دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

ناهمگنی اجزای واریانس پروتئین شیر در سطوح مختلف تولید گله- سال و تاثیر آن بر پارامترهای ژنتیکی و ارزش اصلاحی برآورد شده گاوهای هلشتاین ایران

جمشید احسانی‌نیا[1]، نوید قوی حسین‌زاده[2] و عبدالاحد شادپرور[3]

۱- دانشجوی دکتری گروه علوم دامی، دانشگاه گیلان، (نویسنده مسوول: ehsani562000@gmail.com)
۲ و ۳- دانشیار و استاد گروه علوم دامی، دانشگاه گیلان

تاریخ دریافت: ۹۴/۱۱/۱۷ تاریخ پذیرش: ۹۵/۳/۲۲

چکیده

در این مطالعه از رکوردهای ۳۰۵ روز مقدار پروتئین مربوط به سه شکم زایش اول گاوهای هلشتاین ایران به منظور بررسی تأثیر ناهمگنی اجزای واریانس بر پارامترهای ژنتیکی، ارزش اصلاحی برآورد شده و تغییر رتبه گاوهای نر و ماده ممتاز استفاده شد. داده‌ها طی سال های ۱۳۶۲- ۱۳۹۲ توسط مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور جمع آوری شده بودند و برای دوره‌های شیردهی اول، دوم و سوم به ترتیب ۱٤۱٦۷۰، ۱۱۵۳۹۵ و ۸۲۵۲۹ رکورد وجود داشت. داده‌ها بر اساس سطوح مختلف تولید گله-سال به سه دسته بالا، متوسط و پایین گروه‌بندی شدند. ناهمگنی واریانس‌ها با آزمون بارتلت بررسی شد و نتایج آن در هر سه دوره شیردهی معنی‌دار (P<۰/۰۱) بود که نشان‌دهنده ناهمگن بودن واریانس‌ها بین سطوح تولیدی است. به منظور برطرف نمودن احتمالی و یا کاهش ناهمگنی واریانس‌ها از روش‌های تبدیل جذری و باکس کاکس و همچنین روش پیش‌تصحیح ویشر استفاده شد. پارامترهای ژنتیکی، وراثت‌پذیری‌ها و اجزای واریانس با استفاده از مدل حیوانی و نرم‌افزار VCE برآورد شدند. برآوردهای وراثت‌پذیری در روش پیش‌تصحیحی ویشر نسبت به سایر روش‌ها بالاتر بود که ممکن است به دلیل تخمین صحیح‌تر اثرات ژنتیکی افزایشی در نتیجه در نظر گرفتن ناهمگنی واریانس‌ها باشد. همبستگی‌های اسپیرمن و همچنین نسبت حیوانات انتخاب شده قبل و بعد از تبدیل داده‌ها بر اساس ارزش‌های اصلاحی برآورد شدند. برآوردهای همبستگی وقتی که تمامی حیوانات نر و ماده ممتاز در نظر گرفته شدند بالا بودند. ناهمگنی واریانس تأثیر قابل ملاحظه‌ای بر تغییر رتبه و انتخاب ۵٪گاوهای نر و ۱٪ ماده‌های ممتاز داشت. روش‌های تبدیل باکس-کاکس، جذری و پیش‌تصحیح ویشر باعث شدند به ترتیب ٤٪، ۱۹٪ و ۱۰٪ گاوهای نر و ۱۰، ۲۱ و ۷٪ ماده های برتر در مقایسه با سناریوی واریانس همگن از لیست انتخاب خارج شوند. نتایج مطالعه حاضر نشان داد که واریانس‌ها بین سطوح مختلف تولید گله-سال همگن نبوده و ممکن است روی رتبه‌بندی و انتخاب گاوهای ممتاز تأثیر گذارد.

واژه‌های کلیدی: پروتئین، هلشتاین، ناهمگنی واریانس، تغییر رتبه، تبدیل داده

مقدمه

شیر تنها ماده غذایی شناخته شده در طبیعت است که می‌تواند نیازهای بدن را به طور متعادل تأمین کند و به معنای واقعی یک غذای کامل است. عمده‌ترین ویژگی شیر و وجه تمایز آن نسبت به سایر مواد غذایی، ترکیب پروتئینی و وجود املاح آن نظیر کلسیم و فسفر است. در جیره غذایی موجودات زنده پروتئین نقش بسیار مهمی را به ویژه در سنین کودکی که بیشترین رشد اندام‌ها در این سنین انجامی می‌گیرد ایفا می‌کند (۱۶). در حیوانات اهلی، بهترین پیش‌بینی نااریب خطی[1] روش استاندارد برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی صفات مهم اقتصادی است. یکی از فرض‌های مورد استفاده در زمان ارزیابی ژنتیکی گاوهای شیری با روش BLUP، فرض همگنی واریانس‌ها بین سطوح مختلف تولیدی است (۳۳،۲۰،۱۵). فرض همگن درنظر گرفتن واریانس باقیمانده به طور مستقیم ارزیابی‌های ژنتیکی را از طریق دادن ارزش‌های یکسان به اطلاعاتی که در مراحل مختلف شیردهی هستند، تحت تاثیر قرار می‌دهد (۲۳) شواهد قابل توجهی وجود دارند که نشان می‌دهند واریانس‌ها بین گله‌ها و محیط‌های مختلف همگن نیستند (۲۱،۱۹،۵).

ارزیابی گاوهای نر و ماده ممتاز به دلیل آن که در بهبود ژنتیکی جمعیت گاو شیری نقش دارند، اهمیت بسیار زیادی دارد. اثر ناهمگنی واریانس بر ارزیابی گاوهای نر و ماده ممتاز متفاوت است. اگر دختران گاوهای نر به طور تصادفی بین گله‌های با واریانس بالا و پایین توزیع شوند، رتبه‌بندی گاوهای نر تحت تاثیر قرار نمی‌گیرد (۲۴). بنابراین فرض همگنی واریانس‌ها در هنگام توزیع تصادفی گاوهای نر، اثر عمده‌ای بر ارزیابی گاوهای نر ندارد. اگرچه، هنگامی که وراثت‌پذیری در محیط‌های با بیشترین واریانس باقیمانده کمترین مقدار باشد، کاهش شدیدی در بازده انتخاب گاوهای نر با فرض اشتباه همگنی واریانس‌ها می‌تواند رخ دهد. اثرات ناهمگنی واریانس‌ها بر ارزیابی‌های گاوهای ماده به مراتب بیشتر است. دلیل این امر این است که گاوهای ماده معمولا تمامی رکوردهای خود را در یک گله دارند، که در طول زمان پراکنش ثابت دارد (۳۳).

اگر ناهمگنی واریانس به صورت مناسب درنظر گرفته نشود، باعث پیش‌بینی اریب و غیرصحیح ارزش‌های اصلاحی خواهد شد (۱۱) که این امر اثر منفی بر روند پیشرفت ژنتیکی دارد و به خصوص مشکلات زیادی را در ارزیابی‌های بین‌الملل گاوهای نر ایجاد می‌کند (۱۳). بنابراین درنظر گرفتن ناهمگنی واریانس ممکن است صحت انتخاب را افزایش داده (بولدمن و فریمن) و پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی را از طریق افزایش صحت انتخاب و کاهش اریب بهبود دهد (۳۱،۱۷،۱۴،۸).

1- BLUP

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02]

[DOI: 10.29252/rap.8.17.130]

تبدیل و پیش‌تصحیح داده‌ها برای اثرات گله–سال روش عملی مناسبی برای کاهش واریانس‌های ناهمگن و در نتیجه ارزیابی صحیح حیوانات برتر است (۳۲،۲۲).

