



## تعیین مدل مناسب برای تجزیه و تحلیل ژنتیکی میزان تولید شیر در دوره‌های مختلف شیردهی گاوهای هلستاین ایران

سیما زین‌الدینی<sup>۱</sup>، مسعود اسدی فوزی<sup>۲</sup> و احمد آیت‌الهی<sup>۳</sup>

۱ و ۳- دانش‌آموخته کارشناسی‌ارشد و استادیار، بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران  
۲- دانشیار بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران، (نویسنده مسوول: masadi@uk.ac.ir)  
تاریخ دریافت: ۹۵/۲/۱۲ تاریخ پذیرش: ۹۷/۱۲/۱۳ صفحه: ۱۴۴ تا ۱۵۱

### چکیده

در تحقیق حاضر به منظور تعیین ساختار مناسب کو(واریانس) ژنتیکی بین میزان تولید شیر در پنج دوره شیردهی گاوهای هلستاین ایران از رکورد ۳۵۱۶۷ رأس حیوان مربوط به ۱۰۹۸ پدر و ۲۷۲۳۶ مادر استفاده شد. این داده‌ها طی سال‌های ۱۳۹۴-۱۳۹۰ توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور از ۱۱۰ گله جمع‌آوری شده است. برای تمامی دوره‌های شیردهی اثرات سال تولد، ماه تولد، فصل زایش، ماه زایش، سن و گله به عنوان اثرات ثابت در نظر گرفته شدند. همچنین از سن حیوان به عنوان یک متغیر کمکی استفاده شد. در این تحقیق، علاوه بر اثر ژنتیکی حیوان، اثرات ژنتیکی و غیر ژنتیکی مادری و اثر توأم گله-سال زایش-فصل زایش نیز به عنوان اثرات تصادفی در نظر گرفته شدند. از مدل حیوانی یک متغیره برای بررسی اهمیت اثرات ثابت و تصادفی برای هر دوره‌ی شیردهی استفاده شد. برای تعیین بهترین مدل برای آنالیز توأم پنج دوره‌ی شیردهی از مدل‌های چند متغیره‌ی معین و نامعین و مدل تکرارپذیری استفاده شد. نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که در مقایسه با مدل‌های چند متغیره معین، مدل‌های چند متغیره‌ی نامعین و همچنین مدل تکرارپذیری، برای آنالیز ژنتیکی میزان تولید شیر در دوره‌های مختلف شیردهی از کارایی کمتری برخوردارند. نتایج حاصل از بهترین مدل مورد استفاده نشان داد میزان تولید شیر از نظر ژنتیکی تا دوره‌ی سوم شیردهی تغییر می‌کند، اما پس از آن بدون تغییر باقی می‌ماند، بنابراین استفاده از رکورد میزان تولید شیر در دوره‌های دوم و سوم علاوه بر دوره‌ی اول می‌تواند موجب افزایش دقت ارزیابی ژنتیکی گاوهای هلستاین ایران گردد. البته با توجه به هزینه بر بودن رکوردگیری لازم است این موضوع از نظر اقتصادی نیز مورد بررسی قرار گیرد. به علاوه پیشنهاد می‌گردد جهت افزایش دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی از مدل مناسب استفاده گردد.

واژه‌های کلیدی: تولید شیر، گاوهای هلستاین ایران، آنالیز ژنتیکی، مدل تکرارپذیری، مدل مناسب

### مقدمه

با توجه به رشد روزافزون جمعیت جهان، استفاده از روش‌های نوین برای تأمین نیازهای غذایی این جمعیت عظیم ضروری به نظر می‌رسد. دامپروری با روش‌های علمی می‌تواند نقش مهمی در تغذیه مناسب جامعه بشری داشته باشد و شیوه سنتی نمی‌تواند پاسخگوی این نیازها باشد. بنابراین در کشورهای توسعه یافته پرورش دام به روش‌های علمی جایگزین روش‌های سنتی گردیده است و این امر توانسته است تحول بزرگی در تولید محصولات دامی ایجاد کند (۹). اصلاح نژاد یکی از روش‌ها و تکنیک‌هایی است که امروزه به عنوان یک ابزار قوی و مطمئن جهت رفع یا حذف عوامل نامطلوب در موجودات زنده به کار گرفته می‌شود تا زمینه و بستر مناسب برای بهره‌وری و افزایش قابلیت‌ها فراهم گردد. هدف از اجرای برنامه‌های اصلاح نژادی در دام‌ها افزایش قابلیت تولید از طریق بهبود ژنتیکی و محیطی دام‌ها از نظر صفات مهم اقتصادی می‌باشد (۹). علم اصلاح نژاد در کنار دیگر علوم مرتبط با دامپروری به عنوان یکی از ابزارهای مهم برای بهبود کمی و کیفی تولیدات دامی مورد توجه و استفاده متخصصین دامپروری قرار دارد. برای طراحی یک برنامه‌ی اصلاح نژاد دام برآورد پارامترهای ژنتیکی ضروری است و بازدهی یک برنامه اصلاح دام بستگی به دقت برآورد این پارامترهای ژنتیکی دارد برای افزایش دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی علاوه بر مناسب بودن ساختار داده‌ها به مدل مورد استفاده نیز باید توجه نمود. روش‌های برآورد

