

## برآورد روند ژنتیکی صفت تولید شیر ۳۰۵ روز گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل روزآزمون با تابعیت تصادفی

عاطفه سیددخت<sup>۱</sup>، علی اصغر اسلمی نژاد<sup>۲</sup>، مجتبی طهمورث پور<sup>۲</sup>، حسین نعیمی پور<sup>۳</sup>، مرتضی مهدوی<sup>۳\*</sup> و مهسا ضابطیان حسینی<sup>۴</sup>

۱- دانشجوی دکتری، ۲- اعضای هیأت علمی دانشگاه فردوسی مشهد، ۳- عضو هیأت علمی گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه بیرجند و ۴- دانش آموخته کارشناسی ارشد دانشگاه فردوسی مشهد

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۰/۹/۳۰ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۱/۴/۱۴)

### چکیده

در این پژوهش از یک مدل روزآزمون با تابعیت تصادفی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی، پیش‌بینی ارزش اصلاحی حیوانات و برآورد روند ژنتیکی تولید شیر ۳۰۵ روز استفاده شد. داده‌ها شامل ۱۷۱۳۶۰ رکورد روزآزمون ماهانه شیر دوره اول شیردهی در ۹۶ گله، متعلق به ۳۴۲۵۷ گاو هلشتاین و سه بار دوشش بود که در سال‌های ۱۹۹۹ تا ۲۰۰۸ زایش داشتند. در مدل استفاده شده، اثر ثابت گروه همزمان استان-گله-سال رکوردگیری-ماه زایش (PHYM)، متغیر همراه سن گاو هنگام زایش (Age) و متغیر همراه درصد ژن هلشتاین (HF%) قرار داده شد. از تابع چند جمله‌ای لژاندر با توان سوم، جهت در نظر گرفتن شکل منحنی شیردهی گاوها در دو سطح ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی حیوان استفاده شد. نتایج نشان داد که شیردهی در ماه‌های نیمه دوم دوره شیردهی، وراثت‌پذیری بیشتری نسبت به ماه‌های نیمه اول دوره شیردهی دارند. کمترین مقدار وراثت‌پذیری در ماه اول (۰/۰۹) و بیشترین مقدار آن برای ماه‌های هشتم و نهم شیردهی (۰/۲۰) به دست آمد. همبستگی ژنتیکی بین ماه‌های شیردهی با افزایش فاصله بین آنها کاهش یافت. رگرسیون خطی میانگین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده بر سال زایش برای برآورد روند ژنتیکی تولید شیر ۳۰۵ روز استفاده شد. روند ژنتیکی تولید شیر برای حیوانات نر و ماده به ترتیب ۲۵/۱۳ و ۱۵/۴۵ کیلوگرم در سال برآورد شد.

**واژه‌های کلیدی:** رگرسیون تصادفی، روزآزمون، روند ژنتیکی، گله هلشتاین

## مقدمه

در سال‌های اخیر میزان مصرف شیر و سایر فرآورده‌های دامی در کشور در حال رشد است. بنابراین به‌منظور تأمین نیاز بازار داخلی و همچنین ورود به بازارهای بین‌المللی برای کسب درآمد ارزی لازم است برای افزایش میزان تولید شیر در کشور اقدام شود. سرانه مصرف شیر در کشور خیلی پایین است در حالی که استاندارد جهانی آن ۲۴۰ لیتر در سال و در اروپا ۳۵۰ لیتر در سال است اما در ایران به ۸۹ لیتر می‌رسد که باید افزایش یابد. بهبود ژنتیکی عملکرد هر گاو شیرده (توسعه عمودی) و افزایش تعداد گاو مولد (توسعه افقی) از روش‌های مهم افزایش تولید شیر است. تغییرات تولید روزانه شیر و ترکیبات آن تحت تأثیر شرایط فیزیولوژیکی بدن و شرایط محیطی قرار دارد (Larimi and Nejati Javarami, 2002). عوامل فیزیولوژیک مؤثر بر تولید شیر و ترکیبات آن شامل عوامل ژنتیکی و غیر ژنتیکی (سن، مرحله شیردهی، مرحله آبستنی، طول دوره خشکی، وزن بدن و...) و عوامل محیطی شامل سال، فصل زایش، گله، منطقه جغرافیایی، درجه حرارت محیط و رطوبت هوا است. (Nikmanesh, 2010)

هدف برنامه‌های اصلاحی افزایش شایستگی صفات اقتصادی برای حیوانات است. به‌منظور ارزیابی تأثیر برنامه‌های اصلاحی در گذشته و حال لازم است که در دوره‌های زمانی معین، میزان روند ژنتیکی در جمعیت‌های دامی برآورد شود. روند ژنتیکی قسمتی از تغییر در میانگین صفات تولیدی در سال‌های متوالی ناشی از تغییر در ارزش اصلاحی است (Sahebbonar, 2008). از جمله مزایای مدل‌های روزآزمون عدم نیاز به استفاده از ضرایب تصحیح پیش از تجزیه و تحلیل رکوردها، کاهش فاصله نسلی، افزایش صحت ارزیابی حیوانات، کاهش هزینه‌های رکوردگیری، افزایش سرعت و صحت انتخاب گاو نر و انعطاف‌پذیری این نوع مدل‌ها است. مزایای مدل‌های روزآزمون سبب شده است تا پژوهشگران این مدل‌ها را مدل‌های منتخب در روش‌های آتی ارزیابی ژنتیکی و اصلاح نژاد معرفی کنند (Swalve, 1998).

