

مقایسه عملکرد برآزش مدل‌های رگرسیون تصادفی حیوانی و نری برای صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران

علی محمدی^{۱*}، صادق علیجانی^۲، سیدعباس رافت^۲ و اکبر تقی زاده^۲

تاریخ دریافت: ۹۱/۱۰/۱۶ تاریخ پذیرش: ۹۲/۷/۳

^۱ دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

^۲ به ترتیب استادیار، دانشیار و استاد گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

*مسئول مکاتبه: Email: alimohamadi36@gmail.com

چکیده

هدف اصلی از این تحقیق مقایسه مدل رگرسیون تصادفی حیوانی و نری برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران بود. در این تحقیق از تعداد ۹۲۸۵۱۳، ۷۸۸۵۷۷ و ۶۵۳۳۱۷ رکوردروزآزمون شکم اول به ترتیب مربوط به مقادیر تولید شیر، تولید چربی و تولید پروتئین که از سال‌های ۱۳۸۳ تا ۱۳۸۹ توسط مرکز اصلاح نژاد ایران جمع‌آوری شده بود، استفاده گردید. تعداد گاوها ۱۰۸۸۷۳، ۹۶۵۱۱ و ۷۹۵۰۱ و تعداد گله ۱۴۸۳، ۱۴۰۰ و ۱۲۲۷ به ترتیب برای مقادیر تولید شیر، چربی و پروتئین بود. پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدود شده و مدل رگرسیون تصادفی با چند جمله‌ای‌های لژاندر برآورد گردید. برای مقایسه مدل‌ها از لگاریتم تابع درستنمایی، معیار اطلاعات آکایک، معیار اطلاعات بیزی و معیار واریانس باقی‌مانده استفاده شد. واریانس باقی‌مانده در طول دوره شیردهی همگن در نظر گرفته شد. با توجه به اینکه در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی از رکوردهای کلیه حیوانات استفاده می‌شود لذا دقت برآوردهای آن بالاتر بود. واریانس ژنتیکی افزایشی و واریانس محیطی دائمی به ترتیب در انتها و ابتدای دوره شیردهی بالاترین میزان خود را داشتند. حداقل میزان وراثت‌پذیری صفات مقدار تولید شیر، چربی و پروتئین شیر برای هر دو مدل رگرسیون تصادفی حیوانی و نری، در ابتدای دوره شیردهی بدست آمد. وراثت‌پذیری مقدار تولید شیر، چربی و پروتئین شیر در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی به ترتیب در محدوده ۰/۰۵ تا ۰/۲۵، ۰/۰۴ تا ۰/۱۳، ۰/۰۷ تا ۰/۲۱ و در مدل رگرسیون تصادفی نری به ترتیب در محدوده ۰/۰۸ تا ۰/۲۱، ۰/۰۵ تا ۰/۱۲ و ۰/۰۵ تا ۰/۲۳ در طول دوره شیردهی برآورد گردید. میزان واریانس فنوتیپی صفات مورد بررسی در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی و نری در طول دوره شیردهی یکسان نبوده و در اوایل و اواخر دوره شیردهی مقدار آن بالاتر بود. همبستگی ژنتیکی صفات مورد بررسی بین روزهای نزدیک بهم حداکثر و با فاصله روزهای شیردهی این میزان کمتر شد. مدل رگرسیون تصادفی حیوانی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران پیشنهاد شد.

واژه‌های کلیدی: مدل رگرسیون تصادفی- گاو شیری- روزآزمون - وراثت‌پذیری- همبستگی ژنتیکی

مقدمه

رکوردهای ماهیانه مربوط به هر حیوان که اصطلاحاً رکوردهای روزآزمون (یا رکوردهای روزانه) نامیده می‌شوند، اساس رکوردهای تولید در طول ۳۰۵ روز دوره استاندارد شیردهی هستند. طی سال‌های اخیر استفاده از رکوردهای روزآزمون به عنوان اولین منابع اطلاعاتی از صفات تولیدی بجای رکوردهای مربوط به کل دوره شیردهی در ارزیابی ژنتیکی گاوهای شیری مورد توجه قرار گرفته است (گادینی و همکاران ۱۹۹۸). مدل‌های ارزیابی ژنتیکی در گاو شیری که از رکوردهای روزآزمون بجای ۳۰۵ روز استفاده می‌کنند در برنامه‌های اصلاحی برای صفات تولیدی بسیار حائز توجه هستند (کتون و همکاران ۱۹۹۸ و پوول و همکاران ۲۰۰۰). مدل‌های روزآزمون به عنوان روشی آماری جهت آنالیز رکوردهای ماهانه صفات تولیدی گاوهای شیری با هدف حداکثر استفاده از کلیه اطلاعات موجود از هر حیوان و بهبود دقت پیش‌بینی ارزش اصلاحی حیوانات پیشنهاد شده‌اند (وارگاس و همکاران ۱۹۹۸). در بین مدل‌هایی که از رکوردهای روزآزمون برای برآورد پارامترهای ژنتیکی استفاده می‌کنند، مدل رگرسیون تصادفی به طور وسیعی افزایش صحت برآورد ارزش اصلاحی را نشان داده و امروزه در بسیاری از کشورها از این مدل برای ارزیابی‌های ژنتیکی استفاده می‌شود (کوبوکی و همکاران ۲۰۱۱). شفر و دکرز در سال ۱۹۹۴، برای اولین بار استفاده از مدل رگرسیون تصادفی را در یک مدل خطی برای آنالیز رکوردهای روزآزمون پیشنهاد کردند (جامروزیک و همکاران ۱۹۹۷). مطالعات مختلف نشان می‌دهند که وراثت‌پذیری تولید شیر در روزهای مختلف شیردهی تغییر می‌نماید، همچنین همبستگی‌های ژنتیکی بین داده‌های تکراری، با افزایش فاصله‌های زمانی بین آنها کاهش می‌یابد. بنابراین اگر بجای استفاده از رکوردهای روزآزمون

از رکوردهای تولیدی ۳۰۵ روز استفاده شود، نمی‌توان این تغییر را در ساختار (کو)واریانس منظور کرد (جاکوبسن و همکاران ۲۰۰۲ و جنسن ۲۰۰۱). مفهوم مدل حیوانی این است که در داخل مدل، اثر ژنتیکی حیوان نیز قرار می‌گیرد. یک ویژگی خاص این مدل آن است که ممکن است از کلیه دام‌ها رکورد در دسترس نباشد، ولی برای تمام آن‌ها ارزش اصلاحی برآورد شود. از مدل نری نیز در مواردی استفاده می‌شود که فقط والد‌های نر بر اساس رکوردهای نتاجشان ارزیابی می‌شوند. برتری اصلی این مدل نسبت به مدل حیوانی این است که چون در این مدل فقط پدرها ارزیابی می‌شوند، لذا تعداد معادلات کمتر است. ولی در این مدل ظرفیت ژنتیکی مولد ماده منظور نشده و برای آن تصحیح انجام نمی‌شود، به همین دلایل در مواقعی که از حجم داده‌های زیاد استفاده می‌شود در بعضی مواقع از مدل نری در برآورد پارامترهای ژنتیکی استفاده می‌شود (مروود ۲۰۰۵). از مدل رگرسیون تصادفی حیوانی در برآورد پارامترهای ژنتیکی گاوهای هلشتاین ایران در مطالعات زیادی استفاده شده است (محمدی و همکاران (a)، ۱۳۹۱؛ محمدی و همکاران (b)، ۱۳۹۱؛ رزم کبیر و همکاران ۱۳۸۷). همچنین بهلولی و علیجانی (۲۰۱۲) با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی نری پارامترهای ژنتیکی گاوهای هلشتاین ایران را برآورد نموده‌اند. تا کنون مطالعه‌ای در زمینه مقایسه مدل‌های رگرسیون تصادفی حیوانی و نری صورت نگرفته بود، لذا این تحقیق، به این منظور و همچنین برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران در شکم‌اولانجام شد.

مواد و روش‌ها

رکوردهای روزآزمون صفات تولیدی گاوهای شیری هلشتاین ایران از مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات

روزآزمون برای مقدار شیر، مقدار چربی، مقدار پروتئین به ترتیب به ۹۲۸۵۱۳، ۷۸۸۵۷۷ و ۶۵۳۳۱۷ مورد رسید. گاوها براساس فصل زایش در ۴ گروه و بر اساس سن در زمان زایش در ۶ گروه به ترتیب، زیر ۲۶ ماه، ۲۶ تا ۲۷، ۲۸ تا ۲۹، ۳۰ تا ۳۱، ۳۲ تا ۳۳ و بزرگتر از ۳۳ ماه قرار گرفتند. اطلاعات مربوط به فایل شجره از سال ۱۳۶۲ تا ۱۳۸۹ و کل حیوانات موجود در شجره ۱۰۹۷۴۵۹ رأس بود. آزمون معنی‌داری اثرات ثابت با استفاده از نرم افزار 9.1SAS و با رویه GLM، صورت گرفت. برای آماده‌سازی داده‌ها از نرم‌افزارهای Visual FoxPro 9.0 و Pedigree (سرگزایی) استفاده گردید. مدل روزآزمون رگرسیون تصادفی مورد استفاده به صورت زیر بود:

$$y_{ijklm} = HTD_i + YC_j + MT_k + \sum_{n=1}^p AS_{mnl} \Phi_n + \sum_{n=0}^r a_{mn} \Phi_n + \sum_{n=0}^r pe_{mn} \Phi_n + e_{ijklm}$$

ژنتیک‌افزایشی و اثر محیطی دائمی حیوان m و در مدل رگرسیون تصادفی نری به ترتیب n امین ضریب رگرسیون تصادفی اثر ژنتیکی افزایشی گاو m و اثر محیطی دائمی برای گاو ماده m ؛ p درجه برازش رگرسیون ثابت (۲ تا ۵)؛ r ، تعداد درجات چندجمله‌ای‌های لژاندر مختلف (۲ تا ۶)؛ r ، چندجمله‌ای‌های لژاندر n امین برای روز t ام مرتبط با حیوان m ؛ e_{ijklm} ، اثرات تصادفی باقی‌مانده است. ساختار (کو)واریانس در مدل حیوانی به این صورت تعریف شد:

$$\text{var} \begin{bmatrix} \mathbf{s} \\ \mathbf{pe} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{G} \otimes \mathbf{A} & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{P} \otimes \mathbf{I} & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{I} \sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

که $\mathbf{A}$ ، ماتریس روابط خویشاوندی گاوهای نر دارای نتاج رکورددار و گاوهای نر دارای روابط خویشاوندی با گاوهای نر مذکور؛ $\mathbf{G}$ و $\mathbf{P}$ ماتریس (کو)واریانس ضرایب رگرسیون تصادفی به ترتیب برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی گاو ماده؛ $\mathbf{I}$ ماتریس واحد و σ_e^2 ، واریانس باقی‌مانده است. ساختار (کو)واریانس در مدل نری به این صورت تعریف شد:

دامیتیه شد. رکوردهای گاوهای شکم اول در دامنه‌ی سنی ۲۱ تا ۴۶ ماهگی بین سال‌های ۱۳۸۳ تا ۱۳۸۹، و در بازه زمانی بین ۵ تا ۳۰۵ روز شیردهی (DIM)، استخراج شد. علاوه بر این گاوهایی انتخاب شدند که تا قبل از روز ۹۰ دوره شیردهی حداقل یک رکورد روز-آزمون داشتند. در مرحله بعد، رکوردهای تولید شیر در دامنه ۱/۵ تا ۷۰ کیلوگرم و درصد چربی در دامنه ۱/۵ تا ۹ درصد و درصد پروتئین ۱ تا ۷ درصد (سپس تبدیل به مقادیر چربی و پروتئین شیر شدند) در فایل داده باقی ماندند. در ادامه، گاوهای شیری دارای بیش از ۵ رکورد روزآزمون، گله-سال دارای حداقل ۱۰ گاو شیرده، و نتاج گاوهای نری که حداقل ۱۰ رأس نتاج داشتند، انتخاب شدند (همامی و همکاران ۲۰۰۸). در نهایت تعداد رکوردهای

که در این مدل، y_{ijklm} ، t امین رکورد روزآزمون در زیر گروه‌های گله-سال-ماه رکورد روزآزمون (HTD) i ام، در سال گوساله زایی (YC) j ام (۱ تا ۷) و دفعات دوشش (M) k ام (۲ و ۳) مربوط به ماده m ؛ AS_{mnl} ، n امین ضریب رگرسیون ثابت برای l امین (۱ تا ۶) زیر گروه سن-فصل زایش (برای هر کلاس سن-فصل زایش منحنی شیردهی ثابتی در نظر گرفته شد) گاو ماده m ؛ a_{mn} و pe_{mn} در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی به ترتیب n امین ضریب رگرسیون تصادفی اثر

که در اینجا، $\mathbf{A}$ ماتریس ضرایب خویشاوندی بین ماده-ها؛ $\otimes$ ، علامت ضرب کرونگر؛ $\mathbf{G}$ و $\mathbf{P}$ ماتریس (کو)واریانس ضرایب رگرسیون تصادفی به ترتیب برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی گاو ماده؛ $\mathbf{I}$ ماتریس واحد و σ_e^2 ، واریانس باقی‌مانده است. ساختار (کو)واریانس در مدل نری به این صورت تعریف شد:

$$\Phi_{(D_i^*)i} = \frac{1}{2^i} \sqrt{\frac{2i+1}{2}} \sum_{m=0}^{i/2} (-1)^m \binom{i}{m} \binom{2i-2m}{i} (D_i^*)^{i-2m}$$

که در این جا، $i/2 = (i-1)/2$ که i درجه چندجمله‌ای لژاندر و m تعداد شاخص مورد نیاز برای تعیین i امین چندجمله‌ای لژاندر است. برای محاسبه وراثت‌پذیری روز مد نظر از رابطه زیر استفاده شد:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2}$$

باقی‌مانده می‌باشد و q_{305d} ، از جمع ضرایب لژاندر روز ۳۰۵ تا روز ۳۰۵ حاصل می‌شود.

برای محاسبه همبستگی ژنتیکی بین روزهای مختلف شیردهی از فرمول زیر استفاده شد:

$$r_g = \frac{Cov_{g(i,j)}}{\sqrt{Var_{g(i,i)} \times Var_{g(j,j)}}}$$

که $Cov_{g(i,j)}$ ، کواریانس ژنتیکی بین روز i ام و j ام؛ $Var_{g(i,i)}$ و $Var_{g(j,j)}$ به ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی روز i ام و j ام می‌باشند. مؤلفه‌های واریانس با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) و با استفاده از نرم‌افزار REMLF90، تحت سیستم عامل Linux برآورد شدند، همچنین برای رسم نمودارهای مربوط به همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی بین روزهای شیردهی از نرم‌افزار MATLAB 7.12 استفاده شد. با استفاده از معیارهای AIC ، $-2Logl$ و BIC و RV بهترین تابع مشخص شد. مدلی که پایین‌ترین مقادیر معیارهای ذکر شده را به خود اختصاص داد، به عنوان مدل با دقت برآزش بالا جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی شیر انتخاب شد.

$AIC = -2Logl + 2k$ ؛ $BIC = -2Logl + k \log(N-r(x))$ که k ، نشان دهنده تعداد پارامتر؛ N ، تعداد مشاهدات؛ و

شیردهی استاندارد شده (d_t^*) ، از رابطه زیر استفاده شد:

$$d_t^* = -1 + 2 \left(\frac{d_t - d_{min}}{d_{max} - d_{min}} \right)$$

که $d_{min}(5)$ و $d_{max}(305)$ حداقل و حداکثر روزهای شیردهی و d_t ، t امین روز شیردهی می‌باشند. برای t امین روز استاندارد شده شیردهی (d_t^*) ، n امین چندجمله‌ای لژاندر به این صورت تعریف شد (کیریک پاتریک ۱۹۹۰):

که $qGq' = qPq'$ و $qPq' = qGq'$ به ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی، واریانس محیطی دائمی و واریانس باقی‌مانده مربوط به گاو ماده می‌باشند. G و P به ترتیب ماتریس (کو)واریانس به دست آمده برای ضرایب رگرسیون تصادفی اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی حیوانات بوده و q نیز بردار چندجمله‌ای‌های روز مدنظر می‌باشد. برای محاسبه وراثت‌پذیری روز مد نظر در مدل نری از رابطه زیر استفاده شد:

$$h_t^2 = \frac{4\sigma_{s(t)}^2}{\sigma_{s(t)}^2 + \sigma_{pe(t)}^2 + \sigma_e^2}$$

که $\sigma_{s(t)}^2$ و $\sigma_{pe(t)}^2$ به ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی نرها و واریانس محیطی دائمی مربوط به گاو ماده برای روز t ام بوده که دیاگونال ماتریس‌های حاصل از فرمول‌های qGq' و qPq' هستند.

برای محاسبه وراثت‌پذیری ۳۰۵ روز از ماتریس‌های G و P بردار ۳۰۵ روز چندجمله‌ای‌های لژاندر (q_{305d}) استفاده شد. بردار ۳۰۵ روز چندجمله‌ای‌های لژاندر، بوسیله جمع ضرایب آن‌ها از روز ۵ تا ۳۰۵ شیردهی بدست آمد. بنابراین از رابطه زیر برای محاسبه وراثت‌پذیری ۳۰۵ روز استفاده شد:

$$h_{305}^2 = \frac{\sigma_{a(305d)}^2}{\sigma_{a(305d)}^2 + \sigma_{pe(305d)}^2 + 301 \times \sigma_e^2}$$

که $\sigma_{a(305d)}^2$ و $\sigma_{pe(305d)}^2$ به ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی برای ۳۰۵ روز تولید می‌باشند (برای مثال $\sigma_{a(305d)}^2 = q_{305d} G q_{305d}$ و σ_e^2 ، واریانس

$r^2(X)$ ، رنک ماتریس ضرایب اثرات ثابت در مدل می‌باشد

۵ ارائه شده است.

(لوپز رومرو و کرابانو ۲۰۰۳).

نتایج و بحث

آماره‌های توصیفی داده‌های مورد آنالیز، برای صفات مختلف به همراه تعدا حیوانات در گروه‌های مختلف در جدول ۱ ارائه شده است.

مقادیر مقایسه معیارهای مختلف صفات مقدار تولید شیر، چربی و پروتئین شیر در مدل رگرسیون تصادفی بر پایه مدل حیوانی و مدل نری به ترتیب در جدول ۲ و ۴ نشان داده شده است. همچنین ویژه مقدارهای مختلف در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی و نری به ترتیب در جدول ۳ و

انتخاب بهترین و نامناسب‌ترین مدل، بسته به نوع معیار مقایسه، متفاوت است. با توجه به مقادیر بدست آمده از معیارهای مقایسه -2Logl ، AIC، BIC مشخص شد که استفاده از مدل رگرسیون تصادفی بر پایه مدل حیوانی با چندجمله‌ای لژاندر (۲،۶) برای صفات مورد بررسی به عنوان بهترین مدل شناخته شد. در مورد معیار RV، برای مقدار تولید شیر، مدل رگرسیون تصادفی بر پایه مدل حیوانی با چندجمله‌ای لژاندر (۲،۶)، برای مقدار چربی و مقدار پروتئین، مدل (۵،۶) بهترین مدل انتخاب شدند، به دلیل این‌که کمترین مقدار RV را به خود اختصاص دادند.

جدول ۱- اطلاعات آماری رکوردهای مقدار شیر، مقدار چربی، مقدار پروتئین و فایل شجره

مدل	اطلاعات	مقدار شیر (کیلوگرم)	مقدار چربی (گرم)	مقدار پروتئین (گرم)
	تعداد رکوردهای روزآزمون	۹۲۸۵۱۳	۷۸۸۵۷۷	۶۵۳۳۱۷
	تعداد کل حیوانات رکوردار	۱۰۸۸۷۳	۹۶۵۱۱	۷۹۵۰۱
	تعداد کل حیوانات	۲۲۵۸۳۲	۲۰۶۳۷۱	۱۷۱۳۶۰
	میانگین تولید	۳۰/۱۴±۷/۴۸۱	۰/۹۹۹±۰/۳۲۶	۰/۹۴۱±۰/۲۳۱
حیوانی	تعداد گله-سال-ماه رکوردگیری	۱۷۸۲۰	۱۶۴۹۹	۱۴۱۲۷
	تعداد گله-سال زایش	۱۴۸۳	۱۴۰۰	۱۲۲۷
نری	تعداد کل حیوانات	۱۵۹۳	۱۵۲۶	۱۴۲۴

جدول ۲- سطوح مقادیر معیارهای مقایسه مختلف در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی

RV	BIC	AIC	-2Logl	تعداد پارامتر	مدل	صفت
۱۲/۵۳	۵۷۴۵۸۹۳/۱۹	۵۷۴۵۸۳۷/۷۶	۵۷۴۵۸۰۹/۷۶	۱۴	لژاندر (۲،۴)	مقدار شیر
۱۱/۷۳	۵۷۳۱۳۲۵/۹۸	۵۷۳۱۲۸۷/۹۸	۵۷۳۱۲۸۷/۹۸	۱۹	لژاندر (۲،۵)	
۱۱/۲۷	۵۷۲۵۲۴۹/۹۰	۵۷۲۵۱۵۰/۹۲	۵۷۲۵۱۰۰/۹۲	۲۵	لژاندر (۲،۶)	
۱۲/۵۹	۵۸۴۵۲۶۴/۶۱	۵۸۴۵۱۹۷/۳۰	۵۸۴۵۱۶۳/۳۰	۱۷	لژاندر (۳،۴)	
۱۱/۷۱	۵۸۳۱۱۵۰/۵۳	۵۸۳۱۰۶۲/۴۲	۵۸۴۵۱۶۳/۴۲	۲۲	لژاندر (۳،۵)	
۱۱/۳۰	۵۸۲۶۰۶۳/۴۷	۵۸۲۵۹۵۲/۶۱	۵۸۲۵۸۹۶/۶۱	۲۸	لژاندر (۳،۶)	
۱۱/۸۲	۵۹۴۹۶۵۳/۳۹	۵۹۴۹۵۵۰/۴۵	۵۹۴۹۴۹۸/۴۵	۲۶	لژاندر (۴،۵)	
۱۱/۴۰	۶۰۶۷۲۰۱/۴۸	۶۰۶۷۰۵۴/۹۸	۶۰۶۶۹۸۰/۹۸	۳۷	لژاندر (۵،۶)	
۰/۰۴۸۲۰	۳۳۷۳۳۵/۹۶	۳۳۷۲۸۱/۵۳	۳۳۷۲۵۳/۵۳	۱۴	لژاندر (۲،۴)	مقدار چربی
۰/۰۴۷۲۹	۳۳۶۳۳۱/۳۹	۳۳۶۲۵۷/۵۲	۳۳۶۲۱۹/۵۲	۱۹	لژاندر (۲،۵)	
۰/۰۴۶۶۹	۳۳۵۸۰۰/۱۱	۳۳۵۶۰۲/۹۲	۳۳۵۶۵۲/۹۲	۲۵	لژاندر (۲،۶)	
۰/۰۴۸۱۲	۴۵۶۰۴۵/۸۲	۴۵۵۹۷۹/۷۳	۴۵۵۹۴۵/۷۳	۱۷	لژاندر (۳،۴)	
۰/۰۴۷۲۴	۴۵۵۰۶۱/۴۸	۴۵۴۹۷۵/۹۵	۴۵۴۹۳۱/۹۵	۲۲	لژاندر (۳،۵)	
۰/۰۴۶۶۸	۴۵۴۴۳۰/۶۳	۴۵۴۳۲۱/۷۸	۴۵۴۲۶۵/۷۸	۲۸	لژاندر (۳،۶)	
۰/۰۴۷۲۳	۵۷۶۰۴۸/۱۶	۵۷۵۹۴۷/۰۸	۵۷۵۸۹۵/۰۸	۲۶	لژاندر (۴،۵)	
۰/۰۴۶۵۶	۶۹۶۹۱۹/۳۴	۶۹۶۷۷۵/۵۰	۶۹۶۷۰۱/۵۰	۳۷	لژاندر (۵،۶)	
۰/۰۱۵۸۲	-۲۹۳۹۸۳/۳۹	-۲۹۴۰۳۶/۶۷	-۲۹۴۰۶۴/۶۷	۱۴	لژاندر (۲،۴)	مقدار پروتئین
۰/۰۱۵۴۰	-۲۹۵۸۹۵/۲۳	-۲۹۵۹۶۷/۵۴	-۲۹۶۰۰۵/۵۴	۱۹	لژاندر (۲،۵)	
۰/۰۱۵۰۸	-۲۹۶۸۵۷/۳۴	-۲۹۶۹۵۲/۴۸	-۲۹۷۰۰۲/۴۸	۲۵	لژاندر (۲،۶)	
۰/۰۱۵۸۴	-۲۱۵۵۸۸/۴۶	-۲۱۵۶۵۳/۱۶	-۲۱۵۶۸۷/۱۶	۱۷	لژاندر (۳،۴)	
۰/۰۱۵۳۸	-۲۱۷۴۸۷/۲۱	-۲۱۷۵۷۰/۹۳	-۲۱۷۶۱۴/۹۳	۲۲	لژاندر (۳،۵)	
۰/۰۱۵۰۸	-۲۱۸۳۳۷/۸۵	-۲۱۸۴۴۴/۴۱	-۲۱۸۵۰۰/۴۱	۲۸	لژاندر (۳،۶)	
۰/۰۱۵۴۱	-۲۱۰۴۱۱/۴۸	-۲۱۰۵۱۰/۴۳	-۲۱۰۵۶۲/۴۳	۲۶	لژاندر (۴،۵)	
۰/۰۱۵۰۷	-۲۱۵۶۰/۱۹	-۲۱۸۴۹/۱۹	-۲۱۷۷۵/۱۹	۳۷	لژاندر (۵،۶)	

(چندجمله‌ای‌های لژاندر (i,j) به ترتیب درجه برازش برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی)

مقدار تولید شیر، چربی و پروتئین شیر بر اساس معیارهای -2Logl، AIC و BIC، به ترتیب مدل رگرسیون تصادفی با چندجمله‌ای لژاندر (۵،۶)، (۳،۶) و (۵،۶) بود. ولی با توجه به مقادیر بدست آمده از معیار RV، بهترین مدل‌ها، برای مقدار تولید شیر، چربی و پروتئین شیر، به ترتیب مدل (۲،۶)، (۳،۶) و (۳،۶) بود.

واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی مقدار تولید شیر، چربی و پروتئین شیر در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی و نری در شکل ۱ نشان داده شده است. واریانس

با توجه به نتایج بدست آمده مشخص شد که با افزایش درجه برازش اثرات محیطی دائمی نسبت به اثرات ژنتیکی افزایشی، مقادیر معیارهای مذکور کاهش یافت، این نتایج مطابق با نتایج بدست آمده توسط بیاسوز و همکاران (۲۰۱۱)؛ تاکما و آکباش (۲۰۰۹)؛ محمدی و همکاران (a)، (۱۳۹۱)؛ آلبوکوارکو و همکاران (۲۰۰۵)؛ الفارو و همکاران (۲۰۰۸) و کاستا و همکاران (۲۰۰۸) بود. نتایج بدست آمده از مقایسه معیارها در مدل رگرسیون تصادفی نری نشان داد که، بهترین مدل برای برازش

ژنتیکی افزایشی برای تمام صفات مورد مطالعه، در ابتدای دوره شیردهی بالا برآورد شد سپس تا حدود روز ۲۵ از دوره شیردهی از خود افت نشان داد. این نتایج مطابق نتایج بدست آمده توسط ال فارو و همکاران (۲۰۰۸) و بیگناردی و همکاران (۲۰۰۹) بود.

جدول ۳- ویژگی مقدارهای مختلف در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی

صفت	مدل	۱	۲	۳	۴	۵
مقدار شیر	لژاندر (۲،۴)	۱۱/۸۲	۰/۹۲۸۳			
	لژاندر (۲،۵)	۱۱/۸۹	۰/۹۳۴			
	لژاندر (۲،۶)	۱۱/۸۰	۱/۰۱۱			
	لژاندر (۳،۴)	۱۲/۱۵	۰/۹۰۷۱	۰/۵۱۸۳		
	لژاندر (۳،۵)	۱۲/۲۶	۰/۹۰۶۵	۰/۵۲۰۶		
	لژاندر (۳،۶)	۱۲/۱۸	۰/۹۰۲۵	۰/۵۰۷۷		
	لژاندر (۴،۵)	۱۲/۵۱	۰/۹۱۶۸	۰/۵۰۹۸	۰/۴۶۹۸	
	لژاندر (۵،۶)	۱۲/۱۹	۰/۹۱۰۹	۰/۵۱۱۲	۰/۴۵۸۱	۰/۳۸۷۰۱
مقدار چربی	لژاندر (۲،۴)	۰/۰۱۰۲۳	۰/۰۰۱۱۹			
	لژاندر (۲،۵)	۰/۰۱۱۰۱	۰/۰۰۱۱۷			
	لژاندر (۲،۶)	۰/۰۱۰۱۵	۰/۰۰۱۱۷			
	لژاندر (۳،۴)	۰/۰۱۲۵	۰/۰۰۱۲۸	۰/۰۰۰۵۲۷		
	لژاندر (۳،۵)	۰/۰۱۰۰۲	۰/۰۰۱۱۱	۰/۰۰۰۵۳۱		
	لژاندر (۳،۶)	۰/۰۱۰۲۱	۰/۰۰۱۱۰۷	۰/۰۰۰۵۷۹		
	لژاندر (۴،۵)	۰/۰۱۱۱۳	۰/۰۰۱۱۲۸	۰/۰۰۰۵۲۶۱	۰/۰۰۰۰۵۶۱	
	لژاندر (۵،۶)	۰/۰۱۲۰۱	۰/۰۰۱۲۶۲	۰/۰۰۰۵۱۹۹	۰/۰۰۰۰۴۵۹	۰/۰۰۰۰۰۳۲۱
مقدار پروتئین	لژاندر (۲،۴)	۰/۰۰۹۹۳	۰/۰۰۲۰۰۱			
	لژاندر (۲،۵)	۰/۰۰۹۳۲	۰/۰۰۱۰۴			
	لژاندر (۲،۶)	۰/۰۰۹۸۲	۰/۰۰۱۰۹			
	لژاندر (۳،۴)	۰/۰۰۹۴۸	۰/۰۰۰۹۰۴	۰/۰۰۰۳۳۹		
	لژاندر (۳،۵)	۰/۰۰۹۵۲	۰/۰۰۰۹۲۵	۰/۰۰۰۳۴۵		
	لژاندر (۳،۶)	۰/۰۰۹۴۷	۰/۰۰۰۹۲۳	۰/۰۰۰۳۵۲		
	لژاندر (۴،۵)	۰/۰۰۹۳۰۱	۰/۰۰۰۹۹۲	۰/۰۰۰۳۶۱	۰/۰۰۰۱۴۵	
	لژاندر (۵،۶)	۰/۰۰۹۴۵	۰/۰۰۰۸۹۳	۰/۰۰۰۳۸۷	۰/۰۰۰۱۶۶	۰/۰۰۰۰۹۰۱

