



استفاده از مدل تابعیت تصادفی دو متغیره در تجزیه ژنتیکی صفت شیر گاو میش‌های بومی ایران

یوسف نادری^۱، مصطفی مدد^۲ و محسن قلی‌زاده^۳

۱- استادیار، گروه علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد آستارا، آستارا، ایران، (نویسنده مسوول : y.naderi@iau-astara.ac.ir)

۲- دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام، گروه علوم دامی، دانشگاه تبریز

۳- استادیار گروه علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۵/۱

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۱۱/۲۸

چکیده

مدل‌های تابعیت تصادفی دو متغیره برای برآورد اجزای (کو) واریانس رکوردهای روز آزمون تولید شیر در دوره اول و دوم شیردهی گاو میش استفاده شد. داده‌ها شامل ۱۰۱۳۳ رکورد روز آزمون تولید شیر متعلق به ۸۶۲ گاو میش در دوره شیردهی اول و ۷۸۶ گاو میش در دوره شیردهی دوم بودند که توسط مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور از سال ۱۳۷۲ تا ۱۳۹۰ جمع آوری شده بودند. در مدل تجزیه، اثرات ثابت گله-تاریخ روز آزمون (HTD)، سال-فصل (YS) زایش برآزش شدند و سن حیوان در هنگام زایش به‌عنوان متغیر همراه در نظر گرفته شد. اثرات تصادفی مدل شامل اثر ژنتیکی افزایشی، اثر محیطی دائمی و اثرات باقیمانده بودند. اجزای (کو) واریانس مورد نیاز برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مورد مطالعه با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) در نرم‌افزار WOMBAT به‌دست آمد. درمدلی با دو دوره زایش، رکوردهای روز آزمون هر دوره شیردهی به‌عنوان یک صفت جداگانه در نظر گرفته شد. در دوره شیردهی اول، مقدار وراثت‌پذیری کم تا متوسط (در دامنه‌ای بین ۰/۰۵ تا ۰/۲۶) و با یک الگوی نامنظم برآورد گردید. در دوره شیردهی دوم، مقدار وراثت‌پذیری کم تا متوسط (در دامنه‌ای بین ۰/۳۱ تا ۰/۳۱) در روز آزمون دوم افزایش یافت؛ سپس با اندکی کاهش در طول دوره شیردهی مجدداً در دو روز آزمون انتهایی روند افزایشی (به ترتیب ۰/۱۴ و ۰/۲۹) نشان داد. دامنه همبستگی ژنتیکی بین روز آزمون اول در دوره شیردهی اول با تمام روز آزمون‌ها در دوره شیردهی دوم بین ۰/۰۷- تا ۰/۷۳+ گزارش شد. وراثت‌پذیری رکوردهای روز آزمون تولید شیر در بخش‌های ابتدایی شیردهی برای دوره شیردهی اول و دوم زیاد بود که نشان می‌دهد این صفت می‌تواند در ماه‌های ابتدایی شیردهی به‌عنوان معیار انتخاب در گاو میش‌های بومی ایران استفاده شود.

واژه‌های کلیدی: تابع چندجمله‌ای لژاندر، مدل‌های روز آزمون، تابعیت تصادفی دو متغیره، پارامترهای ژنتیکی

مقدمه

با توجه به شواهد باستان‌شناسی، گاو میش در ایران اهلی شده و از طریق این منطقه به جنوب اروپا مهاجرت کردند. علاوه بر این، ارتباطی بین گاو میش‌های ایران و گاو میش عراق یافت شده است (۳۹). در ایران حدود ۴۸۰۰۰۰ گاو میش وجود دارد. بیشتر این حیوانات در جنوب و شمال غرب ایران نگهداری می‌شوند. همه گاو میش‌های ایرانی، رودخانه‌ای به حساب می‌آیند (۲۶). گاو میش به عنوان یک گونه حیوانی چند منظوره در ایران است. شیر گاو میش بسیار مغذی است و حاوی درصد زیاد پروتئین و چربی نسبت به شیر گاو است. مقدار چربی شیر گاو میش از ۶/۸۷ تا ۸/۵۹ درصد و مقدار پروتئین آن از ۳/۹۱ تا ۴/۵۵ درصد متغیر است (۳۲، ۱).

مدل‌های تابعیت تصادفی به‌عنوان مناسب‌ترین مدل برای توصیف تغییرات کوواریانس اندازه‌های تکراری به‌دست آمده در سراسر زندگی یک حیوان، مانند تولید شیر که ماهانه اندازه‌گیری می‌شود، پیشنهاد شده است (۳۴). این مدل‌ها می‌توانند ارزش‌های اصلاحی برای تولید شیر را در هر روز از دوره شیردهی بدست آورده و در ارزیابی‌های ژنتیکی مورد استفاده قرار گیرند (۳۳). مدل‌های تابعیت تصادفی می‌توانند ارزش ارثی تولید شیر در هر روز از دوره شیردهی یا برای تابعی از منحنی شیردهی را محاسبه کنند. درحالی‌که مدل‌های محدود تنها برای روزهای خاصی از دوره شیردهی قادر به محاسبه ارزش ارثی هستند. علاوه بر این مدل‌های تابعیت تصادفی در مقایسه با مدل‌های محدود ارزش ارثی را

با صحت بیشتری پیش‌بینی می‌کنند. همچنین تمام رکوردهای موجود در طول دوره شیردهی را می‌توان در ارزیابی ژنتیکی اعمال کرد (۱۵). اکثر آنالیزهای تابعیت تصادفی از چندجمله‌ای‌هایی در واحد زمان یا سن رکوردگیری به عنوان توابع پایه استفاده می‌کنند. توابع چندجمله‌ای لژاندر به منظور برآورد توابع کوواریانس برای صفات رشد در گاو گوشتی و صفات تولیدی در گاوهای شیری به‌طور گسترده استفاده می‌شود (۲۴). در گذشته، تجزیه و تحلیل ژنتیکی صفت تولید شیر در گاو میش با استفاده از مدل یک صفتی یا چندصفتی انجام شده است (۳۲). اما امروزه در کنار این مدل‌ها مطالعات مختلفی برای ارزیابی ژنتیکی گاو میش‌های شیری با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی در چندین کشور صورت گرفته است (۱، ۲۲، ۳۵). بنابراین، اعمال این مدل در برنامه ارزیابی ژنتیکی رکوردهای روز آزمون تولید شیر گاو میش در ایران اهمیت بسیاری دارد. مطالعات اندکی در مورد برآورد پارامترهای ژنتیکی برای تولید شیر در گاو میش گزارش شده است. وراثت‌پذیری تخمین زده شده برای صفت تولید شیر با استفاده از روش‌های تک صفتی و چند صفتی از ۰/۱۴ تا ۰/۴۰ گزارش شده است (۴۰، ۲۸، ۲۵). علاوه بر این دامنه وراثت‌پذیری تخمین زده شده برای تولید شیر روز آزمون از ۰/۰۱ تا ۰/۲۴ گزارش شده است (۱، ۱۴). در ایران، تجزیه و تحلیل ژنتیکی صفت تولید شیر در گاو میش با استفاده از مدل‌های ۲۴۰ روز انجام شده است (۱۹). مدد و همکاران (۲۰) پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر در

تقسیم‌بندی شدند. ساختار مجموعه داده‌ها پس از ویرایش در جدول ۱ خلاصه شده است. تعیین مدل و انتخاب اثرات ثابت مدل بر اساس روش حذف برگشتی (Backward Elimination) انجام شد و متغیرهایی که در سطح $p < 0.05$ معنی‌دار بودند، وارد مدل شدند.