مدل‌های رگرسیون تصادفی عموماً برای ارزیابی‌های

ژنتیکی صفات تولیدی در گاوهای شیری، استفاده می‌شوند در مقابل مدل‌های چند صفتی فقط پیش‌بینی‌های نقطه‌ای ارائه می‌کنند. این مدل‌ها ارزش‌های اصلاحی را برای تولید شیر تجمعی در طول دوره شیردهی تولید شیر، در هر زمان خاصی از دوره شیردهی و توابع منحنی شیردهی پیش‌بینی می‌کنند. برآورد پارامترهای ژنتیکی به دست آمده با مدل رگرسیون تصادفی عموماً به توابع رگرسیونی استفاده شده در ساختار کوواریانس برای اثرات ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی و باقیمانده بستگی دارد (Bignardi et al., 2011).

اهداف این پژوهش شامل برآورد پارامترهای ژنتیکی برای رکوردهای روزآزمون تولید شیر در دوره شیردهی اول گاوهای هلشتاین ایران، برآورد همبستگی‌های ژنتیکی بین رکوردهای روزآزمون تولید شیر و برآورد روند ژنتیکی تولید شیر ۳۰۵ روز بود.

## مواد و روش‌ها

داده‌های مورد استفاده در این مطالعه شامل ۱۷۱۳۶۰ رکورد روزآزمون ماهانه تولید شیر (سه بار دوشش) مربوط به ۳۴۲۵۷ رأس گاو هلشتاین شکم اول در ۹۶ گله در مناطق مختلف ایران که طی سال‌های ۱۹۹۹ تا ۲۰۰۸ زایش داشتند، بود در این مطالعه به‌منظور برآورد روند ژنتیکی صفت تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران از اطلاعات جمع‌آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور استفاده شد. ساختار فایل شجره در جدول ۱ ارائه شده است.

ویرایش داده‌های اولیه توسط نرم افزارهای Access و Foxpro انجام شد. مدل آماری مورد استفاده یک مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی بود که توسط برنامه DXMRR نرم‌افزار DFREML (Meyer, 1998) برازش و اجزای واریانس-کوواریانس ژنتیکی و محیطی دائمی به‌روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده برآورد شدند. در مدل مزبور اثر ثابت گروه همزمان استان-گله-سال رکوردگیری-ماه زایش (PHYM)، متغیر همراه سن گاو هنگام زایش (Age) و متغیر همراه درصد ژن هلشتاین (HF%) قرار داده شد. از تابع چندجمله‌ای لژاندر با توان سوم، جهت در نظر گرفتن شکل منحنی شیردهی گاوها در دو سطح ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی استفاده شد.

برازش مدل مذکور، پیش‌بینی ارزش اصلاحی گاوها برای روزهای مختلف شیردهی به دست آمد.

در مدل تابعیت تصادفی استفاده شده در پژوهش حاضر، ارزش‌های ارثی روزآزمون توسط نرم‌افزار DFREML مستقیماً محاسبه شدند و پس از تبدیل آنها به ارزش‌های اصلاحی ۳۰۵ روز، جهت محاسبه روند ژنتیکی تولید شیر ۳۰۵ روز مورد استفاده قرار گرفت. همچنین در مدل تابعیت تصادفی که معادل با مدل تابع کوواریانس است، واریانس ضرائب و همچنین کوواریانس بین آنها در سطح ژنتیکی و محیطی دائمی به طور مستقیم برآورد می‌شود. با استفاده از نرم‌افزار آماری SPSS 16.0 Inc. (SPSS 16.0 Inc., Chicago, Illinois, USA, 2004) محاسبات مربوط به برآورد روند ژنتیکی شیر ۳۰۵ روز انجام شد. مدل آماری مورد استفاده در این پژوهش به صورت زیر بود.

$$y_{ijkot} = \mu + (PHYM)_{it} + \sum_{m=1}^2 \beta_m * (Age_{ijkt} - \overline{Age})^m + \sum_{m=1}^2 \delta_m * (HF_{ijkt} - \overline{HF})^m + \sum_{R=0}^{k-1} (\gamma_R * \varphi_R(t)) + \sum_{R=0}^{k-1} (a_{jRt} * \varphi_R(t)) + \sum_{R=0}^{k-1} (pe_{jRt} * \varphi_R(t)) + ME_{ijkot}$$

