



تولیدات دامی

دوره ۱۹ ■ شماره ۲ ■ تابستان ۱۳۹۶

صفحه‌های ۲۶۴-۲۵۵

مقایسه مدل‌های تکرارپذیر، چند صفتی و تابعیت تصادفی در برآورد اجزای واریانس برای صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح در گاوهای هلشتاین ایران

حیدر قیاسی^۱، رستم عبدالهی آرپناهی^{۲*}، رضا طاهرخانی^۱

۱. استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران.

۲. استادیار، گروه علوم دام و طیور، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران، پاکدشت، ایران.

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۳۹۵/۱۰/۲۴

تاریخ وصول مقاله: ۱۳۹۵/۰۵/۱۷

چکیده

به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح با استفاده از سه مدل تکرارپذیر، چند صفتی و تابعیت تصادفی از تعداد ۱۵۹۴۸۲ رکورد فاصله زایش تا اولین تلقیح که طی سال‌های ۱۳۶۰ تا ۱۳۹۲ از ۳۳ گله گاو هلشتاین ایران توسط مرکز اصلاح نژاد کشور جمع‌آوری شده بود، استفاده شد. مدل چندصفتی نسبت به مدل تکرارپذیر و تابعیت تصادفی دارای معیار اطلاعات بی‌زین کمتر و فاکتور بیز آن نسبت به دو مدل دیگر تفاوت معناداری داشت ($p < 0/05$). وراثت‌پذیری برآورد شده برای فاصله زایش تا اولین تلقیح، در مدل تابعیت تصادفی از نوبت زایش اول تا ششم روندی نزولی داشت، به طوری که در نوبت زایش اول، بیشترین مقدار ($0/09 \pm 0/01$) و در نوبت زایش ششم کمترین مقدار ($0/03 \pm 0/01$) بود. وراثت‌پذیری برآورد شده برای این صفت در آنالیز چند صفتی اگر چه از نوبت زایش اول ($0/08$) تا نوبت زایش پنجم ($0/04$) روند نزولی داشت، ولی بیشترین مقدار وراثت‌پذیری ($0/10$) در نوبت زایش ششم برآورد شد. وراثت‌پذیری برآورد شده برای این صفت در مدل تکرارپذیری نیز $0/05$ بود. همبستگی‌های ژنتیکی بین نوبت‌های زایش نزدیک به هم، بیشتر بود و با زیاد شدن فاصله بین نوبت‌های زایش، کاهش یافت. به طور کلی، مدل چندصفتی نسبت به سایر مدل‌ها در برآورد اجزای واریانس برای صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح برتری دارد.

کلیدواژه‌ها: ارزیابی ژنتیکی، باروری، پارامتر ژنتیکی، گاو هلشتاین.

مقدمه

عامل زمان است و در همه حیوانات یکسان است. لذا، از مدل چند صفتی برای برآورد پارامتر ژنتیکی فاصله زایش تا اولین تلقیح در هر نوبت زایش استفاده می‌شود. از عیوب مدل چندصفتی برای آنالیز صفات تکرار شده در طول زمان، پیچیدگی محاسباتی و همچنین برآورد صحیح اجزای واریانس-کواریانس بین دوره‌ها یا صفات مورد مطالعه است. در حالی که در مدل رگرسیون تصادفی، صفت تکرار شده در طول زمان به‌عنوان یک صفت در نظر گرفته می‌شود و با استفاده از توابع کواریانس مانند چندجمله‌ای لژاندر، می‌توان تغییرات صفت در طول زمان را برازش کرد و پیچیدگی‌های محاسباتی آن نیز از مدل چندصفتی کمتر است [۱۲]. از دیگر مزایای مدل رگرسیون تصادفی، این است که برای هر روز و هر دوره، می‌توان اجزای واریانس-کواریانس و همچنین ارزش‌های اصلاحی را برآورد کرد. طبق اطلاعات موجود، در ارتباط با مقایسه مدل‌های مختلف در برآورد پارامترهای ژنتیکی فاصله زایش تا اولین تلقیح، تحقیقی نشده است. بنابراین، هدف از این تحقیق مقایسه مدل‌های تکرارپذیر، مدل دام چند صفتی و تابعیت تصادفی در برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح در گاوهای هلشتاین ایران بود.

