



دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گزن

نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان

جلد اول، شماره چهارم، ۱۳۹۲

<http://ejrr.gau.ac.ir>

مقایسه دو روش آماری مختلف در برآورد مؤلفه‌های (کو) واریانس صفات

تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران

خبات خیرآبادی^۱، *صادق علیجانی^۲، سیدعباس رأفت^۳ و غلامعلی مقدم^۴

^۱دانش آموخته کارشناسی ارشد گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز، آستادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز، ^۲دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز، ^۳استاد گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز

تاریخ دریافت: ۹۱/۱۰/۰۳؛ تاریخ پذیرش: ۹۲/۰۴/۲۹

چکیده

هدف این مطالعه مقایسه روش‌های آماری حداکثر درست‌نمایی محدود شده و بیزی در ارزیابی مؤلفه‌های (کو) واریانس صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل حیوانی رگرسیون تصادفی چند صفتی بوده است. داده‌ها شامل ۱۸۱۲۲۶ رکورد روز آزمون نخستین دوره شیردهی جمع‌آوری شده از ۲۱۴۶۹ رأس گاو شیری بود. مدل شامل گله-سال-فصل زایش، سال-ماه رکورد برداری، نمره سلول‌های بدنی، سن در موقع زایش و تعداد دفعات دوشش به عنوان اثرات ثابت و ضرایب رگرسیون تصادفی برای ژنتیک افزایشی و محیط دائمی بوده است. برای روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده وراثت‌پذیری روز آزمون شیر تولیدی در اواسط دوره (۰/۳۰) نسبت به اوایل (۰/۰۸) یا اواخر (۰/۲۳) دوره شیردهی بیشتر، اما در مورد روش بیزی بیشترین مقدار برای انتهای دوره شیردهی مشاهده شد (۰/۳۱). همبستگی‌های ژنتیکی ۳۰۵ روز بین صفات از ۰/۵۰۲- (مقدار شیر-درصد پروتئین) تا ۰/۷۱۲ (درصد چربی-درصد پروتئین) برای روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده و از ۰/۵۲۵- (مقدار شیر-درصد پروتئین) تا ۰/۷۰۳ (درصد چربی-درصد پروتئین) برای روش بیزی متغیر بود. واریانس‌های باقی‌مانده صفات تولیدی برای روش اول، ۰/۰۰۵ (مجذور درصد) تا ۰/۶۴ (مجذور کیلوگرم) بیشتر از این مقادیر برای روش دوم بوده است.

واژه‌های کلیدی: حداکثر درست‌نمایی محدود شده، بیزی، رگرسیون تصادفی چند صفتی، اجزای واریانس

* نویسنده مسئول: sad-ali@tabrizu.ac.ir

مقدمه

هدف اصلی اصلاح نژاد بهبود شایستگی ژنتیکی حیوانات به منظور افزایش سوددهی در نسل‌های بعدی می‌باشد. صفات تولیدی (شیر، چربی و پروتئین) منبع اصلی درآمد بیشتر مزارع لبنی و مهم‌ترین عامل موثر بر سوددهی آن‌ها می‌باشند (جنگلر، ۱۹۹۶). جهت نیل به این اهداف، شناخت توان ژنتیکی حیوانات برای صفات مذکور و انتخاب حیوانات برتر به‌عنوان والدین نسل بعد امری لازم و ضروری به‌نظر می‌رسد. در ارزیابی گاوهای شیری برای صفات تولیدی لازم است ارزش‌های اصلاحی آن‌ها برآورد شوند. به‌منظور برآورد ارزش‌های اصلاحی، لازم است پارامترهای ژنتیکی صفات معلوم بوده و یا از طریق مدل‌های مناسب آماری برآورد شوند (مرود، ۲۰۰۵). پارامترهای ژنتیکی خود تابعی از مؤلفه‌های (کو)واریانس هستند، لذا این مؤلفه‌ها بایستی به‌طور دقیق و صحیح با استفاده از مدل‌ها و روش‌های آماری مناسب و داده‌های صحیح و کافی توسط فرد اصلاح‌گر برآورد گردند تا در نهایت با انتخاب حیوانات برتر، از لحاظ ژنتیکی و استفاده از آن‌ها به‌عنوان والدین نسل بعد میانگین تولید بهبود یابد.

اخیرا توجه به مدل‌های روز آزمون در ارزیابی ژنتیکی گاوهای شیری به جای مدل‌های ۳۰۵ روز دوره شیردهی به شدت افزایش یافته است. از مزایای استفاده از این مدل می‌توان به محاسبه و توجه به تغییرات محیطی در طی دوره شیردهی، افزایش دقت ارزیابی‌های ژنتیکی در نتیجه افزایش اطلاعات مورد استفاده به ازاء هر حیوان، عدم نیاز به بسط دوره شیردهی ناقص و نیز کاهش هزینه‌های رکورد برداری اشاره کرد (بیلال و خان، ۲۰۰۹). با این وجود یک مدل مناسب برای تجزیه داده‌های تکرار شده در سنین مختلف (داده‌های تکرار شده در زمان نیز نامیده می‌شوند)، مدلی است که ساختار میانگین و کواریانس که در طول زمان و یا زندگی حیوان متغیر می‌باشد را در برآورد پارامترهای ژنتیکی مورد نیاز مد نظر قرار دهد. شفر و دکرز (۱۹۹۴) استفاده از مدل رگرسیون تصادفی را برای تجزیه رکوردهای روز آزمون در گاو شیری پیشنهاد کردند. در این مدل، ساختار کواریانس داده‌های تکرار شده در طول زمان یا زندگی حیوان در نظر گرفته می‌شوند. همچنین با استفاده از این مدل ترسیم منحنی شیردهی برای هر یک از حیوانات به صورت جداگانه در طی روزهای مختلف دوره شیردهی ممکن می‌باشد.