جدول ۴- سطوح مقادیر معیارهای مقایسه مختلف در مدل رگرسیون تصادفی نری

RV	BIC	AIC	-2Logl	تعداد پارامتر	مدل	صفت
۱۲/۵۳	۵۴۸۴۲۸۳/۰۹	۵۴۸۴۲۲۷/۶۶	۵۴۸۴۱۹۹/۶۶	۱۴	لژاندر (۲،۴)	مقدار شیر
۱۱/۷۲	۵۴۶۹۸۱۲/۳۴	۵۴۶۹۷۳۷/۱۱	۵۴۶۹۶۹۹/۱۱	۱۹	لژاندر (۲،۵)	
۱۱/۲۴	۵۴۶۳۶۷۵/۷۱	۵۴۶۳۵۷۶/۷۳	۵۴۶۳۵۲۶/۷۳	۲۵	لژاندر (۲،۶)	
۱۲/۵۷	۵۴۵۲۰۴۶/۴۲	۵۴۵۱۹۷۹/۱۱	۵۴۵۱۹۴۵/۱۱	۱۷	لژاندر (۳،۴)	
۱۱/۶۹	۵۴۳۷۹۸۲/۴۷	۵۴۳۷۸۹۵/۳۶	۵۴۳۷۸۵۱/۳۶	۲۲	لژاندر (۳،۵)	
۱۱/۲۶	۵۴۳۲۹۲۶/۴۲	۵۴۳۲۸۱۵/۵۶	۵۴۳۲۷۵۹/۵۶	۲۸	لژاندر (۳،۶)	
۱۱/۸۱	۵۴۲۵۹۸/۰۷	۵۴۲۴۴۹۵/۱۳	۵۴۲۴۴۴۳/۱۳	۲۶	لژاندر (۴،۵)	
۱۱/۳۹	۵۴۰۹۸۵۲/۵۵	۵۴۰۹۷۰۶/۰۵	۵۴۰۹۶۳۲/۰۵	۳۷	لژاندر (۵،۶)	مقدار چربی
۰/۰۴۸۱۳	۹۷۹۳۸/۶۵	۹۷۸۸۰/۲۲	۹۷۸۵۶/۲۲	۱۴	لژاندر (۲،۴)	
۰/۰۴۷۵۶	۹۶۵۸۷/۵۷	۹۶۵۱۳/۷۰	۹۶۴۷۵/۷۰	۱۹	لژاندر (۲،۵)	
۰/۰۴۶۵۹	۹۵۵۸۱/۲۹	۹۵۴۸۴/۱۰	۹۵۴۳۴/۱۰	۲۵	لژاندر (۲،۶)	
۰/۰۴۷۸۴	۹۷۷۳۹/۹۸	۹۷۶۷۳/۸۹	۹۷۶۳۹/۸۹	۱۷	لژاندر (۳،۴)	
۰/۰۴۶۷۳	۹۷۵۹۹/۳۳	۹۷۵۱۳/۸۰	۹۷۴۶۹/۸۰	۲۲	لژاندر (۳،۵)	
۰/۰۴۶۵۳	۹۴۶۲۱/۰۱	۹۴۵۱۲/۶۱	۹۴۴۵۶/۶۱	۲۸	لژاندر (۳،۶)	
۰/۰۴۷۱۸	۹۵۷۹۳/۹۲	۹۵۶۹۲/۸۴	۹۵۶۴۰/۸۴	۲۶	لژاندر (۴،۵)	مقدار پروتئین
۰/۰۴۶۵۴	۹۶۴۰۱/۸۶	۹۶۲۵۸/۰۲	۹۶۱۸۴/۰۲	۳۷	لژاندر (۵،۶)	
۰/۰۱۵۸۲	-۴۹۱۱۶۶/۶۵	-۴۹۱۲۱۹/۹۳	-۴۹۱۲۴۷/۹۳	۱۴	لژاندر (۲،۴)	
۰/۰۱۵۴۰	-۴۹۳۰۶۳/۶۴	-۴۹۳۱۳۵/۹۵	-۴۹۳۱۷۳/۹۵	۱۹	لژاندر (۲،۵)	
۰/۰۱۵۰۳	-۴۹۴۰۱۶/۹۵	-۴۹۴۱۱۲/۰۹	-۴۹۴۱۶۲/۰۹	۲۵	لژاندر (۲،۶)	
۰/۰۱۵۸۳	-۵۱۲۰۳۱/۵۶	-۵۱۲۰۹۶/۲۶	-۵۱۲۱۳۰/۲۶	۱۷	لژاندر (۳،۴)	
۰/۰۱۵۳۶	-۵۱۳۹۱۶/۲۷	-۵۱۳۹۹۹/۹۹	-۵۱۴۰۴۳/۹۹	۲۲	لژاندر (۳،۵)	
۰/۰۱۵۰۲	-۵۱۴۷۴۶/۶۲	-۵۱۴۸۵۳/۱۸	-۵۱۴۹۰۹/۱۸	۲۸	لژاندر (۳،۶)	لژاندر (۴،۵)
۰/۰۱۵۴۰	-۵۱۶۰۷۲/۹۲	-۵۱۶۱۷۱/۸۷	-۵۱۶۲۲۳/۸۷	۲۶	لژاندر (۴،۵)	
۰/۰۱۵۰۵	-۵۱۶۶۷۰/۷۶	-۵۱۶۸۱۱/۵۷	-۵۱۶۸۸۵/۵۷	۳۷	لژاندر (۵،۶)	

(چندجمله‌ای‌های لژاندر (i,j) به ترتیب درجه برازش برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی)

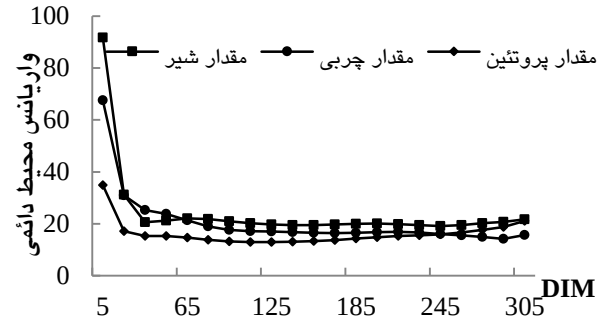
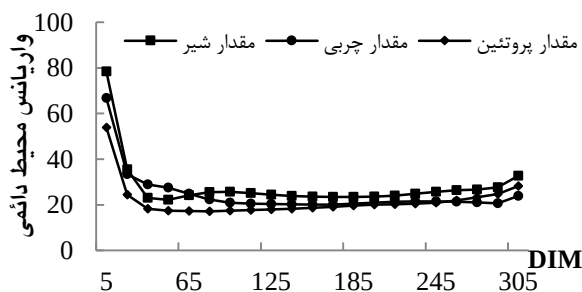
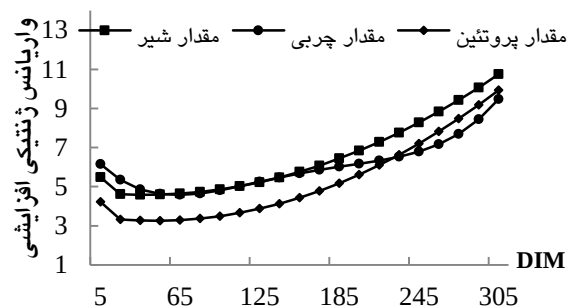
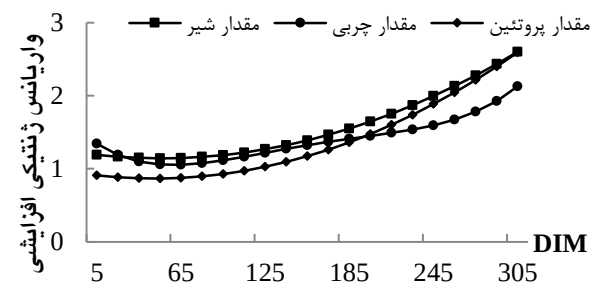
جدول ۵- ویژگی مقدارهای مختلف در مدل رگرسیون تصادفی نری

صفت	مدل	۱	۲	۳	۴	۵
مقدار شیر	لژاندر (۲،۴)	۲/۸۵۷	۰/۲۷۴۲			
	لژاندر (۲،۵)	۲/۸۵۲	۰/۲۷۴۰			
	لژاندر (۲،۶)	۲/۸۴۴	۰/۲۷۲۶			
	لژاندر (۳،۴)	۲/۹۵۰	۰/۲۳۱۵	۰/۱۳۱۶		
	لژاندر (۳،۵)	۲/۷۸۹	۰/۲۹۰۲	۰/۱۴۳۲		
	لژاندر (۳،۶)	۲/۹۳۴	۰/۲۳۰۶	۰/۱۳۸۲		
مقدار چربی	لژاندر (۴،۵)	۳/۰۲۲	۰/۲۳۱۲	۰/۲۲۷۲	۰/۰۴۱۹۳	
	لژاندر (۵،۶)	۳/۳۲۵	۰/۲۴۵۱	۰/۲۰۳۲	۰/۰۵۲۴	۰/۰۴۳۱
	لژاندر (۲،۴)	۰/۰۰۲۵۸۷	۰/۰۰۰۲۱۳			
	لژاندر (۲،۵)	۰/۰۰۲۸۱۱	۰/۰۰۰۳۷۲			
	لژاندر (۲،۶)	۰/۰۰۲۴۵۸	۰/۰۰۰۲۷۲۵			
	لژاندر (۳،۴)	۰/۹۲۵۸	۰/۰۳۸۵۵	۰/۰۱۳۲۱		
مقدار پروتئین	لژاندر (۳،۵)	۰/۹۰۰۰	۰/۰۰۲۳۶۶	۰/۰۰۰۱۲۸		
	لژاندر (۳،۶)	۰/۰۰۲۳۹۳	۰/۰۰۰۲۴۶۴	۰/۰۰۰۱۱۱		
	لژاندر (۴،۵)	۰/۰۰۲۳۹۷	۰/۰۰۰۲۵۲۸	۰/۰۰۰۲۴۳۵	۰/۰۰۰۰۰۸۰۳	
	لژاندر (۵،۶)	۰/۰۰۲۳۹۱	۰/۰۰۰۲۴۵۷	۰/۰۰۰۱۵۶۸	۰/۰۰۰۰۱۵۲۳	۰/۰۰۰۰۰۲۵۱
	لژاندر (۲،۴)	۰/۰۰۳۲۰۱	۰/۰۰۲۳۱			
	لژاندر (۲،۵)	۰/۰۰۳۱۳	۰/۰۰۲۱۱			
مقدار پروتئین	لژاندر (۲،۶)	۰/۰۰۳۰۱۱	۰/۰۰۲۰۶			
	لژاندر (۳،۴)	۰/۰۰۲۴۶۶	۰/۰۰۰۲۲۰۴	۰/۰۰۰۰۶۳۷		
	لژاندر (۳،۵)	۰/۰۰۲۵۰	۰/۰۰۰۲۲	۰/۰۰۰۰۶۳۹		
	لژاندر (۳،۶)	۰/۰۰۲۴۸۵	۰/۰۰۰۲۱۹۲	۰/۰۰۰۰۶۴۰		
	لژاندر (۴،۵)	۰/۰۰۲۴۶۹	۰/۰۰۰۲۱۷۴	۰/۰۰۰۰۷۸۴۵	۰/۰۰۰۰۱۵۲	
	لژاندر (۵،۶)	۰/۰۰۲۴۸	۰/۰۰۰۲۲۳	۰/۰۰۰۰۷۹۸۴	۰/۰۰۰۰۱۳۹	۰/۰۰۰۰۰۳۰۵

ای را گزارش کرده‌اند. بعد از این مرحله واریانس محیطی دائمی روند نزولی نشان داد و در نهایت در انتهای دوره شیردهی دوباره افزایش ناچیزی مشاهده شد. این نتایج با نتایج بروس و همکاران (۲۰۰۴) و بیاسوز و همکاران (۲۰۱۱) مطابقت دارد. همانطور که از نمودارها مشخص است، ملاحظه شد که واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و

بعد از افت واریانس ژنتیکی افزایشی در ابتدای دوره، تقریباً از روز ۲۵ شیردهی به بعد سیر صعودی ملایمی تا اواخر دوره شیردهی مشاهده شد و در انتهای دوره حداکثر واریانس ژنتیکی افزایشی را وجود داشت. حداکثر میزان واریانس محیطی دائمی در اوایل دوره شیردهی مشاهده شد. استرابل و همکاران (۲۰۰۵) نیز چنین نتیجه-

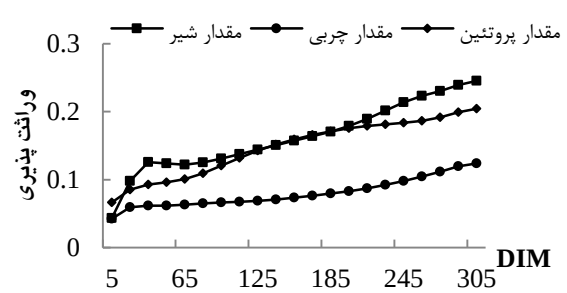
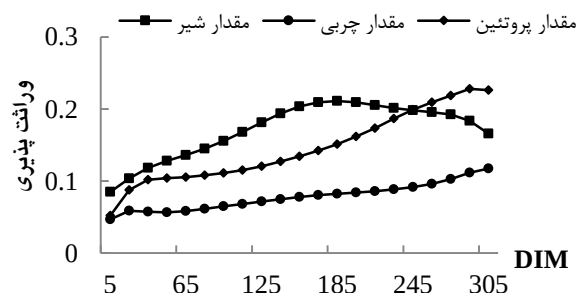
محیطی دائمی در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی و نری در طول دوره شیردهی روند تقریباً یکسانی را طی نمودند.