مدل مورد استفاده

تجزیه و تحلیل با استفاده از مدل تابعیت تصادفی دو متغیره با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده و چندجمله‌ای متعامد لژاندر انجام شد. مدل شامل اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی و باقیمانده بود. علاوه بر این، اثر گروه هم دوره و اثرات خطی و درجه دوم سن در زمان زایش به‌عنوان اثرات ثابت در نظر گرفته شد. از توابع چندجمله‌ای لژاندر با درجات ۳ و ۵ به ترتیب برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی استفاده شد. از ۹ کلاس واریانس باقیمانده در مدل استفاده شد (۱-۵، ۶-۱۰، ۹-۱۳، ۱۴-۱۷، ۱۸-۲۱، ۲۲-۲۵، ۲۶-۲۹، ۳۰-۳۳ و ۳۴-۳۹). فرم ماتریسی مدل استفاده شده تابعیت تصادفی به‌صورت زیر است:

$$y = Xb + Za + Wc + e$$

در معادله فوق Y : بردار رکورد روز آزمون تولید شیر، b : بردار ضرایب رگرسیون ثابت برای اثرات ثابت، a : بردار ضرایب رگرسیون تصادفی برای اثر ژنتیکی افزایشی، c : بردار ضرایب رگرسیون تصادفی برای اثر محیطی دائمی، e : بردار آثار تصادفی باقیمانده و X, Z, W به‌ترتیب ماتریس‌های ضرایب ارتباط‌دهنده مشاهدات به اثرات ثابت، آثار ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی هستند. فرم غیرماتریسی مدل استفاده شده تابعیت تصادفی نیز به‌صورت زیر می‌باشد:

$$Y_{imnptv} = F_{imnptv} + \sum_{f=0}^2 C_f (age_n)^f + \sum_{r=0}^k \beta_r \phi_r(dim_t) + \sum_{r=0}^{k_a-1} \alpha_{pr} \phi_r(dim_t) + \sum_{r=0}^{k_p-1} \gamma_{pr} \phi_r(dim_t) + \varepsilon_{imnptv}$$

کوواریانس ژنتیکی افزایشی، k_p : درجات برازش توابع کوواریانس محیطی دائمی، α_{pr} : آمین ضریب تابعیت تصادفی ژنتیکی افزایشی مربوط به p آمین گاومیش، γ_{pr} : آمین ضریب تابعیت تصادفی محیطی دائمی مربوط به p آمین گاومیش، $\phi_r(dim)_t$: آمین چندجمله‌ای لژاندر از t آمین روز شیردهی و ε_{imnptv} : اثر باقیمانده می‌باشد. مفروضات مدل عبارتند از:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; V \begin{bmatrix} a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} k_a \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & k_c \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix};$$

همبستگی بین ضرایب تابعیت تصادفی برای اثرات مختلف، صفر در نظر گرفته شد. اجزای (کو) واریانس مورد نیاز برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مورد مطالعه با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) در نرم‌افزار WOMBAT به‌دست آمد (۲۳).

گاومیش‌های ایران را با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی تک متغیره برآورد کردند. هیچ برآوردی از پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روز آزمون تولید شیر در گاومیش‌های ایران با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی دو متغیره وجود ندارد. هدف از تحقیق حاضر، برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روز آزمون تولید شیر در دوره شیردهی اول و دوم با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی دو متغیره برای ارزیابی ژنتیکی تولید شیر در گاومیش‌های ایران می‌باشد.

مواد و روش‌ها ساختار داده

داده‌ها، شامل ۱۰۱۳۳ رکورد روز آزمون تولید شیر در دوره شیردهی اول و دوم، متعلق به سال‌های زایش ۱۳۷۲ تا ۱۳۹۰ که توسط مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور جمع‌آوری شده بودند. تعداد ۸۶۲ و ۷۸۶ دام متعلق به ۴۴۱ و ۳۹۲ گله به‌ترتیب در دوره شیردهی اول و دوم بودند و دامنه سن آن‌ها نیز از ۲۴ ماه تا ۶۰ ماه برای شیردهی اول و ۳۶ تا ۹۰ ماه برای شیردهی دوم در نظر گرفته شد. آزمون‌های قبل از روز ۵ ام و بعد از روز ۲۷۰ ام حذف شدند. تنها حیواناتی که حداقل ۳ رکورد روز آزمون داشتند در این آنالیز وارد شدند. گاومیش‌ها به‌طور طبیعی بارور شدند. گاومیش‌های دارای رکوردهای زایش دوم، دارای اطلاعات رکوردهای زایش اول در مجموعه داده‌ها بودند. گروه‌های هم دوره توسط اثرات گله، سال، ماه و روز رکوردگیری و سال - فصل زایش تعریف شد. علاوه بر این، رکوردهای بیش از ۴ انحراف استاندارد بیش تر یا کم تر از میانگین کلی برای گروه‌های هم دوره حذف شدند. رکوردهای تولید شیر روز آزمون بر اساس تعداد روزهای شیردهی به ۹ دسته

که در این مدل Y_{imnptv} ، i : آمین رکورد روز آزمون بدست آمده در t آمین روز شیردهی از p آمین گاومیش زایش کرده در n آمین سن در m آمین گله - تاریخ رکوردبرداری: F_{imnptv} ، اثرات ثابت مربوط به Y_{imnptv} (گله، سال، ماه و روز رکوردبرداری از تولید شیر و سال - فصل زایش، C_f : f : آمین ضریب تابعیت برای سن زایش، age_n : n آمین سن زایش، k : درجه برازش ضرایب تابعیت ثابت ($k=2$)، β_r : r آمین ضریب تابعیت ثابت، k_a : درجات برازش توابع

که در آن K_a و K_c به‌ترتیب ماتریس‌های (کو) واریانس بین ضرایب تابعیت تصادفی برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی حیوان هستند، A ماتریس روابط خویشاوندی، I ماتریس همانی، \otimes علامت ضرب کرونیگر بین ماتریس‌ها و R ماتریس قطری شامل واریانس‌های باقی‌مانده است.

نتایج و بحث

در مورد هر دو دوره شیردهی جمعیت مورد مطالعه، میانگین رکوردهای روز آزمون تولید شیر تا روز آزمون سوم افزایش و پس از آن تا انتهای دوره شیردهی به تدریج کاهش یافت (جدول ۲). برآوردهای واریانس‌های ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی، باقی‌مانده و فنوتیپی به تفکیک دوره شیردهی در نمودار ۱ ارائه شده است. واریانس ژنتیکی افزایشی در دوره شیردهی اول از ۰/۵۴ در روز آزمون اول به ۰/۲۳ در روز آزمون پنجم کاهش یافت و پس از مقداری افزایش تا روز آزمون هفتم، مجدداً تا انتهای شیردهی کاهش یافت. در مورد واریانس‌های محیطی دائمی، روند تقریباً مشابهی در هر دو دوره شیردهی مشاهده شد، به طوری که در هر دو دوره شیردهی از روز آزمون هفتم تا انتهای دوره مربوطه سیر صعودی منظمی مشاهده گردید. در مورد واریانس‌های فنوتیپی نیز، علیرغم متفاوت بودن مقادیر آنها روندهای نسبتاً مشابهی برای هر دو دوره شیردهی برآورد شد. در اولین دوره شیردهی، واریانس فنوتیپی مربوط به رکوردهای روز آزمون تولید شیر تا روز آزمون دوم افزایش یافت ولی در دوره شیردهی دوم بر خلاف اولین دوره شیردهی، واریانس فنوتیپی کاهش یافت. در تحقیق حاضر، واریانس فنوتیپی برآورد شده روز آزمون‌های تولید شیر در دوره شیردهی دوم بیشتر بود. برآورد وراثت‌پذیری ماه‌های مورد نظر در نمودار ۲ ارائه شده است. در دو دوره شیردهی، پارامتر وراثت‌پذیری تغییرات متفاوتی داشت. مقدار وراثت‌پذیری از شروع دوره شیردهی (۰/۲۶) تا روز آزمون پنجم (۰/۰۸) کاهش، از روز آزمون پنجم تا هفتم افزایش و سپس تا انتهای دوره شیردهی کاهش یافت. در دومین دوره شیردهی، مقدار وراثت‌پذیری از روز آزمون اول (۰/۲۹) تا روز آزمون دوم (۰/۳۱) افزایش یافت، سپس با اندکی کاهش در روز آزمون‌های بعدی، مقدار آن در دو روز آزمون انتهایی افزایش یافت (۰/۱۴ و ۰/۲۹). به‌طور کلی، روند پیش‌بینی شده برای وراثت‌پذیری در دوره شیردهی اول و دوره شیردهی دوم در گاومیش‌های ایرانی نامنظم بود. در اولین و دومین دوره شیردهی، همبستگی‌های ژنتیکی تولید شیر بین دو روز آزمون به ترتیب دامنه‌ای از ۰/۳۸- تا ۱ و ۰/۶۷- تا ۱ داشت (نمودار ۳). کم‌ترین مقدار