اجزای این مدل عبارتند از:  
 $y_{ijkot}$  = 0 امین مشاهده مربوط به رکورد روزآزمون تولید شیر در زمان t شیردهی در i امین گروه همزمان استان- گله- سال رکوردگیری- ماه زایش،  $\mu$  = میانگین کل تولید شیر روزانه،  $(PHYM)_{it}$  = اثر ثابت گروه همزمان استان- گله- سال رکوردگیری- ماه زایش،  
 $\sum_{m=1}^2 \beta_m * (Age_{ijkt} - \overline{Age})^m$  = اثر متغیر همراه سن هنگام زایش با درجات برازش ۱ و ۲،  
 $\sum_{m=1}^2 \delta_m * (HF_{ijkt} - \overline{HF})^m$  = اثر متغیر همراه درصد ژن هلشتاین با درجات برازش ۱ و ۲،  
 $\sum_{R=0}^{k-1} (\gamma_R * \varphi_R(t))$  = تابع چند جمله‌ای لژاندر برای اثرات روز شیردهی با درجه برازش k-1،  
 $\sum_{R=0}^{k-1} (a_{jRt} * \varphi_R(t))$  = تابع چند جمله‌ای لژاندر برای اثرات ژنتیکی افزایشی حیوان با درجه برازش k-1،  
 $\sum_{R=0}^{k-1} (pe_{jRt} * \varphi_R(t))$  = تابع چند جمله‌ای لژاندر برای اثرات محیطی دائمی با درجه برازش k-1،  
 $ME_{ijkot}$  = اثر تصادفی باقیمانده.

### برآورد روند ژنتیکی

پس از تجزیه و تحلیل داده‌ها و محاسبه ارزش‌های اصلاحی حیوانات نر و ماده به‌طور همزمان، روند ژنتیکی صفت تولید شیر ۳۰۵ روز به‌طور جداگانه برای نرها و ماده‌ها با استفاده از تابعیت میانگین ارزش اصلاحی بر سال زایش توسط نرم‌افزار آماری SPSS برآورد شد. بدین‌صورت که پس از محاسبه میانگین ارزش اصلاحی ماده‌ها در هر سال، تابعیت ارزش اصلاحی ماده نسبت به سال زایش به عنوان روند ژنتیکی ماده‌ها و در نرها با استفاده از تابعیت وزنی (برحسب تعداد گاوها در هر سال) میانگین ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده بر سال زایش دخترانشان برآورد شد.

جدول ۱- ساختار فایل شجره و اطلاعات آماری داده‌های مورد استفاده

Table 1. Summary of pedigree structure and statistics information.

Information	Statistics
Number of animals	34257
Number of records	171360
Number of animals with records	19499
Number of sires	1297
Number of dams	16721
Average number of daughter per sire	15.03
Average number of cow per herd	203.11
Number of base animals	14758
Number of grand sire	555
Number of grand dam	3081
Number of contemporary groups	1920

اثرات معنی‌دار عوامل محیطی توسط نرم افزار آماری (SAS 6.0) (SAS Inst., Inc., Cary, NC, 1990) و بر اساس تجزیه واریانس بررسی شد ( $P < 0.01$ ). بر اساس

## نتایج و بحث

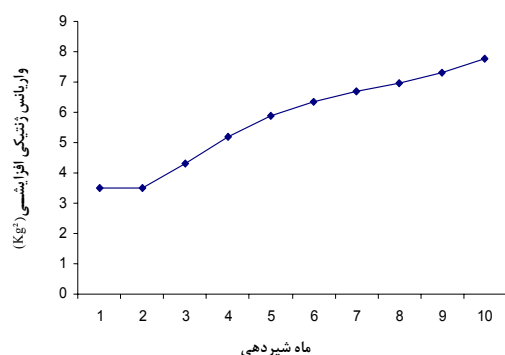
لحاظ آماری معنی‌دار بود ( $P < 0.01$ ). همچنین بیشترین و کمترین مقدار انحراف معیار برای صفت تولید شیر به ترتیب در ماه‌های هفتم (۷/۴۵ کیلوگرم) و چهارم (۶/۷۵ کیلوگرم) به دست آمد. با توجه به شکل ۱ بیشترین و کمترین مقدار میانگین شیر تولیدی به ترتیب در ماه سوم و دهم دوره شیردهی مشاهده شد.

ویژگی‌های آماری داده‌های مورد استفاده در جدول ۲ ارائه شده است. با توجه به مقادیر این جدول، میانگین شیر تولیدی براساس ماه زایش در کل دوره شیردهی اول معادل ۲۹/۶۳ کیلوگرم برآورد شد. بیشترین و کمترین مقدار میانگین شیر تولیدی به ترتیب در ماه دوازدهم ۳۰/۰۶ کیلوگرم و ماه یازدهم ۲۹/۲۲ کیلوگرم به دست آمد که از

جدول ۲- آمار توصیفی رکوردهای روزآزمون تولید شیر بر اساس ماه زایش

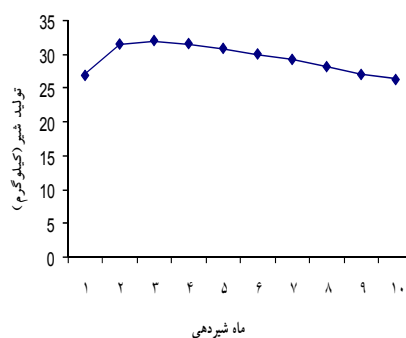
Table 2. Descriptive statistics of the data set for daily milk yield at different months of calving.