بنابراین هدف از پژوهش حاضر بررسی ناهمگنی واریانس‌ها در سطوح مختلف تولیدگله–سال برای مقدار پروتئین شیر در سه شکم زایش اول و تأثیر روش‌های مختلف تبدیل و پیش تصحیحی داده‌ها بر کاهش و یا رفع ناهمگنی واریانس‌ها و تشخیص تغییر رتبه‌ی گاوهای نر و ماده ممتاز در جمعیت گاوهای هلشتاین ایران بود.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق به منظور بررسی همگنی یا ناهمگنی اجزای واریانس و تأثیر آن بر برآورد پارامترهای ژنتیکی مقدار پروتئین شیر از اطلاعات مربوط به گاوهای هلشتاین که به وسیله مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور تهیه شده بود، استفاده شد. این اطلاعات مربوط به گاوهایی است که از سال ۱۳۶۲ تا ۱۳۹۲ زایش کرده بودند.

رکوردهای مورد نظر بر اساس ۳۰۵ روز شیردهی و دوبار دوشش در روز تصحیح شده اند. ویرایش، تنظیم و تبدیل داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار (۱۸) Foxporo 8.0 صورت گرفت. محدودهٔ ۱۸ تا ۴۰ ماه برای زایش اول، محدودهٔ ۲۸ تا ۴۹ برای زایش دوم و محدودهٔ ۴۰ تا ۶۸ برای زایش سوم در نظر گرفته شد و رکوردهای خارج از این دامنه کنار گذاشته شدند. رکوردهای تکراری در دوره‌های شیردهی اول، دوم و سوم که احتمالا" به دلیل اشتباه در وارد کردن داده‌ها وجود داشت و همچنین حیواناتی که میانگین تولیدشان در سال کمتر و بیشتر از سه انحراف معیار از میانگین جمعیت بود، نیز حذف شدند.

به منظور کاهش اشتباه برآوردها، رکوردهای مربوط به گله‌هایی که در یک سال کمتر از ۵ رکورد داشتند، نیز حذف شدند. این ویرایش علاوه بر بهبود ساختار داده‌ها از نظر جریان ژنی در حیوانات ماده و همچنین حفظ یک اندازه مشخص برای اندازه گله‌ها، موجب می‌شود که نوسانات شدید دام که در بعضی از گله‌ها به دلیل مدیریت نادرست و یا خرید و فروش غیرمعمول دام‌ها مشاهده می‌شود، کنترل شود. فایل شجره با نرم‌افزار (۲۵) CFC 1.0 آماده شد. خلاصه آماری مقدار پروتئین شیر، آزمون بارتلت و آزمون نرمال بودن داده‌ها با رویه GLM نرم‌افزار (۲۶) SAS 9.1 بدست آمد جدول ۱ اطلاعات شجره مورد استفاده را نشان می‌دهد.

جدول ۱– ساختار فایل شجره مقدار پروتئین شیر

Table 1. Structure of the pedigree file for protein yield

موارد	دوره شیردهی		
	اول	دوم	سوم
تعداد کل حیوانات	۲۳۷۵۴۱	۱۹۲۷۶۴	۱۳۸۹۰۸
تعداد کل حیوانات دارای رکورد	۲۰۴۲۷۵	۹۶۹۴۱	۶۸۹۳۷
تعداد پدرها	۴۳۵۸	۴۰۹۶	۳۶۳۳
تعداد مادرها	۱۱۶۲۴۳	۹۲۸۴۵	۶۵۳۰۴
تعداد حیوانات با هر دو والد مشخص	۱۳۰۰۵۴	۱۰۱۹۰۳	۶۹۶۶۱
میانگین تعداد فرزند به ازای هر پدر	۳۰/۶۱	۲۵/۸۳	۲۰/۱۴

دسته‌بندی و گروه‌بندی داده‌ها

برای دسته‌بندی داده‌ها بر اساس سطح تولید گله–سال، گله‌ها بر اساس میانگین تولیدشان به سه دسته تقسیم شدند. در شیردهی‌های اول، دوم و سوم دسته اول شامل گله‌هایی بود که میانگین تولیدشان حداقل ۰/۵ انحراف معیار نسبت به میانگین کل شیردهی کمتر بوده است. دسته دوم شامل گله‌هایی است که میانگین تولیدشان در دامنه ۰/۵ انحراف معیار کمتر از میانگین و ۰/۵ انحراف معیار بیشتر از میانگین بوده است. دسته سوم شامل گله‌هایی بود که میانگین تولیدشان حداقل ۰/۵ انحراف معیار بیشتر از میانگین کل هر دوره شیردهی بود. خلاصه اطلاعات نهایی و مورد استفاده در تحقیق که شامل رکوردهای مربوط به مقدار پروتئین شیر در سه شکم زایش اول گاوهای هلشتاین بود، در جدول ۲ ارائه شده است.

جدول ۲– آمار توصیفی مربوط به مقدار پروتئین شیر در سه دوره شیردهی اول قبل از دسته‌بندی داده‌ها

Table 2. Descriptive statistics for protein yield in three lactations before data grouping

دوره شیردهی	رکورد (رأس)	میانگین (کیلوگرم)	انحراف معیار (کیلوگرم)	اشتباه معیار	ضریب تغییرات	ضریب چولگی
اول	۱۴۱۶۷۰	۲۲۸/۸۱	۴۴/۵۸	۰/۱۱۸	۱۹/۴۸	-۰/۰۵۰۹
دوم	۱۱۵۳۹۵	۲۵۰/۴۸	۵۴/۵۲	۰/۱۶۱	۲۱/۷۷	-۰/۰۱۴۸
سوم	۸۲۵۲۹	۲۵۵/۶۲	۵۹/۲۲	۰/۲۰۶	۲۳/۱۷	۰/۰۳۱۷

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02]

[DOI: 10.29252/rap.8.17.130]

برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی

برای برآورد اجزای واریانس و ارزش‌های اصلاحی مقدار پروتئین شیر با روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) براساس مدل دام تک‌صفتی و سه‌صفتی از نرم‌افزار VCE (۶) استفاده گردید.

رابطه (۱)

$$y_{ijk} = \mu + HYS_i + bAge_j + a_k + e_{ijk}$$

y_{ijk} = مشاهده kام مربوط به مقدار پروتئین در حیوان jام و گله-سال-فصل iام، μ = میانگین جمعیت، HYS_i = اثر ثابت iامین گله-سال-فصل، b = ضریب تابعیت خطی بین امید ریاضی و واریانس مدل چنین است:

رابطه (۲)

$$v\begin{bmatrix} u \\ E \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix}$$

$$V(y) = V(Zu) + V(e) = Z'GZ + R = Z'GZ + R$$

$$E(y) = E(Xb) = Xb$$

تجزیه و تحلیل تک‌صفتی

در تجزیه و تحلیل تک متغیره پارامترهای ژنتیکی در هر یک از شیردهی‌ها و دسته‌ها بطور مجزا برآورد گردید. مدل مورد استفاده در این تحقیق بصورت زیر بود:

مقدار پروتئین و سن در زایش jام، Age_j = اثر سن در زایش jام (j=۲۳)، a_k = اثر تصادفی kامین حیوان، e_{ijk} = اثر باقیمانده.

