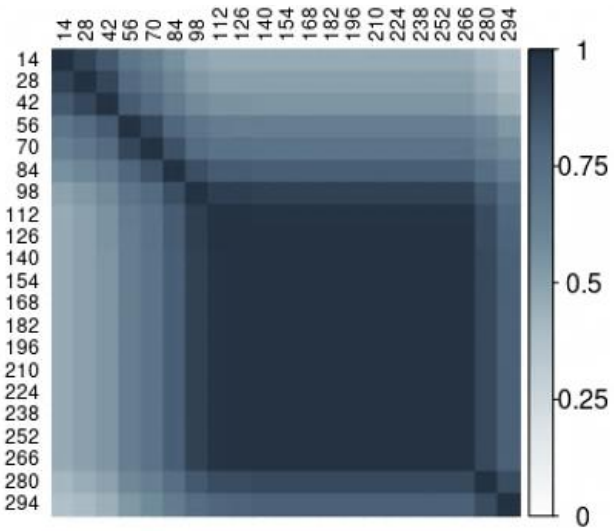
پیشنهاد شده است که انتخاب مستقیم روی FE نسبت به انتخاب اجزای آن برای به حداکثر رساندن سود ژنتیکی ارجحیت دارد (Lu *et al*., 2015; Houlahan *et al*., 2021). شناسایی تغییرات رتبه گاو نر در طول دوره شیردهی برای ارزیابی تأثیرات بالقوه انتخاب RFI در مقاطع زمانی مختلف شیردهی بسیار مهم است. نسبت گاوهای نر مشترک برای ۱۰ درصد بالا در طول دوره شیردهی برای RFI (شکل ۴)، از ۳۷ (بین کلاس اول Bi-WL؛ تقریباً ۱۴ DIM تا کلاس ۲۱؛ تقریباً ۲۹۶ DIM) تا ۱۰۰ درصد (بین کلاس ۱۰ تا ۱۹ Bi-WL؛ تقریباً ۱۴۰ تا ۲۶۶ DIM) متغیر بود. این یافته نشان می‌دهد که گاوهای نر که بالاترین رتبه را برای FE در اوایل شیردهی دارند، ممکن است تا پایان دوره شیردهی در بین گاوهای نر برتر باقی نمانند. با این‌حال، گاوهایی که بالاترین رتبه را برای RFI در اواسط شیردهی دارند، احتمالاً در بین گاوهای نر برتر در سایر بخش‌های شیردهی باقی می‌مانند. این نتایج پیامدهای امیدوارکننده‌ای برای انتخاب دارند و این ایده را تأیید می‌کنند که انتخاب برای صفات EF

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]
[DOI: 10.61186/rap.15.4.70]

بایستی، پس از اوج شیردهی انجام شود (Shadpour *et al.*, 2022). با توجه به نسبت بیشتر حیوانات انتخاب شده بین روز ۱۴۰ شیردهی (کلاس Bi-WL ۱۰) و روز ۲۲۶ شیردهی (کلاس Bi-WL۱۹)، این فاصله زمانی پتانسیل بالایی به‌عنوان کاندید انتخاب برای RFI، دارد. در این چارچوب زمانی، نسبت گاوهای نر مشترک که در ۱۰ درصد برتر برای RFI قرار دارند، ثابت مانده و همبستگی متوسطی (۰/۴۶ تا ۰/۶۶) با نسبت ۱۰ درصد از گاوهای نر مشترک در اوایل شیردهی دارند. این همبستگی متوسط بین این نقاط زمانی نشان می‌دهد که دختران گاو نرهایی که در شیردهی بعدی تغذیه مؤثری دارند، در اوایل شیردهی به‌اندازه کافی کارآمد نیستند، به این معنی که FE می‌تواند در شیردهی بعدی با حداقل تأثیر نامطلوب بر مصرف خوراک در اوایل شیردهی، بهبود یابد. همانطور که در این مطالعه مشخص شد، استفاده از RRM برای در نظر گرفتن الگوی RFI در طول زمان ممکن است به برنامه‌های انتخاب اجازه دهد، تا بر بهبود FE در زمان‌های بیولوژیکی مناسب در طول دوره شیردهی تمرکز کنند.