شکل ۱- واریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی (A) و مدل رگرسیون تصادفی نری (B)

همکاران (b) (۱۳۹۱)؛ تاکما و آکباش (۲۰۰۷) بود. دامنه وراثت‌پذیری مقدار تولید شیر، مقدار چربی و مقدار پروتئین در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی در محدوده ۰/۰۵ تا ۰/۲۵، ۰/۰۴ تا ۰/۱۳ و ۰/۰۷ تا ۰/۲۱ برآورد گردید.

وراثت‌پذیری صفات مورد بررسی در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی و نری در شکل ۲ نشان داده شده است. در این مطالعه حداقل میزان وراثت‌پذیری صفات مورد بررسی در اوایل دوره شیردهی مشاهده شد، این نتایج مطابق یافته‌های جنگلر و همکاران (۲۰۰۵)؛ مقدس زاده و همکاران (۱۳۸۳)؛ بهلولی و علیجانی (۲۰۱۲)؛ محمدی و



شکل ۲- وراثت‌پذیری مقادیر تولید شیر، چربی و پروتئین در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی (A) و مدل رگرسیون تصادفی نری (B)

همچنین دامنه وراثت‌پذیری این صفات در مدل رگرسیون تصادفی نری در محدوده ۰/۰۸ تا ۰/۲۱، ۰/۰۵ تا ۰/۱۲ و ۰/۰۵ تا ۰/۲۳ برآورد گردید.

جدول ۶- واریانس‌های ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی و فنوتیپی روزهای مختلف شیردهی برای مقدار تولید شیر با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی حیوانی و چندجمله‌ای‌های لژاندر

چندجمله‌ای‌های لژاندر							
LP(5,6)	LP(4,5)	LP(3,6)	LP(3,5)	LP(3,4)	LP(2,5)	LP(2,4)	DIM
مؤلفه‌های واریانس							
۴/۳۴۲	۵/۱۲۵	۴/۳۴۲	۴/۳۹۶	۴/۳۷۳	۴/۵۷۹	۴/۴۵۷	۵
۴/۷۳۵	۵/۶۲۱	۴/۷۳۵	۴/۷۸۱	۴/۶۲۳	۴/۶۲۶	۴/۴۹۲	۶۵
۶/۶۸۴	۷/۶۳۰	۶/۶۸۳	۶/۷۳۶	۶/۶۳۱	۵/۲۶۲	۵/۰۹۸	۱۲۵
۷/۸۸۹	۷/۴۵	۷/۸۸۶	۷/۹۲۹	۷/۷۰۷	۶/۴۸۶	۶/۲۷۵	۱۸۵
۸/۱۵۹	۷/۶۲۳	۸/۱۵۹	۸/۱۹۰	۷/۷۱۰	۸/۲۹۹	۸/۰۲۳	۲۴۵
۹/۴۱۲	۱۱/۰۴۵	۹/۴۱۲	۹/۵۰۴	۹/۰۵۴	۱۰/۷۰۱	۱۰/۳۴۳	۳۰۵
ژنتیکی افزایشی							
۵۷/۲۴۴	۳۵/۸۵۴	۵۷/۲۴۴	۴۸/۵۷۱	۳۶/۵۳۷	۷۵/۱۶۸	۵۵/۸۸۰	۵
۲۲/۰۶۶	۱۸/۸۴۸	۲۲/۰۶۵	۲۰/۵۸۰	۱۷/۲۷۷	۲۰/۶۷۷	۱۷/۳۵۴	۶۵
۱۶/۶۲۰	۱۵/۹۸۱	۱۶/۶۲۰	۱۶/۷۲۵	۱۷/۳۹۲	۲۰/۵۰۱	۲۱/۹۵۰	۱۲۵
۱۷/۸۱۰	۱۷/۳۸۴	۱۷/۸۱۰	۱۷/۲۳۸	۱۶/۷۴۹	۱۸/۵۷۵	۱۸/۷۲۸	۱۸۵
۱۹/۵۲۶	۲۰/۷۸۶	۱۹/۵۲۶	۱۹/۹۰۸	۱۹/۲۶۹	۱۹/۵۴۳	۱۸/۴۱۵	۲۴۵
۲۶/۱۶۹	۲۱/۲۷۸	۲۶/۱۶۹	۲۳/۶۹۹	۲۹/۸۱۷	۲۴/۶۲۶	۲۴/۱۶۹	۳۰۵
محیط دائمی							
۷۲/۹۸۶	۵۲/۷۹۹	۷۲/۸۸۶	۶۴/۶۷۷	۵۳/۵۰۰	۹۱/۴۷۸	۷۲/۸۶۷	۵
۳۸/۲۰۱	۳۶/۲۸۹	۳۸/۱۰۱	۳۷/۰۷۲	۳۴/۴۸۹	۳۷/۰۳۳	۳۴/۳۷۶	۶۵
۳۴/۷۰۴	۳۵/۴۳۱	۳۴/۶۰۴	۳۵/۱۷۱	۳۶/۶۱۳	۳۷/۴۹۳	۳۹/۵۷۹	۱۲۵
۳۷/۰۹۸	۳۶/۶۲۹	۳۶/۹۹۹	۳۶/۸۷۸	۳۷/۰۴۷	۳۶/۷۹۱	۳۷/۵۳۲	۱۸۵
۳۹/۰۸۵	۴۰/۲۲۹	۳۸/۹۸۵	۳۹/۸۰۹	۳۹/۵۶۹	۳۹/۵۷۲	۳۸/۹۶۸	۲۴۵
۴۶/۹۸۱	۴۴/۱۴۳	۴۶/۸۸۲	۴۴/۹۱۴	۵۱/۴۶۱	۴۷/۰۵۷	۴۷/۰۴۳	۳۰۵
فنوتیپی							

شیردهی و بالاترین میزان وراثت‌پذیری برای مقدار تولید شیر در ماه شش از دوره شیردهی بود.

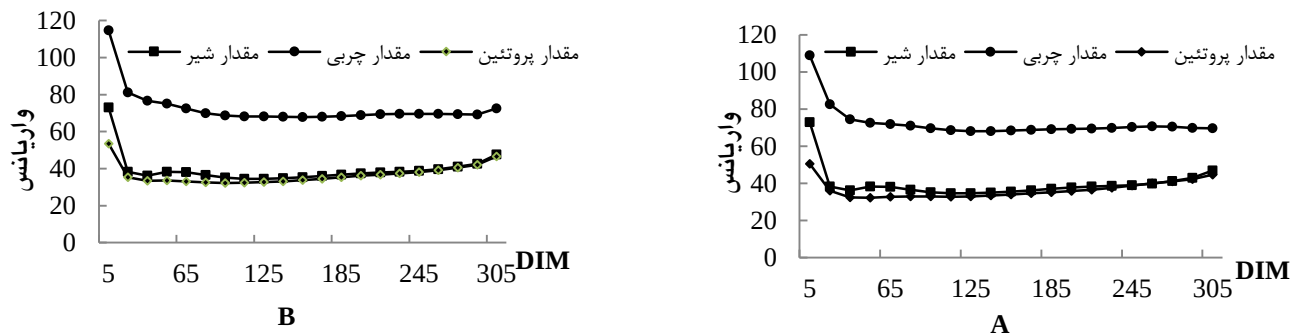
دلیل اینکه وراثت‌پذیری در اوایل دوره شیردهی پایین می‌باشد این است که واریانس محیطی دائمی در این مرحله از شیردهی بالا به‌دست آمده است و با توجه به اینکه در اواخر دوره شیردهی واریانس ژنتیکی افزایشی بالاتر بود لذا در این بخش از دوره شیردهی وراثت‌پذیری بیشترین مقدار بود. این نتایج مطابق نتایج بدست آمده توسط

بطور کلی، در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی، وراثت-پذیری صفات مختلف در طول دوره شیردهی سیر صعودی نشان دادند. این افزایش در وراثت‌پذیری تنها مربوط به افزایش مقادیر مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی افزایشی نبود، بلکه به کاهش مقادیر مؤلفه‌های محیطی دائمی بین مدل‌ها نیز بر می‌گردد، (بیاسوز و همکاران ۲۰۱۱). ولی در مدل رگرسیون تصادفی نری، برای مقادیر چربی و پروتئین شاهد سیر صعودی در طول دوره

جنسن (۲۰۰۱): کوبوکی و همکاران (۲۰۰۹): شادپور و همکاران (۲۰۰۵): محمدی و همکاران (b) (۱۳۹۱) و رزم کبیر و همکاران (۱۳۸۷) است. وراثت‌پذیری ۳۰۵ روز تولید شیر (۰/۳۰)، تولید چربی (۰/۲۸) و تولید پروتئین (۰/۲۹)، بالاتر از وراثت‌پذیری روزآزمون‌شان برآورد گردید. با توجه به نتایج بدست آمده از نمودارهای