مواد و روش‌ها

از تعداد ۱۵۹۴۸۲ رکورد فاصله زایش تا اولین تلقیح که طی سال‌های ۱۳۶۰ تا ۱۳۹۲، توسط مرکز اصلاح نژاد کشور از ۳۳ گله هلشتاین ایران جمع‌آوری شده بود، برای برآورد اجزای واریانس استفاده شد. این رکوردها مربوط به ۱۱۱۴۰۵ گاو ماده در نوبت‌های زایش اول تا ششم بود. فاصله زایش تا اولین تلقیح به‌صورت (تاریخ اولین تلقیح - تاریخ زایش) محاسبه شد و دام‌هایی که رکورد فاصله زایش تا اولین تلقیح آنها خارج از دامنه ۲۵ تا ۲۵۰

عملکرد باروری در گاو به توانایی دام برای برگشت به فحلی پس از زایش و نیز آستن شدن پس از تلقیح بستگی دارد. صفات مختلفی مانند تعداد روزهای باز، تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی و فاصله اولین و آخرین تلقیح در ارتباط با باروری در گله‌های گاوی شیری رکوردگیری می‌شود. فاصله زایش تا اولین تلقیح، صفتی است که با توانایی دام برای برگشت به فحلی پس از زایش در ارتباط است [۳،۶]. فاصله زایش تا اولین تلقیح، در نوبت‌های زایش مختلف یک گاو رکوردگیری می‌شود و بنابراین این صفت را می‌توان، صفتی تکرارشونده در طول زمان در نظر گرفت. مدل تکرارپذیر، روش آماری رایجی در برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت تکرار شده در طول زمان به‌شمار می‌رود [۳،۲]. مهمترین فرض مدل تکرارپذیر این است که همبستگی ژنتیکی فاصله زایش تا اولین تلقیح، در نوبت‌های زایش مختلف برابر با یک است که این فرض از دیدگاه بیولوژیکی همیشه برقرار نیست. لذا، برای آنالیز ژنتیکی فاصله زایش تا اولین تلقیح از روش‌های آماری دیگری باید استفاده شود. در همین زمینه می‌توان از مدل‌های چند صفتی و مدل تابعیت تصادفی به‌عنوان روش‌های جایگزین، استفاده کرد.

در استفاده از مدل‌های چند صفتی برای آنالیز داده‌های تکرار شده در طول زمان، لازم است که عامل زمان برای همه حیوانات یکسان باشد، یعنی همه حیوانات در سن خاص یا روز خاصی رکوردگیری شوند [۱۲]. در صفات مرتبط با رشد و تولید شیر ممکن است، همه حیوانات در زمانی مشخص رکوردگیری نشوند که این امر سبب محدودیت در استفاده از مدل چند صفتی می‌شود. در این حالت عامل زمان به‌عنوان کواریت در مدل چندصفتی در نظر گرفته می‌شود و نمی‌توان برای هر سن خاص پارامتر ژنتیکی برآورد کرد [۱۲]. در صفات باروری نوبت زایش،

تولیدات دامی

مقایسه مدل‌های تکرارپذیر، چند صفتی و تابعیت تصادفی در برآورد اجزای واریانس برای صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح در...

در مدل بالا \mathbf{y} بردار مشاهدات؛ \mathbf{b} بردار آثار ثابت (سن زایش، ماه اولین تلقیح، گله - سال - فصل زایش، نوبت زایش)؛ \mathbf{a} بردار اثر تصادفی ژنتیک افزایشی دام؛ \mathbf{pe} بردار اثر تصادفی محیط دائمی؛ \mathbf{e} بردار اثر تصادفی باقی مانده و \mathbf{Z} ، \mathbf{W} و \mathbf{X} ماتریس‌های طرح بوده که مشاهده‌ها را به ترتیب به آثار ثابت، ژنتیک افزایشی و محیط دائمی مرتبط می‌کنند.

فرضیات مدل (۱) عبارتند از:

$$E[\mathbf{y}] = E[\mathbf{pe}] = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \text{Var}(\mathbf{a}) = \mathbf{A}\sigma_a^2, \text{Var}(\mathbf{pe}) = \mathbf{I}_{nr}\sigma_{pe}^2, \text{Var}(\mathbf{e}) = \mathbf{I}_{nr}\sigma_e^2$$

\mathbf{A} : ماتریس کواریانس ژنتیک افزایشی بین حیوانات موجود در شجره؛ σ_a^2 : واریانس ژنتیک افزایشی؛ σ_{pe}^2 : واریانس محیط دائمی؛ σ_e^2 : واریانس باقی مانده؛ nr : تعداد حیوانات دارای رکورد و \mathbf{I}_{nr} : ماتریس واحد با اندازه nr . همبستگی ژنتیکی بین آثار تصادفی (\mathbf{a} ، \mathbf{pe} و \mathbf{e}) در مدل برابر صفر در نظر گرفته شد.