تجزیه و تحلیل سه‌صفتی

در مدل سه‌صفتی رکوردهای مربوط به هر یک از سطوح تولید گله-سال به عنوان یک صفت در نظر گرفته شد. مدل سه صفتی به شرح ذیل بود:

رابطه (۳)

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ u_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

$y_{3,}y_2, y_1$ = رکوردهای مربوط به تولید شیر هر یک از زیرگروه‌ها در سه دوره شیردهی
$X_{3,}X_2, X_1$ = ماتریس طرح عوامل ثابت برای هر یک از زیرگروه‌ها در سه دوره شیردهی
$Z_{3,}Z_2, Z_1$ = ماتریس طرح عوامل تصادفی برای هر یک از زیرگروه‌ها در سه دوره شیردهی
$b_{3,}b_2, b_1$ = بردار عوامل ثابت برای هر یک از زیرگروه‌ها در سه دوره شیردهی
$u_{3,}u_2, u_1$ = بردار عوامل تصادفی برای هر یک از زیرگروه‌ها در سه دوره شیردهی
$e_{3,}e_2, e_1$ = بردار عوامل باقیمانده برای هر یک از زیرگروه‌ها در سه دوره شیردهی

ماتریس واریانس-کوواریانس و امید ریاضی مدل سه صفتی به صورت زیر است:

رابطه (۴)

$$G = Var\begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ u_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Ag_{11} & Ag_{12} & Ag_{13} \\ Ag_{21} & Ag_{22} & Ag_{23} \\ Ag_{31} & Ag_{32} & Ag_{33} \end{bmatrix} \qquad R = Var\begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & r_{13} \\ r_{21} & r_{22} & r_{23} \\ r_{31} & r_{32} & r_{33} \end{bmatrix}$$

تبدیل و پیش‌تصحیح داده‌ها

به منظور کاهش و یا رفع احتمالی ناهمگنی واریانس‌ها از روش‌های تبدیل باکس-کاکس[1] و جذری[2] استفاده شد. همه تبدیل‌ها با نرم افزار Foxpro 8.0 انجام شدند. در تبدیل باکس-کاکس، ابتدا با استفاده از نرم‌افزار R 3.0.1 مقدار لامبدا (λ) محاسبه و سپس بر اساس فرمول زیر تبدیل شدند:

رابطه (۵)

$$y^* = \begin{cases} \frac{y^\lambda - 1}{\lambda} & \text{if} \quad \lambda \neq 0 \\ \lambda G_y & \\ G_y \ln y & \text{if} \quad \lambda = 0 \end{cases}$$

در رابطه بالا y^* داده تبدیل شده، y داده تبدیل نشده و λ توان تبدیل و G_y میانگین هندسی داده‌های تبدیل نشده است. در تبدیل جذری بر اساس رابطه زیر ریشه دوم داده‌ها گرفته شد: که در فرمول مذکور y_{ij}^* داده‌های تبدیل شده و $\sqrt{y_{ij}}$ ریشه دوم داده‌های تبدیل نشده می‌باشد.

رابطه (۶)

$$y_{ij}^* = \sqrt{y_{ij}}$$

1 - Box- Cox transformation
2 - Square root transformation

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02]
[DOI: 10.29252/rap.8.17.130]

برای پیش‌تصحیح داده‌های فنوتیپی و در نتیجه تصحیح ناهمگنی واریانس‌ها از فرمول ویشر و همکاران (۳۳) به شرح ذیل استفاده شد: که sd انحراف معیار جمعیت، sd_i انحراف معیار برای گله–سال iام و Y_{ij}^{c} رکورد تصحیح شده است.

$$Y_{ij}^{c} = Y_{ij}\left[\frac{sd_p}{sd_i}\right] \quad \text{رابطه (۷)}$$

ارزیابی گاوهای نر و ماده برتر

برای بررسی اثر ناهمگنی واریانس بر تغییر رتبه و پارامترهای ژنتیکی، ارزش‌های اصلاحی برآورد شده با هم مقایسه و همبستگی‌های رتبه‌ای برای گاوهای نر و ماده به طور جداگانه بر اساس روش‌های مختلف محاسبه شد. تغییر رتبه تمامی گاوهای نر و ماده ممتاز، ۱ درصد گاوهای ماده و ۵ درصد گاوهای نر ممتاز و گاوهای نر و ماده ممتاز با BV مثبت بررسی شدند.

نتایج و بحث

توصیف آماری مقدار پروتئین شیر در سه دوره شیردهی اول قبل و بعد از دسته‌بندی داده‌ها به ترتیب در جداول ۲ و ۳ آورده شده است. براساس جدول ۲ مشاهده می‌شود که واریانس‌ها در سه شکم زایش اول ناهمگن هستند. میزان یکنواختی واریانس‌ها از دوره شیردهی اول به سوم کاهش یافته است. با توجه به ضریب تغییرات فنوتیپی بیشترین میزان یکنواختی مربوط به دوره شیردهی اول و کمترین آن مربوط به دوره شیردهی سوم است. همچنین با افزایش میانگین مقدار پروتئین شیر ضریب تغییرات افزایش یافته، بطوریکه قبل از دسته‌بندی داده‌ها، گله‌های با میانگین تولید بالا بیشترین (۲۳/۱۷٪) و گله‌های با میانگین تولید پایین کمترین (۱۹/۴۸٪) مقدار ضریب تغییرات را دارند و میزان یکنواختی واریانس‌ها در گله‌های با میانگین تولید پایین بیشتر است.

باتوجه به نتایج ارائه شده در جدول ۳ و پس از دسته‌بندی داده‌ها، میزان همگنی واریانس‌ها براساس سطوح مختلف تولید گله–سال و دوره‌های شیردهی متفاوت است. بطوریکه گله–سال‌های با میانگین تولید بالا کمترین و گله–سال‌های با میانگین تولید پایین بیشترین مقدار ضریب تغییرات فنوتیپی را دارند و در حقیقت میزان یکنواختی در گله‌های با میانگین تولید بالا بیشتر است و گروه‌بندی داده‌ها تا حدودی ناهمگنی واریانس‌ها را کاهش داده است. ضریب تغییرات بالای مشاهده شده برای گله–سال‌های با میانگین تولید پایین نشان‌دهنده تأثیر بیشتر عوامل محیطی روی گاوهای موجود در گله‌های با میانگین تولید پایین است. در یک مطالعه نشان داده شد هر چه ضریب تغییرات در محیط‌های مختلف بیشتر باشد این امر سبب افزایش ناهمگنی واریانس‌ها می شود (۷).

جدول ۳- آمار توصیفی مقدار پروتئین شیر مربوط به سطوح مختلف اندازه گله–سال در سه دوره شیردهی اول
Table 3. Descriptive statistics for protein yield in the first three lactations based on herd-year size

دوره شیردهی	سطح تولید گله–سال	رکورد (راس)	میانگین (کیلوگرم)	انحراف معیار (کیلوگرم)	اشتباه معیار	ضریب تغییرات (٪)	ضریب چولگی
اول	بالا	۳۸۸۶۹	۲۵۲/۸۵	۴۳/۵۸	۰/۲۲۱	۱۷/۰۳	-۰/۲۹۵
	متوسط	۶۲۴۸۹	۲۳۱/۰۹	۳۹/۸۰	۰/۱۵۹	۱۷/۲۲	-۰/۲۲۲
	پایین	۴۰۳۱۲	۲۰۲/۱۱	۳۷/۷۰	۰/۱۸۸	۱۸/۶۵	۰/۰۰۷
دوم	بالا	۳۵۶۶۸	۲۲۷/۴۸	۵۲/۳۶	۰/۲۷۷	۱۸/۸۷	-۰/۲۹۴
	متوسط	۴۵۷۷۹	۲۵۲/۹۵	۴۹/۷۲	۰/۲۳۲	۱۹/۶۵	-۰/۱۰۶
	پایین	۳۳۹۴۸	۲۱۸/۷۹	۴۵/۹۶	۰/۲۴۹	۲۱/۰۱	۰/۰۸۰
سوم	بالا	۲۵۸۱۶	۲۸۵/۳۲	۵۷/۶۲	۰/۳۵۹	۲۰/۲۰	-۰/۱۹۵
	متوسط	۳۳۸۴۰	۲۵۶/۶۴	۵۳/۷۸	۰/۲۹۲	۲۰/۹۶	۰/۱۰۱
	پایین	۲۲۸۷۳	۲۲۰/۵۸	۴۹/۰۱	۰/۳۲۴	۲۲/۲۲	۰/۰۶۸