در دهه‌های اخیر پیشرفت‌های قابل ملاحظه‌ای در آمار و روش‌های محاسباتی و کاربرد آن‌ها در توسعه ژنتیکی دام‌های مزرعه‌ای حاصل شده است. در سایه پیشرفت روش‌های آماری مناسب و تلفیق آن‌ها با علم اصلاح نژاد، روش‌های برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس همچنان در حال تکمیل و بهبود

می‌باشند (قوی حسین زاده و اردلان، ۲۰۱۰). از قوی‌ترین و پرکاربردترین این روش‌ها، روش‌های آماری حداکثر درست‌نمایی محدود شده^۱ و بیزی^۲ می‌باشند. امروزه به‌طور گسترده روش آماری حداکثر درست‌نمایی محدود شده و معادلات مختلط به عنوان روش‌های استاندارد برای طراحی برنامه‌های اصلاحی مناسب مورد استفاده قرار می‌گیرند. یکی از عمده ایرادات وارده بر این روش، افزایش هزینه‌های محاسباتی برای مدل‌های پیچیده با داده‌های فراوان می‌باشد. گیانولا و فرناندو (۱۹۸۶)، وان و همکاران (۱۹۹۳) و سورنسن و همکاران (۱۹۹۴) نشان دادند که روش آماری بیزی با در نظر گرفتن توزیع پویسن پارامترهای موجود در مدل، می‌تواند از پراکندگی این پارامترها در سراسر محاسبات استفاده کند. این روش با ایجاد یک چهار چوب تئوری مناسب موجب بهبود در دقت و صحت پیش‌بینی‌ها می‌گردد (شنکل و همکاران، ۲۰۰۲).

با وجود مطالعات مختلف انجام شده جهت برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده مبنی بر مدل روز آزمون رگرسیون تصادفی تک صفتی (مقدس‌زاده اهرابی و همکاران، ۲۰۰۵؛ شادپرور و یزدان‌شناس، ۲۰۰۵؛ عبدالله پور و همکاران، ۲۰۱۰) و چند صفتی (خیرآبادی و همکاران، ۲۰۱۲)، مطالعه‌ای جهت مقایسه دو روش آماری حداکثر درست‌نمایی محدود شده و بیزی با استفاده از مدل‌های روز آزمون رگرسیون تصادفی چند صفتی گزارش نشده است. بنابراین، پژوهش حاضر به منظور مقایسه دو روش آماری حداکثر درست‌نمایی محدود شده و بیزی در برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل حیوانی روز آزمون رگرسیون تصادفی سه صفتی انجام شده است.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش از رکوردهای روز آزمون صفات تولیدی (مقدار شیر، درصد چربی و پروتئین) نخستین دوره شیردهی گاوهای هلشتاین ایران برای سال‌های ۱۳۸۱ تا ۱۳۸۹، جمع‌آوری شده توسط مرکز اصلاح دام کشور استفاده شد. برای ویرایش فایل داده‌ها از نرم افزارهای SAS و Excel استفاده شد. نتایج آزمون معنی‌داری (رویه GLM در نرم افزار آماری SAS.9.1) نشان دهنده وجود ارتباط بین اثرات ثابت گله-سال- فصل زایش (HYS)، سال- ماه رکورد برداری (YTD)، شمار سلول‌های بدنی (SCC)، سن در موقع زایش (YC) و تعداد دفعات دوشش (MT) با همه صفات تولیدی مورد مطالعه

1- Restricted maximum likelihood method (REML)