چند جمله‌ای‌های لژاندر

LP(5,6)	LP(4,5)	LP(3,6)	LP(3,5)	LP(3,4)	LP(2,5)	LP(2,4)	DIM	مؤلفه‌های واریانس
۰/۹۴۹	۰/۷۸۴	۰/۶۱۴	۰/۶۱۲	۰/۶۵۹	۰/۵۰۸	۰/۵۰۲	۵	
۰/۵۲۷	۰/۴۸۳	۰/۴۵۸	۰/۴۵۹	۰/۴۶۶	۰/۴۵۸	۰/۴۵۴	۶۵	ژنتیکی افزایشی
۰/۵۵۳	۰/۵۶۷	۰/۵۲۴	۰/۵۲۴	۰/۵۲۸	۰/۴۷۰	۰/۴۷۱	۱۲۵	
۰/۵۷۸	۰/۵۷۶	۰/۶۰۲	۰/۶۰۲	۰/۶۰۵	۰/۵۴۵	۰/۵۵۳	۱۸۵	
۰/۶۹۱	۰/۶۶۱	۰/۶۷۹	۰/۶۷۵	۰/۶۷۹	۰/۶۸۳	۰/۶۹۹	۲۴۵	
۰/۸۸۶	۰/۹۱۵	۰/۹۴۷	۰/۹۱۴	۰/۹۵۰	۰/۸۸۳	۰/۹۰۹	۳۰۵	
۵/۵۷۹	۵/۳۲۵	۶/۱۴۲	۵/۵۶۳	۶/۱۴۲	۶/۰۴۳	۴/۹۳۱	۵	
۲/۰۷۵	۱/۹۸۵	۲/۱۴۱	۲/۰۱۱	۱/۶۹۵	۲/۰۰۵	۱/۶۹۶	۶۵	
۱/۶۳۳	۱/۵۳۳	۱/۶۴۸	۱/۵۶۵	۱/۶۰۹	۱/۶۳۱	۰/۶۸۸	۱۲۵	
۱/۶۲۲	۱/۶۰۹	۱/۵۸۶	۱/۵۸۹	۱/۵۰۲	۱/۶۳۴	۱/۵۵۱	۱۸۵	
۱/۶۲۹	۱/۶۴۶	۱/۶۲۱	۱/۶۲۹	۱/۶۰۵	۱/۶۱۳	۱/۵۷۶	۲۴۵	
۱/۷۱۵	۱/۳۵۸	۱/۵۵۳	۱/۳۳۲	۱/۲۸۲	۱/۳۲۲	۱/۱۴۵	۳۰۵	
۱۱/۲۸۴	۱۰/۸۳۴	۱۰/۴۲۴	۱۰/۸۹۹	۱۰/۰۱۱	۱۱/۲۸۱	۱۰/۲۵۳	۵	فنوتیپی
۷/۲۵۸	۷/۱۹۱	۷/۲۶۷	۷/۱۹۵	۶/۹۷۴	۷/۱۹۲	۶/۹۶۹	۶۵	
۶/۸۴۲	۶/۸۲۳	۶/۸۴۰	۶/۸۱۳	۶/۹۴۹	۶/۸۳۱	۶/۹۷۹	۱۲۵	
۶/۸۵۶	۶/۹۰۸	۶/۸۵۶	۶/۹۱۵	۶/۹۱۹	۶/۹۰۹	۶/۹۲۴	۱۸۵	
۶/۹۷۷	۷/۰۲۹	۶/۹۶۸	۶/۰۲۸	۷/۰۹۶	۷/۰۲۵	۷/۰۹۵	۲۴۵	
۷/۲۵۷	۶/۹۹۵	۷/۱۶۸	۶/۹۶۹	۷/۰۴۴	۶/۹۳۴	۶/۸۷۶	۳۰۵	



شکل ۳- واریانس فنوتیپی مقدار تولید شیر، چربی (×۱۰۰۰)، پروتئین (×۱۰۰۰) مدل رگرسیون تصادفی حیوانی (A) و نری (B)

جدول ۸- واریانس‌های ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی و فنوتیپی روزهای مختلف شیردهی برای مقدار پروتئین با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی حیوانی و چندجمله‌ای‌های لژاندر

چندجمله‌ای‌های لژاندر							DIM
LP(5,6)	LP(4,5)	LP(3,6)	LP(3,5)	LP(3,4)	LP(2,5)	LP(2,4)	
مؤلفه‌های واریانس							
۰/۴۹۴	۰/۳۹۰	۰/۳۳۱	۰/۳۳۴	۰/۳۲۷	۰/۳۴۲	۰/۳۳۶	۵
۰/۳۶۴	۰/۳۵۶	۰/۳۲۸	۰/۳۳۱	۰/۳۲۸	۰/۳۲۸	۰/۳۲۵	۶۵
۰/۴۸۶	۰/۵۰۳	۰/۴۶۸	۰/۴۷۰	۰/۴۶۹	۰/۳۸۷	۰/۳۸۵	۱۲۵
۰/۶۰۲	۰/۵۸۵	۰/۵۹۹	۰/۶۰۲	۰/۶۰۲	۰/۵۱۷	۰/۵۱۴	۱۸۵
۰/۷۰۱	۰/۶۹۹	۰/۷۰۸	۰/۷۱۰	۰/۷۰۶	۰/۷۱۹	۰/۷۱۴	۲۴۵
۰/۹۹۰	۰/۹۳۷	۰/۹۱۳	۰/۹۱۱	۰/۸۹۶	۰/۹۹۴	۰/۹۸۴	۳۰۵
محیط دائمی							
۲/۹۳۷	۲/۸۵۷	۳/۴۹۴	۳/۱۷۱	۲/۶۰۴	۴/۵۴۵	۳/۷۲۰	۵
۱/۴۰۳	۱/۳۶۰	۱/۴۷۳	۱/۴۰۵	۱/۲۴۶	۱/۴۰۸	۱/۲۴۹	۶۵
۱/۲۸۴	۱/۲۵۶	۱/۲۹۷	۱/۲۸۴	۱/۳۰۳	۱/۵۲۱	۱/۵۷۲	۱۲۵
۱/۴۳۰	۱/۳۸۹	۱/۴۲۷	۱/۳۸۰	۱/۳۴۵	۱/۵۰۰	۱/۴۹۵	۱۸۵
۱/۵۹۹	۱/۶۳۶	۱/۵۹۷	۱/۶۲۱	۱/۵۶۸	۱/۵۸۳	۱/۵۱۱	۲۴۵
۱/۹۸۲	۱/۸۶۷	۲/۱۱۵	۲/۰۰۷	۲/۳۰۹	۲/۰۹۲	۲/۱۷۸	۳۰۵
فنوتیپی							
۴/۹۳۹	۴/۷۸۸	۵/۳۳۴	۵/۰۴۳	۴/۵۱۵	۶/۴۲۷	۵/۶۳۹	۵
۳/۲۷۴	۳/۲۵۸	۳/۳۰۹	۳/۲۷۴	۳/۱۵۸	۳/۲۷۷	۳/۱۵۶	۶۵
۳/۲۷۷	۳/۳۰۰	۳/۲۷۲	۳/۲۹۲	۳/۳۵۹	۳/۴۴۸	۳/۵۳۹	۱۲۵
۳/۵۳۹	۳/۵۱۵	۳/۵۳۵	۳/۵۲۱	۳/۵۳۱	۳/۵۵۷	۳/۵۹۱	۱۸۵
۳/۸۰۷	۳/۸۷۶	۳/۸۱۳	۳/۸۶۹	۳/۸۵۸	۳/۸۴۳	۳/۸۰۷	۲۴۵
۴/۴۷۹	۴/۳۴۶	۴/۵۳۶	۴/۴۵۶	۴/۷۸۹	۴/۶۲۶	۴/۷۴۳	۳۰۵

محیطی دائمی و فنوتیپی، با استفاده از مدل رگرسیون

مؤلفه‌های واریانس، شامل واریانس‌های ژنتیکی افزایشی،

نتایج نشان داد مقادیر واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی تحت تأثیر درجه برازش چندجمله‌ای لژاندر قرار می‌گیرد. یعنی با افزایش درجه برازش اثرات ژنتیکی افزایشی نسبت به محیطی دائمی، مقادیر واریانس‌های ژنتیکی افزایشی به خصوص در اوایل دوره بالاتر از زمانی بود که درجه برازش اثرات محیطی دائمی بزرگتر

چند جمله‌ای‌های لژاندر

LP(4,5)	LP(3,6)	LP(3,5)	LP(3,4)	LP(2,6)	LP(2,5)	LP(2,4)	DIM	مؤلفه‌های وارپانس
۱/۱۵۳	۱/۱۵۷	۱/۱۵۳	۱/۱۳۶	۱/۱۹۱	۱/۹۴۹	۱/۹۷۹	۵	ژنتیکی افزایشی
۱/۳۷۹	۱/۱۶۵	۱/۱۷۱	۱/۱۷۱	۱/۱۴۸	۱/۱۵۲	۱/۱۵۴	۶۵	
۱/۹۷۹	۱/۶۴۶	۱/۶۵۱	۱/۲۶۸	۱/۲۶۸	۱/۲۷۲	۱/۲۷۴	۱۲۵	
۱/۸۵۹	۱/۹۳۷	۱/۹۳۹	۱/۹۴۶	۱/۵۵۱	۱/۵۵۵	۱/۵۵۸	۱۸۵	
۱/۸۶۵	۱/۹۴۸	۱/۹۴۹	۱/۹۵۶	۱/۹۹۶	۲/۰۰۲	۲/۰۰۴	۲۴۵	
۲/۴۵۹	۲/۱۶۲	۲/۱۵۶	۲/۱۴۸	۲/۶۰۴	۲/۶۱۳	۲/۶۱۵	۳۰۵	
۳۹/۵۱۳	۶۰/۵۸۹	۵۱/۹۴۹	۳۹/۸۴۴	۹۵/۲۱۳	۷۸/۴۱۲	۵۹/۰۲۷	۵	محیط دائمی
۲۲/۹۳۸	۲۵/۶۱۰	۲۴/۱۳۹	۲۰/۷۲۵	۲۵/۶۲۳	۲۴/۱۳۶	۲۰/۷۰۶	۶۵	
۲۱/۴۸۹	۲۱/۵۰۵	۲۱/۶۶۵	۲۲/۲۵۵	۲۴/۴۶۶	۲۴/۴۶۶	۲۵/۸۰۹	۱۲۵	
۲۲/۸۰۶	۲۳/۵۸۲	۲۲/۹۸۶	۲۲/۳۸۶	۲۳/۳۸۷	۲۳/۳۸۷	۲۳/۴۰۳	۱۸۵	
۲۶/۴۶۶	۲۵/۵۷۹	۲۵/۹۶۴	۲۴/۹۶۴	۲۵/۲۷۷	۲۵/۶۴۳	۲۴/۲۸۹	۲۴۵	
۲۹/۶۱۰	۳۴/۲۰۸	۳۱/۲۰۹	۳۷/۱۰۸	۳۰/۴۶۰	۳۲/۶۲۷	۳۱/۶۸۰	۳۰۵	
۵۳/۲۴۴	۷۳/۰۰۷	۶۴/۷۹۲	۵۳/۵۵۱	۹۲/۶۴۴	۹۱/۳۲۷	۷۱/۴۶۵	۵	فنوتیپی
۳۶/۱۲۸	۳۸/۰۳۵	۳۷/۰۰۱	۳۴/۴۶۶	۳۸/۰۱۲	۳۷/۰۰۸	۳۳/۱۰۱	۶۵	
۳۵/۲۷۹	۳۴/۴۱۱	۳۵/۰۰۶	۳۶/۴۸۰	۳۶/۲۱۵	۳۷/۴۵۸	۳۸/۳۲۳	۱۲۵	
۳۶/۴۷۵	۳۶/۷۷۹	۳۶/۶۱۶	۳۶/۹۰۲	۳۷/۶۶۱	۳۶/۶۶۲	۳۶/۲۰۰	۱۸۵	
۴۰/۱۴۲	۳۸/۷۸۷	۳۹/۶۰۳	۳۹/۴۹۰	۳۸/۵۱۳	۳۹/۳۶۵	۳۷/۵۳۴	۲۴۵	
۴۳/۸۷۹	۴۷/۶۳۰	۴۵/۰۵۶	۵۱/۸۲۶	۴۴/۳۰۴	۴۶/۹۶۰	۴۵/۵۳۵	۳۰۵	

همبستگی ژنتیکی افزایشی در مورد صفات مورد بررسی، بین روزهای شیردهی مجاور می‌باشد و میزان آن با افزایش فاصله بین روزهای شیردهی کاهش می‌یابد. بطوریکه حداقل میزان همبستگی ژنتیکی افزایشی بین روزهای ۵م و ۳۰۵م دوره شیردهی برآورد گردید. مقدار تولید شیر، بالاترین همبستگی ژنتیکی افزایشی بین روزهای شیردهی را به خود اختصاص داد.

