دوفصلنامه‌ی علمی تخصصی "هیستوبیولوژی دامپزشکی"
دوره هشتم، شماره اول، بهار و تابستان ۹۹

بررسی ژنتیکی تولید شیر زایش اول گاوهای هلشتاین ایرانی در روزآمون های مختلف

باقر زینوند مجرد[۱]،
ناصر امام جمعه کاشان[۲]naser_ejk@yahoo.com،
مهدی امین افشار[۴]aminafshar@gmail.com
۱، ۲ و۳- به ترتیب دانشجوی دکتری،استاد و استادیار اصلاح نژاد دام دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات تهران

چکیده

در این تحقیق، برای بررسی ژنتیکی تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران از ۲۰۲۸۲۰ رکورد روزآزمون تولید شیر زایش اول از تعداد ۳۸۵۴۷ رأس گاو هلشتاین در۱۶۳ گله مربوط به سال های ۱۳۸۷تا ۱۳۹۵ استفاده شد. رکوردهای روزآزمون با استفاده از یک مدل رگرسیون تصادفی و دارای اثرات ثابت گله-سال- فصل زایش و متغیرهای کمکی سن زایش اول و درصد ژن هلشتاین تجزیه و تحلیل شد. اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی گاوها برای شکل منحنی تولید در طول دورهٔ شیردهی، توسط چندجمله ای های متعامد لژاندر با توان چهار برازش شد. کم ترین و بیش ترین مقدار وراثت پذیری در ماه اول و نهم شیردهی به ترتیب(۰/۰۰۱±۰/۰۷)و(۰/۰۱± ۰/۲۴) برآورد شد. همبستگی ژنتیکی تولید شیر روزآزمون های مجاور زیاد و مقدار آن با افزایش فاصله بین ماه های رکوردگیری کمتر بود. حداقل همبستگی ژنتیکی بین ماه اول و دهم دوره شیردهی برآورد شد. حداکثر همبستگی ژنتیکی افزایشی بین ماه های مجاور شیردهی بود و با افزایش فاصله روز آزمون ها مقدار آن کم شد. حداقل همبستگی فنوتیپی بین ماه اول و دهم دوره شیردهی(۰/۲۳) برآورد شد. حداکثر همبستگی فنوتیپی بین ماه های مجاور شیردهی بود و میزان آن برای ماههای نهم و دهم ۰/۷۰ بود.

واژه‌های کلیدی: رگرسیون تصادفی ، روز آزمون ، وراثت پذیری ، هلشتاین ایران.

مقدمه

در گاوهای شیری انتخاب برای صفات تولیدی و پیشرفت ژنتیکی آنها از نظر اقتصادی اهمیت دارد. یکی از این صفات تولید شیر روزانه است. تولید شیر جزو مهمترین صفات مورد توجه در اهداف اصلاح نژاد محسوب می شود. مقدار شیر یک دوره شیردهی (در مدت استاندارد ۳۰۵ روز) معیار اصلی انتخاب در گاوهای شیری است.

از سال های قبل افزایش میانگین تولید شیر از طریق انتخاب ژنتیکی، مورد توجه دامپروران بوده است. روش ارزیابی ژنتیکی حیوانات برای تولید شیر از ابتدا تاکنون تغییرات زیادی داشته است. این روش ها شامل روش ارزیابی مادر – دختر، ارزیابی هم گله ای ها ، مقایسه گرو ه های هم زمان[1] و شاخص انتخاب بوده است. برای مدت زیادی ارزیابی ژنتیکی برای صفت تولید شیر و همچنین انتخاب گاوهای شیری برتر بر اساس رکوردهای ۳۰۵ روز شیردهی انجام می شد. در مدل ۳۰۵ روز، رکوردهای ماهانه تولید شیر برای عوامل محیطی(نظیر سن زایش، تعداد روزهای شیردهی، طول دوره خشکی و دفعات دوشش) تصحیح می شوند بنابراین، اثرات عوامل محیطی بر تغییرات عملکرد حیوانات حذف می شود(هندرسون ۱۹۷۵).

یک روش جدید ارزیابی ژنتیکی گاوهای شیری، استفاده از رکوردهای روز آزمون یعنی داده های تولید شیر در در هر ماه می باشد. تمایل به استفاده از این رکوردها در طی دهه گذشته افزایش یافته است. زیرا با استفاده از این رکوردها، دقت پیش بینی ارزش ارثی زیاد می شود. لذا در سال های اخیر از مدل های روزآزمون به عنوان جایگزین مناسب برای مدلهای ۳۰۵ روز استفاده می شود. داده های مربوط به رکورد برداری ماهانه تولید شیر هر حیوان اصطلاحاً رکوردهای روزآزمون نامیده می شوند که با استفاده از آنها تولید برای ۳۰۵روز محاسبه می شود. در مدل روزآزمون به علت وجود تعداد داده بیشتر از هر حیوان دقت ارزیابی ژنتیکی حیوانات افزایش می یابد. در صورت استفاده از رکورد های روز آزمون بجای رکورد های ۳۰۵ روز، امکان ارزیابی ژنتیکی حیوانات با استفاده از تعدادی داده روزآزمون وجود دارد که در نتیجه این عمل هزینه رکوردگیری کاهش می یابد(شفر۲۰۰۴). ارزیابی ژنتیکی با مدلهای روز آزمون باعث تسریع در شناسایی گاوهای نر و ماده شیری با ارزش ارثی کم می شود و در نتیجه می توان حیوانات با ارزش ارثی کم را زودتر از ارزیابی بر مبنای ۳۰۵ روز تولید حذف نمود. این امر باعث کاهش هزینه برنامه های آزمون نتاج در مقایسه با مدلهای۳۰۵ روز می گردد. بطور کلی مزایای استفاده از رکوردهای روزآزمون عبارت ازکاهش هزینه های رکورد گیری، کاهش فاصله نسل و افزایش پیشرفت ژنتیکی در واحد زمان، تصحیح مستقیم اثرات محیطی و برآورد دقیق تر آنها، افزایش دقت ارزیابی حیوانات، زیاد بودن انعطاف پذیری در مد لها و منظور نمودن تفاوت ها در شکل منحنی شیردهی است(پتک و شفر ۱۹۹۲).

اولین تجربه استفاده از رکوردهای روز آزمون مدل تکرارپذیری رگرسیون ثابت[2] بوده است. در این مدل از داده های روزآزمون حیوانات استفاده می شود. لذا مشکل استفاده از داده های تولید ۳۰۵ روز وجود نداشته و اثرات مربوط به کلیه گاوها در همان روزآزمون در داخل گله ها(HTD)[3] در نظر گرفته می شوند. بنابراین در این روش تصحیح اثرات محیطی موقت بر روز رکوردبرداری، در مقایسه با ارزیابی های مبتنی بر تولید ۳۰۵ روز، دقیق تر صورت می گیرد. همچنین در این مدل چگونگی منحنی شیردهی برای گروه گاوهای هم سن که در یک فصل و منطقه زایش کرده اند، در نظر گرفته می شود. این عمل از طریق محاسبه رگرسیون پارامترهای منحنی شیردهی بر روزآزمون هرگاو در داخل هر گروه انجام می شود. در این مدل، اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم در طول دوره شیرواری ثابت در نظر گرفته می شود. علی رغم اینکه می توان واریانس های باقیمانده متفاوت مربوط به مراحل مختلف شیردهی را با مدل رگرسیون ثابت برازش نمود، ولی در این روش نمی توان ساختار کوواریانس ژنتیکی را در مدل منظور نمود(شفر و دیکرز ۱۹۹۴).