Calving month	Mean (Kg)	N	S. D	Minimum	Maximum	Range
1	29.55	13095	7.28	1.50	75.60	74.10
2	29.60	14012	7.14	1.20	69.00	67.80
3	29.56	13902	6.92	2.30	72.00	69.70
4	29.76	14197	6.75	5.80	64.40	58.60
5	29.28	15644	7.19	3.30	58.00	54.70
6	29.67	15510	7.00	.60	62.00	61.40
7	30.03	14939	7.45	1.50	61.00	59.50
8	29.92	14335	7.27	1.50	64.00	62.50
9	29.50	13921	7.12	.80	69.00	68.20
10	29.47	14607	7.21	1.20	64.40	63.20
11	29.22	14244	7.17	2.10	64.80	62.70
12	30.06	12954	7.32	1.20	72.60	71.40
Total	29.63	171360	7.16	.60	75.60	75.00



شکل ۲- تغییرات واریانس ژنتیکی افزایشی تولید شیر روزآزمون (مجذور کیلوگرم) در ماه‌های مختلف شیردهی

Fig. 2. Changes of additive genetic variance ( $V_G$ ) ( $Kg^2$ ) for lactation stages.



شکل ۱- روند تغییرات میانگین شیر تولیدی در هر ماه شیردهی

Fig. 1. Changes in average milk yield per month of milking

## پارامترهای ژنتیکی

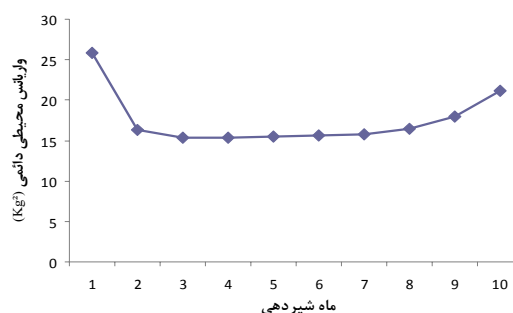
در جدول ۳ مقادیر وراثت‌پذیری تولید شیر روزانه در ماه‌های مختلف شیردهی نشان داده شده است. پایین‌ترین مقدار وراثت‌پذیری برای ماه اول (۰/۰۹) و بالاترین مقدار آن برای ماه‌های هشتم و نهم شیردهی (۰/۲۰) به دست آمد. بعضی از پژوهشگران با آنالیز رکوردهای روزآزمون تولید شیر براساس مدل رگرسیون تصادفی، حداکثر میزان وراثت‌پذیری صفت تولید شیر را مشابه نتایج این پژوهش در هشتمین ماه دوره شیردهی گزارش کردند (Olori et al., 1999 and Gengler et al., 1999). نتایج به دست آمده از این پژوهش نشان داد که به‌طور کلی میانگین وراثت‌پذیری شیر روزانه در نیمه اول دوره شیردهی کوچک‌تر از میانگین وراثت‌پذیری به دست آمده برای نیمه دوم آن است که نشان‌دهنده وراثت‌پذیری بالاتر صفت تولید شیر در نیمه دوم دوره شیردهی است.

با توجه به مقادیر همبستگی ژنتیکی در جدول ۳ بین ماه‌های مختلف شیردهی، مشاهده می‌شود که در مورد صفت تولید شیر، حداکثر همبستگی ژنتیکی بین ماه‌های شیردهی مجاور است و میزان این پارامتر اغلب به موازات افزایش فاصله بین روزهای آزمون کاهش می‌یابد به طوری که مقدار آن بین ماه‌های شیردهی دور از هم پایین است. چنین روندی توسط اکثر مطالعات انجام شده براساس مدل‌های مختلف روزآزمون که به بررسی همبستگی بین روزهای شیردهی پرداخته‌اند، گزارش شده است (Bignardi et al., 2009; Santellano-Estrada et al., 2008; Strabel et al., 2005; López-Romero and Carabaño, 2003; Kettunen et al., 2000; Olori et al., 1999; Jamrozik and Scheaffer, 1997; Veerkamp and Goddard, 1998 and Rekaya et al., 1999).