با توجه به اینکه مدل رگرسیون تصادفی ساختار واریانس-کوواریانس داده‌های تکرار شده در طول زمان یا زندگی حیوان را در نظر می‌گیرد، لذا با این مدل مؤلفه-های واریانس-کوواریانس مجزایی برای روزهای مختلف شیردهی برآورد می‌شود که از طریق آن می‌توان همبستگی ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم بین روزهای مختلف را برآورد کرد.

با توجه به اشکال ۴ مشخص است که حداکثر میزان

جدول ۱۰- واریانس‌های ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی و فنوتیپی روزهای مختلف شیردهی برای مقدار چربی با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی نری و چندجمله‌ای‌های لژاندر

چندجمله‌ای‌های لژاندر							
LP(5,6)	LP(4,5)	LP(3,6)	LP(3,5)	LP(2,5)	LP(3,4)	LP(2,4)	DIM
							مؤلفه‌های واریانس
۰/۱۸۹	۰/۲۰۳	۰/۱۳۵	۰/۱۸۴	۰/۱۷۲	۰/۲۷۰	۰/۱۷۳	۵
۰/۱۱۹	۰/۱۱۱	۰/۱۰۵	۰/۱۷۹	۰/۱۹۶	۰/۲۶۶	۰/۱۴۱	۶۵
۰/۱۲۶	۰/۱۳۹	۰/۱۲۲	۰/۱۹۵	۰/۱۹۸	۰/۲۶۵	۰/۲۴۶	۱۲۵
۰/۱۳۴	۰/۱۴۱	۰/۱۴۱	۰/۲۱۵	۰/۲۱۰	۰/۲۰۲	۰/۱۵۲	۱۸۵
۰/۱۶۰	۰/۱۵۹	۰/۱۶۰	۰/۲۱۹	۰/۲۳۷	۰/۲۷۱	۰/۱۶۹	۲۴۵
۰/۲۰۴	۰/۲۰۸	۰/۲۱۳	۰/۲۸۳	۰/۲۹۵	۰/۳۷۸	۰/۳۳۶	۳۰۵
							ژنتیکی افزایشی
۶/۴۲۷	۵/۹۵۲	۶/۶۷۴	۶/۵۳۴	۵/۵۵۹	۶/۳۵۳	۵/۵۲۲	۵
۲/۴۶۳	۲/۳۴۵	۲/۴۸۸	۱/۹۸۵	۲/۰۲۲	۲/۰۲۶	۲/۶۹۶	۶۵
۲/۰۳۷	۱/۹۴۹	۲/۰۳۸	۲/۰۱۸	۲/۲۶۱	۱/۷۶۲	۱/۶۸۸	۱۲۵
۲/۰۴۶	۲/۰۲۸	۲/۰۴۳	۲/۰۲۰	۲/۵۴۱	۲/۷۳۰	۲/۵۵۱	۱۸۵
۲/۱۳۷	۲/۱۴۵	۲/۱۴۲	۲/۷۶۲	۲/۰۱۹	۲/۴۸۴	۲/۵۷۶	۲۴۵
۲/۳۸۱	۲/۱۲۸	۲/۳۷۹	۲/۶۵۳	۲/۰۲۴	۲/۰۲۵	۲/۷۴۴	۳۰۵
							محیط دائمی
۱۱/۲۶۹	۱۰/۲۴۵	۱۱/۴۶۱	۱۱/۲۴۵	۱۰/۹۸۶	۱۱/۴۸۰	۱۱/۰۱۳	۵
۷/۲۳۶	۶/۲۷۷	۷/۲۴۵	۷/۶۷۳	۷/۵۱۰	۷/۰۱۸	۷/۸۹۱	۶۵
۶/۸۱۷	۶/۲۸۲	۶/۸۱۳	۶/۱۲۹	۶/۸۷۰	۶/۱۱۹	۶/۸۳۷	۱۲۵
۶/۸۳۴	۶/۸۶۲	۶/۸۳۷	۶/۲۳۷	۶/۲۸۶	۶/۶۵۱	۶/۶۲۵	۱۸۵
۶/۹۵۰	۶/۲۸۲	۶/۹۵۵	۷/۰۰۸	۶/۷۸۳	۶/۶۱۸	۶/۶۴۷	۲۴۵
۷/۲۳۹	۷/۸۴۳	۷/۲۴۶	۷/۹۸۵	۷/۸۰۳	۷/۹۹۰	۷/۹۰۱	۳۰۵
							فنوتیپی

برآورد همبستگی ژنتیکی در مدل رگرسیون تصادفی نیز

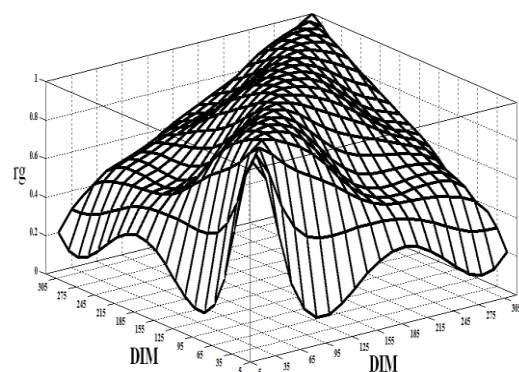
چنین نتایجی در دیگر مطالعات صورت گرفته در زمینه

مدل رگرسیون تصادفی نری است. بر عکس، در مدل رگرسیون تصادفی نری معایبی وجود دارد که سبب اریب پیش بینی ارزش اصلاحی حیوانات خواهد شد. بنابراین با توجه به نتایج بدست آمده، مدل رگرسیون تصادفی حیوانی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران، پیشنهاد گردید.

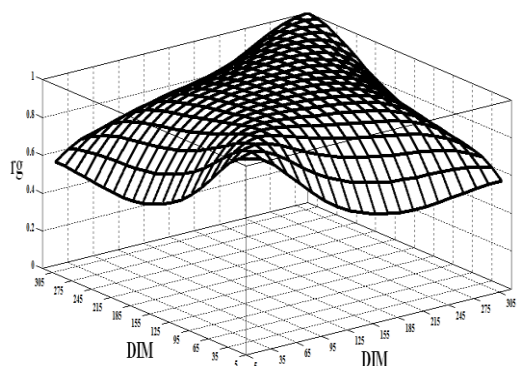
گزارش شده است. (جامروزیک و شفر ۱۹۹۷؛ جنگلر و همکاران ۱۹۹۹؛ جنسن ۲۰۰۱ و جاکوبسن و همکاران، ۲۰۰۲).
با توجه به نتایج بدست آمده مشخص شد، استفاده از مدل رگرسیون تصادفی حیوانی با توجه به استفاده از رکوردهای کلیه حیوانات، دقت برآوردهای آن بالاتر از

جدول ۱۱- واریانس‌های ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی و فنوتیپی روزهای مختلف شیردهی برای مقدار پروتئین با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی نری و چندجمله‌ای‌های لژاندر

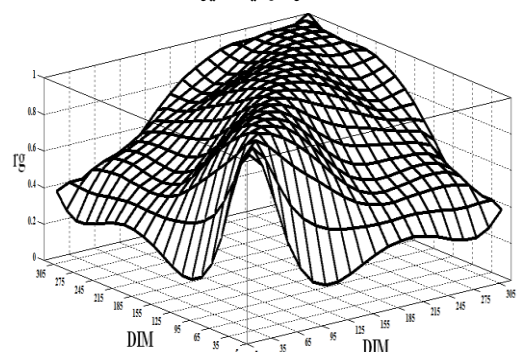
چندجمله‌ای‌های لژاندر							
LP(4,5)	LP(3,6)	LP(3,5)	LP(3,4)	LP(2,6)	LP(2,5)	LP(2,4)	DIM
مؤلفه‌های واریانس							
۰/۰۸۳	۰/۰۸۴	۰/۰۸۵	۰/۰۸۵	۰/۰۹۱	۰/۰۹۲	۰/۰۹۱	۵
۰/۰۹۳	۰/۰۸۸	۰/۰۸۹	۰/۰۸۹	۰/۰۸۸	۰/۰۸۸	۰/۰۸۸	۶۵
۰/۱۲۹	۰/۱۲۲	۰/۱۲۳	۰/۱۲۴	۰/۱۰۲	۰/۱۰۳	۰/۱۰۳	۱۲۵
۰/۱۵۷	۰/۱۵۶	۰/۱۵۶	۰/۱۵۷	۰/۱۳۶	۰/۱۳۷	۰/۱۳۷	۱۸۵
۰/۱۸۹	۰/۱۸۱	۰/۱۸۱	۰/۱۸۲	۰/۱۸۸	۰/۱۹۰	۰/۱۸۹	۲۴۵
۰/۲۰۶	۰/۲۱۸	۰/۲۱۸	۰/۲۱۷	۰/۲۵۹	۰/۲۶۱	۰/۲۶۰	۳۰۵
محیط دائمی							
۳/۱۴۹	۳/۷۵۳	۳/۴۲۹	۲/۸۵۱	۵/۳۹۲	۴/۷۹۳	۳/۹۶۵	۵
۱/۶۲۵	۱/۷۲۱	۱/۶۵۳	۱/۴۹۱	۱/۷۲۵	۱/۶۵۵	۱/۴۹۲	۶۵
۱/۶۲	۱/۶۴۳	۱/۶۳۳	۱/۶۵۱	۱/۸۰۰	۱/۸۱۴	۱/۸۶۲	۱۲۵
۱/۸۱۸	۱/۸۷۲	۱/۸۲۱	۱/۷۸۵	۱/۹۶۳	۱/۸۸۵	۱/۸۷۸	۱۸۵
۲/۱۵۱	۲/۱۲۷	۲/۱۴۵	۲/۰۸۷	۲/۹۵	۲/۱۱۱	۲/۰۳۳	۲۴۵
۲/۵۹۴	۲/۹۳۲	۲/۷۴۴	۲/۹۸۴	۲/۸۲۳	۲/۸۵۱	۲/۸۹۴	۳۰۵
فنوتیپی							
۴/۸۲۴	۵/۳۳۹	۵/۰۵۱	۴/۵۱۹	۶/۹۸۶	۶/۴۲۲	۵/۶۳۸	۵
۳/۲۵۸	۳/۳۱۱	۳/۲۷۸	۳/۱۶۳	۳/۳۱۶	۳/۲۸۲	۳/۱۶۲	۶۵
۳/۲۹۵	۳/۲۶۸	۳/۲۹۳	۳/۳۵۸	۳/۴۰۳	۳/۴۵۶	۳/۵۴۸	۱۲۵
۳/۵۱۵	۳/۵۳۰	۳/۵۱۳	۳/۵۲۵	۳/۶۰۲	۳/۵۶۰	۳/۵۹۷	۱۸۵
۳/۸۷۹	۳/۸۱۰	۳/۸۶۳	۳/۸۵۲	۳/۸۵۲	۳/۸۳۹	۳/۸۰۴	۲۴۵
۴/۳۴۱	۴/۶۵۲	۴/۴۹۹	۴/۷۸۵	۴/۷۸۵	۴/۶۵۰	۴/۷۳۶	۳۰۵