در جدول ۴ نتایج آزمون ناهمگنی واریانس‌ها برای مقدار پروتئین در سه دوره شیردهی نخست نشان داده شده است. آزمون بارتلت برای پروتئین شیر در سه دوره شیردهی معنی دار بود ($P<۰/۰۱$) که نشان‌دهنده ناهمگن بودن واریانس‌ها در هر سه سطح تولید گله–سال است و بیشترین میزان ناهمگنی واریانس برای پروتئین شیر در دوره شیردهی اول و کمترین آن در دوره شیردهی دوم مشاهده شد که علت ناهمگنی بالا در دوره شیردهی اول می‌تواند سطوح بسیار متفاوت عوامل مدیریتی در گله‌ها باشد. ارزش مربع کای نشان می‌دهد که ناهمگنی واریانس مقدار پروتئین، از دوره شیردهی اول به دوم کاهش و سپس افزایش یافته است. نتایج مطالعه حاضر نشان داد که سطح تولید و تعداد مشاهدات از عوامل ناهمگنی واریانس‌ها در سه دوره شیردهی نخست می باشند. وقتی که معیار گروه بندی داده ها تغییر پیدا می کند، تعداد رکورد های موجود در یک از دسته‌ها و یا گروه ها تغییر پیدا می کند و در واقع رکوردهای موجود بین گروه‌های با میانگین تولید بالا، متوسط و پایین تغییر مکان می‌دهند که خود بر ناهمگنی واریانس‌ها موثر است. با استفاده از آزمون بارتلت و لون ناهمگنی واریانس‌ها برای عواملی مانند سطح تولید گله، منطقه جغرافیایی و اندازه گله–سال در سایر مطالعات نیز نشان داده شد (۱۰،۲۲،۳۰) که با نتایج تحقیق حاضر همخوانی دارد.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02]
[DOI: 10.29252/rap.8.17.130]

جدول ۴- آزمون بارتلت برای تست همگنی اجزای واریانس مقدار پروتئین پیش از تبدیل داده‌ها
Table 4. Bartlett's test for investigating the homogeneity of variance components of protein yield before data transformation.

دوره شیردهی	درجه آزادی	ارزش مربع کای	سطح معنی‌داری
اول	۲	۸۶۳/۲۰	۰/۰۰۰۱
دوم	۲	۵۹۱/۷۰	۰/۰۰۰۱
سوم	۲	۶۲۹/۱۰	۰/۰۰۰۱

با توجه به اینکه داده‌ها همگن نبودند بنابراین تبدیل‌های مختلف بر روی داده‌ها اعمال و سپس آزمون یکنواختی واریانس روی داده‌های تبدیل شده انجام شد که نتایج آن در جدول ۵ ارائه شده است. روش پیش‌تصحیح ویشر ناهمگنی واریانس‌ها را نسبت به حالت قبل از تبدیل به میزان زیادی کاهش داده است به گونه‌ای که مقدار مربع کای در دوره شیردهی اول، دوم و سوم به ۱۰۴/۲۲، ۳۴/۲۳ و ۱/۰۴ رسیده است و در دوره شیردهی اول و دوم به همگن شدن واریانس‌ها منجر نشد (P<۰/۰۱) اما در دوره شیردهی سوم تبدیل ویشر سبب یکنواختی واریانس‌ها شد (P>۰/۷۸۱) و ناهمگنی را به طور کامل رفع کرد.

جدول ۵- آزمون بارتلت برای تست همگنی اجزای واریانس مقدار پروتئین شیر بعد از تبدیل
Table 5. Bartlett's test for investigating the homogeneity of variance components of protein yield after data transformation

		تبدیل ویشر		تبدیل جذری		تبدیل باکس-کاکس	
دوره شیردهی	درجه آزادی	ارزش مربع کای	سطح معنی‌داری	ارزش مربع کای	سطح معنی‌داری	ارزش مربع کای	سطح معنی‌داری
اول	۲	۱۰۴/۲۲	۰/۰۰۰۱	۱۳۲/۲۰	۰/۰۰۰۱	۱۰۲۸/۴۰	۰/۰۰۰۱
دوم	۲	۳۴/۲۳	۰/۰۰۰۱	۲۹/۸۲	۰/۰۰۰۱	۴۵/۳۰	۰/۰۰۰۱
سوم	۲	۱/۰۴	۰/۷۸۱	۵۲/۴۸	۰/۰۰۰۱	۴۹۹/۴۰	۰/۰۰۰۱

نتیجه آزمون بارتلت پس از تبدیل جذری در هر سه دوره شیردهی نخست معنی‌دار بود (P<۰/۰۱). با این روش تبدیل، ناهمگنی واریانس‌ها تا حدودی کاهش یافت اما مقدار آن به طور کامل رفع نگردید. تبدیل باکس-کاکس ناهمگنی واریانس را در دوره شیردهی اول افزایش داده اما در دوره‌های شیردهی دوم و سوم منجر به همگن‌تر شدن واریانس‌ها شده است. با تجزیه رکوردهای گاوهای هلشتاین آمریکایی نشان داده شد که برخی از روش‌های تبدیل نه تنها ناهمگنی واریانس‌ها را بر طرف نمی‌کنند بلکه تا حدودی آن را افزایش می‌دهد که با نتایج پژوهش حاضر هم‌خوانی دارد (۴). برآوردهای وراثت‌پذیری و اجزای واریانس مقدار پروتئین شیر قبل از تبدیل و بدون دسته‌بندی داده‌ها در سه دوره شیردهی اول در جدول ۶ آمده است.

جدول ۶- اجزای واریانس و وراثت‌پذیری مقدار پروتئین شیر بدون دسته‌بندی داده‌ها
Table 6. Variance components and heritability of protein yield before grouping data

دوره شیردهی	صفت	σ^2a	σ^2e	σ^2p	$h^2 \pm SE$*
اول	سه صفتی	۲۲۲/۳۱	۹۰۹/۶۷	۱۱۳۱/۹۸	۰/۱۹۶±۰/۰۰۹
	تک‌صفتی	۲۱۹/۷۷	۹۲۷/۱۸	۱۱۴۶/۹۵	۰/۱۹۱±۰/۰۱۴
دوم	سه صفتی	۳۱۶/۶۵	۱۴۰۹/۷۳	۱۷۲۶/۳۸	۰/۱۸۳±۰/۰۱۵
	تک‌صفتی	۳۰۶/۶۸	۱۴۹۶/۹۶	۱۸۰۳/۶۴	۰/۱۷۰±۰/۰۲۴
سوم	سه صفتی	۳۵۵/۲۵	۱۸۹۶/۴۵	۲۲۵۱/۷۰	۰/۱۵۸±۰/۰۱۹
	تک‌صفتی	۳۴۷/۹۸	۱۹۰۸/۲۸	۲۲۵۶/۲۶	۰/۱۵۴±۰/۰۳۱

*σ^2a: واریانس ژنتیکی افزایشی، σ^2e: واریانس اثرات باقیمانده، σ^2p: واریانس فنوتیپی، h^2: وراثت‌پذیری، SE: اشتباه معیار

واریانس باقیمانده در شیردهی اول به مقدار زیادی پایین‌تر از واریانس باقیمانده در شیردهی دوم و سوم بود. وراثت‌پذیری‌ها نیز از دوره شیردهی اول به شیردهی سوم کاهش یافته‌اند که دلیل آن حذف حیوانات با توجه به عملکرد آنها در شیردهی اول بود، بنابراین در شیردهی‌های دوم و سوم حیوانات همگن‌تر می‌شوند و در نتیجه تنوع ژنتیکی بین حیوانات کاهش می‌یابد. همچنین واریانس فنوتیپی از شیردهی اول به شیردهی سوم افزایش می‌یابد که به دلیل افزایش واریانس باقیمانده می‌باشد و این خود توجیهی برای کاهش وراثتپذیری است. کاهش وراثت‌پذیری از شیردهی اول تا سوم در مطالعات دیگری نیز گزارش شده است (۳). در تجزیه سه‌صفتی واریانس فنوتیپی نسبت به تجزیه تک‌صفتی کوچکتر است به همین دلیل مقادیر وراثت‌پذیری در تجزیه سه‌صفتی نسبت به تجزیه تک‌صفتی اندکی بیشتر است. با توجه به افزایش جزء واریانس باقیمانده و کاهش تعداد رکوردهای مورد استفاده، کاهش برآورد وراثت‌پذیری از شیردهی اول تا سوم مورد انتظار است. علاوه بر این واریانس فنوتیپی از شیردهی اول به سوم افزایش یافته است که به دلیل افزایش واریانس باقیمانده می‌باشد و این خود دلیلی برای کاهش وراثت‌پذیری است. کاهش وراثت‌پذیری از