همبستگی‌های ژنتیکی برآورد شده بین ماه‌های مختلف شیردهی در این پژوهش همه مثبت بودند که با نتایج به دست آمده توسط بعضی پژوهشگران (Santellano-Estrada et al., 2008 and Kettunen et al., 2000) مطابقت دارد ولی با نتایج به دست آمده توسط سایر پژوهشگران (Bignardi et al., 2009; Strabel et al., 2005; López-Romero and Carabaño, 2003 and Pool and Meuwissen, 2000) که همبستگی‌های ژنتیکی را بین بعضی از مراحل شیردهی منفی گزارش کردند، مطابقت ندارد لازم به ذکر است روند تغییرات همبستگی ژنتیکی

شکل ۲ نشان‌دهنده تغییرات واریانس ژنتیکی افزایشی شیر روزآزمون در ماه‌های مختلف شیردهی است. به طور کلی در پژوهش حاضر، واریانس ژنتیکی افزایشی شیر روزآزمون در نیمه دوم شیردهی بزرگتر از واریانس ژنتیکی افزایشی برآورد شده برای نیمه اول دوره شیردهی است که نشان‌دهنده این واقعیت است که گاوها در نیمه دوم شیردهی برای صفت مزبور دارای تنوع ژنتیکی بیشتری هستند. در این پژوهش واریانس ژنتیکی افزایشی ناهمگنی در طول دوره شیردهی برای تولید شیر روزآزمون مشاهده شد که چنین نتایجی در تحقیقات انجام شده توسط سایر پژوهشگران (Bignardi et al., 2009; Santellano-Estrada et al., 2008; Strabel et al., 2005; López-Romero and Carabaño, 2003; Kettunen et al., 2000; Rekaya et al., 1999 and Rekaya et al., 1999) نیز به دست آمد.

مقادیر واریانس محیطی دائمی در شکل ۳ نشان‌دهنده تنوع ناشی از عوامل محیطی است که به‌طور دائم بر رکوردها اثر می‌گذارند. حداکثر واریانس محیطی دائمی برای ماه اول دوره شیردهی (۲۵/۸۴ مجذور کیلوگرم) و حداقل مقدار آن برای ماه‌های سوم و چهارم (۱۵/۳۶ مجذور کیلوگرم) به دست آمد.



شکل ۳- تغییرات واریانس محیطی دائمی تولید شیر روزآزمون (مجذور کیلوگرم) در ماه‌های شیردهی مختلف

Fig. 3. Estimated permanent environmental variance ( $V_{PE}$ ) for lactation stages.

واریانس محیطی ناهمگنی در طول دوره شیردهی برای تولید شیر روزآزمون به دست آمد که مشابه نتایج سایر پژوهشگرانی است که در مورد واریانس ژنتیکی افزایشی نیز بیان شد.

جدول ۳- وراثت پذیری و همبستگی ژنتیکی بین ماه‌های مختلف شیردهی\*

Table 3. Estimates of genetic correlations (lower diagonal) and heritabilities (on diagonal) between test-day milk yield at different stages of lactation.

Month of lactation	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	<b>0.09</b>									
2	0.74	<b>0.10</b>								
3	0.56	0.93	<b>0.13</b>							
4	0.46	0.85	0.97	<b>0.15</b>						
5	0.41	0.78	0.94	0.99	<b>0.17</b>					
6	0.39	0.75	0.91	0.97	0.99	<b>0.19</b>				
7	0.39	0.71	0.87	0.94	0.97	0.99	<b>0.19</b>			
8	0.40	0.68	0.84	0.91	0.94	0.97	0.99	<b>0.20</b>		
9	0.41	0.66	0.79	0.86	0.90	0.94	0.97	0.99	<b>0.20</b>	
10	0.42	0.63	0.74	0.80	0.85	0.89	0.93	0.96	0.99	<b>0.19</b>

\* Diagonal elements are heritabilities and non-diagonals are genetic correlations among lactation months

## برآورد روند ژنتیکی

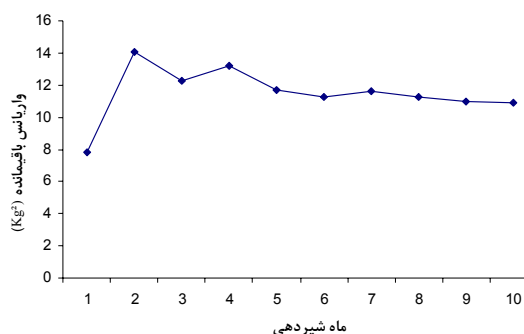
پس از برآورد ارزش‌های اصلاحی حیوانات با استفاده از مدل روزآزمون با تابعیت تصادفی، روند ژنتیکی با استفاده از تابعیت میانگین ارزش اصلاحی دام‌ها بر سال زایش محاسبه شد. روند ژنتیکی برآورد شده تولید شیر ۳۰۵ روز برای حیوانات نر و ماده (دختران) در سال‌های ۲۰۰۸-۱۹۹۹ در جدول ۴ ارائه شده است.

جدول ۴- روند ژنتیکی صفت تولید شیر (کیلوگرم) برای حیوانات نر و ماده

Table 4. Genetic trend of milk yield (Kg) for males and females.