همبستگی ژنتیکی در اولین و دومین دوره شیردهی، به ترتیب بین روز آزمون پنجم و نهم (۰/۳۸-) و روز آزمون چهارم و نهم (۰/۶۷-) بود. مقدار همبستگی ژنتیکی بین روز آزمون‌های مجاور هم، زیاد و دامنه‌ای از ۰/۸۷ (روز آزمون اول و دوم) تا ۱ (اواسط شیردهی) در اولین دوره شیردهی داشت. به‌طور کلی همبستگی‌های ژنتیکی در روز آزمون‌های ابتدایی بیشتر بود و با افزایش فاصله بین روز آزمون‌ها، مقدار آن کاهش یافت. با وجود این که روند تغییرات همبستگی ژنتیکی در دوره شیردهی اول و دوم مشابه بود ولی مقدار همبستگی‌های ژنتیکی با افزایش تعداد زایش‌ها کاهش یافت. علاوه بر این تغییر بیشتری در همبستگی‌های ژنتیکی بین رکوردهای روز آزمون تولید شیر در دومین دوره شیردهی نسبت به اولین دوره شیردهی وجود داشت (نمودار ۳). همبستگی‌های محیطی دائمی بین رکوردهای روز آزمون تولید شیر در اولین و دومین دوره شیردهی در نمودار ۴ ارائه شده است. تخمین همبستگی‌های محیطی بین روز آزمون‌های مختلف کم و منفی بود. مقدار همبستگی محیطی دائمی در مورد روز آزمون هفتم و سایر روز آزمون‌ها در هر دو دوره شیردهی منفی بود (کم‌تر از ۰/۱۸- برای دوره شیردهی اول و کم‌تر از ۰/۱۵- برای دوره شیردهی دوم). کم‌ترین مقدار برآورد شده بین روز آزمون ششم و نهم در اولین دوره شیردهی و روز آزمون چهارم و هفتم در دومین دوره شیردهی به دست آمد و بیشترین مقدار برآورد شده بین روز آزمون اول و دوم در اولین دوره شیردهی و روز آزمون هشتم و نهم در دومین دوره شیردهی به دست آمد.

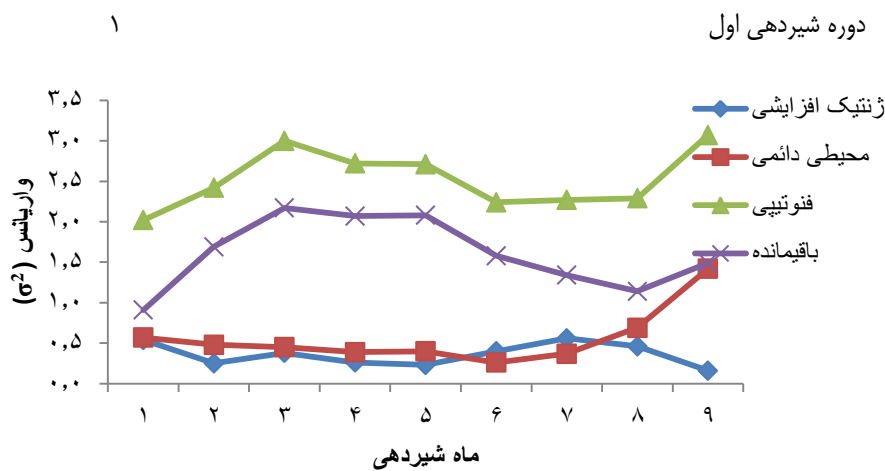
همبستگی‌های ژنتیکی و محیطی دائمی بین اولین و دومین زایش در روزهای مختلف شیردهی در جدول ۳ ارائه شده است. همبستگی‌های ژنتیکی بین اولین و دومین زایش در ابتدای دوره شیردهی ۰/۴۸ بود، سپس در اواسط شیردهی به ۰/۷۸ رسید و مقدار آن در انتهای شیردهی به ۰/۷۲ کاهش یافت. به‌طور کلی، همبستگی‌های ژنتیکی همانند همبستگی‌های محیطی دائمی روند مشابه و نامنظمی داشت ولی مقدار همبستگی ژنتیکی بیشتر بود.

جدول ۱- خلاصه‌ای از اطلاعات آماری داده‌های مورد استفاده

اطلاعات	زایش اول	زایش دوم
تعداد رکوردها	۵۳۲۰	۴۸۱۳
تعداد حیوانات دارای رکورد	۸۶۲	۷۸۶
تعداد پدران	۱۲۶	۱۰۳
تعداد مادران	۵۳۴	۴۱۶
تعداد گله	۴۴۱	۳۹۲
گروه هم دوره (گله-تاریخ رکوردبندی)	۲۱۸۳	۱۴۵۴

جدول ۲- میانگین فنوتیپی، انحراف معیار و ضریب تغییرات رکوردهای روز آزمون ماهانه تولید شیر در دوره شیردهی اول و دوم
Table 2. Phenotypic means, standard deviations and coefficient of variation for monthly test day milk yield for different DIM in the first two lactations

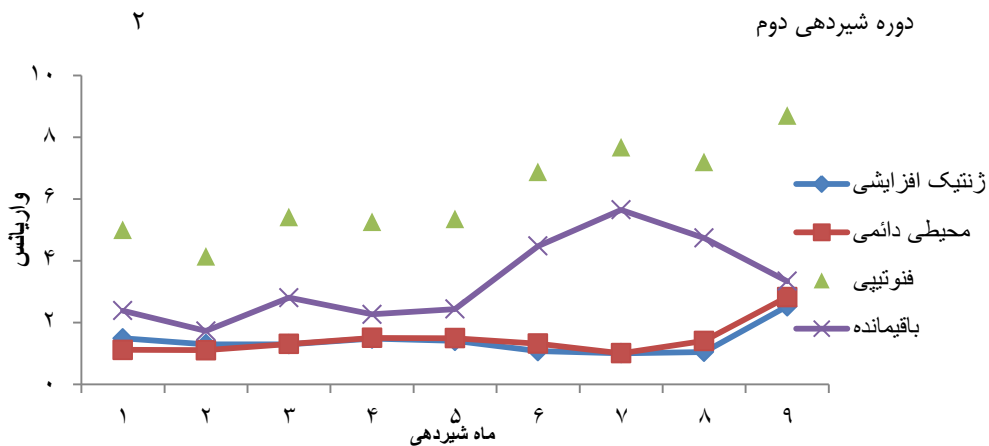
ماه شیردهی	دوره شیردهی اول				دوره شیردهی دوم			
	تولید شیر (کیلوگرم)	انحراف معیار	ضریب تغییرات، درصد	تعداد رکورد	تولید شیر (کیلوگرم)	انحراف معیار	ضریب تغییرات، درصد	تعداد رکورد
۱	۶/۷۹	۲/۶۰	۳۸/۲۹	۲۰۳	۷/۲۲	۲/۵۸	۳۵/۷۳	۲۳۴
۲	۶/۸۳	۲/۶۳	۳۸/۵۰	۷۹۳	۷/۲۸	۲/۶۹	۳۶/۹۵	۴۴۵
۳	۷/۰۳	۲/۶۷	۳۷/۹۸	۸۷۲	۷/۴۰	۲/۷۸	۳۷/۵۶	۵۴۲
۴	۶/۹۸	۲/۷۵	۳۹/۳۹	۸۶۴	۷/۲۱	۲/۷۸	۳۸/۵۵	۷۵۱
۵	۶/۷۵	۲/۸۴	۴۲/۰۷	۸۳۶	۷/۰۳	۲/۸۷	۴۰/۸۲	۷۴۶
۶	۶/۶۵	۲/۷۹	۴۱/۹۵	۶۳۳	۶/۷۸	۲/۸۵	۴۲/۰۳	۸۵۲
۷	۶/۳۵	۲/۷۸	۴۳/۷۷	۴۱۸	۶/۵۱	۲/۷۵	۴۲/۳۴	۴۶۷
۸	۶/۰۳	۲/۵۳	۴۱/۹۵	۳۶۸	۶/۱۲	۲/۶۷	۴۳/۶۲	۴۰۶
۹	۵/۶۷	۲/۳۹	۴۲/۱۵	۳۳۳	۵/۸۴	۲/۴۸	۴۲/۴۶	۳۷۰