در مدل (۲) فاصله زایش تا اولین تلقیح هر حیوان در نوبت‌های مختلف زایش به‌عنوان یک صفت جداگانه در نظر گرفته شد. شکل ماتریسی این مدل به‌صورت زیر است:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \\ y_4 \\ y_5 \\ y_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & X_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & X_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \\ b_5 \\ b_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & Z_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & Z_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \\ a_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \\ e_6 \end{bmatrix} \quad (2)$$

ماتریس‌های طرح برای آثار ژنتیکی افزایشی هستند. ماتریس (کو)واریانس در مدل (۲) به‌صورت رابطه زیر بود:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{A} \otimes \mathbf{G} & 0 \\ 0 & \mathbf{I} \otimes \mathbf{R} \end{bmatrix} \quad (3)$$

که در آن، \mathbf{G} ، ماتریس (کو)واریانس ژنتیکی بین رکوردها با ابعاد 6×6 در نوبت‌های مختلف زایش؛ \mathbf{R} ، ماتریس

بود، از فایل داده‌ها حذف شدند [۱۲، ۳، ۱]. جدول ۱ اطلاعات مربوط به ساختار شجره دام‌های بررسی‌شده را نشان می‌دهد.

جدول ۱. اطلاعات مربوط به شجره

مشخصات	تعداد
تعداد حیوانات دارای رکورد	۱۱۱۴۰۵
تعداد کل حیوانات در شجره	۱۲۲۳۳۸
تعداد کل پدرها	۲۳۸۲
تعداد مادران	۳۴۹۹۳
حیوانات دارای فرزند	۳۷۳۷۵

به‌منظور برآورد اجزای (کو)واریانس صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح، از مدل تکرارپذیر (رابطه ۱)، مدل دام چند صفتی (رابطه ۲) و تابعیت تصادفی (رابطه ۳) برای آنالیز داده‌ها استفاده شد. آثار سن زایش، ماه اولین تلقیح، گله - سال - فصل زایش در هر سه مدل و نوبت زایش (در مدل تکرارپذیر و تابعیت تصادفی) به‌عنوان آثار ثابت در نظر گرفته شد.

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wpe} + \mathbf{e} \quad (1)$$

در مدل (۲)، \mathbf{y}_1 تا \mathbf{y}_6 مشاهده‌ها برای نوبت زایش اول تا ششم؛ \mathbf{X}_1 تا \mathbf{X}_6 ماتریس‌های طرح مربوط به نوبت زایش اول تا ششم (آثار ثابت شامل گله-سال-فصل زایش، ماه اولین تلقیح و سن زایش بودند)؛ \mathbf{b}_1 تا \mathbf{b}_6 بردار آثار ثابت؛ \mathbf{a}_1 تا \mathbf{a}_6 بردار آثار ژنتیکی افزایشی و \mathbf{Z}_1 تا \mathbf{Z}_6

تولیدات دامی

در مدل‌های مختلف، ساختار تابع درست‌نمایی در مدل‌های متفاوت نیز یکسان نبود. بنابراین برای مقایسه مدل‌ها از معیار فاکتور بیز (Bayes Factor (BF)) استفاده شد. از معیار اطلاعات بیز (Bayesian (BIC)) Information Criterion در محاسبه BF استفاده شد [۷]. BF مدل (۱) نسبت به مدل (۲) (BF₁₂) به صورت زیر محاسبه شد:

$$\frac{P(\text{مدل 1})}{P(\text{مدل 2})} = BF_{12}$$

$$BIC_{\text{مدل 1}} - BIC_{\text{مدل 2}} = -2 \ln BF_{21}$$

$$BF_{21} = e^{(BIC_{\text{مدل 1}} - BIC_{\text{مدل 2}}) / 2}$$

$$BF_{12} = \frac{1}{BF_{21}}$$

اگر BF₁₂ بزرگتر از ۱۰ باشد نشان‌دهنده برتری بسیار معنی‌دار مدل اول بر مدل دوم است.

نتایج و بحث

میانگین فاصله زایش تا اولین تلقیح دام‌های بررسی شده در این تحقیق برابر ۱۰۵ روز بود که بیشتر از مقدار گزارش شده (۸۳ روز) در جمعیت گاوهای هلشتاین اسپانیا [۳] و همچنین بیشتر از مقدار گزارش شده (۸۷ روز) در جمعیت گاوهای کانادا [۵] است. میانگین فاصله زایش تا اولین تلقیح در نوبت‌های زایش اول تا ششم به ترتیب برابر ۱۱۱، ۱۱۳، ۱۱۲، ۸۴، ۸۳ و ۸۳ روز محاسبه شد. زیاد بودن فاصله زایش تا اولین تلقیح گاوها در نوبت‌های زایش اول تا سوم در مقایسه با نوبت‌های زایش چهارم تا ششم ممکن است به دلیل حذف یا روند ژنتیکی و فنوتیپی در گله‌های مطالعه شده باشد. حذف دام‌هایی که در نوبت‌های زایش پایین، فاصله زایش تا اولین تلقیح آنها بیشتر باشد، سبب کاهش میانگین این صفت در نوبت‌های زایش بعدی می‌شود. میانگین فاصله زایش تا اولین تلقیح برای دام‌هایی که برای هر شش نوبت زایش برای این صفت رکورد

(کو) واریانس بین آثار باقی‌مانده رکوردها با ابعاد ۶×۶ نوبت‌های مختلف زایش و \otimes : ضرب کروکر است.