Sex	Genetic trend (Kg)
Males	25.13
Females (daughters)	15.45

مقدار روند ژنتیکی برای نرها و ماده‌ها به ترتیب ۲۵/۱۳ و ۱۵/۴۵ کیلوگرم در سال برآورد شد که از لحاظ آماری معنی‌دار است ( $P < 0.05$ ). این بدان معناست که به‌طور متوسط، ارزش ژنتیکی گاوهای نر و ماده برای تولید شیر ۳۰۵ روز در هر سال زایش، به ترتیب به اندازه ۲۵/۱۳ و ۱۵/۴۵ کیلوگرم در سال افزایش یافته است. تغییرات روند ژنتیکی در سال‌های زایش ۲۰۰۸-۱۹۹۹ برای حیوانات نر و ماده در شکل‌های ۵ و ۶ نشان داده شده است.

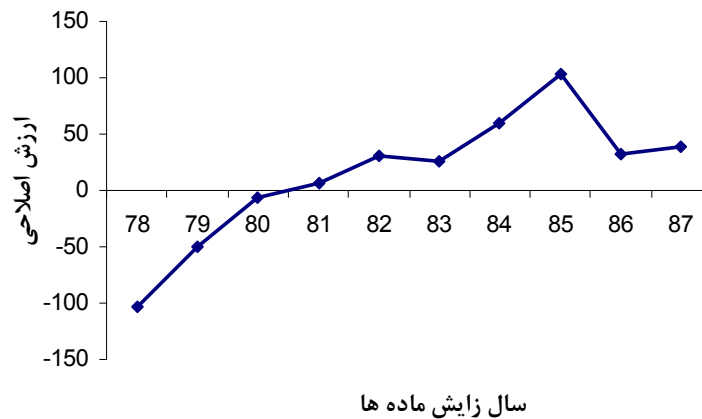


شکل ۴- تغییرات واریانس باقیمانده (مجدور کیلوگرم) در ماه‌های شیردهی مختلف

Fig. 4. Estimated residual variances (kg<sup>2</sup>) at different stages of lactation.

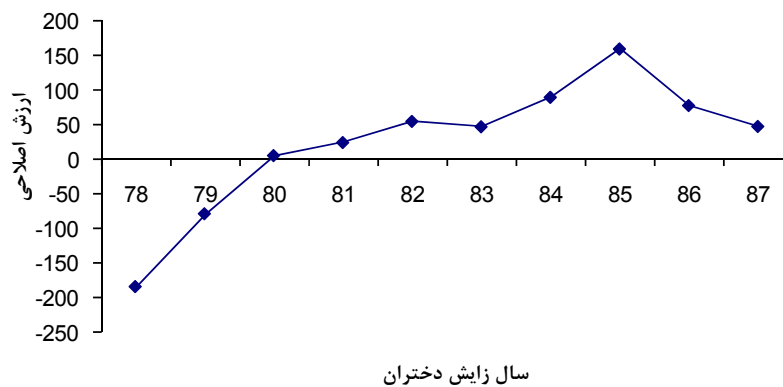
که توسط این پژوهشگران گزارش شد، مشابه روند حاصل شده در پژوهش حاضر است که افزایش فاصله بین ماه‌های شیردهی با کاهش همبستگی بین آنها همراه بود.

با توجه به شکل ۴ بیشترین و کمترین مقدار واریانس باقیمانده برای صفت تولید شیر روزآزمون به ترتیب برای ماه‌های دوم و اول به دست آمد. بعضی پژوهشگران بیشترین مقدار واریانس باقیمانده را در ابتدا و انتهای دوره شیردهی گزارش کردند (Pool and Meuwissen, 2000) و بعضی دیگر حداکثر مقدار واریانس باقیمانده را در اوایل دوره شیردهی مشاهده کردند (Strabel et al., 2005).



شکل ۵- روند ژنتیکی تولید شیر در حیوانات ماده

Fig. 5. Genetic trend of milk yield for females (daughters)



شکل ۶- روند ژنتیکی تولید شیر در حیوانات نر

Fig. 6. Genetic trend of milk yield for males

گاوهای نژاد هلشتاین استان خراسان گزارش کرد. تغییر سالانه در میانگین ژنتیکی افزایشی برای مقدار شیر، ۳۳۹ کیلوگرم در گاوهای هلشتاین شیلی گزارش شد. (Elzo *et al.*, 2004) میزان روند ژنتیکی برای مقدار شیر ۵۳/۷ کیلوگرم در سال برای گاوهای هلشتاین توسط (Weller and Ezra, 2004) برآورد شد. از آنجا بیکه مدل‌های روزآزمون، مدل‌های دقیق‌تری نسبت به مدل ۳۰۵ روز هستند، استفاده از مدل مورد استفاده در این پژوهش در مقایسه با مدل‌های ۳۰۵ روز که توسط سایر پژوهشگران انجام پذیرفت، سبب به دست آوردن نتایج دقیق‌تری جهت محاسبه روند ژنتیکی شد.