پارامترهای ژنتیکی برای یک و یا چند صفت و همچنین برای مشاهدات تکراری استفاده از مدل‌های حیوانی مختلط به صورت یک، دو و یا چند متغیره می‌باشد (۲). برای آنالیز ژنتیکی صفاتی که در طول عمر اقتصادی حیوان تکرار می‌شوند مانند تولید شیر، تولید پشم و ... می‌توان از مدل تکرارپذیری که یک مدل یک متغیره است استفاده کرد. در مدل تکرارپذیری همبستگی ژنتیکی بین رکوردها در زمان‌های مختلف برابر با یک فرض می‌شود اما امکان دارد همبستگی ژنتیکی بین رکوردها در سنین مختلف برابر یک نباشد بنابراین مدل تکرارپذیری ممکن است مدلی مناسب برای آنالیز ژنتیکی این گونه صفات نباشد (۲). در مدل‌های چند متغیره نامعین<sup>۱</sup> که برای آنالیز ژنتیکی صفات مورد نظر رایج می‌باشند، تمامی واریانس-کواریانس‌های بین صفات مورد بررسی برآورد می‌شوند. به عبارت دیگر در این مدل‌ها بین کلیه واریانس‌های یک صفت (به عنوان مثال واریانس ژنتیکی افزایشی، واریانس ژنتیکی مادری و واریانس باقی مانده) با واریانس‌های متناظر صفات دیگر کوواریانس در نظر گرفته می‌شود (۱،۲). در این مدل همچنین تمام کواریانس‌های بین اثرات ژنتیکی و اثرات غیرژنتیکی برآورد می‌شوند بنابراین از مدل‌های یک و دو متغیره نامعین دقیق‌ترند و پارامترهای برآورد شده توسط این مدل‌ها از دقت بالاتری برخوردارند (۲).

در مدل چند متغیره با ساختار نامعین (چند متغیره رایج) که هم اکنون در سطح وسیع در آنالیز ژنتیکی صفات مورد

سالگی دچار تغییرات ژنتیکی شده و پس از آن تغییری ملاحظه نمی‌شود. در تحقیق دیگری که بر روی آنالیز ژنتیکی وزن پشم گوسفند مرینوس پشم ظریف استرالیا انجام دادند مشخص شد که واریانس ژنتیکی وزن پشم تا سن سه سالگی تغییر می‌کند و پس از آن ثابت باقی می‌ماند (۲). همچنین واریانس ژنتیکی بین صفت وزن پشم در سه سال اول زندگی این حیوانات متفاوت می‌باشد در حالی که این کوواریانس بین سنین پس از سه سالگی کاملاً یکنواخت می‌باشد. برای آنالیز ژنتیکی صفات رشد در طول عمر بز کرکی راینی مشخص شد که تا سن سه ماهگی تغییرات ژنتیکی در وزن بدن مشاهده می‌شود اما پس از آن بدون تغییر باقی می‌ماند (۹). هدف از تحقیق حاضر بررسی تغییرات ژنتیکی میزان تولید شیر در دوره‌های مختلف شیردهی در گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل‌های چند متغیره‌ی معین و نامعین و همچنین مدل تکرارپذیری می‌باشد.

### مواد و روش‌ها

در تحقیق حاضر داده‌های مربوط به پنج دوره شیردهی گاوهای هلشتاین ایران که طی ۵ سال از سال ۱۳۹۰ تا سال ۱۳۹۴ توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور جمع‌آوری گردیده است مورد استفاده قرار گرفت. این رکوردها بر روی ۳۵۱۶۷ حیوان از ۱۰۹۸ پدر و ۲۷۲۳۶ مادر اندازه‌گیری شده‌اند. ساختار داده‌های مورد استفاده در جدول (۱) آورده شده است.

استفاده قرار می‌گیرد گاهی اوقات مقدار کوواریانس برآورد شده بین دو صفت با صفر تفاوت معنی‌داری ندارد و باید از مدل حذف گردد. از طرف دیگر لحاظ کردن یک کواریانس غیر مهم در یک مدل چند متغیره بر روی مقدار تخمین سایر واریانس‌ها و کواریانس‌ها نیز تأثیر می‌گذارد. بدین منظور از مدل‌های چند متغیره با ساختار واریانس-کوواریانس معین (از پیش تعیین شده) استفاده می‌گردد (۳) نتایج تحقیقات گذشته نشان می‌دهد که جهت بررسی تغییرات ژنتیکی یک صفت در طول زمان می‌توان از مدل‌های چند متغیره معین استفاده نمود البته در این مدل‌ها لازم است که ساختار مناسب واریانس-کوواریانس بین دوره‌های مختلف آن صفت تعیین گردد (۳،۵).

در مدل‌های چند متغیره‌ی معین لازم نیست تمامی مولفه‌های واریانس-کوواریانس برآورد گردند، به عبارت دیگر تنها مولفه‌هایی برآورد می‌شوند که با فرضیات مدل مورد نظر تطابق داشته باشند. این فرضیات بر اساس فیزیولوژی صفت مورد بررسی شکل می‌گیرد (۳).

تحقیقات گذشته نشان می‌دهد مدل چند متغیره معین برای آنالیز ژنتیکی قطر الیاف در سنین مختلف بهتر از مدل‌هایی مثل مدل چند متغیره نامعین، تابعیت تصادفی و یا تکرارپذیری می‌باشد (۳). در تحقیق اسدی و همکاران این مشخص شد که قطر الیاف در گوسفندان مرینوس پشم ظریف استرالیایی تا سن سه سالگی از نظر ژنتیکی تغییر می‌کند اما پس از آن بدون تغییر باقی می‌ماند (۲). آنها همچنین نشان دادند که در گوسفندان مرینوس با قطر پشم متوسط، قطر الیاف تا سن ۲

جدول ۱- ساختار داده‌های مورد استفاده در تحقیق حاضر

Table 1. The structure of the data used in this study

شاخص‌های آماری	دوره شیردهی اول	دوره شیردهی دوم	دوره شیردهی سوم	دوره شیردهی چهارم	دوره شیردهی پنجم
میانگین (kg)	۶۷۶۳	۷۷۷۹	۸۰۵۶	۸۱۳۲	۸۱۰۶
انحراف معیار	۱۳۷۷	۱۶۶۲	۱۶۶۲	۲۰۱۳	۲۰۶۶
تعداد رکورد	۶۵۱۱	۶۵۶۳	۷۰۸۳	۶۱۹۵	۴۵۹۶
تعداد پدر	۱۰۹۸	۸۷۴	۹۴۶	۸۵۰	۷۱۹
حداقل میزان تولید شیر (kg)	۲۳۳۹	۲۵۱۷	۲۱۴۱	۲۰۰۴	۱۹۷۵
حداکثر میزان تولید شیر (kg)	۱۰۹۱۷	۱۲۷۷۹	۱۳۷۹۵	۱۴۰۸۱	۱۴۱۹۲