در مدل (۳)، فاصله زایش تا اولین تلقیح حیوان در نوبت‌های مختلف زایش، به‌عنوان صفتی تکرارشونده در طول زمان در نظر گرفته شد. مدل تابعیت تصادفی با چند جمله‌ای لژاندار با درجه برازش دو و سه برای آثار ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی بررسی شد. نوبت زایش به‌عنوان عامل زمان استاندارد شد (رابطه ۴).

$$p^* = -1 + 2 \left(\frac{p_i - p_{\min}}{p_{\max} - p_{\min}} \right) \quad (4)$$

در رابطه (۴) p^* : نوبت زایش استاندارد شده؛ p_i : امین نوبت زایش؛ p_{\min} و p_{\max} کمترین و بیشترین نوبت زایش هستند.

فرم ماتریسی مدل (۳) به شکل زیر است:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2pe + e \quad (5)$$

در مدل بالا a و pe بردار ضرایب تابعیت تصادفی به ترتیب برای آثار ژنتیک افزایشی و محیط دائمی؛ Z_1 و Z_2 ماتریس‌های طرح مربوط به آثار ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی فرد هستند و سایر اجزای مدل همانند مدل تکرارپذیر و چند صفتی است. فرضیات مدل (۳) به شرح زیر است:

$$E \begin{bmatrix} Xb \\ a \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, v(a) = K_a \otimes A, v(pe) = K_{pe} \otimes I_{nr} \\ v(e) = R \quad (6)$$

K_{pe} و K_a به ترتیب ماتریس واریانس-کواریانس بین ضرایب تابعیت تصادفی آثار ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی با درجه‌های برازش دو و سه هستند؛ R : ماتریس قطری است که اجزای واریانس باقی‌مانده روی قطر آن قرار می‌گیرد. بقیه اجزای مدل، همانند فرضیه‌های مدل چند صفتی هستند.

پارامترهای ژنتیکی با استفاده از نرم‌افزار WOMBAT [۹] برآورد شدند. به دلیل یکسان نبودن آثار تصادفی و ثابت

تولیدات دامی

مقایسه مدل‌های تکرارپذیر، چند صفتی و تابعیت تصادفی در برآورد اجزای واریانس برای صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح در...

صفتی نسبت به سایر مدل‌های بررسی شده در برآورد اجزای واریانس برای صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح کارایی بهتری دارد که با نتایج مطالعات قبل [۸] مطابقت دارد. در آنالیز تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی، مدل تابعیت تصادفی با درجه برازش سه برای آثار ژنتیکی افزایشی مدل مناسب‌تری نسبت به مدل با درجه برازش دو گزارش شده است [۱۰]. برای تعداد روزهای باز، مدل تابعیت تصادفی با درجه برازش دو برای آثار ژنتیکی افزایشی مدل بهتری نسبت به درجه برازش سه گزارش شده است [۴]. در مقایسه مدل‌های چند صفتی با تابعیت تصادفی نتایج متفاوتی گزارش شده است. به‌عنوان مثال صحت مدل تابعیت تصادفی در آنالیز صفات رشد در گاو ۵/۹ درصد در مقایسه با مدل چند صفتی بیشتر بود [۹]. این در حالی است که برخی محققین گزارش کرده‌اند، برای آنالیز صفات مرتبط با رشد در گاو مدل چند صفتی بهتر از مدل تابعیت تصادفی است [۱۱].

داشتند، به ترتیب برای نوبت زایش اول تا ششم برابر ۸۶، ۹۶، ۸۳، ۶۷، ۶۶ و ۶۶ روز محاسبه شد. این نتایج نشان می‌دهد دام‌هایی که در نوبت‌های زایش اول تا سوم، میانگین فاصله زایش تا اولین تلقیح آنها پایین بود در نوبت‌های زایش چهارم تا ششم نیز نسبت به میانگین کل جمعیت، دارای میانگین کمتری برای این صفت هستند. مقادیر $-2\log L$ و BIC مدل چند صفتی نسبت به سایر مدل‌ها کمتر بود. همچنین در مقایسه مدل‌ها، BF مدل چند صفتی نسبت به سایر مدل‌ها معنی‌دار بود. بعد از مدل چند صفتی، مدل تابعیت تصادفی BIC کمتری داشت. BIC مدل تابعیت تصادفی با درجه برازش سه برای اثر ژنتیکی افزایشی، کمتر از BIC مدل تابعیت تصادفی با درجه برازش دو بود و اختلاف بین BIC این دو مدل معنی‌دار بود ($P < 0.01$). بنابراین پارامترهای ژنتیکی مربوط به مدل تابعیت تصادفی با درجه برازش سه، برای آثار ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی گزارش شد (جدول ۲). نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که مدل چند