(Dadpasand, 1999) روند ژنتیکی را برای مقدار شیر در نرها ۱۷/۳۷، در ماده‌ها ۷/۹۵ و برای کل جمعیت ۱۲/۴۸ کیلوگرم با استفاده از آنالیز دو صفت برآورد کرد. (Razmkabir, 2005) روند ژنتیکی و فنوتیپی را به ترتیب برای مقدار شیر ۳۳/۸۴ و ۱۲۲/۲۸ کیلوگرم گزارش کرد. به‌علاوه وی روند ژنتیکی را برای مقدار شیر در نرها ۳۵/۴۹ و در ماده‌ها ۳۲/۱۵ کیلوگرم گزارش کرد. (Saghi, 2002) روند ژنتیکی صفت تولید شیر را با استفاده از آنالیز چند صفت و الگوریتم DFREML برابر ۲۱/۲۶ کیلوگرم گزارش کرد. (Naeemipour, 2005) روند ژنتیکی و فنوتیپی صفت تولید شیر را به ترتیب ۹/۲۸۷ و ۱۳۹/۹۶۲ کیلوگرم در

### نتیجه‌گیری کلی

مدل رگرسیون تصادفی به دلیل اعمال منحنی شیردهی حیوانات در دو سطح ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی، در نظر گرفتن همبستگی ژنتیکی میان روزآزمون‌ها و استفاده از رکوردهای واقعی در مقابل رکورد برآورد شده ۳۰۵ روز می‌تواند برای ارزیابی دقیق‌تر رکوردهای روز آزمون مورد استفاده قرار گیرد.

### سپاسگزاری

داده‌های مورد استفاده در این پژوهش، توسط مرکز اصلاح‌نژاد دام کشور ارائه شده است. بدین‌وسیله مؤلفان مقاله مراتب قدردانی و تشکر خود را از مسئولین محترم این مرکز اعلام می‌نمایند.

### فهرست منابع

Bignardi A. B., El Faro L., Cardoso V. L., Machado P. F. and Albuquerque L. G. D. 2009. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. *Livestock Production Science*. 123: 1- 7.

Bignardi A. B., El Faro L., Torres Júnior R. A. A., Cardoso V. L., Machado P. F. and Albuquerque L. G., 2011. Random regression models using different functions to model test-day milk yield of Brazilian Holstein cows. *Genetics and Molecular Research*, 10 (4): 3565- 3575.

Dadpasand Tarmsari M. 1999. Study of changes on genetic trend for production traits in Iranian Holstein cattle. MSc thesis. Agriculture faculty, Tehran University. (In Farsi)

Elzo M. A., Jara A. and Barria N. 2004. Estimation of genetic parameters for milk production traits in Czech dairy cattle population. *Journal of Dairy Science*, 87: 1506- 1518.

Gengler N., Tijani A., Wiggans G. R., Van Tassel C. P. and Philpot J. C. 1999. Estimation of (co) variances of test day yields for first lactation Holsteins in the United States. *Journal of Dairy Science*, 84:225.

Jamrozik J., Scheaffer L. R. 1997. Estimation of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 80: 762- 770.

Kettunen A., Mantysaari E. A. and poso J. 2000. Estimation of genetic parameters for dairy milk yields of primiparous Ayrshire cows by random

در این پژوهش علت افزایش میانگین ارزش ژنتیکی صفت تولید شیر در دو جنس نر و ماده در سال ۲۰۰۶ بالا بودن بازده تولید مثلی است. علت کاهش روند ژنتیکی صفت تولید شیر در دو جنس نر و ماده در سال ۲۰۰۶ را می‌توان عواملی نظیر آمیزش حیوانات نر با ارزش اصلاحی نامطلوب از لحاظ ژنتیکی با حیوانات ماده با ارزش اصلاحی پایین، کاهش تعداد رکوردها به علت کامل نبودن رکوردهای جمع‌آوری شده در آخرین سال رکوردگیری جهت استفاده در این پژوهش، عدم استفاده از پایه ژنتیکی، اثر متقابل ژنوتیپ و محیط، پایین بودن شدت انتخاب مخصوصاً در ماده‌ها و پایین بودن بازده تولیدمثلی و دقیق نبودن ثبت مشاهدات دانست (Dadpasand, 1999).

regression test-day models. *Livestock Production Science*, 66: 251- 261.

Larimi S. and Nejati Javaremi A. 2002. Economic comparison of increasing milk yield by genetic improvement versus increasing number of breeding cows. The 1<sup>th</sup> seminar on genetics and breeding applied to livestock, poultry and aquatics. Faculty of agriculture, Tehran University, Karaj, Iran. 20-21 Feb. 1: 60- 65 (In Farsi)

López-Romero P., and Carabaño M. J. 2003. Comparing alternative random regression models to analyse first lactation daily milk yield data in Holstein Friesian cattle. *Livestock Production Science*. 82: 81– 96.

Meyer, K. 1998. DFREML User Notes Version 3. 0. *Animal Genetics and Breeding Unit*. University of New England, Armidale, Australia.