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02]
[DOI: 10.29252/rap.8.17.130]

شیردهی اول تا سوم در تحقیقات دیگری نیز گزارش شده است (۳،۳۲) که با نتایج تحقیق حاضر همخوانی دارد برآوردهای اجزای واریانس و ضرایب وراثت‌پذیری پس از پیش‌تصحیحی و هچنین بکارگیری روش‌های مختلف تبدیل داده در جدول ۷ آمده است. برای سادگی مقایسه بین مقیاس‌های خطی و تبدیل شده، اجزای واریانس داده‌های جذری در 10^3 ضرب شدند. همانطور که ملاحظه می‌شود بعد از تبدیل توسط فرمول ویشر در هر سه دوره شیردهی وراثت‌پذیری‌ها نسبت به حالت قبل از تبدیل (سه صفتی و تک‌صفتی) افزایش یافته است و در تمامی موارد واریانس ژنتیکی افزایشی، باقیمانده و فنوتیپی نسبت به قبل از تبدیل بیشتر است که یکی از دلایل آن می‌تواند کاهش و یا رفع کامل ناهمگنی واریانس‌ها پس از این نوع تبدیل باشد. پس از تبدیل جذری و باکس–کاکس بیشترین میزان وراثت‌پذیری مربوط به دوره شیردهی اول و کمترین آن مربوط به دوره شیردهی سوم است. از بین روش‌های مختلف تبدیل و پیش‌تصحیح، بیشترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به تبدیل ویشر و کمترین آن مربوط به تبدیل جذری است. در هر سه دوره شیردهی واریانس باقیمانده از دوره شیردهی اول به سوم یک روند افزایشی را نشان می‌دهد.

جدول ۷– اجزای واریانس و وراثت‌پذیری مقدار پروتئین شیر پس از پیش‌تصحیحی و تبدیل داده‌ها

Table 7. Variance components and heritability of protein yield after pre-correction and data transformation

دوره شیردهی	روش تبدیل/پیش تصحیح	σ^2a	σ^2e	σ^2p	h^2±SE
	تبدیل جذری ($\times10^3$)	۲۳۶	۱۱۶	۱۳۹۶	۰/۱۶۸±۰/۰۲۳
اول	تبدیل باکس–کاکس	۳۹۴/۷۱	۱۹۱۰/۶۱	۲۳۰۵/۳۲	۰/۱۷۱±۰/۰۱۲
	ویشر	۶۶۲/۴۵	۲۴۵۱/۳۵	۳۱۱۳/۸۰	۰/۲۱۲±۰/۰۰۹
	تبدیل جذری ($\times10^3$)	۲۴۷	۱۶۵۹	۱۹۰۶	۰/۱۲۹±۰/۰۱۲
دوم	تبدیل باکس–کاکس	۱۱۱/۳۵	۷۲۴/۲۰	۸۳۵/۵۵	۰/۱۳۳±۰/۰۱۲
	ویشر	۷۰۲/۰۱	۳۰۹۲/۳۵	۳۷۹۴/۳۶	۰/۱۸۵±۰/۰۱۹
	تبدیل جذری ($\times10^3$)	۲۸۰	۱۹۶۹	۲۲۴۹	۰/۱۲۴±۰/۰۱۴
سوم	تبدیل باکس–کاکس	۱۲۸/۲۵	۸۸۰/۴۷	۱۰۰۸/۷۲	۰/۱۲۷±۰/۰۱۴
	ویشر	۶۴۵/۱۱	۳۴۰۳/۱۵	۴۰۴۸/۲۶	۰/۱۵۹±۰/۰۰۸

σ^2a: واریانس ژنتیکی افزایشی، σ^2e: واریانس اثرات باقیمانده، σ^2p: واریانس فنوتیپی، h^2: وراثت‌پذیری، SE: اشتباه معیار

بنابراین با مقایسه نتایج این جدول با نتایج جدول ۶ می‌توان به این نتیجه رسید که بعد از تبدیل‌های جذری و باکس–کاکس وراثت‌پذیری کاهش می‌یابد که علت آن می‌تواند کاهش واریانس‌ها به علت تغییر ساختار داده‌ها باشد. نتایج نشان می‌دهد تبدیل داده‌ها (جذری و باکس–کاکس) به میزان زیادی وراثت‌پذیری را تحت تأثیر قرار نمی‌دهد اما تصحیح بر اساس انحراف استانداردهای ناهمگن منجر به ضرایب وراثت‌پذیری بالاتر می‌شود که علت افزایش نسبی بالاتر واریانس افزایشی نسبت به واریانس باقیمانده است. پایین بودن وراثت‌پذیری‌ها در محیط‌های با پراکنش پایین ممکن است به دلیل شرایط نامطلوب محیطی باشد. در این شرایط حیوانات امکان بروز پتانسیل ژنتیکی خود را نخواهند یافت و برآوردهای واریانس‌های ژنتیکی مقادیر پایینی است.

برآوردهای وراثت‌پذیری مطالعه حاضر با برآوردهای سایر محققین قابل مقایسه است (۲۲). منطبق با نتایج حاضر، استرابل و همکاران (۲۷) با مطالعه داده‌های مقدار پروتئین شیر و بکارگیری تبدیل باکس–کاکس برآوردهای کمتری از واریانس ژنتیکی و در نتیجه کاهش مقدار وراثت‌پذیری در گاوهای شیری گزارش کردند. علت احتمالا" این است که ناهمگنی بیشتر در جزئ ژنتیکی واریانس در سطح کلاس های مختلف گروه‌های هم‌عصر بوده است و با رفع ناهمگنی، واریانس ژنتیکی و در نتیجه وراثت‌پذیری کاهش می‌یابد. اما بربس و همکاران (۲) برآوردهای بالاتری از وراثت‌پذیری به دلیل کاهش واریانس باقیمانده پس از تبدیل باکس–کاکس گزارش کردند که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت ندارد. در تحقیقی دیگر میزان وراثت‌پذیری مقدار پروتئین شیر در گوسفندان شیری قبل از تبدیل و پس از تبدیل باکس–کاکس به ترتیب ۰/۳۰–۰/۲۱ و ۰/۲۷–۰/۲۱ گزارش شد (۱۲).

در مطالعات متعددی اثر روش‌های مختلف تبدیل داده و پیش‌تصحیحی بر کاهش ناهمگنی واریانس‌ها بررسی و بیان شد که پیش‌تصحیح داده‌ها بر اساس انحراف استاندارد فنوتیپی گله–سال– فصل مؤثرترین و عملی‌ترین روش برای کاهش ناهمگنی واریانس‌ها است که با نتایج پژوهش حاضر همخوانی دارد (۳۳،۱۲). توصیف آماری EBVهای برآورد شده برای داده‌های تبدیل نشده، تبدیل جذری، باکس–کاکس و روش تبدیل ویشر در جدول ۸ نشان داده شده است. میانگین ارزش‌های اصلاحی مقدار پروتئین شیر همه گاوهای نر و ماده بالاتر از صفر بود. تبدیل و تصحیح داده‌ها برای رفع یا کاهش ناهمگنی واریانس‌ها میانگین و انحراف معیار ارزش‌های اصلاحی را تحت تأثیر قرار داد. میانگین EBV گاوهای نر و ماده ممتاز پس از تبدیل و تحصیح ناهمگنی واریانس‌ها نسبت به میانگین داده‌های تبدیل نشده بیشتر بود. در خصوص گاوهای نر EBV حاصل از همه گاوهای نر نسبت به داده‌های تبدیل نشده، بر اثر تبدیل جذری کاهش اما بر اثر تبدیل باکس–کاکس و پیش‌تصحیحی ویشر افزایش یافته است و بیشترین مقدار آن مربوط به روش تبدیل ویشر است. اما با انتخاب ۵ درصد گاوهای نر ممتاز EBVها افزایش یافتند و بالاترین مقدار آن مربوط به روش تبدیل ویشر بود. وقتی که انتخاب فقط از بین گاوهای نر با EBV مثبت انجام شد ارزش‌های اصلاحی نسبت به حالتی که ۵ درصد گاوهای نر انتخاب شدند، کمتر بودند. ارزش اصلاحی گاوهای ماده نسبت به گاوهای نر تقریبا" بالاتر بود و در بین