2- Bayesian

در این پژوهش بود. در این پژوهش با حذف مشاهدات خارج از محدوده: ۵ تا ۳۰۵ روز از دوره شیردهی؛ ۲-۳ بار دوشش در روز؛ ۱ تا ۷۰ کیلوگرم شیر تولیدی، ۱/۵ تا ۹ درصد چربی، ۱ تا ۷ درصد پروتئین و ۱ تا ۶۰۰ (میلی لیتر/۱۰۰۰) SCC ثبت شده؛ با فاصله زمانی کمتر از ۱۵ روز برای دو مشاهده متوالی؛ و نیز حذف حیوانات خارج از: دامنه سنی ۶۶۰ تا ۱۰۰۰ روز، با نخستین رکورد روز آزمون پس از ۶۰ روز اول دوره شیردهی، و یا دارای کمتر از ۵ رکورد روز آزمون فایل داده‌ها تهیه شد. به منظور اطمینان از ارتباط مناسب بین داده‌ها و کاهش اشتباه برآوردها، حداقل تعداد دختران به ازاء هر والد نر ۱۰ رأس، و همین تعداد برای تعداد زایش سالانه در هر گله منظور گردید. به منظور نرمال کردن شمار سلول‌های بدنی، از تبدیل شمار سلول‌های بدنی به نمره سلول‌های بدنی^۱ استفاده شد (ریتس و همکاران، ۱۹۹۵). در این پژوهش اثر ثابت فصل زایش (بهار، تابستان، پاییز و زمستان)، نمره سلول‌های بدنی (<۳، ۳-۴، ۴-۵، و >۵)، و سن در موقع زایش (<۸۰۰، ۸۰۰-۹۰۰، و >۹۰۰) به صورت طبقه‌بندی شده منظور شدند. در نهایت فایل داده‌ها شامل ۱۸۱۲۲۶ مشاهده روز آزمون برای ۲۱۴۶۹ حیوان ثبت شده در ۱۵۹ گله حاصل از ۵۱۷ والد پدری مورد ارزیابی قرار گرفت. به منظور حداکثر استفاده از روابط خویشاوندی، از فایل شجره کلی برای سال‌های ۱۳۶۹ تا ۱۳۸۹ با تعداد ۱۰۹۷۴۶۰ حیوان استفاده شد. در نهایت مؤلفه‌های (کو)واریانس صفات تولیدی با استفاده از مدل حیوانی روز آزمون رگرسیون تصادفی چند صفتی مبتنی بر دو روش، حداکثر درست‌نمایی محدود شده با استفاده از نرم‌افزار REMLf90 (میشال، ۲۰۰۲) و بیزی با استفاده از نرم افزار Gibbs1f90 (میشال، ۲۰۰۲) برآورد شدند. در مورد برنامه REMLf90، به علت زمان‌بر بودن محاسبات، تکرار برای رسیدن به هم‌گرایی تا زمانی ادامه یافت که مجموع مربعات تغییرات بین دو تکرار متوالی تقسیم بر آخرین مجموع مربعات کمتر از 10^{-8} باشد. در مورد روش دوم، یک زنجیره نمونه‌برداری گیبس با ۱۲۰۰۰۰ دور (۱۰۰۰۰ دور اول به عنوان دوره قلق‌گیری) منظور شد. در راستای مستقل نمودن نمونه‌های گرفته شده، فاصله‌ی نمونه‌برداری ۱۰۰ در نظر گرفته شد به طوری که در نهایت مؤلفه‌های (کو)واریانس صفات تولیدی از میانگین ۱۱۰۰ دور باقی‌مانده برآورد شدند.

جهت توصیف منحنی شیردهی از تابع LM (لیدر و مانتی‌ساری، ۱۹۹۹) با داشتن بیشترین و کم‌ترین، به ترتیب، ضریب تعیین و میانگین خطای استاندارد در مقایسه با دیگر توابع چندجمله‌ای (شفر، ویلمینک و درجات مختلف لژاندر) برای اثر تصادفی محیط دائمی و از لژاندر مرتبه دوم (با ۳

1- Somatic cell score (SCS)

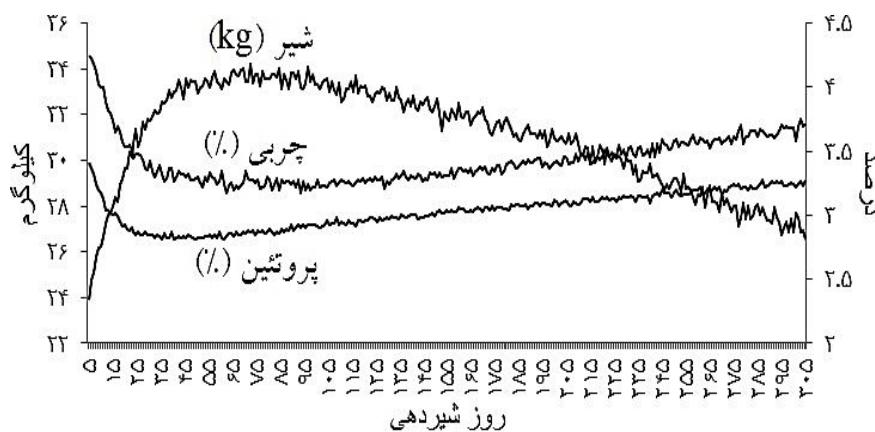
ضریب) برای اثر تصادفی ژنتیک افزایشی استفاده شد. در نهایت نماد ماتریسی مدل به صورت زیر بود.