یکی دیگر از مد لهای مورد استفاده در ارزیابی ژنتیکی حیوانات که در آن از رکور دهای روز آزمون استفاده می

[1]-contemporary Groups
[2] -Fixed Regression Model
[3] -Herd-Test-Day effect

شود، مدل رگرسیون تصادفی[1]است. استفاده از مدل رگرسیون تصادفی بدلیل انعطاف پذیر بودن(نظیر عدم نیاز به تصحیح داده ها، امکان منظور نمودن اثر محیطی مربوط به هر روز داده برداری، پیش بینی ارزش ارثی دامها در سن کم و کاهش فاصله نسل رو به گسترش است(جانسن ۲۰۰۱). در مدل رگرسیون تصادفی هر داده تولید شیر در هر نوبت داده برداری به عنوان یک صفت در نظر گرفته می شود و رگرسیون ارزش ژنتیکی افزایشی حیوان بر تولید هر روزآزمون پیش بینی می شود. در واقع مدل رگرسیون تصادفی برای تجزیه و تحلیل داده های تکرار شده صفا تی است که در طول زمان دارای تغییرات تدریجی و مداوم هستند . در صورت استفاده از این مدل نیاز نیست که مقادیر واریانس ها و کواریانسهای ژنتیکی و همبستگی آن ها ثابت در نظر گرفته شود. در این مدل ارزیابی ژنتیکی، ضرایب رگرسیون بر متغیرهای کمکی نیز به صورت تصادفی در نظر گرفته شده و بدین ترتیب تنوع بین حیوانات از نظر شکل منحنی تولید نیز منظور می شود. بنابراین، تفاوت های ژنتیکی بین حیوانات را می توان به صورت انحرافات از منحنی های شیردهی ثابت، به کمک منحنی های پارامتری تصادفی[2] و یا چندجمله ای های متعامد[3] (نظیر چند جمله ای های لژاندر و یا حتی منحنی های غیر پارامتری[4] نظیر اسپلاین های درجه سه طبیعی[5])در مدل منظور نمود. در اغلب مطالعات، از چندجمله ای های لژاندر استفاده می شود. زیرا این چندجمله ای ها هیچ فرضی در مورد شکل منحنی نداشته و کاربرد آنها نیز ساده است(سوالو ۲۰۰۰). این تحقیق با هدف ارزیابی ژنتیکی گاوهای هلشتاین ایران در روزآزمون های مختلف دوره شیردهی ۳۰۵ روز انجام و همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی بین رکوردهای روزآزمون برآورد شد. به این منظور از داده های روزآزمون اول(۵ الی۳۵ روز) و سایر روزآزمون ها(شامل ۳۰ روز شیردهی) و مدل رگرسیون تصادفی استفاده شد و پارامترهای ژنتیکی ،همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی هر یک از مراحل مختلف دوره شیردهی برآورد شد.

مواد و روش ها

در این تحقیق از تعداد۲۰۲۸۲۰ داده تولید شیر زایش اول۳۸۵۴۷ رأس گاوهای هلشتاین ایران موجود در مرکز اصلاح نژاد دام کشور(کرج) استفاده شد. داده های گاوهای مورد مطالعه از ۱۶۳ گله در شش استان کشور و در سال های ۱۳۷۸ تا ۱۳۹۵ بود. برای ارزیابی ژنتیکی گاوها برای تولید شیر در روزآزمون های مختلف، دوره شیردهی در ۳۰۱ روز(۵ الی۳۰۵) به ده مرحله تقسیم شد مرحله اول۳۱ روز(۵ الی۳۵ روز) و بقیه مراحل شامل ۳۰ روز شیر دهی می باشند. ویرایش و آماده کردن داده ها و تهیه فایل شجره، با استفاده از نرم افزار Fox pro 2.6 و Access انجام شد. در ویرایش داده ها از رکورد تولید شیر زایش اول دام ها در سال های ۱۳۷۸ تا ۱۳۹۴ استفاده شد. چون برای برآورد ارزش ارثی حیوانات از رکوردهای زایش اول گاوها استفاده شد دام هایی که سن زایش آنها کمتر از ۱۸ و بیشتر از ۳۶ ماه بود حذف شد.داده های روزآزمون که تاریخ اولین رکوردگیری آنها بین۵ تا۷۳ روز پس از زایش نبود حذف شد.حداکثر فاصله دو رکورد متوالی۶۰ روز در نظر گرفته شد.هم چنین گاوهای با کمتر از ده رکورد در سال حذف شد. پس از تصحیح و ویرایش داده ها و تهیه فایلهای شجره و تولید، فایلهای مورد نظر برای تجزیه و تحلیل در مدل رگرسیون تصادفی آماده شدند.

جدول ۱- ساختار داده ها و اطلاعات شجره ای حیوانات مورد مطالعه

اطلاعات	تعداد	اطلاعات	تعداد
تعداد رکوردها	۲۰۲۸۲۰	تعداد پدران دارای فرزند	۱۶۱۲
تعداد حیوانات	۳۸۵۴۷	تعداد مادران دارای فرزند	۱۸۶۱۷
تعداد حیوانات با رکورد	۲۰۲۸۲	تعداد پدربزرگ	۶۰۴
تعداد حیوانات نسل مبنا	۱۸۲۶۵	تعداد مادربزرگ	۱۹۱۲

[1] -Random regration
[2] -Random parametric curves
[3] -Orthogonal polynomials
[4] -Non parametric curves
[5] -Natural cubic splines

دلیل استفاده از رکوردهای زایش اول این است که اریبی ناشی از انتخاب حیوانات بر اساس رکوردهای قبلی آنها وجود نداشته باشد. همچنین تغییرات رکوردهای تولید شیر مربوط به زایش اول تحت تأثیر عواملی نظیر دوره خشکی قبل از زایش، فاصله دو زایش و طول دوره غیر آبستنی نبوده و نیاز به تصحیح رکوردهای تولید شیر زایش اول برای آنها نیست. مؤلفه های واریانس،کوواریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات با استفاده از برنامه DXMRR نرم افزارDFREML برآوردگردید. از نرم افزارSAS وSPSS برای محاسبه خصوصیات آماری صفات تولید و تجزیه واریانس و محاسبه ضرایب رگرسیون استفاده شد. ازنرم افزار Excel برای ترسیم نمودار های مورد نیاز استفاده شد.

از مدل رگرسیون تصادفی بدلیل عدم نیاز به تصحیح داده ها، امکان منظور نمودن اثر محیطی خاص برای هر روز داده برداری، امکان پیش بینی ارزش ارثی دامها در روزآزمون های اولیه و کاهش فاصله نسل استفاده شد. در مدل رگرسیون تصادفی هر داده تولید شیر در هر نوبت داده برداری به عنوان یک صفت در نظر گرفته می شود و رگرسیون ارزش ژنتیکی افزایشی حیوان بر تولید در هر داده برداری برآورد می شود. در واقع مدل رگرسیون تصادفی برای تجزیه و تحلیل داده های تکرار شده صفاتی است که در طول زمان دارای تغییرات تدریجی و مداوم هستند . در صورت استفاده از این مدلها نیاز به در نظر گرفتن فرضیات در مورد ثابت بودن واریانس-کواریانسهای ژنتیکی و همبستگی ها نیست (جامروزیک و شفر ۱۹۹۷).