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02]

[DOI: 10.29252/rap.8.17.130]

گروه‌های مختلف همانند گاوهای نر بالاترین مقدار EBV مربوط به تبدیل ویشر بود. بنابراین روش‌های مختلف تبدیل و پیش‌تصحیح ضمن همگن‌تر کردن واریانس‌ها اثر قابل ملاحظه‌ای بر ارزیابی ژنتیکی و انتخاب گاوهای نر و ماده ممتاز دارند. محققین زیادی اثر ناهمگنی واریانس را بر شایستگی ژنتیکی گاوهای شیری نشان داده‌اند (۱۵،۱۳،۱). در یک مطالعه اثر ناهمگنی واریانس بر ارزیابی ژنتیکی گاوهای نر بررسی و نتایج نشان داد که تصحیح ناهمگنی واریانس صحت ارزیابی گاوهای نر را تحت تأثیر قرار نمی‌دهد، چون دختران گاوهای نر عموما" به طور تصادفی بین گله‌های با واریانس بالا و پایین توزیع می شوند. بنابراین فرض همگنی واریانس‌ها در هنگام توزیع تصادفی گاوهای نر و افزایش وراثت‌پذیری همراه با افزایش واریانس باقیمانده، اثر عمده‌ای بر ارزیابی گاوهای نر ندارد شد (۱).

با استفاده از یک مدل خطی و با فرض همگن بودن واریانس‌ها نشان داده شد که واریانس‌های غیریکنواخت (ناهمگن) اثر مهمی بر رتبه و ارزیابی گاوهای ماده دارند اما تأثیر زیادی بر رتبه‌بندی گاوهای نر ندارند (۲۲).

تغییر رتبه در ۱ درصد گاوهای ماده برتر بیشتر از ۵ درصد گاوهای نر ممتاز است و وقتی که ۱ درصد گاوهای ماده برتر انتخاب می‌شوند بسته به نوع مدل، تغییر رتبه آنها بسیار زیادتر از انتخاب ۵ درصد گاوهای نر ممتاز است. در واقع گاوهای نر ممتاز کمتر تحت تأثیر ناهمگنی واریانس‌ها قرار می‌گیرند و این نشان دهنده عدم انتخاب تصادفی گاوهای نر در گله‌های مختلف است و در واقع فرزندان گاوهای نر به طور تصادفی بین گله‌های مختلف توزیع شده‌اند. معمولا" گاوهای نر ممتاز در گله‌های پرتولید و با مدیریت بهتر استفاده می‌شوند. در یک پژوهش نشان داده شد که رتبه گاوهای نر ممتاز نسبت به رتبه گاوهای ماده ممتاز بین سه مدل استفاده شده تفاوت کمتری دارد و ناهمگنی واریانس‌ها اثر کمتری بر ارزیابی گاوهای نر دارد و همبستگی رتبه‌ای بین سه مدل مورد استفاده هم برای گاوهای نر و هم برای گاوهای ماده ۰/۹۹ بود (۱) که با نتایج پژوهش حاضر هم‌خوانی دارد.

جدول ۸- آمار توصیفی EBVها برای داده‌های خام، تبدیل شده و پیش‌تصحیح شده در ۶ گروه حیوانات

Table 8. Descriptive statistics of EBVs for raw data, transformed and pre-correction in six groups of animals

گروه	تبدیل/ پیش تصحیح	اشتباه معیار ± میانگین	انحراف معیار(کیلوگرم)	حداقل	حداکثر	کشیدگی
۱	داده خام	۰/۱۲۱±۰/۱۰	۶/۸۳	-۴۰/۲۶	۴۵/۳۲	-۰/۰۳۵
(n=۴۳۵۹)	تبدیل جذری	۰/۰۰۷±۰/۰۰۳	۰/۲۱۸	-۱/۴۱	۱/۳۶	-۰/۱۶۷
	تبدیل باکس-کاکس	۰/۱۷۶±۰/۱۵	۹/۹۹	-۰/۵۸	۶۶/۷۷	-۰/۰۱۴۰
	ویشر	۰/۱۹±۰/۰۸	۶/۴۸	-۳۵/۴۸	۵۱/۲۵	-۰/۰۷۸
۲	داده خام	۱۸/۳۰±۰/۴۸	۵/۰۵	۱۶/۱۲	۶۹/۱۰	۰/۶۹۲
	تبدیل جذری	۰/۵۵۷±۰/۰۱۲	۰/۱۷۰	۰/۳۰۳	۱/۳۶	۰/۵۴۹
(n=۲۱۸)	تبدیل باکس-کاکس	۲۶/۳۹±۰/۵۳	۷/۸۳	۱۶/۷۵	۶۶/۷۷	۰/۷۰۱
	ویشر	۳۰/۴۵±۰/۳۷	۵/۲۵	۱۶/۸۷	۶۹/۲۴	۰/۶۸۲
۳	داده خام	۷/۲۳±۰/۲۰	۶/۵۱	۰/۰۱	۴۵/۳۲	۰/۴۹۰
(n=۱۰۹۶)	تبدیل جذری	۰/۲۲۶±۰/۰۰۶	۰/۲۰۴	۰/۰۶۷۵	۱/۳۶	۰/۴۵۴
	تبدیل باکس-کاکس	۱۰/۵۸±۰/۲۹	۹/۵۶	۰/۰۸۰	۶۶/۷۷	۰/۴۹۹
	ویشر	۱۴/۸۹±۰/۱۹	۶/۳۹	۰/۰۵	۴۷/۱۳	۰/۴۸۱
۴	داده خام	۰/۳۷۹±۰/۰۲	۷/۰۹	-۴۹/۴۶	۳۸/۱۴	-۰/۲۴۹
	تبدیل جذری	۰/۰۰۸±۰/۰۰۶	۰/۲۲۱	-۱/۷۷	۱/۱۴	-۰/۴۲۴
(n=۱۴۱۶۷۰)	تبدیل باکس-کاکس	۰/۵۵۴±۰/۰۳	۱۰/۳۸	-۷۱/۵۷	۵۶/۶۵	-۰/۲۲۵
	ویشر	۰/۸۶۹±۰/۰۵	۸/۰۴	-۴۳/۳۲	۶۱/۴۱	-۰/۲۰۱
۵	داده خام	۲۱/۹۶±۰/۰۸۶	۳/۲۶	۱۸/۳۷	۳۸/۱۴	۱/۴۰
	تبدیل جذری	۰/۶۷۱±۰/۰۰۳	۰/۲۰۵	۰/۴۴۳	۱/۱۴	۱/۴۳
(n=۱۴۱۶)	تبدیل باکس-کاکس	۳۲/۳۴±۰/۱۲۸	۴/۸۴	۲۶/۶۶	۵۶/۶۵	۱/۴۳
	ویشر	۳۹/۶۷±۰/۰۵۴	۳/۱۰	۲۹/۴۵	۶۹/۷۸	۱/۲۶
۶	داده خام	۵/۴۹±۰/۰۱۷	۴/۷۳	۰/۰۱۰	۳۸/۱۴	۱/۴۱
	تبدیل جذری	۰/۱۶۴±۰/۰۰۵	۰/۱۴۸	۰/۰۹۷	۱/۱۴	۱/۴۰
(n= ۶۹۸۱۵)	تبدیل باکس-کاکس	۸/۰۲±۰/۰۲۶	۶/۹۷	۰/۰۸	۵۶/۶۵	۱/۴۲
	ویشر	۹/۳۴±۰/۰۱۱	۵/۲۱	۰/۱۰	۶۹/۷۸	۱/۲۸

۱: همه گاوهای نر، ۲: ۵٪ گاوهای نر ممتاز، ۳: گاوهای نر با BV مثبت، ۴: همه گاوهای ماده، ۵: ۱٪ گاوهای ماده ممتاز، ۶: گاوهای ماده با BV مثبت

برای تبدیل جذری و ویشر به ترتیب ۱۹/۲۶٪ و ۱۰/۱۸٪ بودند. بنابراین روش تبدیل باکس-کاکس کمترین تأثیر را بر تغییر رتبه گاوهای نر ممتاز دارد. در خصوص گاوهای ماده ممتاز نیز بر اثر تبدیل‌های جذری و باکس-کاکس و همچنین روش پیش‌تصحیحی ویشر به ترتیب ۲۱/۱۹٪، ۹/۸۹٪ و ۶/۶۵٪ آنها از لیست حیوانات ممتاز حذف شدند.