$$y = Xb + Q(Za + Zpe) + e$$

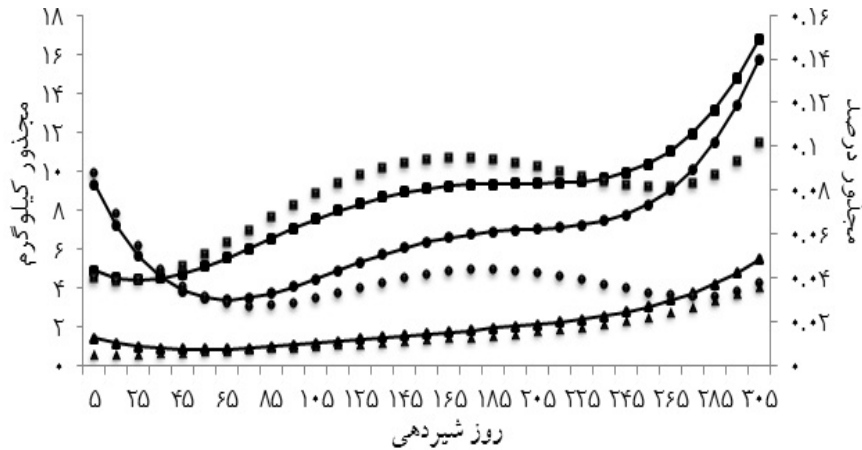
در این رابطه: y = بردار صفات تولیدی شیر، درصد چربی و درصد پروتئین؛ b = بردار اثرات ثابت؛ a و pe = به ترتیب، بردار ضرایب رگرسیون تصادفی برای اثرات ژنتیک افزایشی و محیط دائمی حیوان؛ X و Z = ماتریس‌های متغیر کمکی؛ Q = ماتریس چند جمله‌ای لژاندر مرتبه ۲ و LM، به ترتیب، با ۳ و ۴ ضریب برای اثرات تصادفی ژنتیک افزایشی و محیط دائمی حیوان؛ و e = بردار اثرات باقی‌مانده (با فرض همگن بودن در طول دوره شیردهی).

نتایج و بحث

اثر مرحله شیردهی روی هر یک از صفات تولیدی در شکل ۱ آورده شده است. برخلاف مقدار شیر تولیدی برای درصد چربی و پروتئین روند U شکلی مشاهده شد، به طوری که حداکثر این مقادیر (۴/۲۵ و ۳/۴۱، به ترتیب، برای درصد چربی و پروتئین) برای اوایل دوره شیردهی و حداقل آن‌ها (۳/۱۷ و ۲/۸۱، به ترتیب، برای درصد چربی و پروتئین) برای اوج تولید مشاهده می‌شود. به هر حال، درصد چربی شیر همواره بیشتر از این مقادیر برای پروتئین مشاهده شد.



شکل ۱- تغییرات صفات تولیدی در روزهای مختلف شیردهی



شکل ۲- واریانس‌های ژنتیک افزایشی برآورد شده برای مقدار شیر (مربع)، درصد چربی (دایره) و درصد پروتئین (مثلث) با استفاده از روش‌های آماری حداکثر درست‌نمایی محدود شده (گسسته) و بیزی (پیوسته)

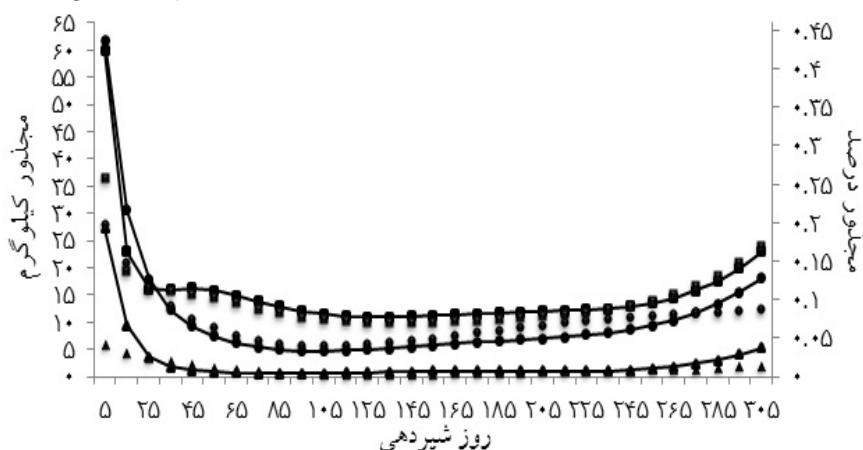
پارامترهای ژنتیکی

واریانس‌ها و وراثت‌پذیری‌ها: واریانس‌های ژنتیکی و محیط دائمی برآورد شده، به‌ترتیب، برای هر یک از صفات تولیدی با استفاده از روش‌های آماری حداکثر درست‌نمایی محدود شده و بیزی در شکل‌های ۲ و ۳ نشان داده شده‌اند. به استثنای واریانس ژنتیکی برآورد شده برای مقدار شیر تولیدی، واریانس‌های برآورد شده در روش آماری حداکثر درست‌نمایی محدود شده کمتر از مقادیر مشابه برای روش بیزی می‌باشد. این استثناء تنها به اواسط دوره شیردهی منتهی می‌شود به‌طوری که در اواسط نیمه دوم دوره (روز آزمون ۲۳۰) از مرز مقدار مشابه برآورد شده با استفاده از روش آماری حداکثر درست‌نمایی محدود شده عبور کرده و تا انتهای دوره، این اختلاف یک روند افزایشی را نشان می‌دهد. در مورد درصد چربی، مقدار واریانس ژنتیک افزایشی برای روش بیزی به‌طور قابل ملاحظه‌ای بالاتر از مقدار مشابه در روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده بود. چنین روندی در مورد کل دوره شیردهی (۳۰۵ روز) نیز مشاهده می‌شود (جدول ۱).