ابتدا به منظور بررسی اهمیت اثرات ثابت و تصادفی جهت آنالیز ژنتیکی تولید شیر در پنج دوره شیردهی از مدل یک متغیره استفاده شد. در این تحقیق اثر سال تولد با ۵ سطح، اثر ماه تولد و ماه زایش حیوان با ۱۲ سطح، اثر گله با ۱۱۰ سطح، اثر سال زایش با ۱۰ سطح و اثر فصل زایش با ۴ سطح به عنوان اثرات ثابت لحاظ شدند. همچنین از سن حیوان به‌عنوان یک متغیر کمکی استفاده شد. در این تحقیق، علاوه بر اثر ژنتیکی حیوان، اثرات ژنتیکی و غیر ژنتیکی مادری و اثر توأم گله، سال زایش، فصل زایش (با توجه به تعداد سطح زیاد) نیز به‌عنوان اثرات تصادفی در نظر گرفته شدند. مدل مورد استفاده به صورت زیر می‌باشد، این مدل برای هر کدام از دوره های شیردهی به صورت جداگانه مورد استفاده قرار گرفت. مدل کامل مورد استفاده بصورت زیر می‌باشد.

در این مدل،  $y$ : رکوردهای تولید شیر در یک دوره شیردهی خاص،  $b$ : بردار اثرات ثابت شامل سال تولد، ماه تولد، ماه زایش، گله، سال زایش و فصل زایش،  $u$ : بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم،  $m$ : بردار اثرات ژنتیکی مادری،  $mpe$ : بردار اثرات محیط دائمی مادر،  $HYS$ : بردار اثرات گله-سال زایش-فصل زایش،  $e$ : بردار خطای آزمایش،  $X$ : ماتریس طرح برای اثرات ثابت،  $Z_1$ : ماتریس طرح برای اثرات ژنتیکی افزایشی،  $Z_2$ : ماتریس طرح برای اثرات ژنتیکی مادری،  $Z_3$ : ماتریس طرح برای اثرات محیط دائمی مادری،  $Z_4$ : ماتریس طرح برای اثرات تصادفی گله-سال-فصل زایش می‌باشد.

لازم به ذکر است که برای بررسی اهمیت گنجانیدن هر کدام از اثرات تصادفی اضافی به مدل آنالیز ژنتیکی از آزمون لگاریتم حداکثر درستنمایی (LRT) استفاده شد. همچنین از رویه GLM<sup>۲</sup> برای بررسی اثرات ثابت استفاده شد. لازم به ذکر است که کلیه آنالیزهای لازم برای این تحقیق با استفاده از نرم‌افزار ASReml (۸) انجام شد.

$$y = Xb + Z_1 u + Z_2 m + Z_3 mpe + Z_4 HYS + e$$

کو(واریانس) برآورد شده به‌عنوان آغازگر در مدل‌های چند متغیره استفاده شد.  
در تحقیق حاضر به‌منظور تعیین ساختار واریانس-کوواریانس مناسب بین میزان تولید شیر در پنج دوره شیردهی از مدل‌های چند متغیره مختلف و همچنین مدل تکرارپذیری استفاده شد، ساختار این مدل‌ها در جدول (۲) آورده شده است.

در تحقیق حاضر به‌منظور برآورد مؤلفه‌های کو(واریانس) از مدل دو متغیره نیز استفاده شد. این مدل مشابه با مدل یک متغیره [مدل ۱] می‌باشد اما در این مدل  $y$  به‌صورت  $\{y_1, y_2\}$  بسط داده شد. لازم به توضیح است که از این مؤلفه‌های

جدول ۲- ساختار مدل‌های مورد استفاده

شماره	مدل همبستگی	واریانس
۱	$r_{12}=r_{13}=r_{14}=r_{15}=r_{23}=r_{24}=r_{25}=r_{34}=r_{35}=r_{45}=1$	$V_1=V_2=V_3=V_4=V_5$
۲	$r_{12}=r_{13}=r_{14}=r_{15}, (r_{23}=r_{24}=r_{25}=r_{34}=r_{35}=r_{45}=1)$	$V_1, (V_2=V_3=V_4=V_5)$
۳	$r_{12}, (r_{13}=r_{14}=r_{15}), (r_{23}=r_{24}=r_{25}), r_{34}=r_{35}=r_{45}=1$	$V_1, V_2, (V_3=V_4=V_5)$
۴	$r_{12}, r_{13}, (r_{14}=r_{15}), r_{23}, (r_{24}=r_{25}), (r_{34}=r_{35}), r_{45}=1$	$V_1, V_2, V_3, (V_4=V_5)$
۵	$r_{12}, r_{13}, r_{14}, r_{15}, r_{23}, r_{24}, r_{25}, r_{34}, r_{35}, r_{45}$	$V_1, V_2, V_3, V_4, V_5$
۶	$r=1$	$V_1=V_2=V_3=V_4=V_5$

\*: در این جدول  $r$  بیانگر همبستگی ژنتیکی و  $v$  بیانگر واریانس ژنتیکی افزایشی می‌باشد

چند متغیره نامعین ساختار واریانس-کواریانس ژنتیکی بین دوره‌های شیردهی مختلف از قبل تعیین نشد. در این مدل میزان تولید شیر در هر کدام از دوره‌های شیردهی به‌عنوان یک صفت جداگانه در نظر گرفته شد (مدل ۵). همچنین از مدل (۶) به‌عنوان مدل تکرارپذیری استفاده شد که به‌صورت زیر می‌باشد:

$$y = Xb + Z_1u + Z_2pe + e$$

در این مدل،  $y$ : رکوردهای نکراری تولید شیر در دوره‌های شیردهی مختلف،  $b$ : بردار اثرات ثابت،  $u$ : بردار اثرات ژنتیکی افزایشی،  $pe$ : بردار اثرات محیط دائمی حیوان  $e$ : بردار خطای آزمایش،  $Z_1$ : ماتریس طرح برای اثرات ژنتیکی افزایشی و  $Z_2$ : ماتریس طرح برای اثرات محیط دائمی حیوان می‌باشد.