نتایج مطالعه حاضر نشان داد که تصحیح ناهمگنی واریانس بر اساس سطوح اثرات ثابت (پیش تصحیحی بر اساس انحراف استاندارد) روش مؤثرتری برای ارزیابی ژنتیکی صحیح حیوانات ممتاز است. به هر حال وقتی که انتخاب گاوهای نر و ماده به صورت گسترده انجام می‌شود، یعنی گاوهای نر و ماده با BV مثبت (گروه ۴ و ۶)، اثر ناهمگنی واریانس هنوز آشکار است اما مقدار آن کمتر است. در یک

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02]

[DOI: 10.29252/rap.8.17.130]

مطالعه ۲۰ درصد از ۱۰۰۰ گاو ماده ممتاز در نتیجه تصحیح ناهمگنی واریانس‌هاز از طریق استاندارد کردن داده‌ها از لیست حذف شدند و همبستگی برآورد شده بین ارزش اصلاحی ۱۰۰۰ گاو ماده برتر قبل و بعد از استاندارد کردن ۰/۸۲۱ بود و تنها نه درصد از ۱۰۰۰ گاو نر برتر بعد از استاندارد کردن از لیست خارج شدند (۱۰). در تحقیقی دیگر نشان داده شده ناهمگنی واریانس‌ها سبب تغییر رتبه گاوهای نر ممتاز شده و تصحیح ناهمگنی واریانس‌ها از طریق روش‌های مختلف تبدیل سبب شد که به ترتیب ۲۵ و ۳۲ درصد گاوهای نر و ماده برتر از لیست خارج شوند که با نتایج پژوهش حاضر مطابقت دارد (۲۲). چون گاوهای نر در یک گله نگهداری می‌شوند و BV آنها بر اساس عملکرد دخترانشان برآورد می‌شوند، مورد انتظار است که BV گاوهای نر اریب باشد. در مقایسه بین گاوهای نر و ماده مشاهده می‌شود که میانگین تغییرات گاوهای نر برتر نسبت به گاوهای ماده برتر کمتر است و این بیانگر این است که روش‌های مختلف تبدیل و پیش تصحیحی ویشر تأثیر بیشتری بر تغییر رتبه گاوهای ماده ممتاز دارند و در نظر گرفتن ناهمگنی واریانس و تصحیح آن با استفاده از روش‌های مختلف تبدیل و پیش‌تصحیح روی رتبه‌بندی گاوهای ممتاز بسیار مؤثر است و این تصحیح در صورتی روی رتبه‌بندی گاوهای نر مؤثر است که به طور تصادفی در گله‌های مختلف دختر نداشته باشند (۸،۲۰،۳۳). بنابراین وقتی که از روش‌های تبدیل مختلف برای رفع ناهمگنی واریانس‌ها در ارزیابی ژنتیکی گاوهای شیری استفاده می‌شود رتبه گاوهای ماده بیشتر تحت تأثیر قرار می‌گیرد.

جدول ۹- همبستگی رتبه‌ای بین EBVها برای پروتئین تبدیل نشده، تبدیل ویشر، جذری و باکس-کاکس

Table 9. Spearman correlations between EBVs for raw data protein, visscher, square and box-cox transformation

گروه	حیوان	همبستگی رتبه‌ای		
		تبدیل ویشر-پروتئین تبدیل نشده	تبدیل جذری-پروتئین تبدیل نشده	تبدیل باکس-کاکس- پروتئین تبدیل نشده
۱(n=۴۳۵۹)	گاوهای نر	۰/۹۲۲	۰/۸۹۴	۰/۹۶۸
۲(n=۲۱۸)		۰/۸۳۷	۰/۸۰۵	۰/۹۵۱
۳(n=۱۰۹۶)		۰/۸۱۷	۰/۸۷۲	۰/۹۵۹
۴(n=۱۴۱۶۷۰)		۰/۹۰۴	۰/۸۹۹	۰/۹۶۰
۵(n=۱۴۱۶)	گاوهای ماده	۰/۸۱۱	۰/۷۹۴	۰/۹۱۱
۶(n= ۶۹۸۱۵)		۰/۷۳۴	۰/۷۷۹	۰/۸۸۸

۱- همه گاوهای نر، ۲: ۵٪ گاوهای نر ممتاز، ۳: گاوهای نر با BV مثبت، ۴: همه گاوهای ماده، ۵: ۱٪ گاوهای ماده ممتاز، ۶: گاوهای ماده با BV مثبت

نتایج تحقیق حاضر نشان داد که سطح تولید گله یکی از عوامل ناهمگنی واریانس‌ها برای پروتئین شیر در گاوهای هلشتاین ایران است و این ناهمگنی رتبه و ارزش اصلاحی برآورد شده گاوهای نر و ماده ممتاز را تحت تأثیر قرار می‌دهد و روش پیش‌تصحیح ویشر تأثیر معنی‌داری بر رفع ناهمگنی اجزای واریانس دارد، بنابراین پیشنهاد می‌شود در زمان ارزیابی ژنتیکی گاوهای نر و ماده ممتاز اثر ناهمگنی واریانس‌ها به منظور بالا بردن صحت ارزیابی‌های ژنتیکی در نظر گرفته شود.

تشکر و قدردانی

نویسندگان از مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور جهت در اختیار قرار دادن داده‌ها تشکر و قدردانی می‌نمایند.

منابع

1. Boldman, K.G. and A.E. Freeman. 1990. Adjustment for heterogeneity of variances by herd production in dairy cow and sire evaluation. Journal of Dairy Science, 73: 503-512.
2. Brebes, B., V. Ducrocq, J.L. Foulley, M. Protais, A. Tavernier, M. Tixier-Boichard and C. Beaumont. 1993. Box-Cox transformation of egg-production traits of laying hens to improve genetic parameter estimation and breeding evaluation. Livestock Production Science, 33: 313-326.
3. Dahlin, A., U.N. Khan, A.H. Zafar, M. Saleem, M.A. Chaudhry and J. Philipsson. 1998. Genetic and environmental causes of variation in milk production traits of Sahiwal cattle in Pakistan. Journal of Animal Science, 66(2): 307-318.
4. De Veer, J.C. and L.D. Van Veleck. 1987. Genetic parameters for first lactation milk yields at three levels of production. Journal of Dairy Science, 70: 1434-1441.
5. Gengler, N., G.R. Wiggans and A. Gillon. 2004. Estimated heterogeneity of phenotypic variance of test-day yield with a structural variance model. Journal of Dairy Science, 87: 1908-1916.
6. Groeneveld, E., M. Kovac and N. Mielenz. 2008. VCE User's Guide and Reference Manual. Version 6.0. Institute of Farm Animal Genetics, Neustadt, Germany, 1-125.
7. Hill,W. G. 1984. On selection among groups with heterogeneous variance. Animal Production, 39: 473-477.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02]

[DOI: 10.29252/rap.8.17.130]