به‌طورکلی این اختلافات به ویژه در مورد واریانس محیط دائمی بسیار ناچیز بوده است. به هر حال، براساس نتایج حاصل از این پژوهش با در نظر گرفتن برآوردهای ناشی از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده به‌عنوان مقادیر پایه، متوسط تفاوت واریانس ژنتیکی در نتیجه استفاده از

روش دوم برای مقدار شیر تولیدی $0/370$ - کیلوگرم (یا $0/137$ - مجذور کیلوگرم)، برای درصد چربی شیر $0/141$ + درصد (یا $0/20$ مجذور درصد) و برای درصد پروتئین شیر $0/063$ + درصد (یا $0/04$ مجذور درصد) می‌باشد. در مورد محیط دائمی این مقادیر، به ترتیب، 1 + کیلوگرم، $0/26$ - درصد، و $0/65$ + درصد بوده است.

برای هر یک از روش‌های مختلف مورد استفاده، وراثت‌پذیری برآورد شده برای روزهای مختلف دوره شیردهی روند مشابهی با واریانس ژنتیکی افزایشی مربوطه را نشان می‌دهد. عمده اختلاف این روند، در مورد همه صفات تولیدی، مربوط به اوایل دوره شیردهی می‌باشد. به طوری‌که در مورد واریانس ژنتیکی افزایشی مقادیر برآورد شده در این نقطه از دوره شیردهی بالا بوده اما در مورد وراثت‌پذیری مقادیر پایینی مشاهده می‌شود. علت اصلی این اختلافات، بالا بودن واریانس محیطی مربوط به صفت در اوایل دوره شیردهی می‌باشد. به هر حال، محدوده وراثت‌پذیری‌های برآورد شده با استفاده از روش بیزی برای مقدار شیر از $0/06$ (اوایل دوره) تا $0/31$ (اواخر دوره)، درصد چربی از $0/06$ (اوج تولید) تا $0/20$ (اواخر دوره)، و برای درصد پروتئین از $0/05$ (اوایل دوره) تا $0/31$ (اواخر دوره) متغیر بوده است. این مقادیر برای روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده به ترتیب، $0/08$ (اوایل دوره) تا $0/30$ (اواسط دوره)، $0/05$ (اوج تولید) تا $0/12$ (اوایل دوره)، و $0/04$ (اوایل دوره) تا $0/29$ (اواخر دوره) برآورد شدند. علت اصلی این اختلافات ناشی از تفاوت در واریانس‌های ژنتیکی و باقی‌مانده برآورد شده برای هر یک از روش‌های مختلف مورد استفاده در این پژوهش می‌باشد.



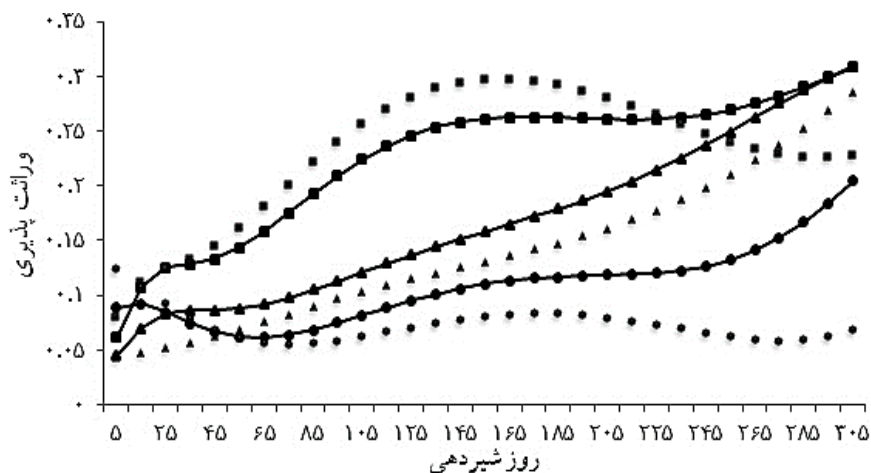
شکل ۳- واریانس‌های محیط دائمی برآورد شده برای مقدار شیر (مربع)، درصد چربی (دایره) و درصد پروتئین (مثلث) با استفاده از روش‌های آماری حداکثر درست‌نمایی محدود شده (گسسته) و بیزی (پیوسته)

خبات خیرآبادی و همکاران

جدول ۱- برآوردهای ۳۰۵ روز اریانس‌های ژنتیکی، محیط دائمی و وراثت‌پذیری هر یک از صفات تولیدی با استفاده از روش‌های آماری حداکثر درست‌نمایی محدود شده و بیزی.