در تحقیق حاضر برای مقایسه مدل‌ها از روش BIC استفاده شد.

$$BIC = -2\text{Log}L + q * \text{Log}(n - p)$$

$\text{Log}L$ : لگاریتم حداکثر درست‌نمایی،  $q$ : تعداد پارامترهای برآورد شده،  $n$ : تعداد مشاهدات،  $p$ : ضریب ماتریس اثرات ثابت می‌باشد. لازم به ذکر است که مدل با  $BIC$  کمتر مناسب‌تر می‌باشد.

مدل ۳ به‌دلیل دارا بودن کمترین مقدار BIC به‌عنوان بهترین مدل انتخاب گردید، بر اساس آن تولید شیر در پنج دوره‌ی شیردهی به سه صفت، دوره‌ی شیردهی اول به‌عنوان صفت اول، دوره‌ی شیردهی دوم به‌عنوان صفت دوم و دوره‌ی شیردهی آخر شامل دوره‌ی شیردهی سوم، چهارم و پنجم تقسیم شد.

### نتایج و بحث

**مدل یک متغیره:** اثرات ماه تولد، سال تولد و اثر گله-سال زایش-فصل زایش بر تولید شیر در دوره‌های شیردهی اول تا پنجم معنی‌دار بود ( $p < 0.01$ ) اما اثر سن حیوان بر حسب ماه فقط در دوره شیردهی اول معنی‌دار بود ( $P < 0.05$ ) (جدول ۳).

در مدل‌های چند متغیره معین ساختار واریانس-کواریانس ژنتیکی بین دوره‌های شیردهی مختلف در قالب مدل‌های مختلف و بر مبنای فرضیات مختلف از قبل تعیین گردیدند. مدل‌های (۱) تا (۴) به این منظور طراحی گردیدند.

در مدل (۱) میزان تولید شیر در پنج دوره شیردهی در گاوهای هلستاین ایران به‌عنوان یک صفت در نظر گرفته شدند. در این مدل فرض شد که همبستگی ژنتیکی بین پنج دوره شیردهی برابر با هم و برابر با یک باشد. همچنین واریانس ژنتیکی افزایشی برای تمامی این پنج دوره شیردهی برابر با هم در نظر گرفته شد. به‌عبارت دیگر در این مدل علاوه بر کو(واریانس) باقیمانده، برای ساختار ژنتیکی فقط یک واریانس ژنتیکی افزایشی برآورد می‌گردد. لازم به ذکر است که ساختار کو(واریانس) باقیمانده در تمامی مدل‌های چند متغیره به صورت نامعین در نظر گرفته شد به‌عبارت دیگر تعداد ۱۵ مؤلفه‌ی مختلف شامل ۵ واریانس اشتباه همراه با ۱۰ کواریانس اشتباه برآورد می‌شود.

در فرضیه بعدی میزان تولید شیر این پنج دوره شیردهی به دو گروه (صفت) مختلف تقسیم شدند بطوریکه دوره شیردهی اول گروه اول و دوره‌های شیردهی بعدی (دوره‌های دوم، سوم، چهارم و پنجم) گروه دوم را تشکیل دادند (مدل ۲). در مدل‌ها لازم نیست تمامی مؤلفه‌های واریانس-کواریانس برآورد گردند، به‌عبارت دیگر تنها مؤلفه‌هایی برآورد می‌شوند که با فرضیات مدل مورد نظر تطابق داشته باشند. این فرضیات براساس فیزیولوژی صفت مورد بررسی شکل می‌گیرد (۳).

در مدل (۳) میزان تولید شیر در دوره‌های شیردهی مورد بررسی به سه گروه (صفت) مختلف شامل دوره شیردهی اول، دوره شیردهی دوم و دوره‌های شیردهی بعدی (دوره‌های سوم، چهارم و پنجم) تقسیم شدند.

در نظر گرفتن میزان تولید شیر پنج دوره شیردهی به چهار گروه (صفت) مختلف شامل دوره شیردهی اول، دوره شیردهی دوم، دوره شیردهی سوم و دوره‌های شیردهی بعدی (دوره‌های چهارم و پنجم) مدل (۴) را تشکیل داد. در مدل

جدول ۳- سطح معنی‌داری اثرات ثابت

Table 3. Significance level of the fixed effects

دوره های شیردهی	دوره شیردهی اول	دوره شیردهی دوم	دوره شیردهی سوم	دوره شیردهی چهارم	دوره شیردهی پنجم	اثرات ثابت
						ماه تولد
						سال تولد
						سن حیوان(ماه)

\*:  $p < 0.05$ , \*\*:  $p < 0.01$ , \*\*\*:  $p < 0.001$ , ns: not significant

متغیره‌ی مختلف مورد استفاده در جدول ۴ آورده شده است. در تحقیق حاضر و به‌منظور تعیین بهترین مدل برای آنالیز ژنتیکی میزان تولید شیر در پنج دوره شیردهی از ملاک اطلاعات بیزی (BIC) استفاده شد. مقایسه مقادیر BIC مدل‌های مختلف نشان می‌دهد مدل سه به دلیل داشتن کمترین مقدار BIC بهترین مدل برای آنالیز ژنتیکی میزان تولید شیر در ۵ دوره‌ی مختلف شیردهی در گاوهای هلشتاین ایران می‌باشد. بر اساس این مدل تولید شیر در دوره‌های شیردهی مختلف از نظر ژنتیکی به سه گروه (صفت) مختلف شامل دوره شیردهی اول، دوره شیردهی دوم و سایر دوره‌های شیردهی پس از آن شامل دوره‌های شیردهی سوم، چهارم و پنجم تقسیم می‌شود. به‌عبارت دیگر دوره‌های شیردهی سوم، چهارم و پنجم از نظر ژنتیکی به‌عنوان یک صفت محسوب می‌شوند.