از مدل دام با رگرسیون تصادفی برای تجزیه و تحلیل ارقام استفاده شد(جنسن۲۰۰۱):

$$y_{ijt} = \mu + HYS_{it} + \sum_{m=1}^{2}\beta_m(A_{ijt}-\overline{A})^m + \sum_{m=1}^{2}\delta_m(HF_{ijt}-\overline{HF})^m + \sum_{R=0}^{K-1}(\gamma_R\phi_R(t)) + \sum_{R=0}^{Ka}(a_{jRt}\phi_R(t)) + \sum_{R=0}^{Kc}(pe_{jRt}\phi_R(t)) + ME_{ijt}$$

در این مدل:

y_{ijt} ؛رکورد ماهانه تولید شیر در زمان t شیردهی در i امین گروه گله -سال- فصل مربوط به j امین گاو،

μ ؛ میانگین کل تولید شیر روزانه،

HYS_{it} ؛ اثر ثابت گله- سال- فصل،

$\sum_{m=1}^{2}\beta_m(A_{ijt}-\overline{A})^m$ ؛اثر متغیر کمکی سن زایش حیوان (ماه) با درجه برازش ۱ و۲ ، $\sum_{m=1}^{2}\delta_m(HF_{ijt}-\overline{HF})^m$ ؛اثر متغیر کمکی درصد خلوص ژن هلشتاین با درجه برازش ۱و ۲،

$\sum_{R=0}^{K-1}(\gamma_R\phi_R(t))$ ؛تابع چند جمله ای لژاندر برای اثرات روز شیردهی(روزآزمون های اول تا دهم)،

$\sum_{R=0}^{Ka}(a_{jRt}\phi_R(t))$ ؛تابع چند جمله ای لژاندر برای اثرات افزایشی حیوان با درجه برازش ka ،

$\sum_{R=0}^{Kc}(pe_{jRt}\phi_R(t))$ ؛ تابع چند جمله ای لژاندر برای اثرات محیطی دائمی با درجه برازش kc ،

ME_{ijt} ؛ اثر خطای باقیمانده می باشد.

برای تشکیل مدل منحنی شیردهی به کمک چندجمله ای های لژاندر لازم است که ماتریس Φ محاسبه شود. در واقع Φ*ماتریس* چند جمله ایهای لژاندر ارزیابی شده در روزهای شیردهی متفاوت است و ابعاد آن برابر با k×t می باشدکه t برابر تعداد روزهای شیردهی و k درجه برازش می باشد. هر عنصر این ماتریس نیز عبارت از j امین چند جمله ای لژاندر ارزیابی شده در روز شیردهی(DIM) استاندارد شده t ام است. اگر d_{min} و d_{max} اولین و آخرین DIM در این روند باشند، در این صورت روز شیردهی d_t را می توان از معادله زیر به a_t استاندارد نمود که عددی بین۱- و۱+ می باشد(مقدس زاده و همکاران۲۰۰۵):

$$a_t = -1 + \frac{2(d_t - d_{\min})}{(d_{\max} - d_{\min})}$$

در نماد ماتریسی $\varphi = M\Lambda$ می باشد. در این رابطه M *ماتریسی* است که دارای چندجمله ایهای مقادیر روزهای شیردهی استاندارد شده بوده و ابعاد آن $t \times k$ می باشد و عناصر آن به صورت $m_{ij} = a_t^{j-1}(i = 1,....t,; j = 1,..., k)$ محاسبه می شوند().

$$p_j(t) = \frac{1}{2^j} \sum_{r=0}^{\frac{1}{2}j} \frac{(-1)^r (2j-2r)!}{r!(j-r)!(j-2r)!} t^{j-2r}$$

در این فرمول اگرj یک عدد فرد باشد به جای $\frac{1}{2}j$ از $\frac{1}{2}(j-1)$ استفاده می شود. سپس مقدار نرمال شده

$$\Lambda_j(t) = \sqrt{\frac{2n+1}{2}} p_j(t)$$

در مدل مورد استفاده مولفه های واریانس به روش حداکثر درستنمایی محدود شده(REML) و با استفاده از الگوریتم AI توسط برنامه های DXMRR و DFUNI از نرم افزار تخصصی DFREML و با در نظر گرفتن معیار همگرایی[1] ($۱۰^{-۸}$) برآورد شد. برآوردهای حاصل برای مؤلفه های واریانس - کوواریانس ژنتیک افزایشی و

$$\phi_R(t) = \frac{1}{2^R} \sqrt{\frac{2R+1}{2}} \sum_{M=0}^{R/2} (-1)^M \binom{R}{M} \binom{2R-2M}{R} + t^{R-2M}$$

در این معادله $\phi_R(t)$ جمله R ام از تابع لژاندر و t روز شیردهی(روزآزمون های اول تا دهم) استاندارد شده (DIM_{std}) در فاصله ۱+ تا ۱- می باشد.

برای انجام محاسبات براساس مدل رگرسیون تصادفی از برنامه DXMRR موجود در نرم افزارDFREML

در ضمن Λ نیز یک ماتریس با ابعاد k است که شامل ضرایب چندجمله ای های لژاندر می باشد. برای محاسبه عناصر آن ابتدا چندجمله ای لژاندر j ام ارزیابی شده در روز t ام یعنی $p_j(t)$ از فرمول زیر محاسبه می شود:

آن که از فرمول زیر محاسبه می شود بر حسب درجه t در ستونهای ماتریس Λ قرار میگیرند.

محیطی دائمی از طریق اجرای مجدد برنامه کنترل گردید تا اطمینان حاصل شود که تابع درست نمایی حداکثر حاصل شده است و درنتیجه برآوردهای قبل تغییر نکرده است.

تابع چند جمله ای لژاندر از معادله زیر محاسبه می شود (شیفر۲۰۰۴):

استفاده شد و کلیه محاسبات براساس الگوریتم میانگین اطلاعات(AI-REML) انجام شد.

مدل رگرسون تصادفی در نماد ماتریسی به صورت معادله زیر نوشته می شود(استرابل و همکاران۲۰۰۵):

1-Convergence criterion

$$y = Xb + Qu + Zpe + e$$

در این معادله:

y : بردار رکورد تولید شیر روزآزمون

b : بردار اثرات ثابت

u و pe به ترتیب بردارهای رگرسیون تصادفی برای اثرات ژنتیکی افزایشی حیوان ومحیط دائمی و X, Z , و Q ماتریس های ضرایب می باشند. فرض می شود که:

$$\text{var}(u) = A \otimes G \quad ، \quad \text{var}(pe) = I \otimes P \quad \text{و}$$

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Q & X'R^{-1}Z \\ Q'R^{-1}X & Q'R^{-1}Q + A^{-1} \otimes G & Q'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Q & Z'R^{-1}Z \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \\ \hat{pe} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Q'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{pmatrix}$$

در این معادلات:

y بردار تولیدات روزآزمون، b بردار اثرات گله، تاریخ رکوردگیری و رگرسیون های ثابت، u و pe بردارهای رگرسیون تصادفی برای اثرات ژنتیکی افزایشی حیوان و محیط دائمی، QوZ ماتریسهای متغیر کمکی می باشند. ماتریس های GوP به ترتیب ساختار کوواریانس ژنتیکی

$$v_{ij} = t_i G t_i'$$

در این رابطه، $t_i = \phi_{ik}$ و عبارت از i امین بردار ردیفی از ماتریس ϕ برای روز i است و k نیز درجه برازش را نشان

پس از تشکیل ماتریس های MME ،برای حل آن باید وابستگی بین معادلات را برطرف نمود. برای این منظور، سطح دهم اثرات ثابت (HTD) برابر صفر قرار داده شد.