DIM : Days In Milk

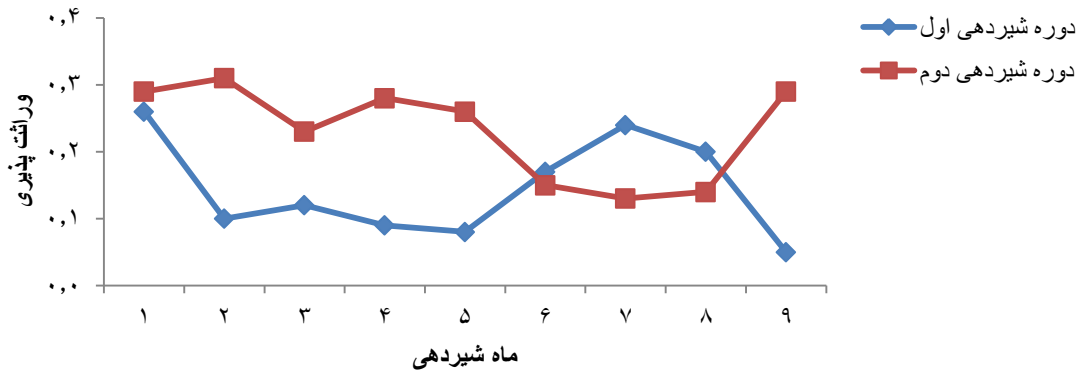
نمودار ۱- برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی، فنوتیپی و باقی مانده تولید شیر در دوره شیردهی اول با استفاده از مدل تابعیت تصادفی دو متغیره

Figure 1. Additive genetic, permanent environmental, phenotypic, and residual variance estimates to Milk yield for different DIM in the first lactation obtained with bivariate random regression models

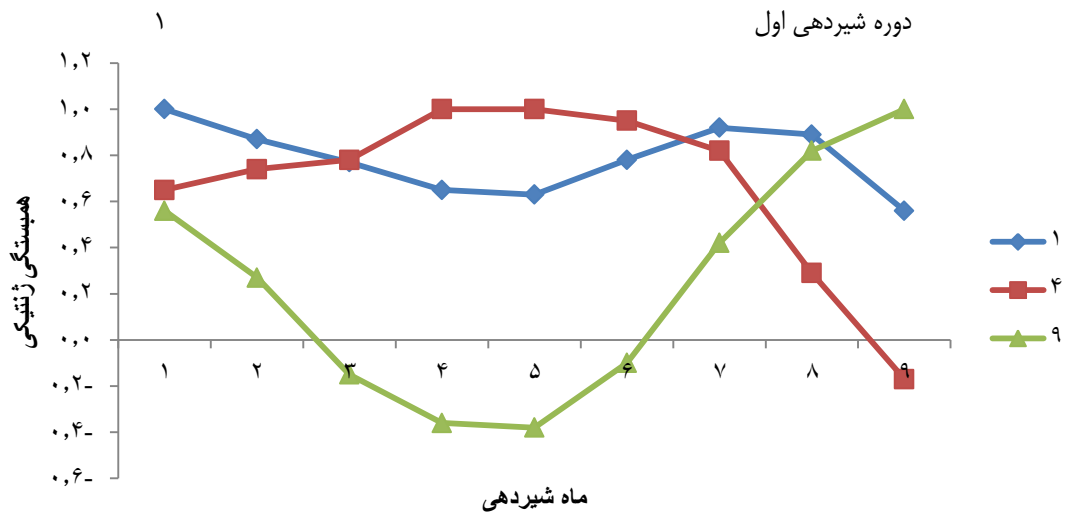


نمودار ۲- برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی، فنوتیپی و باقی مانده تولید شیر در دوره شیردهی دوم با استفاده از مدل تابعیت تصادفی دو متغیره

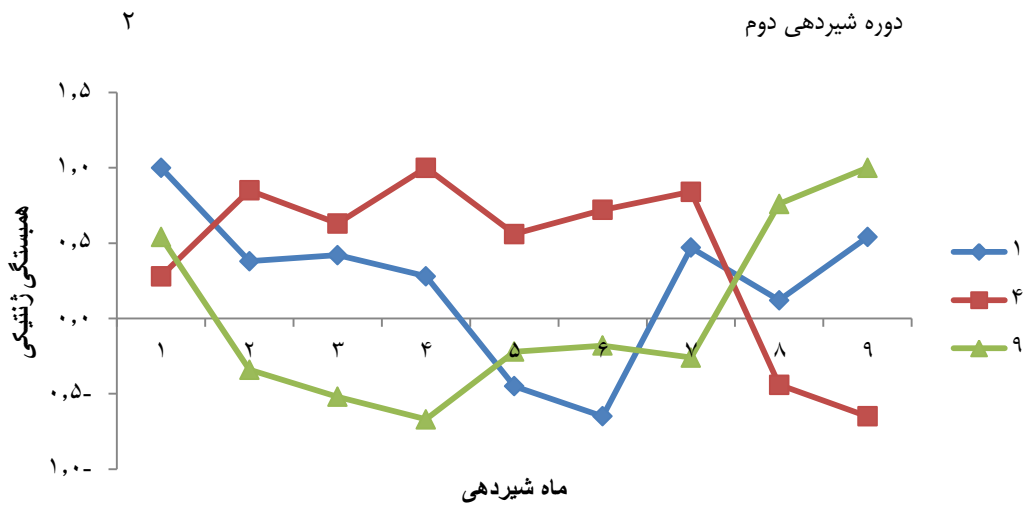
Figure 2. Additive genetic, permanent environmental, phenotypic, and residual variance estimates to Milk yield for different DIM in the second lactation obtained with bivariate random regression models.



نمودار ۳- برآورد وراثت پذیری تولید شیر در دوره شیردهی اول و دوم با استفاده از مدل تابعیت تصادفی دو متغیره
 Figure 3. Milk yield heritabilities for different DIM in the first two lactations obtained with bivariate random regression models