برای ۳۰۵ روز تولید	حداکثر درست‌نمایی محدود شده			بیزی		
	شیر (کیلوگرم)	چربی (درصد)	پروتئین (درصد)	شیر (کیلوگرم)	چربی (درصد)	پروتئین (درصد)
واریانس ژنتیکی	۶۰۴۷۵۰/۲۷	۲۶۱۰/۲۹	۹۴۸/۸۶	۵۸۱۷۰/۱۷۰	۴۰۴۳/۶۰	۱۰۵۴/۵۰
واریانس محیط‌دائمی	۸۹۸۴۱۵/۲۲	۳۹۰۴/۵۰	۴۰۲/۳۰	۹۱۵۸۵۶/۰۲	۳۰۴۵/۷۴	۴۲۷/۸۷
وراثت‌پذیری	۰/۴۰	۰/۳۹	۰/۶۹	۰/۳۹	۰/۵۶	۰/۷۰

محدوده وراثت‌پذیری‌های برآورد شده با استفاده از یک مدل روز آزمون رگرسیون تصادفی تک صفتی بر مبنای روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده، ۰/۱۱ تا ۰/۱۹ برای مقدار شیر، و ۰/۰۳۸ تا ۰/۰۹۴ برای درصد چربی شیر گزارش شده است (شادپرور و یزدان‌شناس، ۲۰۰۵). این محدوده در پژوهش انجام شده توسط عبدالله پور و همکاران (۲۰۱۰) برای مقدار شیر، درصد چربی و پروتئین، به ترتیب، ۰/۱۳-۰/۲۱، ۰/۰۷-۰/۱۱ و ۰/۱۱-۰/۱۸ گزارش شده است. این اختلافات می‌توانند ناشی از تفاوت مدل‌ها و نیز داده‌های مورد استفاده برای این تحقیقات بوده باشند. به هر حال، هر دو روش آماری مورد مطالعه در این پژوهش از نقطه نظر بیشتر بودن این مقادیر برای ۳۰۵ روز تولید (جدول ۱) در مورد تمام صفات تولیدی موافق می‌باشند. با مقایسه دو روش مذکور در مورد این اثر، مشاهده می‌شود که تفاوت مقادیر برآورد شده در مورد مقدار شیر و درصد پروتئین بسیار ناچیز (۰/۰۱) بوده است، اما در مورد درصد چربی شیر این مقدار برای روش بیزی به طور قابل ملاحظه‌ای (۰/۱۷+) بالاتر می‌باشد. این اختلاف برای روند وراثت‌پذیری در تابعی از روزهای شیردهی نیز قابل مشاهده بود (شکل ۴). در پژوهش صاحب هنر و همکاران (۲۰۱۰) وراثت‌پذیری ۳۰۵ روز تولید برای مقدار شیر، درصد چربی و درصد پروتئین، به ترتیب، ۰/۲۵۵، ۰/۳۱۷ و ۰/۳۰۸ گزارش شده است که به طور قابل توجهی کمتر از این مقادیر برای پژوهش حاضر بوده است. با این وجود، اردلان‌فر و همکاران (۲۰۱۰) با در نظر گرفتن درصد خلوص ژنتیکی گاوهای شیری ایران مقدار وراثت‌پذیری ۳۰۵ روز درصد چربی را ۰/۸۵ گزارش کردند.

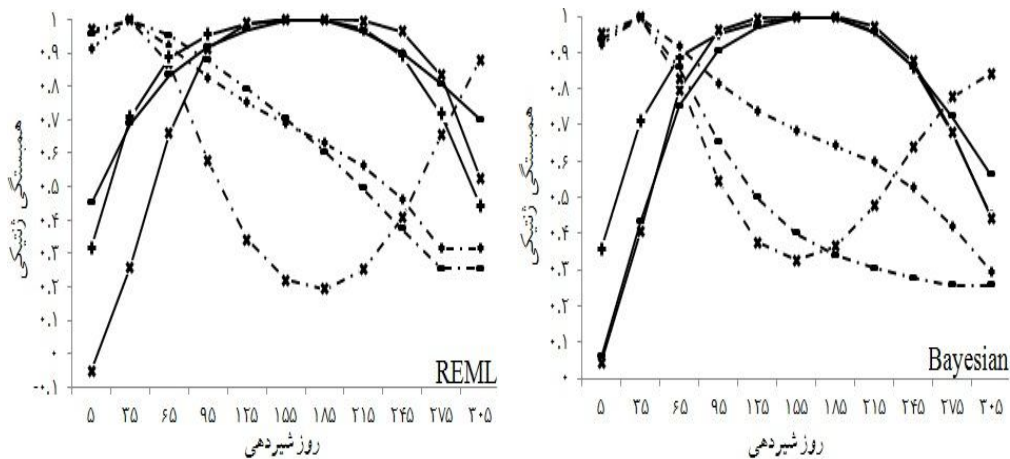


شکل ۴- وراثت پذیری تولید شیر (مربع)، درصد چربی (دایره) و درصد پروتئین (مثلث) در تابعی از روزهای مختلف شیردهی با استفاده از روش آماری حداکثر درست‌نمایی محدود شده (گسسته) و بیزی (پیوسته)