در تحقیقات مختلف برای آنالیز ژنتیکی میزان تولید شیر در دوره‌های شیردهی مختلف از مدل تکرارپذیری و یا مدل چند متغیره‌ی نامعین استفاده می‌شود (۷، ۱۱)، اما نتایج تحقیق حاضر نشان داد که مدل‌های مورد استفاده در تحقیقات گذشته در مقایسه با مدل چند متغیره‌ی معین که در این تحقیق مورد استفاده واقع شد از کارایی کمتری برخوردارند. لذا نتایج حاصل از مدل ۳ (بهترین مدل) ارائه می‌گردد. همچنین این نتایج با نتایج حاصل از مدل ۵ (مدل چند متغیره نامعین رایج) که به‌طور وسیع مورد استفاده محققین قرار دارد مقایسه می‌شود.

در مدل مناسب برای آنالیز میزان تولید شیر در دوره‌های مختلف شیردهی علاوه بر اثر گله-سال زایش-فصل زایش اثرات ژنتیکی حیوان به‌عنوان اثر تصادفی در نظر گرفته شد، به‌عبارت دیگر سایر اثرات تصادفی مثل اثرات ژنتیکی مادری، اثرات محیط دائمی مادری و کوواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری به‌دلیل معنی‌دار نبودن در مدل مذکور لحاظ نشدند. میزان وراثت‌پذیری میزان تولید شیر با استفاده از این مدل یک متغیره در این تحقیق در دوره‌های شیردهی اول، دوم، سوم، چهارم و پنجم به‌ترتیب ۰/۱۹، ۰/۱۴، ۰/۱۷، ۰/۱۵ و ۰/۱۲ برآورد گردید، این مقادیر در دامنه‌ی برآوردهای متناظر حاصل از مطالعات گذشته می‌باشد (دامنه‌ی ۰/۱۴-۰/۲۷) (۶، ۱۲، ۱۳، ۱۴)، بنابراین وراثت‌پذیری‌های برآورد شده در این تحقیق با نتایج حاصل از تحقیقات گذشته مطابقت دارد. لذا ساختار داده و اثرات ثابت و تصادفی مورد استفاده در مدل‌های آنالیز ژنتیکی در این تحقیق کارایی لازم را برای آنالیز ژنتیکی میزان تولید شیر در دوره‌های شیردهی مختلف دارند. بنابراین مدل‌های بعدی شامل مدل‌های دو متغیره و چند متغیره بر اساس نتایج حاصل از این مدل‌های یک متغیره طراحی گردیدند. لازم به ذکر است که در تحقیق حاضر از مدل‌های دو متغیره نیز استفاده شد. از نتایج آن فقط به عنوان آغازگر برای برآزش مدل‌های چند متغیره استفاده شد لذا از ارائه‌ی آنها صرف‌نظر گردید.

**مدل‌های چند متغیره:** مقدار لگاریتم حداکثر درست‌نمایی، تعداد پارامترهای برآورد شده و همچنین BIC مدل‌های چند

جدول ۴- تعداد پارامترهای برآورد شده، مقدار لگاریتم حداکثر درست‌نمایی و BIC محاسبه شده برای مدل‌های مورد استفاده

Table 4. The number of estimated parameters, the logarithm of maximum likelihood, and the calculated BIC for the models used

مدل	تعداد پارامتر	LOGL	BIC
یک	۱۶	-۷۱۳۱۱۱	۱۴۲۶۳۰۶
دو	۱۸	-۷۱۲۹۸۵	۱۴۲۶۰۶۴
سه	۲۱	-۷۱۲۹۵۳	۱۴۲۶۰۱۶
چهار	۲۵	-۷۱۲۹۴۷	۱۴۲۶۰۲۵
پنج	۳۰	-۷۱۲۹۴۳	۱۴۲۶۰۴۳
شش	۳	-۷۱۸۴۰۴	۱۴۳۶۸۲۳

(یک صفت) باشند. این نتایج با نتایج حاصل از مدل ۵ تقریباً مشابه می‌باشد اما در مدل پنج تغییرات ژنتیکی میزان تولید شیر پس از دوره‌ی سوم نیز ادامه می‌یابد به‌طوری‌که واریانس ژنتیکی افزایشی از دوره‌ی سوم تا چهارم نیز افزایش پیدا می‌کند البته شیب افزایش آن در مقایسه با دوره‌های قبلی خیلی کمتر می‌باشد. این واریانس از دوره‌ی چهارم تا پنجم کاهش می‌یابد. مطابق تحقیقات گذشته میزان واریانس ژنتیکی افزایشی با افزایش دوره شیردهی افزایش می‌یابد (۱۴۶). تفاوت کارایی مدل چند متغیره نامعین و معین بستگی

**واریانس ژنتیکی افزایشی:** روند تغییرات واریانس ژنتیکی افزایشی میزان تولید شیر در دوره‌های مختلف شیردهی در شکل (۱) آورده شده است. نتایج حاصل از بهترین مدل مورد استفاده (مدل ۳) نشان می‌دهد که میزان واریانس ژنتیکی افزایشی از دوره‌ی اول تا سوم شیردهی افزایش می‌یابد به طوری‌که از  $481700 (kg^2)$  در دوره‌ی اول به  $1133000 (kg^2)$  در دوره‌ی سوم افزایش می‌یابد. اما پس از آن بدون تغییر باقی می‌ماند. البته در این مدل فرض بر این است که سه دوره‌ی شیردهی آخر یعنی سوم، چهارم و پنجم از نظر ژنتیکی یکسان

حداقل می‌رسد اما در زمانی که ساختار داده‌های مورد استفاده مناسب نباشد کارایی مدل چند متغیره معین بطور قابل ملاحظه‌ای بهتر از مدل چند متغیره نامعین می‌باشد (۳).