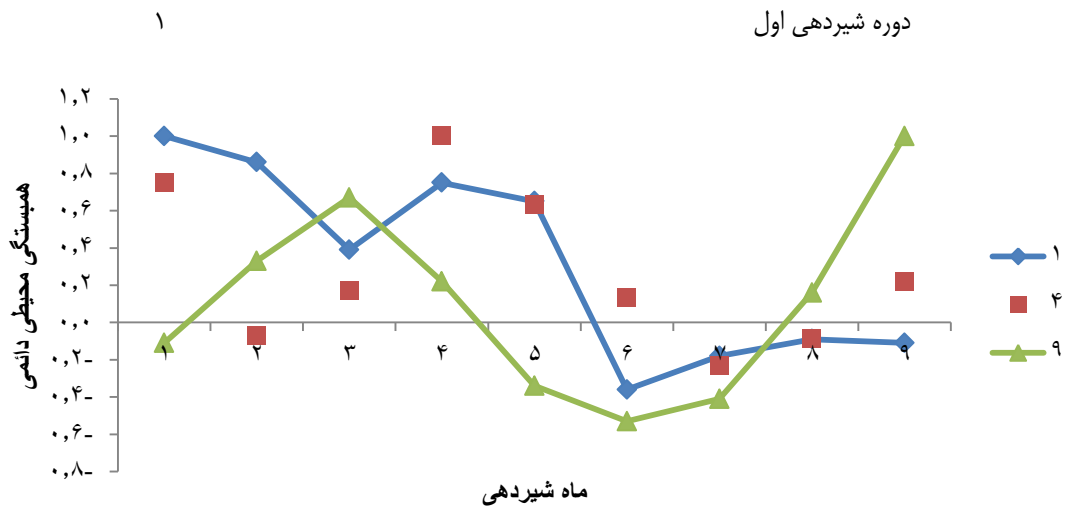


نمودار ۴- برآورد همبستگی ژنتیکی تولید شیر در روز آزمون های اول، چهارم و نهم با سایرروز آزمون های باقیمانده در دوره شیردهی اول (A) با استفاده از مدل تابعیت تصادفی دو متغیره
 Figure 4. Estimates of genetic correlation between milk yields on test days 1, 4 and 9 and the remaining test days for the first (A) lactation obtained with bivariate random regression models



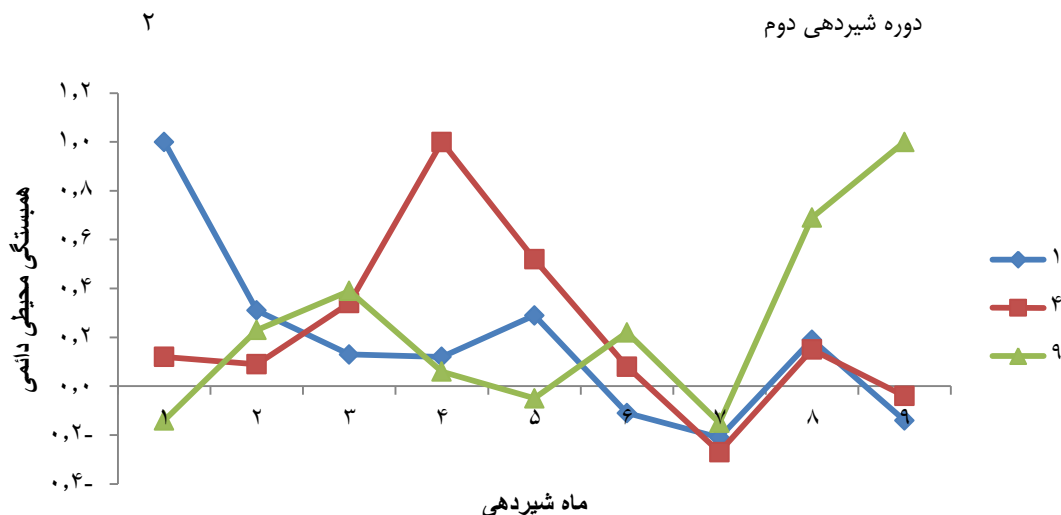
نمودار ۵- برآورد همبستگی ژنتیکی تولید شیر در روز آزمون‌های اول، چهارم و نهم با سایر روز آزمون‌های باقیمانده در دوره شیردهی دوم (B) با استفاده از مدل تابعیت تصادفی دومتغیره

Figure 5. Estimates of genetic correlation between milk yields on test days 1, 4 and 9 and the remaining test days for the second (B) lactation obtained with bivariate random regression models



نمودار ۶- برآورد همبستگی محیطی دائمی تولید شیر در روز آزمون‌های اول، چهارم و نهم با سایر روز آزمون‌های باقیمانده در دوره شیردهی اول (A) با استفاده از مدل تابعیت تصادفی دومتغیره

Figure 6. Estimates of permanent environmental correlation between milk yields on test days 1, 4 and 9 and the remaining test days for the first (A) lactation obtained with bivariate random regression models



نمودار ۷- برآورد همبستگی محیطی دائمی تولید شیر در روز آزمون‌های اول، چهارم و نهم با سایر روز آزمون‌های باقیمانده در دوره شیردهی دوم (B) با استفاده از مدل تابعیت تصادفی دو متغیره

Figure 7. Estimates of permanent environmental correlation between milk yields on test days 1, 4 and 9 and the remaining test days for the second (B) lactation obtained with bivariate random regression models

جدول ۳- برآورد همبستگی‌های ژنتیکی و محیطی دائمی بین روز آزمون‌های اول، چهارم و نهم دوره شیردهی اول با تمام روز آزمون‌های تولید شیر در دوره شیردهی دوم با استفاده از مدل تابعیت تصادفی دو متغیره

Table 3. Estimates of genetic and permanent environmental correlations between first-lactation milk yields on test days 1st, 4th and 9th and all test-day milk yields of the second lactation obtained with bivariate random regression models

شیردهی اول						
همبستگی محیطی دائمی			همبستگی ژنتیکی			شیردهی دوم
۹	۴	۱	۹	۴	۱	
-۰/۸۱	-۰/۲۹	-۰/۲۸	-۰/۲۷	-۰/۲۸	-۰/۴۸	۱
-۰/۷۳	-۰/۱۲	-۰/۴۳	-۰/۱۳	-۰/۳۷	-۰/۲۳	۲
-۰/۶۷	-۰/۲۱	-۰/۴۷	-۰/۵۳	-۰/۵۵	-۰/۵۴	۳
-۰/۴۴	-۰/۳۹	-۰/۱۶	-۰/۱۱	-۰/۷۸	-۰/۷۳	۴
-۰/۶۹	-۰/۴۴	-۰/۰۶	-۰/۳۱	-۰/۸۳	-۰/۶۱	۵
-۰/۷۷	-۰/۰۶	-۰/۰۳	-۰/۲۷	-۰/۶۹	-۰/۰۷	۶
-۰/۲۱	-۰/۰۱	-۰/۳۱	-۰/۴۱	-۰/۱۴	-۰/۱۲	۷
-۰/۱۳	-۰/۲۸	-۰/۳۶	-۰/۶۶	-۰/۰۴	-۰/۲۱	۸
-۰/۰۷	-۰/۱۹	-۰/۱۴	-۰/۷۲	-۰/۰۲	-۰/۳۳	۹

شیردهی کاهش یافت (۲۹،۱۸،۱۰) که با نتایج حاصل از تحقیق حاضر مطابقت دارد. بر اساس نتایج دی گروت و همکاران (۱۱) روی گاوهای هلشتاین، در سه دوره اول شیردهی مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی از اواسط تا انتهای شیردهی افزایش می‌یابد. مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی رکورد‌های روز آزمون تولید شیر در دومین دوره شیردهی در مقایسه با اولین دوره شیردهی بیشتر بود که با سایر تحقیقات انجام شده در این زمینه مطابقت دارد (۳۷،۱۱). با این حال تفاوت‌ها از نظر مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی در تحقیقات مختلف کم بود. مدد و همکاران (۲۰) مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی در اوایل دوره شیردهی را زیاد گزارش کردند. تغییرات

یکی از اهداف اصلی تحقیق حاضر، یافتن الگوهایی بود که سبب تغییر در میانگین و اجزای واریانس تولید شیر روزهای مختلف شیردهی در گاومیش‌های ایران می‌شود. واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم صفت تولید شیر در اولین دوره شیردهی در روز آزمون پنجم به ۰/۲۳ کاهش و بعد از آن تا روز آزمون هفتم افزایش، سپس تا انتهای دوره شیردهی کاهش یافت (نمودار ۱). بر اساس نتایج تحقیق بایاسوس و همکاران (۳) مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی در تمام دوره شیردهی افزایش یافت که با نتایج به دست آمده از تحقیق حاضر مطابقت ندارد. براساس نتایج به دست آمده از سایر تحقیقات، مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی در انتهای دوره