برای ارزیابی تأثیرات DMI، ECM و MBW هنگام انتخاب برای RFI، میانگین EBV برای همه صفات، بر اساس ۱۰ درصد گاوهای نر برتر برای RFI استفاده شد (شکل ۵). مقادیر EBVها از ۱۰ درصد گاوهای نر برتر برایRFI دارای ۲/۷۹ انحراف استلندارد کمتر از میانگین جمعیت بود، که نشان می‌دهد در صورت انتخاب این حیوانات، کاهش RFI (افزایش کارایی) در جمعیت انتظار می‌رود. در صورت انتخاب برای RFI، کاهش مصرف خوراک انتظار می‌رود، یعنی کاهش تقریباً ۲ انحراف استاندارد از میانگین جمعیت برای DMI در اوایل شیردهی و تقریباً ۱/۷۰ انحراف استاندارد از میانگین جمعیت در اواخر شیردهی انتظار می‌رود. در اوایل شیردهی، انحراف استلندارد MBW کاهش ۰/۷۴ از میانگین جمعیت نشان داد، اما ECM افزایش ۰/۱۰ انحراف استاندارد بالاتر از میانگین جمعیت داشت. این مقادیر ممکن است نشان دهد که انتخاب منحصراً برای RFI می‌تواند به‌نفع گاوهای جثه کوچک‌تر باشد و احتمالاً تأثیر اندکی در تولید شیر آنها داشته باشد.

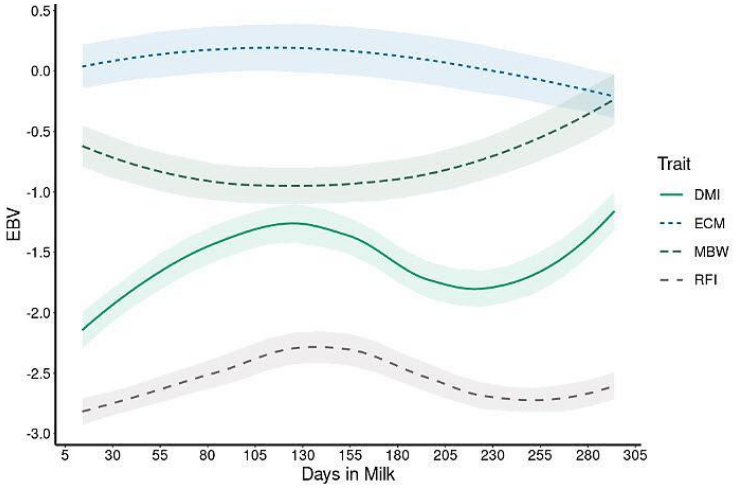
هولاهان و همکاران (Houlahan *et al.*, 2021) نشان دادند که گنجاندن RFI در برنامه انتخاب می‌تواند FE را به‌طور همزمان با سایر صفات مورد علاقه مانند تولید، باروری و صفات عملکردی، بهبود بخشد. همانطور که در شکل ۵ نشان داده شده است، نسبت ۱۰ درصد گاوهای نر برتر برای RFI، از کلاس ۱۰ تا ۱۹ Bi-WL (تقریباً ۱۴۰ تا ۲۶۶ DIM) ثابت می‌ماند. این دوره زمانی مربوط به بازه زمانی پس از اوج شیردهی است، که در آن FE تا جایی بهبود می‌یابد که حیوانات در دوره شیردهی بیشترین کارایی را داشته باشند که نشان می‌دهد این دوره می‌تواند چارچوب خوبی برای انتخاب باشد.



شکل ۴- نسبت ۱۰ درصد گاوهای نر مشترک در سراسر دوره شیردهی (۱۰درصد گاو نر برای مصرف خوراک باقیمانده رتبه‌بندی شده‌اند)
Figure 4.The proportion of top 10% bulls in common across the lactation (10% bulls ranked for residual feed intake)

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]

[DOI: 10.61186/rap.15.4.70]



شکل ۵- تغییر در میانگین EBV استاندارد شده ۱۰ درصد از گاوهای نر برای مصرف خوراک باقیمانده (RFI) مصرف ماده خشک (DMI)، شیر اصلاح شده با انرژی (ECM)، وزن متابولیک بدن (MBW) و RFI (حاشیه خاکستری خطای استاندارد میانگین تخمین‌ها را نشان می‌دهد)