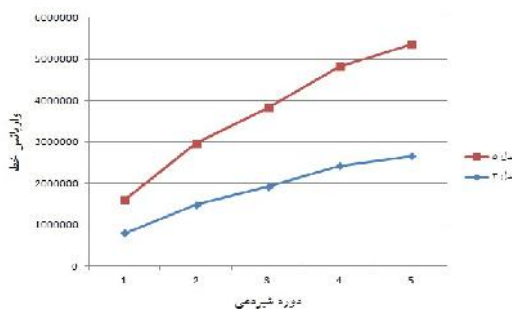
به ساختار داده‌ها دارد، در مطالعات گذشته اثر ساختار داده‌ها بر دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی مورد بررسی قرار گرفته است (۱۰) به‌طوری‌که اگر ساختار داده‌ها مناسب باشد این تفاوت به



شکل ۱- نمودار روند تغییرات واریانس ژنتیکی افزایشی (kg<sup>2</sup>) در دوره های شیردهی اول تا پنجم گاوهای هلشتاین ایران حاصل از مدل‌های ۳ و ۵  
Figure 1. Additive genetic variance (kg<sup>2</sup>) trend of milk yield of 1<sup>st</sup> to 5<sup>th</sup> lactations of Iranian Holstein cows derived from models 3 and 5

تولید شیر در دوره‌های شیردهی بالاتر و همچنین تغییر در ساختار داده‌های آنها باشد مثلاً تعداد رکوردهای قابل استفاده از دوره‌ی سوم به بعد کاهش می‌یابد. روند تغییرات واریانس خطا در هر دو مدل ذکر شده مشابه است اما مقدار واریانس خطای مدل (۳) که مدل مناسب تشخیص داده شده است کمتر از مدل (۵) می‌باشد.

**واریانس خطا:** روند تغییرات واریانس خطا در مدل‌های ۳ و ۵ در شکل (۲) نشان داده شده است. این نتایج نشان می‌دهد که واریانس خطا با افزایش تعداد دوره‌های شیردهی افزایش می‌یابد بطوریکه مقدار آن که در دوره‌ی شیردهی اول ۲۶۵۷۰۰۰ می‌باشد در دوره‌ی شیردهی پنجم به ۴۶۵۷۰۰۰ افزایش می‌یابد، این افزایش می‌تواند به دلیل افزایش میزان



شکل ۲- نمودار روند تغییرات واریانس خطا (kg<sup>2</sup>) در دوره های شیردهی اول تا پنجم گاوهای هلشتاین ایران حاصل از مدل‌های ۳ و ۵  
Figure 2. Residual variance (kg<sup>2</sup>) trend of milk yield of 1<sup>st</sup> to 5<sup>th</sup> lactations of Iranian Holstein cows derived from models 3 and 5

مقدار وراثت‌پذیری از ۰/۲۶ در دوره‌ی اول به ۰/۳۳ در دوره‌ی سوم افزایش می‌یابد و پس از آن کاهش می‌یابد، به‌طوری‌که در دوره‌ی شیردهی پنجم به ۰/۲۴ می‌رسد (جدول ۶). در یک تحقیق با استفاده از مدل دام چند متغیره وراثت‌پذیری صفت تولید شیر را در اقلیم‌های مختلف به‌ترتیب از ۰/۱۶ تا ۰/۳۱ گزارش شده است (۶).

مقایسه وراثت‌پذیری‌های حاصل از مدل (۳) و (۵) نشان می‌دهد که برای دوره‌های شیردهی اول و دوم تفاوت قابل ملاحظه‌ای وجود ندارد اما از دوره‌ی سوم به بعد این تفاوت‌ها افزایش می‌یابد که این می‌تواند به دلیل ساختار داده‌های مورد استفاده باشد بطوریکه کمترین تعداد رکورد مربوط به دوره‌ی شیردهی پنجم می‌باشد.

**وراثت‌پذیری:** در مدل (۳) وراثت‌پذیری تا دوره‌ی شیردهی سوم افزایش یافته و پس از آن کاهش می‌یابد، به‌طوری‌که مقدار وراثت‌پذیری از ۰/۲۶ در دوره‌ی اول به ۰/۳۲ در دوره‌ی سوم افزایش می‌یابد و پس از آن کاهش می‌یابد بطوریکه در دوره‌ی شیردهی پنجم به ۰/۲۶ می‌رسد (جدول ۵). لذا بیشترین میزان وراثت‌پذیری مربوط به دوره‌ی شیردهی سوم و کمترین میزان وراثت‌پذیری مربوط به دوره‌ی شیردهی پنجم می‌باشد. بالا بودن میزان وراثت‌پذیری در دوره‌ی شیردهی سوم به دلیل بالا بودن میزان واریانس ژنتیکی افزایشی این دوره نسبت به سایر دوره‌های شیردهی می‌باشد در این زمینه تحقیقات قبلی برای مقایسه یافت نشد. در مدل (۵) همانند مدل (۳) وراثت‌پذیری تا دوره‌ی شیردهی سوم افزایش می‌یابد و پس از آن کاهش پیدا می‌کند به‌طوری‌که