$$v = \Phi \hat{b} = \sum_{i=4}^{310} \sum_{j=1}^{nf} \phi_{ij} \hat{b}_{2j}$$

در این رابطه Φ ،یک ماتریس از چند جمله ای لژاندر ارزیابی شده از روز ۴ تا ۳۱۰ شیردهی است. بنابراین با برآورد وراثت پذیری تابعی از واریانس ژنتیکی افزایشی ، محیطی دائمی و محیطی موقت در هر مرحله شیردهی است. برای محاسبه آن در هر مرحله، واریانس ژنتیکی افزایشی همان مرحله بر مجموع واریانس ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی و محیطی موقت همان مرحله تقسیم می شود. به عبارت دیگر با تقسیم واریانس ژنتیکی افزایشی به واریانس فنوتیپی در هر مرحله، وراثت پذیری آن مرحله برآورد می شود. وراثت پذیری $k'u$ را نیز می توان از

$\text{var}(e) = I\delta_e^2 = R$ هستند(سیدشریفی و همکاران۲۰۰۸). همچنین A ماتریس خویشاوندی و ⊗، نشانه ضرب کرونکر می باشند. ابعاد G وP نیز برابر با درجه چندجمله ای برازش شده برای اثرات حیوان و pe است.

معادلات مدل مختلط برای مدل رگرسیون تصادفی به صورت معادله زیرمی باشد(وانتازل و همکاران۱۹۹۲):

و محیطی دائمی روزآزمون ها(صفات) در طول دوره شیردهی را در مدل منظور می نمایند. بنابراین کوواریانس ژنتیکی بین روزآزمون i وj در طول این روند از ماتریس G محاسبه می شود. به عنوان مثال، واریانس ژنتیکی برای روزآزمون i ام یعنی(v_{ij}) از معادله زیر محاسبه می شود:

می دهد. بنابراین کوواریانس ژنتیکی بین روزآزمون i ام و j ام به صورت معادله زیر است:

$$v_{ij} = t_i G t_i'$$

جواب های حاصل برای رگرسیون تصادفی، در واقع ضرایب رگرسیونی هستند که میتوان به کمک آنها نمودارهایی از منحنی تولید شیر را ترسیم نمود.

ترسیم عناصر v در برابر DIM می توان منحنی شیردهی را ترسیم نمود.

$\frac{g}{g+p+e}$ محاسبه نمود. همچنین، $\alpha = \frac{4-h^2}{h^2}$ می باشد. فرض می شود که C^{ii} یک زیر ماتریس از معکوس MME، مربوط به اثر ژنتیکی حیوان iام باشد. بدین ترتیب، واریانس خطای پیش بینی حیوان i برابر با $(PEV_i) = K'C^{ii}K$ است. بنابراین درجه اعتماد $k'u$ عبارت از $\frac{1-PEV_i}{g}$ می باشد(شیفر۲۰۰۴).

در عمل محاسبه معکوس MME برای جوامع بزرگ ممکن نبوده و باید PEV را تقریبی برآورد نمود. به طور کلی EBV حاصل از مدل های رگرسیون تصادفی، توابع خطی از ضرایب رگرسیون می باشند. لذا در روش های مورد استفاده برای برآورد تقریبی قابلیت اعتماد، باید به طور همزمان مقادیر تقریبی PEV و کووار یانس خطای پیش بینی ضرایب رگرسیون تصادفی برآورد شود.

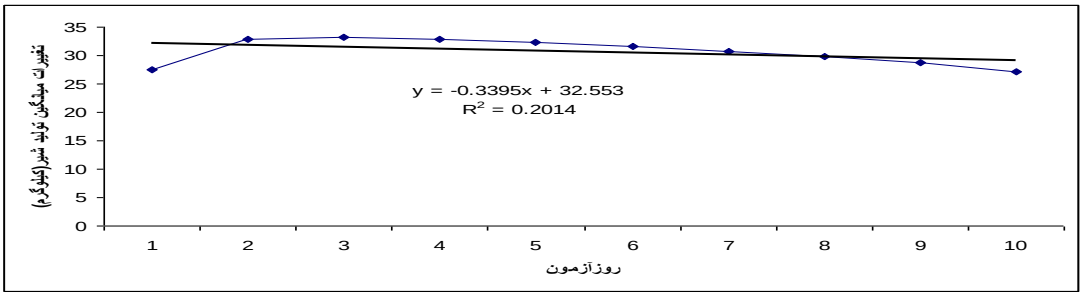
نتایج

میانگین تولید شیر در روزآزمون های مختلف در جدول ۱ ارائه شده است. میانگین تولید شیر در ماه سوم دوره شیردهی حداکثر(۳۳/۳) کیلوگرم و در ماه دهم کمترین (۲۷/۱) مقدار است. بیشترین و کمترین مقدار انحراف معیار تولید شیر به ترتیب در ماه های دهم۶/۷ و سوم۶/۳ کیلوگرم بود. میانگین تولید شیر روزانه در کل دوره ی شیردهی معادل ۳۰/۷ کیلوگرم برآورد شد.

جدول۱- میانگین(انحراف معیار) تولید شیر روزآزمون و سن شیردهی

روزآزمون	تعداد رکورد	تولید شیر(SE) ±μ(kg)	سن شیردهی(ماه)(SE) ±μ(kg)
TD1	۲۰۲۸۲	۲۷/۵ ± (۶/۴)	۲۶/۲ ± (۲/۵)
TD2	۲۰۲۸۲	۳۲/۸ ± (۶/۵)	۲۷/۲ ± (۲/۵)
TD3	۲۰۲۸۲	۳۳/۳ ± (۶/۴)	۲۸/۲ ± (۲/۵)
TD4	۲۰۲۸۲	۳۲/۹ ± (۶/۴)	۲۹/۲ ± (۲/۵)
TD5	۲۰۲۸۲	۳۲/۳ ± (۶/۴)	۳۰/۲ ± (۲/۵)
TD6	۲۰۲۸۲	۳۱/۶ ± (۶/۵)	۳۱/۲ ± (۲/۵)
TD7	۲۰۲۸۲	۳۰/۸ ± (۶/۵)	۳۲/۲ ± (۲/۵)
TD8	۲۰۲۸۲	۲۹/۹ ± (۶/۵)	۳۳/۲ ± (۲/۵)
TD9	۲۰۲۸۲	۲۸/۷ ± (۶/۶)	۳۴/۲ ± (۲/۵)
TD10	۲۰۲۸۲	۲۷/۱ ± (۶/۷)	۳۵/۲ ± (۲/۵)

TD1 تا TD10 به ترتیب روزآزمون اول تا دهم شیر دهی می باشند



نمودار ۱- روند تغییرات میانگین تولید شیر(کیلوگرم) روزآزمون اول تا دهم(ماههای مختلف شیردهی)

**عناصر قطری واریانس ژنتیکی افزایشی و عناصر غیر قطری کوواریانس ژنتیکی افزایشی روزآزمون های مختلف شیردهی می باشند.

نتایج تحقیق نشان داد واریانس ژنتیکی افزایشی تولید شیر در ابتدای دوره شیردهی کم و در اواخر دوره شیردهی بیشتر است. به طور کلی واریانس ژنتیکی افزایشی در نیمه دوم دوره بیشتر از نیمه اول بود(جدول شماره۲).