Naeemipour H. 2005. Study of genetic trend for milk yield in khorasan Holstein cattle. MSc thesis, Agriculture faculty, Zabol University. (In Farsi)

Nikmanesh A. 2010. Study of production and reproduction traits of Holstein dairy herd in varamin. *Iranian Journal of Animal Science Research*, Ferdowsi University of Mashhad, No:1, Vol:2, 81- 89. (In Farsi)

Olori V. E., Hill W. G., McGuirk B. J., Brotherstone S. 1999. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal Model. *Livestock Production Science*, 61: 53- 63.



- Pool M. H. and Meuwissen T. H. E. 2000. Reduction of the number of parameters needed for a polynomial random regression test day model. *Livestock Production Science*, 64: 133- 145.
- Razmkabir M. 2005. Estimation of genetic trend on production traits in Iranian Holstein cattle. MSc thesis. Agriculture faculty, Tehran University. (In Farsi)
- Rekaya R., Carabaño M. J. and Toro M. A. 1999. Use of test day yields for the genetic evaluation of production traits in Holstein Friesian cattle. *Livestock Production Science*, 57: 203– 217.
- Saghi D. 2002. Adaptation of Holstein dairy cattle to Iranian environmental condition. The 1<sup>th</sup> seminar on genetics and breeding applied to livestock, poultry and aquatics. Faculty of agriculture, Tehran University, Karaj, Iran. 20-21 Feb. 1: 24- 29 (In Farsi)
- Sahebbonar M. 2008. Estimation of genetic trend for production traits and determining the impact of some factors on it in Iranian Holstein Cattle. MSc thesis, Agriculture faculty, Tehran University. (In Farsi)
- Santellano-Estrada E., Becerril-Pérez C. M., de Alba J., Chang Y. M., Gianola D., Torres-Hernández G. and Ramírez-Valverde R. 2008. Inferring genetic parameters of lactation in Tropical Milking Criollo Cattle with random regression test- day models. *Journal of Dairy Science*, 91: 4393– 4400
- SAS. 1990. user's guide: Statistics, Version 6. 0. Edition. . SAS Inst., Inc., Cary, NC.
- Strabel T., Szyda J., Ptak E. and Jamrozik J. 2005. Comparison of random regression test-day models for Polish Black and White cattle. *Journal of Dairy Science*. 88: 3688– 3699.
- Swalve H. H. 1998. Use of test day records for genetic evaluation. Proc. 6<sup>th</sup> World Congr. Genet. Appl. Livestock Production Science, Armidale, Australia, 23: 295- 302.
- Veerkamp R. F. and Goddard M. E. 1998. Covariance functions across herd production levels for test day records on milk, fat and protein yields. *Journal of Dairy Science*. 81: 1690- 1701.
- Weller J. and Ezra I. 2004. Genetic analysis of the Israel Holstein dairy cattle population for production and nonproduction traits with a multi trait animal model. *Journal of Dairy Science*. 87: 1519- 1527

## Estimation of genetic trend for 305- day milk yield using random regression test day model in Iranian Holstein cattle

A. Seyeddokht<sup>1</sup>, A. A. Aslaminejad<sup>3</sup>, M. Tahmoorespur<sup>3</sup>, H. Naeemipour<sup>4</sup>, M. Mahdavi<sup>1</sup> and M. Zabetiyan Hosseini<sup>2</sup>

1, 2 and 3, Ph.D. Student, Former M.Sc. Student and Academic Staff of Department of Animal Science, Ferdowsi University of Mashhad, Respectively, 4. Animal Science Department, Agriculture Faculty, The University of Birjand.

(Received: 21-12-2011- Accepted: 4-7-2012)

### Abstract

In this research a random regression test day model was used to estimate genetic parameters and genetic trend for 305-day milk yield in Iranian Holsteins. A total of 171360 monthly test day milk records obtained from 34257 first lactation Iranian Holstein cattle (three times a day milking) distributed in 96 herds and calved from 1999 to 2008, were used. The fixed effects of province-herd-year-season of test day as contemporary group and age at calving and Holstein gene percentage as covariates were fitted in the model of analysis. Orthogonal Legendre polynomial up to order 3 was implemented to take account of genetic and environmental aspects of milk production over the course of lactation. The results showed that average of heritability estimates for the second half of lactation period was higher than that of the first half. The heritability estimate for the first month was lowest and for the eighth and ninth months of the lactation were the highest compared to the other months of lactation. The genetic correlations between monthly test day records decreased by increasing the distances between months of lactation. Linear regression of estimated breeding values on calving year was used to estimate genetic trend. Estimated genetic trends for sires and dams for milk yield were 25.13 and 15.45 kg per year, respectively. In this research, genetic trends were estimated by a random regression test day model; therefore using this method is the exact way to take account of genetic trend rather than the other ways.

**Keywords:** Genetic trend, Holstein Cattle, Random regression, Test-Day