مدل ۳) این پنج دوره‌ی شیردهی را از نظر ژنتیکی به سه صفت (گروه) مختلف شامل دوره‌ی اول، دوره‌ی دوم و دوره‌های سوم، چهارم و پنجم تقسیم می‌کند. مدل‌های چند متغیره‌ی نامعین به‌طور وسیع برای آنالیز ژنتیکی صفات بکار می‌روند. در این مدل‌ها بین تمامی صفات مورد بررسی تمایز ژنتیکی در نظر گرفته می‌شود. نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که استفاده از مدل‌های چند متغیره‌ی معین روند تغییرات ژنتیکی بین صفات مورد بررسی را با کارایی بیشتری تعیین می‌کند، به عنوان مثال در تحقیق حاضر و بر اساس نتایج حاصل از مدل چند متغیره‌ی معین (بهترین مدل)، میزان تولید شیر در پنج دوره‌ی شیردهی به سه صفت (گروه) مختلف شامل میزان تولید شیر در دوره‌ی شیردهی اول، میزان تولید شیر در دوره‌ی شیردهی دوم و میزان تولید شیر در دوره‌های شیردهی سوم تا پنجم تقسیم می‌شوند. در صورتی‌که در مدل ۵ بین تمامی دوره‌های شیردهی مورد استفاده بررسی تمایز ژنتیکی در نظر گرفته می‌شود. نتایج حاصل از بهترین مدل مورد استفاده همچنین نشان می‌دهد که ثبت رکورد میزان تولید شیر تا دوره‌ی شیردهی سوم می‌تواند دقت ارزیابی ژنتیکی گاوها را افزایش دهد و رکوردگیری پس از آن ضرورتی ندارد. البته با توجه به اینکه انجام رکوردگیری هزینه‌بر می‌باشد لازم است این موضوع از نظر اقتصادی مورد بررسی قرار گیرد.

**همبستگی‌های ژنتیکی:** میزان همبستگی‌های ژنتیکی نشان می‌دهد که کمترین میزان همبستگی ژنتیکی بین دوره‌ی شیردهی اول با سایر دوره‌های شیردهی می‌باشد و این مقدار با افزایش فاصله‌ی بین دوره‌های شیردهی کاهش می‌یابد بطوریکه همبستگی ژنتیکی بین دوره‌ی اول با دوره‌ی دوم ۰/۹۵ برآورد گردید در حالی که این میزان برای دوره‌های بعدی یعنی سوم، چهارم و پنجم به ۰/۹۱ کاهش یافت (جدول ۵). این روند بیانگر میزان تفاوت ژنتیکی بین دوره‌ی اول با سایر دوره‌های شیردهی می‌باشد. در دوره‌های شیردهی پس از دوره‌ی اول همبستگی‌ها افزایش می‌یابد به‌طوری‌که میزان همبستگی ژنتیکی دوره‌ی شیردهی دوم با دوره‌های شیردهی سوم، چهارم و پنجم ۰/۹۷، همبستگی ژنتیکی بین سه دوره‌ی شیردهی آخر یعنی دوره‌ی سوم، چهارم و پنجم برابر یک برآورد گردید. به‌عبارت دیگر این سه دوره‌ی شیردهی از نظر ژنتیکی یک صفت محسوب می‌شوند. نتایج حاصل از مدل ۵ که به‌طور وسیع در ارزیابی‌های ژنتیکی استفاده می‌شود نشان می‌دهد که با افزایش فاصله بین دوره‌های شیردهی همبستگی ژنتیکی آنها کاسته می‌شود. همچنین بر اساس این مدل نیز دوره‌ی شیردهی اول بیشترین تفاوت ژنتیکی را با سایر دوره‌های شیردهی دارد. اما نکته قابل توجه این است که در مدل ۵ بین تمامی دوره‌های شیردهی تمایز ژنتیکی در نظر گرفته شده است در حالی که نتایج حاصل از بهترین مدل

جدول ۵- وراثت‌پذیری روی قطر، همبستگی ژنتیکی پایین قطر و همبستگی فنوتیپی بالای قطر برای میزان تولید شیر در پنج دوره شیردهی گاوهای هلشتاین با استفاده از بهترین مدل

Table 5. Heritability on diagonal, genetic correlation below the diagonal and phenotypic correlation above the diagonal for milk production in the five lactation periods of Holstein cows using the best model.

صفات	دوره شیردهی اول	دوره شیردهی دوم	دوره شیردهی سوم	دوره شیردهی چهارم	دوره شیردهی پنجم
دوره شیردهی اول	۰/۲۶±۰/۱۲	۰/۲۲	۰/۱۴	۰/۱۰	۰/۲۴
دوره شیردهی دوم	۰/۹۵	۰/۲۸±۰/۱۵	۰/۲۷	۰/۱۹	۰/۳۷
دوره شیردهی سوم	۰/۹۱	۰/۹۷	۰/۳۲±۰/۱۶	۰/۳۰	۰/۵۶
دوره شیردهی چهارم	۰/۹۱	۰/۹۷	۱/۰	۰/۲۸±۰/۰۲	۰/۶۳
دوره شیردهی پنجم	۰/۹۱	۰/۹۷	۱/۰	۱/۰	۰/۲۶±۰/۲۳

جدول ۶- وراثت‌پذیری روی قطر، همبستگی ژنتیکی پایین قطر و همبستگی فنوتیپی بالای قطر برای میزان تولید شیر در پنج دوره شیردهی گاوهای هلشتاین برای مدل ۵

Table 6. Heritability on diagonal, genetic correlation below the diagonal and phenotypic correlation above the diagonal for milk production in the five lactation periods of Holstein cows for model 5