جدول ۲. مقایسه مدل رگرسیون تصادفی با درجه‌های برازش ۲ و ۳ برای آثار ژنتیکی افزایشی با مدل تکرارپذیر و چندصفتی^۱

مدل	P	Log L	BIC	BF
RR2	۹	-۲۸۴۸۸۹/۷۹	۵۶۹۸۸۰/۱۵	$BF_{41} = > 100$
RR3	۱۵	-۲۸۴۸۴۴/۸۶	۵۶۹۸۵۷/۳۳	$BF_{42} = > 100$
Rep	۳	-۲۸۵۲۰۷/۹۵	۵۷۰۴۴۹/۴۳	$BF_{43} = > 100$
Mul	۴۲	-۲۸۲۱۰۳/۸۷	۵۶۴۶۷۶/۴۷	

۱ P: تعداد پارامتر، Log L: لگاریتم درست‌نمایی، BIC: معیار اطلاعات بیز و BF: فاکتور بیز

منفی بالایی بین ضرایب b_1 و b_2 برآورد شد (جدول ۳). با توجه به همبستگی ژنتیکی منفی بین ضرایب، انتظار می‌رود؛ مقدار فاصله زایش تا اولین تلقیح گاو‌هایی که برای فاصله زایش تا اولین تلقیح ارزش اصلاحی بالایی

تابع کواریانس و همبستگی ژنتیکی بین ضرایب تابعیت تصادفی در جدول (۳) نشان داده شده است. همبستگی ژنتیکی منفی متوسطی بین عرض از مبدا (b_0) با ضریب خطی (b_1) و ضریب درجه دوم (b_2) و همبستگی ژنتیکی

تولیدات دامی

دوره ۱۹ ■ شماره ۲ ■ تابستان ۱۳۹۶

نیز از نوبت زایش اول تا پنجم روندی نزولی داشت، ولی در نوبت زایش ششم بیشترین مقدار برآورد شد (جدول ۵). مقادیر وراثت‌پذیری در پنج زایش اول در دو مدل تابعیت تصادفی و آنالیز چند صفتی، تاحدی مشابه یکدیگر است. این روند نزولی و خطی مشاهده شده برای وراثت‌پذیری برآورد شده ممکن است به دلیل حذف دام‌ها باشد؛ به طوری که دام‌هایی که در نوبت زایش اول دارای رکورد بودند در نوبت‌های زایش بعدی به دلیل حذف اختیاری یا غیراختیاری فاقد رکورد باشند. همچنین ساختار داده استفاده شده نیز می‌تواند دلیل دیگری بر الگوی مشاهده شده برای وراثت‌پذیری برآورد شده باشد به طوری که در داده‌های استفاده شده بیشترین تعداد رکورد (۵۲۸۸۰) مربوط به نوبت زایش اول و کمترین تعداد رکورد (۷۴۶۲) مربوط به نوبت زایش ششم بود.

دارند، در دوره‌های بعدی کاهش یابد. درصد مقادیر ویژه تابع کواریانس ضرایب تابعیت تصادفی نشان می‌دهد، ۸۱/۱ درصد تغییرات ژنتیکی فاصله زایش تا اولین تلقیح توسط b_0 توصیف می‌شود. این در حالی است که ۱۸/۹ درصد تغییرات ژنتیکی توسط b_1 و بخش ناچیزی از تغییرات ژنتیکی فاصله زایش تا اولین تلقیح توسط b_2 تشریح می‌شود. بنابراین انتخاب براساس تابع ویژه عرض از مبدا سبب تسریع در پاسخ ژنتیکی به دست آمده برای فاصله زایش تا اولین تلقیح خواهد شد. وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح، در مدل تابعیت تصادفی روند نزولی و خطی دارد به طوری که مقدار وراثت‌پذیری از ۰/۰۸ در نوبت زایش اول به ۰/۰۳ در نوبت زایش ششم کاهش یافته است (جدول ۴). وراثت‌پذیری برآورد شده در آنالیز چند صفتی

جدول ۳. واریانس ژنتیکی افزایشی (قطر اصلی)، کواریانس (پایین قطر اصلی) و همبستگی ژنتیکی (بالای قطر اصلی) بین ضرایب تابعیت تصادفی و درصد مقادیر ویژه تابع کواریانس ضرایب تابعیت تصادفی.