جدول۲- واریانس-کوواریانس ژنتیکی افزایشی در روزآزمون اول تا دهم و همبستگی آنها(پایین قطر)

روزآزمون	TD1	TD2	TD3	TD4	TD5	TD6	TD7	TD8	TD9	TD10
TD1	۲/۵									
TD2	۲/۴	۳/۱								
TD3	۲/۳	۳/۵	۴/۳							
TD4	۲/۲	۳/۷	۴/۸	۵/۵						
TD5	۲/۱	۳/۸	۵/۰	۵/۸	۶/۳					
TD6	۱/۹	۳/۷	۵/۱	۶/۰	۶/۵	۶/۸				
TD7	۱/۸	۳/۶	۵/۰	۶/۰	۶/۶	۶/۹	۷/۱			
TD8	۱/۷	۳/۵	۴/۸	۵/۸	۶/۵	۶/۹	۷/۱	۷/۲		
TD9	۱/۷	۳/۴	۴/۷	۵/۶	۶/۳	۶/۸	۷/۱	۷/۳	۷/۴	
TD10	۱/۷	۳/۳	۴/۵	۵/۵	۶/۲	۶/۷	۷/۱	۷/۳	۷/۶	۷/۹

*اعداد TD1 تا TD10 به ترتیب روزآزمون اول تا دهم شیر دهی می باشند.

بیشترین میزان واریانس ژنتیکی مربوط به روزآزمون دهم بود که با سایر مطالعات مطابقت دارد (بیگناردی و همکاران۲۰۰۹). در تعدادی از پژوهش ها مقدار واریانس ژنتیکی در ابتدای شیردهی بیشترین مقدار گزارش شده است(درات و همکاران۲۰۰۳).

صفت تولید شیر تحت تاثیر تعداد زیادی ژن است و تظاهر یا عدم تظاهر اثر تعدادی از ژنها در سنین و روزهای مختلف شیردهی سبب تغییراتی در فیزیولوژی و عملکرد حیوان و در نتیجه تغییر واریانس ژنتیکی افزایشی در طول دوره شیردهی می شود. همچنین تنش ناشی از تعادل منفی انرژی در چند ماه پس از زایش نیز می تواند به عنوان یک عامل مؤثر در این مورد باشد. به طور کلی احتیاجات حیوانات پر تولید از نظر انرژی و سایر مواد مغذی بیشتر از حیوانات کم تولید است. در ضمن میزان حساسیت این حیوانات نسبت به سایر عوامل محیطی نیز بیشتر است. در ماه های اول پس از زایش که تولید حیوان رو به افزایش است نحوه مدیریت و تغذیه آن ها بر میزان تولید بسیار موثر است. در صورتی که مدیریت و شرایط محیطی در حد مناسب برای این گاوها نباشد عملکرد آنها نیز کمتر از ظرفیت ژنتیکی آنها می باشد. این امر سبب می شود که تفاوت عملکرد گاو های با ظرفیت ژنتیکی زیاد و گاوهای با ظرفیت ژنتیکی کم غیر واقعی باشد. لذا ممکن است واریانس ژنتیکی در ماههای اول زایش کمتر از مقدار واقعی آن برآورد شود. به عبارت دیگر کم بودن وار یانس ژنتیکی در ماه های اول زایش ممکن است دلیلی بر زیاد بودن تأثیر عوامل محیطی و یا عدم توانایی دامپروران در مدیریت این گاوها در این مرحله باشد. در تحقیقات مختلف در گاوهای هلشتاین بیشترین مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی تولید شیر در ماه هشتم شیردهی گزارش شده است(فرهنگ فر و همکاران۲۰۰۵). کوواریانس ژنتیکی افزایشی روزآزمون های مجاور (ماه های شیردهی) حداکثر بود. ولی با افزایش فاصله روزآزمون ها کووار یانس ژنتیکی کمتر بود. به طوری که حداقل کووار یانس ژنتیکی بین ماه اول و دهم دوره شیردهی برآورد گردید.

جدول۳- واریانس-کوواریانس محیطی دائمی در روزآزمون اول تا دهم و همبستگی آنها(پایین قطر)

روزآزمون	TD1	TD2	TD3	TD4	TD5	TD6	TD7	TD8	TD9	TD10
TD1	۱۴/۲									
TD2	۱۲/۳	۱۲/۷								
TD3	۱۰/۷	۱۲/۵	۱۳/۳							
TD4	۹/۵	۱۱/۸	۱۳/۱	۱۳/۴						
TD5	۸/۶	۹/۸	۱۲/۴	۱۳/۱	۱۳/۲					
TD6	۸/۰	۹/۸	۱۱/۳	۱۲/۳	۱۲/۹	۱۳/۱				
TD7	۷/۵	۸/۸	۱۰/۱	۱۱/۲	۱۲/۲	۱۳/۰	۱۳/۴			
TD8	۷/۲	۸/۰	۹/۰	۱۰/۲	۱۱/۴	۱۲/۵	۱۳/۴	۱۳/۸		
TD9	۶/۹	۷/۵	۸/۴	۹/۴	۱۰/۶	۱۱/۷	۱۲/۹	۱۳/۹	۱۴/۸	
TD10	۶/۸	۷/۷	۸/۵	۹/۱	۹/۸	۱۰/۷	۱۱/۸	۱۳/۴	۱۵/۵	۱۸/۲

اعداد TD1 تا TD10 روزآزمون اول تا دهم شیر می باشند. عناصر قطری واریانس و عناصر غیر قطری کوواریانس محیطی دائمی بین روزآزمون ها را نشان می دهد.

واریانس محیطی دائمی برای تولید شیر در ماه های دهم و دوم شیردهی به ترتیب بیش ترین و کمترین مقدار بود. در تعدادی از تحقیقات بیشـــترین مقدار واریانس محیطی دائمی در ماه های اول دوره شـــیردهی(فرهنگ فر و همکاران۲۰۰۵) و در تعدادی دیگر نیز مقدار واریانس محیط دائمی در طول دوره شـیردهی ثابت گزارش شـده است(سیدشریفی و همکاران۲۰۰۸).

جدول۴- واریانس-کوواریانس محیطی مشترک در روزآزمون اول تا دهم و همبستگی آنها(پایین قطر)

روزآزمون	TD1	TD2	TD3	TD4	TD5	TD6	TD7	TD8	TD9	TD10
TD1	۰/۳۷۱									
TD2	۰/۹۱۲	۰/۳۹۲								
TD3	۰/۷۸۲	۰/۹۶۶	۰/۴۵۳							
TD4	۰/۹۶۰	۰/۹۰۹	۰/۹۸۳	۰/۴۵۱						
TD5	۰/۶۳۰	۰/۸۴۳	۰/۹۳۴	۰/۹۸۲	۰/۴۴۱					
TD6	۰/۵۸۳	۰/۷۶۱	۰/۸۵۵	۰/۹۲۵	۰/۹۷۹	۰/۴۳۵				
TD7	۰/۵۴۳	۰/۶۷۳	۰/۷۵۶	۰/۸۳۸	۰/۹۲۱	۰/۹۸۰	۰/۴۴۶			
TD8	۰/۵۱۰	۰/۵۹۹	۰/۶۶۵	۰/۷۴۸	۰/۸۴۳	۰/۹۲۸	۰/۹۸۱	۰/۴۵۹		
TD9	۰/۴۷۸	۰/۵۵۰	۰/۶۰۰	۰/۶۶۹	۰/۷۵۶	۰/۸۴۳	۰/۹۱۵	۰/۹۷۱	۰/۴۷۵	
TD10	۰ /۴۲۰	۰/۵۰۶	۰/۵۴۴	۰/۵۸۳	۰/۶۳۴	۰/۶۹۳	۰/۷۵۹	۰/۸۴۳	۰/۹۴۲	۰/۵۲۱

*اعداد TD1 تا TD10 به ترتیب روزآزمون اول تا دهم شیر دهی می باشند.