Figure 5. Change in mean standardized EBV of the top 10% of bulls for residual feed intake (RFI) for dry matter intake (DMI), energy corrected milk (ECM), metabolic body weight (MBW) and RFI (Shadowing indicates the standard error of the mean estimates)

نتیجه‌گیری کلی

نتایج ارائه شـــده در این مطالعه بینشـــی را در مورد رفتار دینامیکی پارامترهای ژنتیکی DMI، ECM، MBW و RFI در دوران شـــیردهی ارائه می‌دهد. پارامترهای ژنتیکی تخمین زده شـــده در این مطالعه در طول زمان تغییر کرد و نیاز به در نظر گرفتن چگونگی تغییر صفات در طول دوره شیردهی و در نظر گرفتن چندین نقطه زمانی هنگام جمع‌آوری داده‌ها و انجام ارزیابی‌های ژنتیکی را برجســـته می‌کند. علاوه بر این، نتایج نشان می‌دهد که نقاط زمانی خاصی در شیردهی وجود دارد که می‌تواند فرصت بهبود ژنتیکی برای FE وجود داشته باشـد. همچنین گنجاندن RFI در برنامه انتخاب می‌تواند FE را به‌طور همزمان با سایر صفات اقتصادی، مانند تولید شیر و باروری بهبود بخشد.

تشکر و قدردانی

این مقاله حاصل از طرح پژوهشی پسا دکتری، تحت حمایت مالی دانشگاه محقق اردبیلی می‌باشد.

References

Alijani, S. (2015). Comparison of Two Singles-and Multiple Trait Random Regression Models in Estimation of Genetic Parameters of Production Traits in Holstein Dairy Cattle. *Research on Animal Production*, 5(10), 179-189. [In Persian]

Banos, G., & Coffey, M. P. (2010). Genetic association between body energy measured throughout lactation and fertility in dairy cattle. *Animal*, 4(2), 189-199.

Berry, D. P., & Crowley, J. J. (2013). Cell biology symposium: genetics of feed efficiency in dairy and beef cattle. *Journal of Animal Science*, 91(4), 1594-1613.

Brito, L. F., Oliveira, H. R., Houlahan, K., Fonseca, P. A., Lam, S., Butty, A. M., ... & Schenkel, F. S. (2020). Genetic mechanisms underlying feed utilization and implementation of genomic selection for improved feed efficiency in dairy cattle. *Canadian Journal of Animal Science*, 100(4), 587-604.

Connor, E. E. (2015). Invited review: Improving feed efficiency in dairy production: Challenges and possibilities. *Animal*, 9(3), 395-408.

Connor, E. E., Hutchison, J. L., Norman, H. D., Olson, K. M., Van Tassell, C. P., Leith, J. M., & Baldwin, R. (2013). Use of residual feed intake in Holsteins during early lactation shows potential to improve feed efficiency through genetic selection. *Journal of Animal Science*, 91(8), 3978-3988.

Houlahan, K., Schenkel, F. S., Hailemariam, D., Lassen, J., Kargo, M., Cole, J. B., ... & Baes, C. F. (2021). Effects of incorporating dry matter intake and residual feed intake into a selection index for dairy cattle using deterministic modeling. *Animals*, 11(4), 1157.

Hüttmann, H., Stamer, E., Junge, W., Thaller, G., & Kalm, E. (2009). Analysis of feed intake and energy balance of high-yielding first lactating Holstein cows with fixed and random regression models. *Animal*, 3(2), 181-188.

Jamrozik, J., & Schaeffer, L. R. (1997). Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 80(4), 762-770.

Kirkpatrick, M., Lofsvold, D., & Bulmer, M. (1990). Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. *Genetics*, 124(4), 979-993.

Koch, R. M., Swiger, L. A., Chambers, D., & Gregory, K. E. (1963). Efficiency of feed use in beef cattle. *Journal of Animal science*, 22(2), 486-494.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]

[DOI: 10.61186/rap.15.4.70]

Krattenmacher, N., Thaller, G., & Tetens, J. (2019). Analysis of the genetic architecture of energy balance and its major determinants dry matter intake and energy-corrected milk yield in primiparous Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, 102(4), 3241-3253.

Li, B., Berglund, B., Fikse, W. F., Lassen, J., Lidauer, M. H., Mäntysaari, P., & Løvendahl, P. (2017). Neglect of lactation stage leads to naive assessment of residual feed intake in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 100(11), 9076-9084.