8. Huquet, B., H.L. Leclerc and V. Ducrocq. 2012. Modelling and estimation of genotype by environment interactions for production traits in French dairy cattle. Genetic Selection Evolution, 44(35): 1-14.
9. Ibanez, M.A., M.J. Carabano, J.L. Foulley and R. Alenda. 1996. Heterogeneity of herd-period phenotypic variances in the Spanish Holstein-Friesian cattle: sources of heterogeneity and genetic evaluation. Livestock Production Science, 45: 137-147.
10. Ibanez, M.A., M.J. Carabano and R. Alenda. 1999. Identification of sources of heterogeneous residual and genetic variances in milk yield data from the Spanish Holstein-Friesian population and impact on genetic evaluation. Livestock Production Science, 59: 33-49.
11. Kizilkaya, K. and R.J. Tempelman. 2005. A general approach to mixed effects modeling of residual variances in generalized linear mixed models Genetic Selection Evolution, 37(1): 31-56.
12. Kominakis, A., E. Rogdakis and K. Koutsotolis. 1998. Genetic parameters for milk yield and litter size in Boutsiko dairy sheep. Canadian Journal of Animal Science, 78: 525-532.
13. Lidauer, M., R. Emmerling and E.A. Mantysaari. 2008. Multiplicative random regression model for heterogeneous variance adjustment in genetic evaluation for milk yield in Simmental. Animal Breeding and Genetics, 125(3): 147-159.
14. Lino-Lourenço, D.A., C.A. Lopes de Oliveira, E.N. Martins, M.C. Paula Leite, F.C.M. Maiaand and A.I. Santos. 2012. Heterogeneous genetic (co)variances in simulated closed herds under selection. Maringá, 34(1): 83-90.
15. Markus, S., E.A. Mantysaari, I. Stranden, J.A. Eriksson and M.H. Lidauer. 2014. Comparison of multiplicative heterogeneous variance adjustment models for genetic evaluations. Journal of Animal Breeding and Genetics, 22: 61-65.
16. Matzuk, M., M. Lamb and J. Dolores. 2002. Genetic dissection of mammalian fertility pathways.Nature publishing Group, Basingstoke, ROYAUME-UNI.
17. Meuwissen, T.H.E., G. De Jong and B. Engel. 1996. Joint estimation of breeding values and heterogeneous variances of large data files. Journal of Dairy Science, 79: 310-316.
18. Microsoft Visual FoxPro 9.0. Copyright© 1988-2004, Microsoft Corporation.
19. Mulder, H.A., P. Bijma and W.G. Hill. 2007. Prediction of breeding values and selection response with genetic heterogeneity of environmental variance. Genetics, 175: 1895-1910.
20. Nakaoka, H., A. Narita, T. Ibi, Y. Sasae, T. Miyake, T. Yamada and Y. Sasaki. 2007. Effectiveness of adjusting for heterogeneity of variance in genetic evaluation of Japanese Black cattle. Journal of Animal Science, 85: 2429-2436.
21. Neves, H.H.R., R. Carvalheiro and S.A. Queiroz. 2012. Genetic variability of residual variance of weight traits in Nellore beef cattle. Livestock Science, 142(1-3): 164-169.
22. Nikolaou, M., A.P. Kominakis, E. Rogdakis and S. Zampitis. 2004. Effect of mean and variance heterogeneity on genetic evaluations of Lesbos dairy sheep. Livestock Production Science, 88: 107-115.
23. Rekaya, R., M.J. Carabaño and M.A. Toro. 2000. Assessment of heterogeneity of residual variances using changepoint techniques. Genetic Selection Evolution, 32(4): 383-394.
24. Robert-Granie, C., B. Bonaıti, D. Boichard and A. Barbat. 1999. Accounting for variance heterogeneity in French dairy cattle genetic evaluation. Livestock Production Science, 60: 343-357.
25. Sargolzaei, M., H. Iwaisaki and J.J. Colleau. 2006. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. Proc. 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., CD-ROM Communication 27-28. Belo Horizonte, Brazil, Aug. 13-18.
26. SAS, 2009. Release 9.1. SAS Institute Inc., Cary, North Carolia, USA.
27. Strabel, T. and T. Szwaczkowski. 1997. Additive genetic and permanent environmental variance components for test day milk traits in Black-White cattle. Livestock Production Science, 48: 91-98.
28. Strabel, T., T. Jankowski and J. Jamrozik. 2006. Adjustments for heterogeneous herd-year variances in a random regression model for genetic evaluations of polish Black-and-White cattle. Journal of Applied Genetics, 47: 125-130.
29. Szydowski, M. and T. Szwaczkowski. 1993. The effect of grouping herds according to production level on the heritability of milk traits in cattle. Animal Science Pap Rep, 11: 295-300.
Urioste, J.I., D. Gianola, R. Rekaya, W.F. Fikse and K.A. Weigel. 2001. Evaluation of extent and amount of heterogeneous variance for milk yield in Uruguayan Holsteins. Journal of Animal Science, 72: 259-268.
30. Van der Werf, J.H.J., T.H.E. Meuwissen and G. De Jong. 1994. Effect of correction for heterogeneity of variances on bias and accuracy of breeding value estimation for Dutch dairy cattle. Journal of Dairy Science, 77: 3174-3184.
31. Varkoohi, S., H. Merabani-Yeganeh, S.R. Miraei-Ashtiyani and N. Ghavi-Hossein-zadeh. 2007. Heterogeneity of variance for milk traits at climatical regions in Holstein dairy cattle in Iran and the best methods for data transformation. Journal of Pakistan biological science, 10(9): 1556-1558.
32. Visscher, P.M., R. Thompson and W.G. Hill. 1991. Estimation of genetic and environmental variances for fat yield in individual herds and an investigation into heterogeneity of variance between herds. Livestock Production Science, 28: 273-290.
33. Wiggans, G.R. and P.M. Van Raden. 1991. Method and effect of adjustment for heterogeneous variance. Journal of Dairy Science, 4: 4350- 4357.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02]

[DOI: 10.29252/rap.8.17.130]

Heterogeneity of Variance Components for Milk Protein Yield in Different Levels of Herd-year Production and Its Effects on Genetic Parameters and Estimated Breeding Value of Iranian Holsteins

Jamshid Ehsani Nia[1], Navid Ghavi Hossein-Zadeh[2] and Abdol Ahad Shadparvar[3]

1. PhD Student, Department of Animal Science, University of Guilan,
(Corresponding author: ehsani562000@gmail.com)
2 and 3- Associate Professor and Professor Department of Animal Science, University of Guilan
Received: February 6, 2016 Accepted: June 11, 2016

Abstract

This study was carried out to investigate different data transformation methods on homogeneity and heterogeneity of variance components. Data included 305-day lactation records for protein yield from the first three lactations of Iranian Holstein cows collected from 1983 to 2014 by the Animal Breeding Center and Promotion of Animal Products of Iran. Data included 141670 records for 1st lactation, 115395 records for 2nd lactation and 82529 records for 3rd lactation. Records were categorized to 3 classes according to the average of herd-year production. For testing the heterogeneity of variance components Bartlet test was used and it was significant among all three lactations. A pre-correction method and two different data transformation methods including Box-Cox and Square root were used to correct for heterogeneity of variance. Genetic parameter and heritability estimates were estimated by VCE program, under an animal model. Spearman correlations and proportion of animals selected before and after data transformation were also estimated. Application of the Visscher adjustment method resulted in slightly higher heritabilities, which may be due to the more accurate estimation of additive genetic effects when heterogeneity is considered. Heterogeneity of variance had a significant effect on re-ranking and selection of 5% top sires and 1% of top dams. Pre-correction, Box-Cox and Square root method caused a proportion of 4%, 19% and 10% of top sires and 10%, 21% and 7% of top dams, respectively, to be excluded from selection when compared to the homogenous variance scenario. The results of this research indicate that the variance between different levels of herd-year production is not homogeneous and may influence the ranking and genetic evaluation of top cows.

Keywords: Data transformation, Holstein, Protein, Variance Heterogeneity, Re-ranking

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02]

[DOI: 10.29252/rap.8.17.130]