**عناصر قطری واریانس و عناصر غیر قطری کوواریانس محیطی مشترک بین روزآزمون های مختلف شیردهی را نشان می دهد.

واریانس محیطی مشـــترک (C^2)تولید شـــیر در روزآزمون اول تا دهم و همبستگی آنها(پایین قطر) در جدول شماره ۵ ارائه شده است. واریانس محیطی مشترک از روزآزمون اول تا روزآزمون دهم رو به افزایش است. واریانس محیطی مشترک روزآزمون اول برابر با ۰/۳۷۱ و در روزآزمون دهم برابر با ۰/۵۲۱ بود. همبستگی محیطی مشترک روزآزمون های مجاور در طول شـــیردهی زیادتر بود. در کلیه موارد همبستگی محیطی مشترک برای روزآزمون های متوالی به طور نسـبی زیاد بود. سـایر محققین نیز روند افزایشـی میزان واریانس محیطی مشـترک تولید شـیر را گزارش کرده اند (ویگان و گودارد۱۹۹۷).

جدول شماره۵-واریانس-کوواریانس فنوتیپی در روزآزمون اول تا دهم (ماههای مختلف شیردهی)

روزآزمون	TD1	TD2	TD3	TD4	TD5	TD6	TD7	TD8	TD9	TD10
TD1	۳۸/۳									
TD2	۱۴/۷	۳۲/۵								
TD3	۱۳/۱	۱۶/۰	۲۹/۳							
TD4	۱۱/۷	۱۵/۶	۱۷/۹	۲۹/۸						
TD5	۱۰/۷	۱۴/ ۷	۱۷/۴	۱۸/۹	۲۹/۹					
TD6	۹/۹	۱۳/۶	۱۶/۳	۱۸/۲	۱۹/۴	۳۰/۱				
TD7	۹/۳	۱۲/۴	۱۵/۱	۱۷/۲	۱۸/۸	۱۹/۹	۳۰/۰			
TD8	۸/۹	۱۱/۵	۱۳/۹	۱۶/۰	۱۷/۹	۱۹/۴	۲۰/۵	۳۰/۳		
TD9	۸/۶	۱۰/۹	۱۳/۱	۱۵/۱	۱۶/۹	۱۸/۵	۲۰/۰	۲۱/۲	۳۱/۲	
TD10	۸/۴	۱۱/۰	۱۳/۰	۱۴/۶	۱۶/۰	۱۷/۴	۱۸/۹	۲۰/۷	۲۳/۱	۳۴/۹

*اعداد TD1 تا TD10 به ترتیب روزآزمون اول تا دهم شیر دهی می باشند.

**عناصر قطری واریانس و عناصر غیر قطری کوواریانس فنوتیپی روزآزمون های مختلف شیردهی را نشان می دهد.

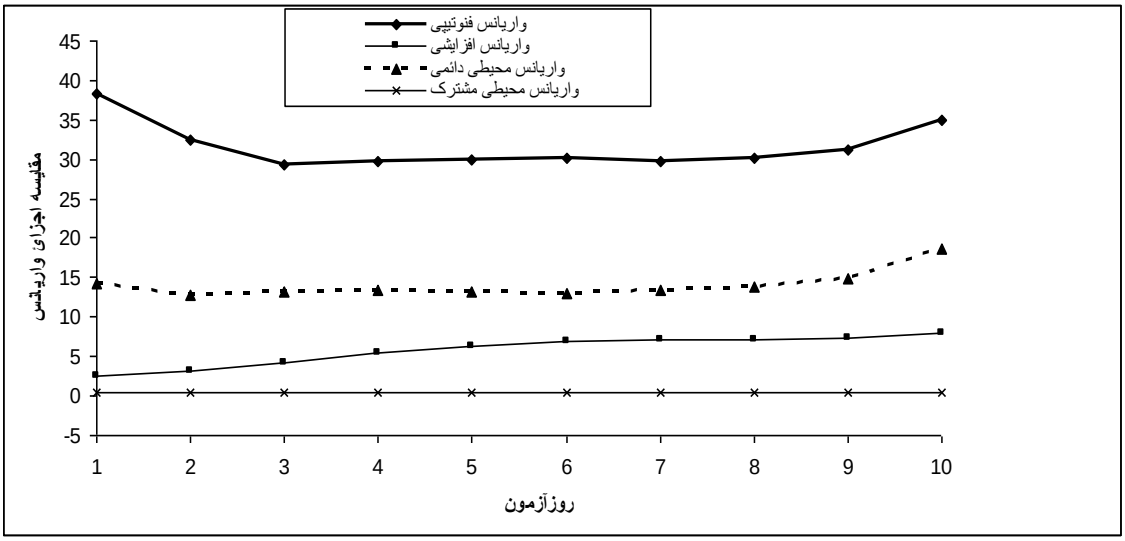
واریانس فنوتیپی برای هر مرحله شیردهی از جمع مؤلفه های ژنتیکی افزایشـی، محیطی دائمی و محیطی برآورد شـده برای آن مرحله شـیردهی برآورد گردید(جدول شماره۶). واریانس فنوتیپی تولید شـیر در اوایل و اواخر

شـیردهی حداکثر و در اواسـط شـیردهی حداقل بود. از دلایل آن می توان در وجود بعضـی اثرات محیطی (نظیر تنش های تغییر فصل، تغییر در مصرف غذا پس از زایش و قبل از خشـک کردن گاوها، تغییر مدیریت گاوها پس از زایش و قبل از خشک کردن) و سایر موارد مؤثر بر تولید شـیر در ابتدا و انتهای دوره شـیردهی ذکر نمود. نتایج حاصـل با سـایر گزارشـات مطابقت دارد(فرهنگ فر و همکاران۲۰۰۵،وانتازل و همکاران۱۹۹۲).

واریانس محیطی از تفاضـل مجموع واریانس های ژنتیکی افزایشـی، محیطی دائمی و محیطی مشـترک از واریانس فنوتیپی محاسـبه شـد. الگوی تغییرات واریانس محیطی صـفت تولید شـیر نشـان می دهد که مقدار آن در اوائل دوره شیردهی زیاد و در پایان دوره شیردهی کمتر است. زیاد بودن واریانس محیطی در ماههای اول شـیردهی می تواند ناشـی از تأثیر شـرایط محیطی گاوها پس از زایش، تنش گرما و سـایر موارد مؤثر بر تولید شـیر در ابتدای شیردهی باشد. سایر محققین نیز حداکثر میزان واریانس محیطی دائمی تولید شـیر را در اویل دوره شـیردهی گزارش کرده اند (طغیانی و همکاران ۲۰۰۹).

در مدل رگرسیون تصادفی متغیر بودن واریانس محیطی در طول دوره شیردهی فرض می شود ولی در سایر مدلها با همان درجات برازش برای تابع کوواریانس افزایشـی و محیط دائمی، واریانس محیطی در طول دوره شـیردهی ثابت فرض می شـود. لذا در مدل رگرسـیون تصـادفی، به دلیل افزایش دقت برآورد مؤلفه واریانس محیطی در مراحل مختلف دوره شیردهی دقت پیش بینی ارزش ارثی هر گاو بیشتر است .