میانگین مقدار وراثت‌پذیری در گله‌های گاو شیری را ۰/۱۳ برآورد کردند. برآورد کم تر وراثت‌پذیری در دوره شیردهی اول در مقایسه با دوره شیردهی دوم در تضاد با برخی تحقیقات انجام شده در گاو شیری است (۳۰). برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روز آزمون تولید شیر در مدل‌های روز آزمون در مقایسه با مدل‌های محدود بیشتر است. کتانن و مانتی ساری (۱۶) دوره شیردهی را به ۳ قسمت مختلف تقسیم کردند و مقدار وراثت‌پذیری را از ۰/۱۱ تا ۰/۱۷ در گاوهای شیری برآورد کردند. کتانن و همکاران (۱۷) با استفاده از مدل تابعیت تصادفی که دارای اثر محیطی مشترک بود، مقدار وراثت‌پذیری را بین ۰/۲۹ تا ۰/۵۳ برآورد کردند. همچنین این محققین با استفاده از توابع درجه دوم چندجمله‌ای ارتوگونال، مقدار وراثت‌پذیری را بین ۰/۱۵ تا ۰/۳۳ کردند. وراثت‌پذیری برآورد شده برای رکوردهای روز آزمون معمولاً کم‌تر از رکوردهای تصحیح شده می‌باشد (۳۸). استرابل و زاواکوسکی (۳۶) با استفاده از مدل تکرارپذیری مقدار وراثت‌پذیری تولید شیر را ۰/۲۹ برآورد کردند. به طور کلی مقدار وراثت‌پذیری بسته به ساختار داده‌ها، مدل مورد استفاده، اطلاعات شجره، تعداد رکوردها و نوع ویرایش متفاوت است.

ریکایا و همکاران (۳۱) و کابوچی و همکاران (۹) با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی، همبستگی ژنتیکی زیادی را بین رکوردهای روز آزمون تولید شیر در گاو شیری گزارش کردند. در تحقیق حاضر، همبستگی ژنتیکی منفی بین ماه‌های پنجم و نهم در دوره شیردهی اول به‌دست آمد (شکل ۳). سی سانا و همکاران (۳۵) مقدار همبستگی ژنتیکی بین رکوردهای روز آزمون تولید شیراز اواسط تا انتهای شیردهی را منفی گزارش کردند. در سایر تحقیقات انجام شده، همبستگی ژنتیکی منفی بین رکوردهای روز آزمون ابتدایی و انتهایی برای صفت تولید شیر با استفاده از مدل تابعیت تصادفی در گاوهای شیری گزارش شده است (۳۱، ۵، ۴). در تحقیق حاضر برآورد همبستگی ژنتیکی برای صفت تولید شیر، نشان می‌دهد که بین برآوردها در ابتدا و انتهای دوره شیردهی ثبات وجود ندارد که با نتایج به دست آمده از تحقیق برادر استون و همکاران (۵) مطابقت دارد.

ریکایا و همکاران (۳۱) و بیگناردی و همکاران (۴) با استفاده از مدل تابعیت تصادفی، همبستگی ژنتیکی منفی را بین صفات تولیدی در گاو شیری گزارش کردند. در گاومیش شیری، استرس پس از زایش در روزهای ابتدایی دوره شیردهی، ممکن است بر روی نتایج به‌دست آمده تاثیرگذار باشد زیرا در اوایل دوره شیردهی، گاومیش‌های شیری معمولاً با کمبود انرژی مواجه می‌شوند. در تحقیق حاضر مقدار همبستگی محیطی دائمی در مقایسه با همبستگی ژنتیکی کم‌تر بود ولی دارای تغییرات بیشتری نسبت به همبستگی ژنتیکی در طول دوره شیردهی بود (نمودار ۴). مقدار همبستگی محیطی دائمی همانند همبستگی ژنتیکی در روز آزمون‌های مجاور هم بیشتر بود. همبستگی‌های محیطی دائمی و ژنتیکی بین روز آزمون‌های اول، چهارم و نهم تولید شیر در اولین و دومین دوره شیردهی در جدول ۳ ارائه شده

در واریانس ژنتیکی افزایشی نشان می‌دهد که صفت تولید شیر گاومیش‌های ایران در روز آزمون‌های مربوط به اوایل، اواسط و اواخر دوره شیردهی به‌عنوان صفات متفاوتی هستند. بر اساس نتایج حاصل از تحقیق نیفاو (۲۷) پارامتر واریانس ژنتیکی افزایشی در سراسر دوره شیردهی افزایش یافت. در تحقیق حاضر واریانس محیطی دائمی در هر دو دوره شیردهی روند نامنظمی داشت که متفاوت از نتایج به دست آمده از تحقیق سی سانا و همکاران (۳۵) بود. چون واریانس محیطی دائمی مربوط به اثرات ژنتیکی غیرافزایشی و اثرات محیطی دائمی غیر ژنتیکی است لذا الگوی تغییرات واریانس محیطی دائمی نشان‌دهنده آن است که ممکن است ژن‌هایی با اثرات ژنتیکی غیرافزایشی در سنین بعد بروز یابند و یا ممکن است اثرات محیطی غیرژنتیکی با اثرات ژنتیکی غیر افزایشی در ارتباط باشند. تحقیق حاضر نشان می‌دهد که اثر محیطی دائمی نقش مهمی در روز آزمون‌های مختلف تولید شیر در گاومیش‌های ایران دارد. در جمعیت مورد مطالعه، واریانس فنوتیپی دارای روند افزایشی در انتهای دوره شیردهی بود که ناشی از افزایش موقت واریانس خطای اندازه می‌باشد. با توجه به نتایج به دست آمده از تحقیقات بیگناردی و همکاران (۴) با استفاده از مدل تابعیت تصادفی در گاو شیری و همچنین سی سانا و همکاران (۳۵) در گاومیش‌های شیری، بیشترین مقدار واریانس فنوتیپی برای صفت تولید شیر مربوط به روز آزمون‌های ابتدایی دوره شیردهی است که با نتایج حاصل شده از تحقیق حاضر مطابقت ندارد. در تحقیق حاضر، مقدار واریانس فنوتیپی روز آزمون‌های تولید شیر در دوره شیردهی دوم بیش‌تر بود که با نتایج سایر تحقیقات مطابقت داشت (۳۷، ۱۵). وراثت‌پذیری تولید شیر در تحقیق حاضر در مقایسه با پژوهش هارتادو-لوگو و همکاران (۱۴) در گاومیش‌های Murrah کلمبیا (۰/۰۱ تا ۰/۲۰) بیشتر بود. بر اساس نتایج حاصل از سایر تحقیقات (۲۲، ۸، ۶) مقدار وراثت‌پذیری برای روز آزمون‌های مختلف تولید شیر در گاومیش‌های شیری از کم تا متوسط گزارش شد که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت دارد.

هارتادو- لوگو و همکاران (۱۴) و تونهاتی و همکاران (۴۱) با استفاده از مدل‌های محدود، رکوردهای روز آزمون تولید شیر در گاومیش‌های شیری را تجزیه و تحلیل کردند. بر اساس نتایج حاصل از تحقیق آن‌ها مقدار وراثت‌پذیری در اواسط دوره شیردهی به‌ترتیب دارای دامنه‌ای از ۰/۱۹ تا ۰/۳۰ و ۰/۱۶ تا ۰/۲۰ به‌دست آمد. کاهش مقدار وراثت‌پذیری می‌تواند به‌دلیل کاهش تولید باشد. با وجود مقدار زیاد وراثت‌پذیری در آغاز دوره شیردهی در تحقیق حاضر، هنگامی که تعداد رکوردهای روز آزمون تولید شیر کاهش می‌یابد، مدل‌های تابعیت تصادفی نمی‌توانند به‌خوبی اجزای واریانس را در انتهای مسیر توصیف کنند. برآورد زیاد وراثت‌پذیری در ابتدای دوره شیردهی ممکن است به‌این دلیل باشد که تولید شیر در طول روز آزمون اول از نظر حجم و محتوا برای بقای گوساله حیاتی است (۱۲).