درجه برازش	۱	۲	۳	درصد مقادیر ویژه
۱	۸۹/۴۹	-۰/۲۲	-۰/۳۵	۸۱/۱۱
۲	-۹/۸۹	۲۰/۹۸	-۰/۸۲	۱۸/۸۸
۳	-۴/۴۸	-۵/۰۳	۱/۷۶	۰/۰۱

جدول ۴. وراثت‌پذیری (قطر اصلی)، همبستگی ژنتیکی (بالای قطر اصلی) و همبستگی فنوتیپی (پایین قطر اصلی) بین نوبت‌های زایش در آنالیز تابعیت تصادفی

نوبت زایش	۱	۲	۳	۴	۵	۶
۱	۰/۰۸ ^۱	۰/۹۳	۰/۷۲	۰/۴۷	۰/۲۷	۰/۱۲
۲	۰/۱۴	۰/۰۶	۰/۹۲	۰/۷۶	۰/۶۰	۰/۴۸
۳	۰/۰۸	۰/۱۰	۰/۰۹	۰/۹۵	۰/۸۶	۰/۷۸
۴	۰/۰۴	۰/۰۸	۰/۱۲	۰/۰۵	۰/۹۷	۰/۹۳
۵	۰/۰۵	۰/۰۸	۰/۱۱	۰/۱۲	۰/۰۵	۰/۹۸
۶	۰/۱۰	۰/۰۹	۰/۰۹	۰/۱۰	۰/۱۱	۰/۰۳

۱. خطای معیار وراثت‌پذیری‌ها کمتر از ۰/۰۱، خطای معیار همبستگی‌های ژنتیکی بین ۰/۰۲ تا ۰/۲ و خطای معیار همبستگی‌های فنوتیپی کمتر از ۰/۰۰۵.

تولیدات دامی

دوره ۱۹ ■ شماره ۲ ■ تابستان ۱۳۹۶

مقایسه مدل‌های تکرارپذیر، چند صفتی و تابعیت تصادفی در برآورد اجزای واریانس برای صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح در...

جدول ۵. وراثت پذیری (قطر اصلی)، همبستگی ژنتیکی (بالای قطر اصلی) و همبستگی فنوتیپی (پایین قطر اصلی) بین نوبت‌های زایش در آنالیز چند صفتی.

نوبت زایش	۱	۲	۳	۴	۵	۶
۱	۰/۰۸ ^۱	۰/۸۵	۰/۷۸	۰/۷۵	۰/۶۱	۰/۰۸
۲	۰/۱۱	۰/۰۸	۰/۸۸	۰/۶۷	۰/۵۵	۰/۴۵
۳	۰/۰۹	۰/۱۰	۰/۰۵	۰/۷۵	۰/۷۸	۰/۶۱
۴	۰/۰۸	۰/۱۰	۰/۱۲	۰/۰۶	۰/۷۲	۰/۴۸
۵	۰/۰۷	۰/۱۰	۰/۰۹	۰/۱۱	۰/۰۴	۰/۴۱
۶	۰/۰۲	۰/۰۹	۰/۱۱	۰/۰۸	۰/۰۹	۰/۱۰

۱. خطای معیار وراثت‌پذیری‌ها کمتر از ۰/۰۱، خطای معیار همبستگی‌های ژنتیکی بین ۰/۰۶ تا ۰/۱۸، خطای معیار همبستگی‌های فنوتیپی کمتر از ۰/۰۲.

صفتی روندی نزولی دارد و در مدل چند صفتی از نوبت زایش پنجم تا نوبت زایش ششم روندی صعودی داشت. همبستگی‌های ژنتیکی بین نوبت‌های مختلف زایش در دامنه ۰/۱۲ تا ۰/۹۷ بود و این در حالی است که همبستگی‌های فنوتیپی کمتر از ۰/۱۲ برآورد شد. زایش‌های نزدیک به هم همبستگی‌های ژنتیکی بالایی داشتند و با افزایش فاصله بین نوبت‌های مختلف زایش همبستگی‌های ژنتیکی کاهش یافت. بیشترین همبستگی ژنتیکی بین دو نوبت زایش متوالی (نوبت زایش اول با نوبت زایش دوم، نوبت زایش دوم با نوبت زایش سوم و ...) بود و کمترین همبستگی ژنتیکی بین نوبت زایش اول با نوبت زایش‌های پنجم و ششم بود. همبستگی ژنتیکی متوسط تا بالا بیانگر آن است که انتخاب برای کاهش فاصله زایش تا اولین تلقیح در نوبت زایش‌های اول می‌تواند سبب پاسخ ژنتیکی مناسب در نوبت زایش‌های دیگر شود و مقدار پاسخ با افزایش فاصله نوبت‌های زایش کمتر می‌شود، چرا که همبستگی‌های ژنتیکی بین نوبت‌های زایش دورتر پایین است (جدول ۴ و ۵). پایین بودن همبستگی فنوتیپی فاصله زایش تا اولین تلقیح بین نوبت‌های زایش بیانگر این است که عوامل محیطی و مدیریتی نظیر تصمیم‌گیری‌های مدیریتی مبنی بر تعویق

مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده در مدل تکرارپذیر برابر 0.05 ± 0.004 و مقدار تکرارپذیری برابر 0.11 ± 0.005 بود. مقدار وراثت‌پذیری در مدل تکرارپذیر تقریباً برابر مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده در نوبت زایش چهارم و پنجم در مدل تابعیت تصادفی و برابر با مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده در نوبت زایش سوم در مدل چندصفتی است. در مطالعات انجام شده توسط سایر محققین با استفاده از مدل تکرارپذیر وراثت‌پذیری فاصله زایش تا اولین تلقیح برابر 0.058 و 0.05 گزارش شده است [۳،۲] که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت دارد. روند افزایشی برای وراثت‌پذیری روزهای باز از سن ۲۴ تا ۷۲ ماهگی در گاوهای هلشتاین آمریکا گزارش شده است [۴] که با نتایج تحقیق حاضر مغایرت دارد. لیکن برخی دیگر از محققین روند تغییرات وراثت‌پذیری روزهای باز در نوبت‌های زایش مختلف را بصورت زنگوله‌ای شکل گزارش کرده که بیشترین مقدار وراثت‌پذیری در نوبت زایش چهارم گزارش شده است [۸]. وراثت‌پذیری تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی از نوبت زایش اول تا نوبت زایش ششم روندی نزولی و سپس تا نوبت زایش دهم روندی صعودی گزارش شده است [۱۰]. در تحقیق حاضر نیز وراثت‌پذیری در مدل تابعیت تصادفی و چند

تولیدات دامی

دوره ۱۹ ■ شماره ۲ ■ تابستان ۱۳۹۶

تکرارپذیر باشد. در مدل تکرارپذیر فرض اساسی این است که همبستگی ژنتیکی رکورد‌های تکرار شده فاصله زایش تا اولین تلقیح در نوبت‌های زایش مختلف برابر یک است. همبستگی‌های ژنتیکی برآورد شده در نوبت‌های زایش مختلف در مدل چند صفتی و تابعیت تصادفی در اغلب موارد در حد متوسطی است که بیانگر آن است که فرض مدل تکرارپذیر برای صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح صحیح نیست. به طور کلی، نتایج این تحقیق نشان داد که صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح در زایش‌های مختلف صفت مشابهی نبوده و برای ارزیابی ژنتیکی آن بهتر است از مدل چند صفتی استفاده شود.

منابع

- [1]. Fatehi, J. and Schaeffer, LR. 2003. Data management for the fertility project. Report to the technical Committee of the Canadian Genetic Evaluation. From <http://cgil.uoguelph.ca/dcbgc/Agenda0303/FatehiReport.pdf>.
- [2]. Ghiasi H, Pakdel A, Nejati-Javaremi A, Mehrabani-Yeganeh H, Honarvar M, Gonzalez-Recio O, Carabano MJ and Alenda R (2011) Genetic variance components for female fertility in Iranian Holstein cows. *Livestock science*. 139: 277–280.
- [3]. González-Recio O and Alenda R (2005) Genetic parameters for female fertility traits and a fertility index in Spanish dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 88: 3282–3289.
- [4]. Gutierrez GA (2010) Estimates of genetic parameters for female fertility traits from a dairy selection experiment for fat plus protein by using random regression and linear-threshold animal models. Iowa State University, USA, Ph.D. Dissertation

تلقیح دام بعد از زایش یا تسریع تلقیح دام بعد از زایش با استفاده از تکنیک‌های تولید مثلی مانند همزمان‌سازی فحلی، بر فنوتیپ این صفت دخیل بودند.