همبستگی‌های ژنتیکی و محیط دائمی

داخل صفات: در مورد همه صفات تولیدی مورد مطالعه در این پژوهش بدون توجه به روش مورد استفاده، در راستای موافق با سایر تحقیقات انجام شده بیشترین مقدار همبستگی (نزدیک ۱) برای روزهای متوالی بوده و با افزایش این فاصله به تدریج کاهش می‌یابد (شکل ۵). در این راستا صفات استثناء نیز وجود دارند، به طور مثال؛ در مورد درصد چربی شیر همان‌طور که در شکل مشاهده می‌شود، برای همبستگی ژنتیکی بین روز ۳۰ از دوره شیردهی با دیگر روزهای منتخب این دوره منحنی U شکلی ترسیم شده است. به‌طوری‌که این مقدار بعد از اواسط دوره شیردهی به صورت پیوسته رو به افزایش می‌باشد. این روند در پژوهش شادپرور و یزدان‌شناس (۲۰۰۵) نیز گزارش شده است. در مورد همبستگی‌های ژنتیکی، به‌طور کلی با افزایش فاصله زمانی بین رکوردهای روز آزمون روند کاهشی مشاهده شد، که این کاهش در مورد روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده بیشتر از مقادیر مشابه برای روش بیزی برآورد شد. به‌طورمثال؛ کم‌ترین همبستگی ژنتیکی برآورد شده برای روش بیزی در مورد مقدار شیر (بین روزهای ۵ و ۳۰۵) $0/32$ ، درصد چربی (بین روزهای ۵ و ۱۵۰) $0/03$ ، و درصد پروتئین (بین روزهای ۵ و ۱۸۸) $0/05$ بوده است. مقادیر مشابه برآورد شده برای

روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده، به ترتیب، $0/07$ (بین روزهای ۵ و ۳۰۵)، $-0/05$ (بین روزهای ۵ و ۱۷۵)، و $0/04$ (بین روزهای ۵ و ۳۰۵) بوده است.



شکل ۵- همبستگی‌های ژنتیکی برآورد شده بین روز ۳۰ (گسسته) و ۱۷۰ (پیوسته) با دیگر روزهای انتخابی دوره شیردهی برای مقدار شیر (+—+—)، درصد چربی (—x—)، و درصد پروتئین (—o—) تولیدی

بین صفات: همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات مختلف برای روزهای منتخب دوره شیردهی در جدول ۲ آورده شده است. در مورد همبستگی ژنتیکی بین هر یک از صفات درصد چربی یا پروتئین با مقدار شیر تولیدی برای روش بیزی همواره منفی بوده و به سمت انتهای دوره شیردهی به شدت آن افزوده می‌شود. به طوری که کم‌ترین و بیشترین این مقادیر در مورد همبستگی بین شیر-چربی، به ترتیب، بین روزهای ۱۵-۷۵ ($-0/04$) و ۳۰۵-۳۰۵ ($-0/70$) می‌باشد. این مقادیر برای همبستگی بین شیر- پروتئین، به ترتیب، از $-0/01$ (بین روزهای ۳۰۵-۷۵) تا -66 (بین روزهای ۳۰۵-۳۰۵) متغیر بوده است. عمده این اختلافات برای روش‌های حداکثر درست‌نمایی محدود شده و بیزی به اوایل یا اواخر دوره مربوط می‌شود. به طور مثال؛ همبستگی ژنتیکی برآورد شده برای مقدار شیر- درصد چربی بین روزهای ۱۵-۷۵ (یا ۷۵) از $+0/23$ تا $+0/16$ برای روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده تا $-0/30$ تا $-0/37$ برای روش بیزی متفاوت می‌باشد.

همان‌طور که انتظار می‌رود، همبستگی ژنتیکی بین درصد چربی و پروتئین برای کل دوره شیردهی، به استثنای اوایل یا اواخر دوره شیردهی، همواره مثبت بوده و در راستای روزهای شیردهی رو به

نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان (۱)، شماره (۴) ۱۳۹۲

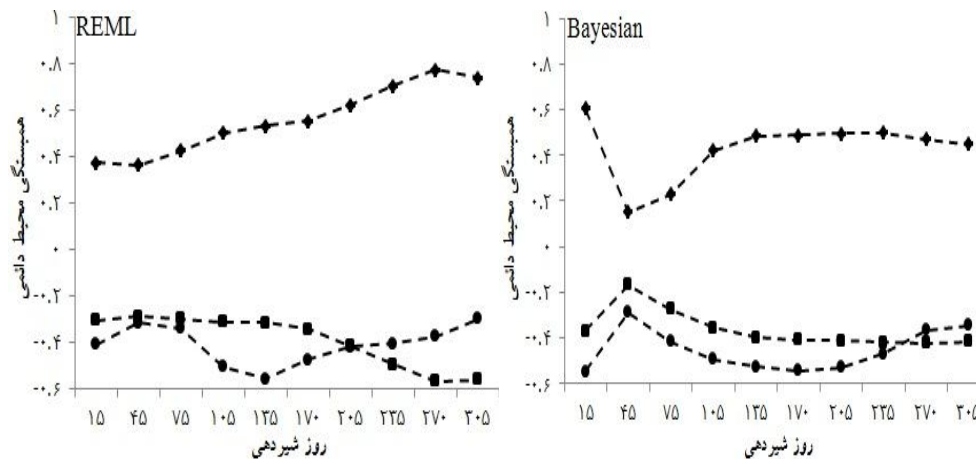
افزایش می‌باشند (جدول ۲). محدوده این مقادیر برای روزهای یکسان دوره شیردهی در مورد روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده از ۰/۰۴- (اوایل دوره) تا ۰/۸۴+، و برای روش بیزی از ۰/۱۰+ (اوایل دوره) تا ۰/۷۱+ متغیر می‌باشد.