علت این اسـت که واریانس محیطی در طول دوره شـیردهی به دلیل تأثیر عوامل محیطی متعدد(نظیر منطقه پرورش، مدیریت گله، وضـعیت آب و هوا، سـن زایش، ماه زایش، روز شیردهی، وضعیت آبستنی و دفعات دوشـش) متغییر اسـت. در بسـیاری از مطالعات به دلیل محدودیتهای محاسـباتی این پارامتر در طول دوره شیردهی ثابت فرض می شود(درات و همکاران۲۰۰۳).



نمودار۲-روند تغییرات اجزای واریانس فنوتیپی در روزآزمون اول تا دهم

برآورد وراثت پذیری تولید شـیر در اوایل دوره شـیردهی معادل(۰/۰۷) و حداقل بود(جدول ۶). مقدار آن در ماههای بعد افزایش یافته و در ماه هشـتم و نهم حداکثر بود.

وراثت پذیری تولید شـیر روزانه در نیمه دوم دوره شیردهی بیشتر از مقادیر آن در نیمه اول دوره شیردهی بود که مطابق با الگوی مشاهده شده توسط سایر محققین اسـت (اسـتریبل و همکاران۲۰۰۵). کمتر بودن وراثت پذیری تولید شـیر در ماههای اول نشان می دهد که تنوع محیطی ممکن است سهم عمده تنوع فنوتیپی صفت در ابتدای دوره شیردهی را داشته باشد.

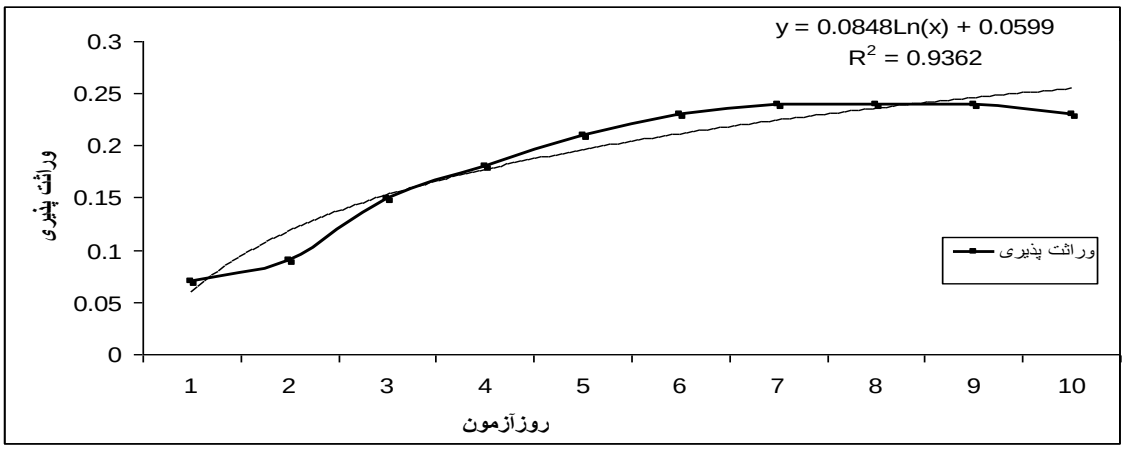
همچنین افزایش وراثت پذیری در اواسط دوره شیردهی تابع افزایش واریانس ژنتیکی افزایشـی و کاهش واریانس محیطی اسـت. به طور کلی، زیاد بودن وراثت پذیری در مرحله زیاد بودن تولید می تواند حاصل بیشتر بودن تنوع بیان ژنها باشـد. متفاوت بودن وراثت پذیری صـفت تولید

شـــیر در ماه های مختلف تولید که ناشـــی از تفاوت در واریانســهای ژنتیکی افزایشــی و محیط دائمی اســت می تواند دلیلی بر وجود اثر متقابل ژنوتیپ و ماه های مختلف تولید باشد.

جدول ۶-وراثت پذیری روزآزمون اول تا دهم (روی قطر) ، **همبستگی ژنتیکی روزآزمون ها(پایین قطر) و همبستگی فنوتیپی روزآزمون ها(بالای قطر)**

روزآزمون	TD1	TD2	TD3	TD4	TD5	TD6	TD7	TD8	TD9	TD10
TD1	۰/۰۷	۰/۴۲	۰/۳۹	۰/۳۵	۰/۳۲	۰/۲۹	۰/۲۷	۰/۲۶	۰/۲۵	۰/۲۳
TD2	۰/۸۸	۰/۰۹	۰/۵۲	۰/۵۰	۰/۴۷	۰/۴۳	۰/۴۰	۰/۳۷	۰/۳۴	۰/۳۲
TD3	۰/۷۱	۰/۹۶	۰/۱۵	۰/۶۱	۰/۵۸	۰/۵۵	۰ /۵۱	۰/۴۷	۰/۴۳	۰/۴۱
TD4	۰/۵۹	۰/۹۰	۰/۹۹	۰/۱۸	۰/۶۳	۰ /۶۱	۰/۵۸	۰/۵۳	۰/۵۰	۰/۴۵
TD5	۰/۵۱	۰/۸۶	۰/۹۶	۰/۹۹	۰/۲۱	۰/۶۵	۰/۶۳	۰/۵۹	۰ /۵۵	۰/۵۰
TD6	۰/۴۶	۰/۸۲	۰/۹۴	۰/۹۸	۰/۹۹	۰/۲۳	۰/۶۶	۰/۶۴	۰/۶۰	۰/۵۴
TD7	۰/۴۳	۰/۷۸	۰/۹۱	۰/۹۶	۰/۹۸	۰/۹۹	۰/۲۴	۰/۶۸	۰/۶۵	۰/۵۹
TD8	۰/۴۰	۰/۷۴	۰/۸۷	۰/۹۳	۰/۹۶	۰/۹۸	۰/۹۹	۰/۲۴	۰/۶۹	۰/۶۴
TD9	۰ /۳۹	۰/۷۱	۰/۸۳	۰/۸۹	۰/۹۲	۰/۹۵	۰/۹۸	۰/۹۹	۰/۲۴	۰/۷۰
TD10	۰ /۳۸	۰/۶۷	۰/۷۸	۰/۸۴	۰/۸۸	۰/۹۱	۰/۹۵	۰/۹۸	۰/۹۹	۰/۲۳

افزایش وراثت پذیری در نیمه دوم شـیردهی تابع افزایش واریانس ژنتیکی افزایشی و کاهش واریانس محیطی است. علت کمتر بودن وراثت پذیری در ماه آخر شیردهی، کمتر بودن واریانس ژنتیکی افزایشی است. در ضمن، زیاد بودن واریـانس محیطی دائمی و محیطی نیز در کمتر بودن وراثت پذیری صـفت در انتهای دوره شـیردهی موثر می باشـند. همچنین کم بودن وراثت پذیری شـیر در ماه اول نشان می دهد که واریانس محیطی سهم عمده واریانس فنوتیپی تولید شیر در ابتدای شیردهی را دارد.



نمودار۳-روند تغییرات وراثت پذیری تولید شیر در روزآزمون اول تا دهم

زیاد بودن واریانس محیطی در ماه اول شیردهی را می توان به این صـــورت توجیه نمود که میزان تفاوت در عملکرد گاوها در این زمان تا حد زیادی متأثر از عواملی نظیر تنش ناشـی از زایش و عوارض بعد از آن و عدم توانایی حیوان در مصـــرف غذای زیاد(تعادل انرژی منفی)می باشـد. شـرایط محیطی نامسـاعد نظیر تنش گرمایی، بیماری ها، ورم پسـتان، عدم مدیریت مطلوب، متعادل نبودن جیره غذایی و ازدحام بیش از حد دام ها در زمان خوراک دادن باعث می شود گاوهای با ظرفیت ژنتیکی خوب نتوانند در حد توان ژنتیکی خود تولید نمایند و در نتیجه عملکرد آنها به عملکرد گاوهای با ظرفیت ژنتیکی متوسط نزدیک شود. لذا این امر سبب

می شـــود که واریانس ژنتیکی کم و در نتیجه وراثت پذیری کم شود.