صفات	دوره شیردهی اول	دوره شیردهی دوم	دوره شیردهی سوم	دوره شیردهی چهارم	دوره شیردهی پنجم
دوره شیردهی اول	۰/۲۶±۰/۰۱۲	۰/۴۲	۰/۳۷	۰/۱۰	۰/۲۴
دوره شیردهی دوم	۰/۹۵	۰/۲۸±۰/۰۱۵	۰/۴۸	۰/۱۹	۰/۳۷
دوره شیردهی سوم	۰/۹۳	۰/۹۹	۰/۳۲±۰/۰۱۶	۰/۳۰	۰/۵۶
دوره شیردهی چهارم	۰/۸۸	۰/۹۶	۰/۹۸	۰/۲۹±۰/۰۰۲	۰/۵۳
دوره شیردهی پنجم	۰/۸۵	۰/۹۳	۰/۹۸	۰/۹۸	۰/۲۶±۰/۲۳

## منابع

1. Asadi Fozi, M., A. Esmaeelizadeh, M. Mohammadabadi and M.A. Forghani. 2008. Genetic analysis of fleece weight at different ages using multivariate models in Merino sheep. 3<sup>rd</sup> Congress of Animal Science, Mashhad, Iran (In Persian).
2. Asadi Fozi, M., A. Esmaeelizadeh and M. Mohammad abadi. 2007. Modeling appropriate genetic co(variance) structure across ages of fleece weight at different ages in Australian fine wool Merino sheep. 3<sup>rd</sup> Congress of Animal Science, Mashhad, Iran (In Persian).
3. Asadi Fozi, M., J.H.J. Vander Werf and A. Swan. 2012. Modeling genetic covariance structure across ages of mean fiber diameter in sheep using multivariate and random regression analysis. *Animal production science*, 52(11): 1019-1026.
4. Albuquerque, L.G. and K. Meyer. 2001. Estimates of direct and maternal genetic effect for weight from birth to 600 days of age in Nelore Cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 118: 83-92
5. Coeli, K.A., A.R. Gilmour and K.D. Atkins. 2008. Comparison of genetic co (variavce) models for annual measurements of fleece weight and fibre diameter. NSW Agriculture & CRC for Premium Quality Wool, Orange Agricultural Institute, Forest Road, Orange, NSW, Australia.
6. Dadpasand Taram Seri, M. 2008. The study of genetic variation in production traits in Iranian Holstein cows. M.Sc. Thesis, Department of animal Science, Faculty of Agriculture, University of Tehran, Tehran, Iran (In Persian).
7. Falconer, D.S. 1989. *Quantitative Genetics*. 3<sup>rd</sup> edition, Longman Scientific and Technical, 548 pp.
8. Glimur, A.R., B.J. Gogel, B.R. Cullis and R. Thompson. 2009. *ASReml user guide*. NSW Department of Industry and Investment, VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK.
9. Molavifar, S. and M. Asadi Fozi. 2013. Life time genetic analysis of growth trait in Rayeni Cashmere goat. M.Sc. Thesis, Department of animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran (In Persian).
10. Maniatis, N. and G.E. Pollott. 2003. The impact of data structure on genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using animal model with maternal effects. *Journal of Animal Science*, 81: 101-108.
11. Mrode, R.A. 2005. *Linear Models for the prediction of Animal Breeding values*. 2<sup>nd</sup> edition, CABI Publishing, UK, 344 pp.
12. Safi Jahanshahi, A., R. Vaez Torshizi, N. Emam Jomeh Kashan and M.B. Sayyad Nejad. 2002. An estimate of genetic parameters of milk production traits for Iranian Holstein dairy cattle using different animal models. *Iranian Journal of Agricultural Science*, 34: 24-31 (In Persian).
13. Savar Sofla, S. and M. Eskandari Nasab. 2008. Estimation of genetic parameters of production traits of Holstein cows in different climate regions of Iran. *Iranian Journal of Agricultural Science and Natural Resources*, 15(3): 152-158 (In Persian).
14. Sheikhlou, M.R., J. Shojae, N. Pirani, S. Alijani and A. Rafat. 2010. Estimation of Heritability and Repeatability for Milk and fat Yields in Iranian Holstein Cattle Using Univariate and Multivariate Models. *Iranian Journal of Animal Science*, 19: 61-68 (In Persian).

## Defining Appropriate Model for Genetic Analysis of Milk Yield in Different Lactations of Iranian Holstein Cows

Sima Zainuddini<sup>1</sup>, Massoud Asadi Fouzi<sup>2</sup> and Ahmad Ayatollahi<sup>3</sup>

---

1 and 3- Graduated M.Sc. Student and Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran

2- Associate professor of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran, (Corresponding Author: masadi@uk.ac.ir)

Received: May 1, 2016 Accepted: March 4, 2019

---

### Abstract

In this study, appropriate genetic co (variance) structure across ages of milk production in the Iranian Holstein cows was modeled using 35167 records originated from 1098 sires and 27236 dams. These data were collected from 110 herds during 2011 to 2015 by the Iranian Animal Breeding Center. For all lactations, birth year, birth month, calving year, calving season, calving month, age and herd were considered as the fixed effects. The effect of the animal age was fitted as a covariate. In this research, maternal genetic and non-genetic effects, the effect of herd-year-season as well as the animal genetic effects were fitted as the random effects. For each lactation, to investigate the importance of fixed and random effects, univariate animal model was used. In order to fit the best model for genetic analysis of the five lactations pre-structured and unstructured multivariate models and repeatability model were used. The results show in comparison with pre-structure models, unstructured and repeatability models are less appropriate for genetic analysis of milk yield. The results derived from the best model indicate that milk yield is genetically changed up to 3<sup>rd</sup> lactation but no changes were found for the later lactations therefore, selection accuracy of Iranian Holstein cows could be increased when the additional milk records measured at the second and third lactations are used as well as the first lactation milk records. This issue should be studied economically as measuring the additional records takes more cost. In addition, it is suggested using appropriate models to increase the accuracy of estimated genetic parameters.

**Keywords:** Appropriate model, Iranian Holstein Cows, Genetic Analysis, Milk Production, Repeatability model