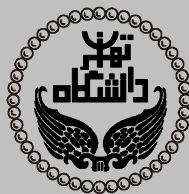
در آنالیز چندصفتی، همبستگی ژنتیکی بین نوبت‌های زایش نزدیک به هم بیشتر بود و با افزایش فاصله بین نوبت‌های زایش مقدار همبستگی ژنتیکی کاهش می‌یابد. مقادیر همبستگی ژنتیکی در آنالیز چند صفتی در اغلب موارد کمتر از مقادیر همبستگی‌های ژنتیکی برآورد شده با مدل تابعیت تصادفی است. همانند مدل تابعیت تصادفی، در آنالیز چند صفتی نیز کمترین مقدار همبستگی ژنتیکی بین نوبت زایش اول و نوبت زایش ششم و بیشترین همبستگی ژنتیکی، بین نوبت زایش اول و دوم و نیز بین نوبت زایش دوم و سوم برآورد شد. در آنالیز چند صفتی همبستگی ژنتیکی روزهای باز در نوبت‌های زایش مختلف از کم تا متوسط گزارش شده است و با افزایش فاصله بین نوبت‌های زایش مقادیر همبستگی‌ها کم شده است [۴] که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت دارد. یکی از فرضیات مدل چند صفتی این است که تمام حیوانات در یک زمان مشخص رکوردگیری شده باشند. در این تحقیق نوبت زایش به‌عنوان زمان رکوردگیری تمام حیوانات در نظر گرفته شد. اگر زمان رکوردگیری حیوانات یکسان نباشد و به‌عنوان مثال به‌جای نوبت زایش از سن در هنگام زایش استفاده شود؛ ممکن است حیوانات در سنین مختلفی رکوردگیری شوند که در این حالت استفاده از مدل تابعیت تصادفی بر مدل چند صفتی برتری خواهد داشت.

در مدل تکرارپذیر، یک واریانس ژنتیکی و یک واریانس محیط دائمی برآورد می‌شود. این در حالی است که در مدل تابعیت تصادفی واریانس ژنتیکی و محیط دائمی جداگانه‌ای برای هر نوبت زایش برآورد می‌شود که می‌تواند دلیل برتری مدل تابعیت تصادفی بر مدل

تولیدات دامی

مقایسه مدل‌های تکرارپذیر، چند صفتی و تابعیت تصادفی در برآورد اجزای واریانس برای صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح در...

- [5]. Jamrozik J, Fatehi J, Kistemaker GJ and Schaeffer LR (2005) Estimates of genetic parameters for Canadian Holstein female reproduction traits. *Journal of Dairy Science*. 88(6): 2199-2208.
- [6]. Jorjani H (2007) There and back again: a tale of choosing female fertility traits. *Interbull Bull*. 37: 148-151.
- [7]. Kass RE and Raftery AE (1995) Bayes factors. *Journal of the American Statistical Association*. 90(430): 773-795.
- [8]. Menendez-Buxadera A, Carabaño MJ, Gonzalez-Recio O, Cue RI, Ugarte E and Alenda R (2013) Reaction norm of fertility traits adjusted for protein and fat production level across lactations in Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*. 96: 4653-4665.
- [9]. Meyer K (2004) Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. *Livestock Production Science*. 86(1): 69-83.
- [10]. Nishida A, Aziz MA, Nishida S and Suzuki K (2006) Modelling number of services per conception of Japanese Black cattle by random regression. *Journal of Animal Breeding and Genetic*. 123, 56-63.
- [11]. Nobre PRC, Misztal I, Tsuruta S, Bertrand JK, Silva LOC and Lopes PS (2003) Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. *Journal of Animal Science*. 81(4): 918-926.
- [12]. Schaeffer LR (2004) Application of random regression models in animal breeding. *Livestock Production Science*. 86(1): 35-45



Journal of
Animal Production
(College of Abouraihan – University of Tehran)
Vol. 19 ■ No. 2 ■ Summer 2017

Comparison of repeatability, multiple-trait and random regression models to estimate the genetic parameters of days from calving to first service in Iranian Holstein cattle

Heydar Ghiasi¹, Rostam Abdollahi-Arpanahi^{2}, Reza Taherkhani¹*

1. Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Science, Payame Noor University, Ghazvin, Iran.
2. Assistant Professor, Department of Animal and Poultry Science, College of Aburaihan, University of Tehran, Pakdasht, Iran

Received: August 7, 2016

Accepted: January 13, 2017

Abstract

In order to estimate the genetic parameters for days from calving to first service (DFS) in Iranian Holstein cattle by using repeatability, multiple-trait (MT) and random regression (RR) models, 159, 482 records of parities 1 to 6 collected during 1981 to 2013 and distributed over 33 large Holstein herds were used. Bayesian information criterion of MT model was lower than other models and Bayesian factor of MT model was significant compared to other models ($p < 0.05$). Estimates of heritability of DFS with RR model decreased from parity 1 (0.09 ± 0.01) to parity 6 (0.03 ± 0.01). Estimated heritability by MT model decreased from parity 1 (0.08) to parity 5 (0.04) and increased in parity 6 (0.10). The obtained heritability using repeatability model was 0.055 ± 0.01 . Genetic correlations between DFS in different parties were reduced continuously with increasing distance between parities in RR and MT models. Overall, the result of this study indicates that multiple trait model performs better than other models in estimation of genetic parameter for DFS.

Keywords: fertility, genetic evaluation, genetic parameters, Holstein cattle