پس در مراحل ابتدایی تولید باید شـــرایط پرورش و مدیریت ایده ال باشد تا حیوانات با ظرفیت ژنتیکی زیاد بتوانند در حد توان ژنتیکی خود تولید داشته باشند.

در تحقیقات مختلف با ا ستفاده از رکوردهای روز آزمون تولید شیر و مدل رگر سیون ت صادفی بی شترین وراثت پذیری تولید شیر در ماه ه شتم دوره شیردهی برآورد شـــده اســـت(بیگناردی و همکاران۲۰۰۹،فرهنگ فر و همکاران۲۰۰۵) .

نتایج حاصـل از پژوهش حاضـر نشـان داد که به طور کلی ورائت پذیری تولید شـــیر روزانه در نیمه اول دوره شیردهی کمتر از نیمه دوم است. یعنی واریانس ژنتیکی تولید شـیر در نیمه دوم دوره شـیردهی به طور نسـبی بیشتر است.

حداقل همبســـتگی ژنتیکی بین ماه اول و دهم دوره شـــیردهی برآورد شـــد. حداکثر همبســـتگی ژنتیکی افزایشی بین ماه های مجاور شیردهی بوده(جدول ۶) و با افزایش فاصـــله روز آزمون ها مقدار آن کم شـــد. همبســـتگی بین دو رکورد مجاور در اواســـط دوره شیردهی بیشتر از اوایل و اواخر شیردهی برآورد شد. یعنی عوامل ژنتیکی و محیطی مشـــترک مؤثر بر آنها کمتر بود.

حداقل همبســـتگی فنوتیپی بین ماه اول و دهم دوره شـــیردهی(۰/۲۳) برآورد شـــد. حداکثر همبســـتگی فنوتیپی بین ماه های مجاور شـــیردهی بود و میزان آن برای ماههای نهم و دهم ۰/۷۰ بود. با افزایش فاصله روز آزمون ها مقدار همبســـتگی فنونیپی کم شـــد. نتایج مطالعات انجام شـــده با مدل های مختلف روزآزمون مشـــابه نتایج این تحقیق می باشـــد(بیگناردی و همکـاران۲۰۰۹،فرهنـگ فر و همکـاران۲۰۰۵،فتحی نصری و همکاران۲۰۰۸).

فهرست منابع

1-Bignardi ,A. B., L. El 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. Livest. Sci. 123:1-7.

2-Druet, T., Jaffrezic, F., Boichard, D. & Ducrocq, V. 2003. Modeling lactation curve parameters for first lactation test day records of French Holstein cows. *J. Dairy Sci*, 86, 2480-2490.

3-Farhangfar, H., H., Naeemipour, and P., Rowlinson.2005.Genetic analysis of lactation milk yield and age at first calving for Holstein heifers in Khorasan province of Iran.In *Proceedings of British Society of Animal Science (BSAS*) annual conference, York University, United Kingdom, p. 127.

4-Fathi Nasri ,M., H. J. France, N. E .Odongo ,S. Lopez, A .Bannink ,and E .Kebreab.2008 . Modelling the lactation curve of dairy cows using the differentials of growth functions. J. Agric. Sci. 146:633-641.

5-Jamrozic, J. and L.R., Schaeffer.1997.Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for yield traits of first lactation Holstein's .*J.Dairy.Sci*.**80**: 762-770.

6-Jensen, J. 2001. Genetic evaluation of dairy cattle using test-day model. J. Dairy Sci.84:2803-2812.

7. Moghadaszade Ahrabi, S., Eskandari Nasab, M.P., Alijani, S. and Abasi, M.A.2005. The structure of residual variance of milk yield trait based on the analysis of test day records in random regression models. J. Agric. Sci. Natur.Resour., Vol. 12(3): 27-34. (In Persian)

8-Ptak, E. and Schaeffer, L.R. 1992. Test day yields as an alternative to 305-day yields.J. Dairy Sci., 75(Suppl.l):251.

9-Schaeffer, L. R. 2004. Application of random regression models in animal breeding. Livest. Prod. Sci. 86: 35-45

10-Schaefer, L.R. and Dekkers, J.C.M. 1994. Random regression in Animal models for test day production in dairy cattle. Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Guelph, Canada, 18:443-446.

11- Seyedsharifi, R., Eskandari Nasab, M.P., and Sobhani, A. 2008. Estimation of Genetic Parameters and Breeding Values for Test-Day and 305-Days Milk Yields in Some Iranian Holstein Herd. J. Anim. Vet. Adv. 7: 1422-1425.

12-Strabel, T., J. Szyda, E. Ptak, and J. Jamrozik. 2005. Comparison of random regression test-day models for Polish Black and White cattle. J. Dairy Sci.88:3688–3699.

13-Swalve, H.H. 2000. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. J. Dairy Sci., 83:1115-1124.

14-Toghiani, S., Shadparvar, A.A., Moradi Shahrbabak, M. and Dadpasand, M. 2009. Estimation of genetic parameters of first lactation production traits and fertility traits in Iranian Holstein cattle. Iranian J. Anim. Sci. 2: 69-76. (In Persian

15-Van Tassell, C.P., Quaas, R.L. and Everett, R.W. 1992. Parameter estimates for 305-day records and 305-day test-day residual records. J. Dairy Sci., 75(Supple.l):251.

16-Wiggans, G. R. and Goddard, M. E. 1997. A computationally feasible test day model for evaluation of yield traits in the United States. J. Dairy Sci., 80:1795-1800.

Genetic evaluation of first calving Iranian Holstein dairy cattle at different test days

*** B.Zinvand Mojarad[1], N. Emamjome[2], M.Aminafshar[3]**

[1]P.HD. student of Animal Sciences, *College of Agriculture,* science and research branch Islamic azad university Tehran Iran,

[2]Assistant Prof., Dept. of Animal Sciences, *College of Agriculture,* science and research brunch Islamic azad university Tehran Iran, [3]Associate Prof. Dept. of Animal Science, *College of Agriculture,* science and research brunch Islamic azad university Tehran Iran,

Abstract:

Using test day records of first lactation of 38547 Holstein dairy cows in 163 herds, the genetic parameters of the population estimated. The analyze conducted with a random regression Test Day model with fixed effects of herd- year- season and age at calving as covariates. Direct genetic and permanent environmental effects were included in the models as random effects. The Random direct genetic and permanent environmental effects were fitted on milk production curve using Leagendre orthogonal polynomial with power four in random regression model. The highest and the lowest heritability estimates were at first (0.07±0.001) and Ninth (0.24±0.01) test days, respectively. The Genetic correlations of the adjacent records were high and its value was low with increasing distance between the months of recording. Genetic correlations between the first and the tenth month of lactation was determined at least. Maximum additive genetic correlations between adjacent months and its value decreased with increasing distance.Minimal phenotypic correlation between the first and the tenth month of lactation (0.23) were estimated. Maximum additive phenotypic correlations between adjacent months of lactation and it was (0.7) for ninth and tenth months.

Keywords: 'random regration, test day model, holestin, heritability