ورکمپ و گودارد (۴۲) با مطالعه وراثت‌پذیری رکوردهای روز آزمون صفات تولیدی در ۴ گله مختلف گاو شیری،

تابعیت تصادفی با در نظر گرفتن اطلاعات دو دوره شیردهی که شامل تعداد زیادی رکورد به ازای هر حیوان است، امکان پیش‌بینی دقیق‌تر پارامترهای ژنتیکی و ارزش‌های ارثی را فراهم خواهد کرد. مدل تابعیت تصادفی قادر به برآورد تعداد زیادی از پارامترها است که قادر است با در نظر گرفتن اطلاعات مربوط به دوره‌های مختلف شیردهی، بهترین برآورد را انجام دهد.

با توجه به این که در این پژوهش وراثت‌پذیری برای صفت تولید شیر به‌خصوص در شکم دوم زایش در ماه‌های ابتدایی شیردهی در حد بالایی برآورد شده است، این صفت می‌تواند به‌عنوان معیار انتخاب در گاومیش‌های بومی ایران استفاده شود. علاوه بر این، برآورد همبستگی ژنتیکی بین ماه‌های مختلف نسبت به همبستگی محیطی دائمی اغلب بالاتر بود. همچنین، همبستگی ژنتیکی بین برخی ماه‌ها از دوره شیردهی اول با دوره شیردهی دوم نشان می‌دهد که بین دوره‌های مختلف شیردهی تفاوت از لحاظ ژنتیکی وجود دارد. با توجه به این که علاوه بر صفت تولید شیر صفات مهم دیگری از جمله درصد پروتئین شیر و درصد چربی شیر از صفات مهم اقتصادی در پرورش دام‌های شیری محسوب می‌شوند، توصیه می‌شود تجزیه دو صفت میان درصد چربی شیر و درصد پروتئین شیر در مورد گاومیش‌های بومی ایران صورت گیرد.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از همکاری صمیمانه مسوولین مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور قدردانی می‌شود.

است. در تحقیق حاضر، همبستگی‌های ژنتیکی بین اولین و دومین دوره شیردهی در مقایسه با مدل ۲۴۰ روز کم‌تر بود. مدد و همکاران (۲۱) تحقیق روی گاومیش‌های خوزستان و با استفاده از یک مدل چندصفتی، مقدار همبستگی بین اولین و دومین دوره شیردهی برای صفت تولید شیر را ۰/۷۹ به دست آوردند در حالی که در تحقیق حاضر میانگین این همبستگی ۰/۲۰ بود. بر اساس تحقیق کاروال هیرا و همکاران (۷) برای محاسبه همبستگی‌های بین دو روز شیردهی، اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی می‌تواند به عنوان فرآیندهای اتو رگرسیو برازش شوند. همبستگی‌های ژنتیکی مثبت و متوسط به بالا بین رکوردهای روز آزمون تولید شیر در دوره شیردهی اول و مابقی رکوردها در دوره شیردهی دوم، نشان‌دهنده وجود گروهی از ژن‌ها است که اثرات آن‌ها در جهت مطلوب است. در تحقیق حاضر، بخش انتهایی دوره شیردهی اول و دوم، همبستگی ژنتیکی کمتری با بخش‌های قبلی دوره شیردهی نشان داد که می‌تواند باعث تغییر در رتبه‌بندی گاوهای نر شود، اگر فقط از اطلاعات مربوط به دوره شیردهی اول استفاده شود. در دوره شیردهی اول تنها از حیواناتی که رکورد تولید شیر آن‌ها نسبت به میانگین گله بیشتر باشد برای دوره‌های شیردهی بعدی استفاده می‌شود. تجزیه و تحلیل رکوردهای تولید شیر با استفاده از تابعیت تصادفی دو متغیره، امکان ترکیب اطلاعات صفات همبسته را می‌دهد. با استفاده از رکوردهای روز آزمون تولید شیر در دوره‌های شیردهی مختلف، امکان پیش‌بینی ارزش ژنتیکی حیوانات برای صفاتی مثل تولید شیر جمعی ۳۰۵ روز و تداوم شیردهی وجود دارد. بنابراین استفاده از مدل

منابع

1. Aspilcueta-Borquis, R., A. Tanaka, L. Albuquerque, R. Sesana, L. Seno, A. Bignardi and H. Tonhati. 2007. Genetic parameters estimates for milk, fat and protein yield analyzed by test day models for Murrah buffaloes in Brazil. Proceedings of the 8th World Buffalo Congress, Caserta, Italia, 368-371.
2. Aspilcueta-Borquis, R.B., F.R. AraujoNeto, F. Baldi, A.B. Bignardi, L.G. Albuquerque and H. Tonhati. 2010. Genetic parameters for buffalo milk yield and milk quality traits using Bayesian inference. Journal of Dairy Science, 93: 2195-2201.
3. Biassus, I.O., J.A. Cobuci, C.N. Costa and P.R.N. Rorato. 2011. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. Revista Brasileira Zootecnia Journal, 40: 85-94.
4. Bignardi, A.B., L. Faro, V.L. Cardoso, P.F. Machado and L.G. Albuquerque. 2009. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. Livestock Production Science, 123: 1-7.
5. Brotherstone, S., I.M.S. White and K. Meyer. 2000. Genetic modeling of daily yields using orthogonal polynomials and parametric curves. Animal Science, 70:407-415.
6. Breda, F.C., L.G. Albuquerque, R.F. Euclides, A.B. Bignardi, F.Baldi, R.A. Torres, L.Barbosand and H. Tonhati. 2010. Estimation of genetic parameters for milk yield in Murrah buffaloes by Bayesian inference. Journal of Dairy Science, 93: 784-791.
7. Carvalheira, J.G.V., R.W.Blake, E.J. Pollak, R.L. Quaasand and C.V. Duran-Castro. 1998. Application of an autoregressive process to estimate genetic parameters and breeding values for daily milk yield in a tropical herd of Lucerna cattle and in United States Holsteins herds. Journal of Dairy Science, 81: 2738-2751.
8. Chakraborty, D., S.S. Dhaka, B.L.Pander, A.S. Yadavand and A.Dandapat. 2010. Genetic studies on 305 days and test day milk yield records in Murrah buffaloes. Indian Journal of Animal Science, 80(8): 729-732.
9. Cobuci, J.A., R.F. Euclides, P.S. Lopes, P.S. Costa, C. Napolis, R.A. Torresand and C.S. Pereira. 2005. Estimation of genetic parameters for test-day milk in Holstein cows using a random regression model. Genetics and Molecular Biology, 28: 75-83.
10. Costa, C.N., C.N.R. Melo, I.U. Pacherand A.F. Freitas. 2008. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendrepolynomials. Revista Brasileira Zootecnia Journal, 37: 602-608.