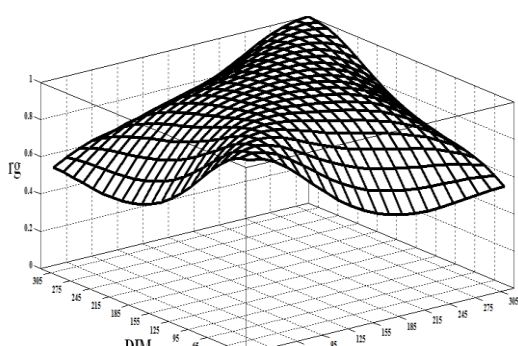
مقدار تولید شیر



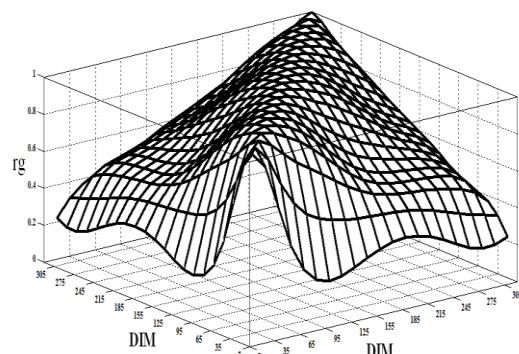
مقدار شیر



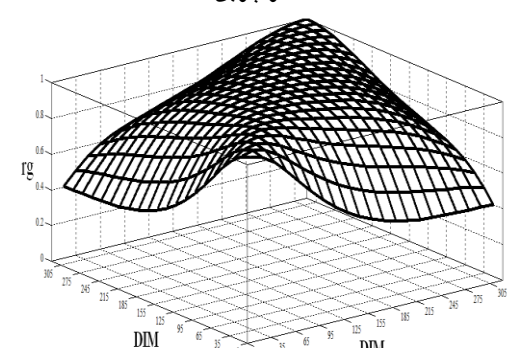
مقدار چربی



مقدار چربی



مقدار پروتئین



مقدار پروتئین

(B)

(A)

شکل ۴- همبستگی ژنتیکی افزایشی صفات مختلف در مدل رگرسیون تصادفی حیوانی (A) نری (B) در تابعی از روزهای شیردهی

منابع مورد استفاده

محمدی ع، علیجانی ص، رأفت سع، تقی‌زاده ا و بهلولی م. ۱۳۹۱. مقایسه برازش عملکرد توابع چند جمله‌ای در مدل رگرسیون تصادفی برای رکوردهای روزآزمون تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران. پژوهش‌های تولیدات دامی، سال سوم، شماره ۶ پاییز و زمستان. ص ۶۳-۶۶. (a).

محمدی ع، علیجانی ص، رأفت ع، تقی‌زاده ا و بهلولی م. ۱۳۹۱. برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روزآزمون تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران بوسیله مدل رگرسیون تصادفی. پنجمین گنگره علوم دامی دانشگاه اصفهان. ص ۴۷. (b).

- مقدس‌زاده اهرابی س، اسکندری نصب ص، علیجانی ص و عباسی م. ۱۳۸۳. ارزیابی ژنتیکی یک گله گاو هلشتاین برای صفات تولید شیر و چربی بر اساس رکوردهای روزآزمون و مدل رگرسیون تصادفی. اولین گنگره علوم دامی و آبزیان کشور، ۱۰-۱۲ شهریور ماه، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران.
- رزم کبیر م، مرادی شهر بابک م، پاکدل ع و نجاتی جوارمی ا. ۱۳۸۷. برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روزآزمون تولید شیر در گاوهای شیری. سومین گنگره علوم دامی کشور.
- Biassus LDO, Cobuci JA, Costa CN, Rorato PRN, Neto JB and Cardoso LL, 2011. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. *Revista Brasileira de Zootecnia* 40: 85-94.
- Bignardi AB, El Faro L, Cardoso L, Machado, PF and Albuquerque LGD, 2009. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. *Livestock Science* 123: 1-7.
- Bohloul M and Alijani S, 2012. Genotype by environment interaction for milk production traits in Iranian Holstein dairy cattle using random regression model. *Livestock Research for Rural Development* 24: 1-7.
- Cobuci JA, Costa CN, Neto JB and Freitas AF, 2011. Genetic parameters for milk production by using random regression models with different alternatives of fixed regression modeling. *Revista Brasileira de Zootecnia* 40:557-567.
- Costa NC, Melo CMRD, Pakcer LUAFD, Teixeira NM, Cobuci JA, 2008. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using legendre polynomials. *Revista Brasileira de Zootecnia* 37: 602-608.
- De Roose APW, Harbers AGF and Jong G, 2004. Random herd curves in a test-day model for milk, fat and protein production of dairy cattle in the Netherlands. *Journal of Dairy Science* 87: 2693-2701.
- El Faro L, Cardoso VL and Albuquerque LGd, 2008. Variance component estimates applying random regression models for test-day milk yield in Caracu heifers (*Bos taurus* Artiodactyla, Bovidae). *Genetics and Molecular Biology* 31: 665-673.
- Gadini CH, Keown JF and Van Vleck LD, 1998. Genetic parameters of test day milk, fat and protein yields. In 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, Australia 23:311-314.
- Gengler N, Wiggans GR and Gillon A, 2005. Adjustment for heterogeneous covariance due to herd milk yield by transformation of test-Day random regressions. *Journal of Dairy Science* 88: 2981-2990.
- Hammami H, Rekik B, Soyeurt H, Ben Gara A and Gengler N, 2008. Genetic parameters for Tunisian Holsteins using a test-day random regression model. *Journal of Dairy Science* 91:2118-2126.
- Jakobsen JHP, Madsen J, Jensen J, Pedersen LG and Sorensen DA, 2002. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimated in random regression models using REML. *Journal of Dairy Science* 85:1607-1616.
- Jamrozik J, Schaeffer LR and Dekkers, JCM, 1997. Genetic evaluation of Dairy Cattle using test day yields and random regression model. *Journal of Genetics and Breeding* 80: 1217-1226.
- Jensen J, 2001. Genetic evaluation of Dairy Cattle using test-day models. *Journal of Dairy Science* 84: 2803-2812.
- Kettunen A, Mantysaari EA, Strandén I, Poso J and Lidauer M, 1998. Estimation of genetic parameters for first lactation test day milk production using random regression models. In 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, Australia, 23:307.
- Mrode RA, 2005. Linear models for the prediction of animal breeding values. Second Edit. Penicuik, Midlothian, UK.
- Pool MH, Janss LLG and Meuwissen THE, 2000. Genetic parameters of legendre polynomials for first parity

- lactation curves. *Journal of Dairy Science* 83: 2640-2649.
- Sargolzae M, 2002. Pedigree, user guide. Department of animal and genetic, Animal Science Research Institute. Karaj. Iran.
- SAS Institute Inc, 2003. SAS 9.1 Help and documentation, Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Schaeffer LR and Dekkers JCM, 1994. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. *Proc. 5th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*. Guelph, Ontario, Canada XVIII:443-446.
- Shadparvar AA and Yazdanshenas MS, 2005. Genetic parameters of milk yield and milk fat percentage test day records of Iranian Holstein cows. *Journal of Animal Science* 9:1231-1236.
- 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.
- Takma C and Akbas Y, 2007. Estimates of genetic parameters for test day milk yields of a Holstein Friesian herd in Turkey with random regression models. *Journal of Archiv Tierzucht Dummerstorf* 50: 327-336.
- Takma C and Akbas Y, 2009. Comparison of fitting performance of random regression models to test day milk yields in Holstein Friesians. *Journal of Kafkas University Veterinary Fakultesi Dergisi* 15: 261-266.

Comparison of fitting performance of random regression animal and sire models for yield traits of Iranian Holstein dairy cattle

A Mohammadi^{1*}, S Alijani², SA Rafat² and A Taghizadeh²

Received: January 05, 2013 Accepted: September 25, 2013

¹MSc Student Department of Animal Science, University of Tabriz, Tabriz, Iran

²Assistant Prof, Associate Prof and Professor, respectively, Department of Animal Science, University of Tabriz, Iran

*Corresponding author: Email: alimohamadi36@gmail.com

Abstract

The main aim of this research was comparison of random regression animal and sire models for estimation of the genetic parameters for production traits of Iranian Holstein dairy cattle. For this purpose, were used the test day records 928513, 788577 and 653317 regarding milk, fat and protein yields, respectively, belonged to first of lactation of cows collected from 2003 to 2010, by the animal breeding center of Iran. Number of Cows 108873, 96511 and 79501 and number of herd 1483, 1400 and 1227 for milk, fat and protein yields, respectively. The genetic parameters were estimated using restricted maximum likelihood algorithm by random regression model with legend repolynomials. For comparison of models, $-2\log L$, Akaike's information criterion, Bayesian information criterion and Residual variances criteria were used. Homogeneous residual variance was assumed throughout lactation. According to that used the records of all animals in the random regression animal model, therefore is high accuracy. Additive genetic variance and permanent environmental variance was higher in end lactation and beginning lactation, respectively. Estimates of heritability milk, fat and protein yields traits for both animal and sire models were found to be lowest during early lactation. Estimates of heritability in the random regression animal model for milk yield, fat yield and protein yield ranged from 0.05 to 0.25, 0.04 to 0.13 and 0.07 to 0.21 and in the random regression sire model 0.08 to 0.21, 0.05 to 0.12 and 0.5 to 0.23 in the during lactation were estimated, respectively. Phenotypic variance of the considered traits during lactation was not constant for both random regression animal and sire models, it was higher at the beginning and the end of lactation. Additive genetic correlation between adjacent test days was higher than between distant test days. The random regression animal model, purposed for estimation of the genetic parameters for production traits of Iranian Holstein dairy cattle.

Keyword: Random Regression Model- Dairy cattle- Test day- Heritability- Genetic correlation