Li, B., Fikse, W. F., Lassen, J., Lidauer, M. H., Løvendahl, P., & Berglund, B. (2016). Genetic parameters fo dry matter intake in primiparous Holstein, Nordic Red and Jersey. *Annual Meeting of the European Federation of Animal Science*, Wageningen Academic Publishers.

Li, B., Fikse, W. F., Løvendahl, P., Lassen, J., Lidauer, M. H., Mäntysaari, P., & Berglund, B. (2018). Genetic heterogeneity of feed intake, energy-corrected milk, and body weight across lactation in primiparous Holstein, Nordic Red, and Jersey cows. *Journal of Dairy Science*, 101(11), 10011-10021.

Liinamo, A. E., Mäntysaari, P., Lidauer, M. H., & Mäntysaari, E. A. (2015). Genetic parameters for residual energy intake and energy conversion efficiency in Nordic Red dairy cattle. Acta Agriculturae Scandinavica, *Animal Science*, 65(2), 63-72.

Liinamo, A. E., Mäntysaari, P., & Mäntysaari, E. A. (2012). Genetic parameters for feed intake, production, and extent of negative energy balance in Nordic Red dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 95(11), 6788-6794.

Lu, Y., Vandehaar, M. J., Spurlock, D. M., Weigel, K. A., Armentano, L. E., Staples, C. R., ... & Tempelman, R. J. (2015). An alternative approach to modeling genetic merit of feed efficiency in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 98(9), 6535-6551.

Manzanilla-Pech, C. I. V., Veerkamp, R. F., Calus, M. P. L., Zom, R., Van Knegsel, A., Pryce, J. E., & De Haas, Y. (2014). Genetic parameters across lactation for feed intake, fat-and protein-corrected milk, and liveweight in first-parity Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, 97(9), 5851-5862.

Manzanilla-Pech, C. I. V., Veerkamp, R. F., Tempelman, R. J., Van Pelt, M. L., Weigel, K. A., VandeHaar, M., & De Haas, Y. (2016). Genetic parameters between feed-intake-related traits and conformation in 2 separate dairy populations—the Netherlands and United States. *Journal of Dairy Science*, 99(1), 443-457.

Meyer, K. (2007). WOMBAT—A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *Journal of Zhejiang University Science*, 8, 815-821.

Mohammadi, A., Alijani, S., Rafat, S. A., Taghizadeh, A., & Buhloli, M. (2013). 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 Production*, 3(6), 46-63. [In Persian]

NRC (2001). Nutrient Requirements of Dairy Cattle. 7th Edn. *Washington*, DC: Natl. Acad. Press.

Oliveira, H. R., Brito, L. F., Lourenco, D. A. L., Silva, F. F., Jamrozik, J., Schaeffer, L. R., & Schenkel, F. S. (2019a). Invited review: Advances and applications of random regression models: From quantitative genetics to genomics. *Journal of Dairy Science*, 102(9), 7664-7683.

Seymour, D. J., Cánovas, A., Chud, T. C. S., Cant, J. P., Osborne, V. R., Baes, C. F., ... & Miglior, F. (2020). The dynamic behavior of feed efficiency in primiparous dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 103(2), 1528-1540.

Shadpour, S., Chud, T. C., Hailemariam, D., Oliveira, H. R., Plastow, G., Stothard, P., ... & Schenkel, F. S. (2022). Predicting dry matter intake in Canadian Holstein dairy cattle using milk mid-infrared reflectance spectroscopy and other commonly available predictors via artificial neural networks. *Journal of Dairy Science*, 105(10), 8257-8271.

Sjaunja, L. O. (1990). A Nordic proposal for an energy-corrected milk (ECM) formula. *27th Session International Committee for Recording and Productivity of Milk Animals*; 2-6 July 1990, Paris, France.

Tempelman, R. J., Spurlock, D. M., Coffey, M., Veerkamp, R. F., Armentano, L. E., Weigel, K. A., & VandeHaar, M. J. (2015). Heterogeneity in genetic and nongenetic variation and energy sink relationships for residual feed intake across research stations and countries. *Journal of Dairy Science*, 98(3), 2013-2026.

VanRaden, P. M. (2008). Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science*, 91(11), 4414-4423.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]

[DOI: 10.61186/rap.15.4.70]