11. DeGroot, B.J., J.F. Keown, L.D. Van Vleck and S.D. Kachman. 2007. Estimates of genetic parameters for Holstein cows for test-day yield traits with a random regression cubic spline model. *Genetics and Molecular Research*, 6: 434-444.
12. Geetha, E., A.K. Chakravarty and K. Vinaya Kumar. 2007. Estimates of genetic parameters using random regression test day model for first lactation milk yield in Murrah buffaloes. *Indian Journal of Animal Sciences*, 77(9): 898-901.
13. GhaviHossein-Zade, N., M.M. Adad, A.A. Shadparvar and D. Kianzad. 2012. Anabsorvational Analysis of Secondary Sex ratio, Stillbirth and Birth Weight in Iranian Buffaloes (*Bubalus bubalis*). *Journal of Agriculture Science and Technical*, 14: 1477-1484.
14. Hurtado-Lugo, N., M. Ceron-Munoz and A. Gutierrez-Valencia. 2006. Estimacion de parametros geneticos parala produccion de lecheen el diadel control enbufalos de la Costa Atlantica Colombiana. *LivestockResearch for Rural Development*, 18: 1-6.
15. Jamrozik, J., L.R. Schaeffer and G.B. Jansen. 2000. Approximate accuracies of prediction from random regression models. *Livestock Production Science*, 66: 85-92.
16. Kettunen, A. and E.A. Mantysaari. 1996. Estimation of genetic parameters for test day milk production at different stages of lactation of Finnish Ayrshire heifers. *Journal of Agriculture and Food Sciences*, 5: 185-192.
17. Kettunen, A., E.A. Mantysaari and I. Strandén. 1997. Analysis of first lactation test day milk yields by random regression model. *Proc. Interbull MTG.*, Vienna, Austrian Interbull Bulletin, 16: 39-42.
18. Lopez-Romero, P., R. Rekaya and M.J. Carabano. 2003. Comparing alternative random regression models to analyze first lactation daily milk yield data in Holstein-Friesian cattle. *Live stock Prodoction Science*, 82: 81-96.
19. Madad, M., N. GhaviHossein-Zadeh and A.A. Shadparvar. 2013. Estimation of Genetic Para meters of Production and Reproduction Traits in Iranian native buffaloes. *Animal production research*, 1: 45-52 (In Persian).
20. Madad, M., N. Ghavi Hossein-Zadeh, A.A. Shadparvar and D. Kianzad. 2013a. Random regression models to estimate genetic parameters for test-day milk yield and composition in Iranian buffaloes. *Archiv fur Tierzucht*, 56: 276-284.
21. Madad, M., N. Ghavi Hossein Zadeh and A.A. Shadparvar. 2013b. Genetic and phenotypic parameters for productive traits in the first three lactations of Khuzestan buffaloes in Iran. *ArchivFur Tierzucht*, 56: 423-429.
22. Madad, M., N. Ghavi Hossein Zadehand and A.A. Shadparvar. 2016. Estimation of genetic parameters for test day milk yield in Khuzestan buffalo. *Pesquisaa gropecuaria brasileira journal*, 51(7): 890-897.
23. Meyer, K. 2007. WOMBAT A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. *Journal of Zhejiang University Science*, 8: 815-821.
24. Misztal, I., T. Strabel, J. Jamrozik, E.A. Mantysaari and T. Meuwissen. 2000. Strategies for estimating the parameters needed for different test-day models. *Journal of Dairy Science*, 83: 1125-1134.
25. Mourad, K.A.M. and A.S. Khattab. 2009. A comparison between differentslection indices for some productive traits on Egyptian buffaloes. *ArchiveTierzucht*, 52: 476-484.
26. Naserian, A.A. and B. Saremi. 2007. Water buffaloindustry in Iran. *Italian Journal of Animal Sciences*, 6: 1404-1405.
27. Nephawe, K.A. 2004. Application of random regression models to the genetic evaluation of cow weight in Bonsmara cattle of South Africa. *South African Journal of Animal Science*, 34: 166-173.
28. Peeva, T. 2002. Genetic improvement of buffaloes in Bulgaria. In: Vale WG, LourencoJunior JB, Ohashi OM (eds.) *Proc. 1st Buffalo Symposium of Americas*, Belem, Parg, Brazil, 418-420.
29. Pool, M.H., L.L. Jams and T.H. Meuwissen. 2000. Genetic parameters of Legendrepolynomials for first parity lactation curves. *Journal of Dairy Science*, 83: 2640-2649.
30. Reents, R., J. Jamrozik, L.R. Schaeffer and J.C.M. Dekkers. 1995. Estimation of genetic parameters for test day records of somatic cell score. *Journal of Dairy Science*, 78: 2847-2857.
31. Rekaya, R., M.J. Carbano and M.A. Toro. 1999. Use of test day yield for the geneticevaluation of production traits in Holstein-Friesian cattle. *Livestock Production Science*, 57: 203-217.
32. Rosati, A. and L.D. Van Vleck. 2002. Estimation of genetic parameters for milk, fat, protein and mozzarella cheese production for the Italian river buffalo *Bubalusbubalis* population. *Live stock Production Science*, 74:185-190.
33. Schaeffer, L.R., J. Jamrozik, G.J. Kistemaker and B.J. Doormaal Van. 2000. Experience with a test day model. *Journal of Dairy Science*, 83: 1135-1144.
34. Schaeffer, L.R. and J. Jamrozik. 2008. Random regression models: a longitudinal prespective *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 125: 45-146.
35. Sesana, R.C., A.B. Bignardi, R.R.A. Borquis, L. Faro, F. Baldi, L.G. Albuquerque and H. Ton hati. 2010. Random regression models to estimate genetic parameters for test day milk yield in Brazilian Murrah buffaloes. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 127: 369-376.
36. Strabel, T. and T. Szwaczkowski. 1997. Additive genetic and permanent environmental varince components for test day milk traits in Black White cattle. *Livestock Prodoction Science*, 48: 91-98.
37. Strabel, T. and J. Jamrozik. 2006. Genetic analysis of milk production traits of Polish black and white cattle using large scale random regression test day models. *Journal of Dairy Science*, 89: 3152-3163.
38. Swalve, H.H. 1995. The effect of test day models on the estimation of genetic parameters and breeding values of dairy yield traits. *Journal of Dairy Science*, 78: 929-938.
39. Tavakolian, J. 2000. An Introduction to Genetic Resources of native Farm Animals. *Animal Science Research Institute Karaj, Iran*, 451 pp.
40. Tonhati, H., M.F. CernMuoz, J.A. de Oliveira, J.M.C. Duarte, T.P. Furtado and S.P. Tseimazides. 2000. Genetic Parameters of Milk Production, Fat and Protein Contents in Buffalo Milk. *Revista Brasileira Zootecnia Journal*, 29 (Supplement), 2051-2056 (In Portuguese).
41. Tonhati, H., M.F. Ceron-Munoz, J.A. Oliveira, L. Faro, A.L.F. Lima and L.G. Albuquerque. 2008. Test-day milk yield as a selection criterion for dairy buffaloes (*Bubalusbubalis* *Artiodactyla*, *Bovidae*). *Geneticsand Molecular Biology*, 31: 674-679.
42. Veerkamp, R.F. and M.E. Goddard. 1998. Covariance function sacross herd production levels for test day records on milk, fat and protein yields. *Journal of Dairy Science*, 81: 1690-1701.

The use of a Bivariate Random Regression Model for Genetic Analysis of Milk Yield in Iranian Native Buffalo

Yousef Naderi¹, Mostafa Madad² and Mohsen Gholizadeh³

1- Assistant Professor, Department of Animal Science, Astara Branch, Islamic Azad University, Astara, Iran
(Corresponding author: y.naderi@iau-astara.ac.ir)

2- Ph.D Student, Department of Animal Science, University of Tabriz

3- Assistant Professor, Department of Animal Science, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University
Received: July 23, 2017 Accepted: February 17, 2018

Abstract

Bivariate random regression models were used to estimate variance components of test-day milk yields (TDMY) in the first and second lactations of Iranian buffaloes. Data included 10,133 TDMY records from 862 Iranian buffaloes for first lactation and 786 for second lactation which were collected from 1993 to 2011 by the animal breeding centre of Iran. The models of analysis included the fixed effects of herd-test-date (HTD), year-season (YS) and age at calving as covariate were fitted in the model of analysis. The random variables of model were the additive genetic and animal permanent environmental effects and residual effects. The (co)variance components and the genetic parameters were estimated using the REML method with the Wombat program. In bi-variate model, each parity was treated as a separate trait. In the first lactation, Heritability estimates were low to moderate and ranged from 0.05 to 0.26 and had an erratic pattern. In the second lactation, the heritability estimates increased from the first (0.29) to the second test day (0.31), and then with a slight decrease during lactation, again increased on the last two test days (0.14 and 0.29). The range of genetic correlation between the first day of the first lactation period and the whole day of the test days in the second lactation period were reported between -0.07 and +0.73. Heritability estimates test-day milk yield are higher at the beginning of the lactation period for first and second lactation which indicates that milk yield in the early months of lactation can be used as a selection criterion in Iranian native buffalo.

Keywords: Bivariate Random, Day Models, Genetic Parameters, Legendre Polynomials Function, Regressions Tes