جدول ۲- همبستگی‌های ژنتیکی برآورد شده بین صفات تولیدی شیر با استفاده از روش آماری بیزی (بالای قطر) و حداکثر درست‌نمایی محدود شده (پائین قطر).

روز شیردهی	شیر (کیلوگرم)					چربی (درصد)					پروتئین (درصد)				
	۱۵	۷۵	۱۸۰	۲۶۰	۳۰۵	۱۵	۷۵	۱۸۰	۲۶۰	۳۰۵	۱۵	۷۵	۱۸۰	۲۶۰	۳۰۵
۵۱															
۵۸															
۷۱															
۲۶۰															
۳۰۵															
۵۱															
۵۸															
۷۱															
۲۶۰															
۳۰۵															
۵۱															
۵۸															
۷۱															
۲۶۰															
۳۰۵															
۵۱															
۵۸															
۷۱															
۲۶۰															
۳۰۵															

در مورد همبستگی محیط دائمی نیز چنین روندی مشاهده می‌شود (شکل ۶)، با این اختلاف که همبستگی بین مقدار شیر با هر یک از دیگر صفات تولیدی برای هر دو روش همواره منفی بوده اما در مورد درصد چربی-درصد پروتئین همواره مثبت می‌باشد. به‌طور کلی در مورد همبستگی محیط دائمی مقدار شیر با هر یک از دیگر صفات تولیدی روند مشابهی مشاهده می‌شود. با این حال، به استثنای اواخر دوره شیردهی مقدار همبستگی محیط دائمی برآورد شده بین مقدار شیر-درصد پروتئین نسبت به مقادیر مشابه بین شیر-درصد چربی همواره بیشتر می‌باشد. در مورد همبستگی بین درصد چربی-درصد پروتئین حداقل این مقادیر از اوایل دوره تا اوج تولید مشاهده می‌شود، یعنی با شروع روند نزولی مقدار شیر تولیدی (شکل ۱) این روند در راستای مخالف آن رو به افزایش می‌باشد. این روند برای روش بیزی دارای ثبات بیشتری می‌باشد اما در مورد دیگر روش آماری به صورت پیوسته روبه افزایش بوده و در اواخر دوره شیردهی (روز آزمون ۲۷۰) به بیشترین مقدار خود (۰/۷۷) می‌رسد.

همبستگی‌های ژنتیکی و محیط دائمی برآورد شده برای کل دوره شیردهی (۳۰۵ روز) برای هر یک از روش‌های آماری مورد استفاده، بجز در مورد همبستگی بین مقدار شیر-درصد پروتئین، همواره بیشتر از این مقدار برای همبستگی محیط دائمی می‌باشد (جدول ۳). به‌طور کلی در مورد این اثر، روش‌های مختلف تفاوت آشکاری با یکدیگر نشان نمی‌دهند، به‌طوری که در مورد همبستگی ژنتیکی برای هر دو روش کم‌ترین و بیشترین این مقادیر، به ترتیب، بین مقدار شیر-درصد پروتئین و درصد چربی-درصد پروتئین مشاهده شد. عمده اختلاف بین دو روش مذکور در این مورد برای همبستگی محیط دائمی می‌باشد، به‌طوری که بیشترین مقدار برای روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده و بیزی، به ترتیب، بین درصد چربی-درصد پروتئین (۰/۶۲۲) و مقدار شیر-درصد پروتئین (۰/۶۴۲-) مشاهده شد. بیشترین و کم‌ترین مقدار همبستگی ژنتیکی برای پژوهش صاحب هنر و همکاران (۲۰۱۰) با استفاده از یک مدل چند صفتی، به ترتیب بین درصد چربی-درصد پروتئین (۰/۶۹۷) و مقدار شیر-درصد چربی (۰/۵۷۹-) گزارش شده است. یوسفی گل‌وردی و همکاران (۲۰۱۲) مقدار همبستگی ژنتیکی بین مقدار شیر و درصد چربی را ۰/۹۸- گزارش کردند. عمده دلیل این اختلافات، ممکن است به تفاوت در مدل و روش‌های آماری و نیز اعمال اثرات ثابت و موثر مختلف روی صفات مدنظر در این تحقیقات اشاره داشته باشد.



شکل ۶- همبستگی محیط دائمی بین مقدار شیر- درصد چربی (مربع)، مقدار شیر- درصد پروتئین (دایره)، و درصد چربی- درصد پروتئین (لوزی)

جدول ۳- همبستگی‌های ژنتیکی و محیط دائمی بین صفات برای ۳۰۵ روز تولید.

شیر (کیلوگرم)- چربی (درصد)	شیر (کیلوگرم)- پروتئین (درصد)	شیر (کیلوگرم)- چربی (درصد)	همبستگی ژنتیکی	همبستگی محیط دائمی
۰/۷۰۳	-۰/۵۲۵	-۰/۵۳۴	بیزی	۰/۵۰۶
۰/۷۱۲	-۰/۵۰۲	-۰/۵۲۹	حداکثر	۰/۷۱۲
۰/۶۲۲	-۰/۵۷۴	-۰/۴۱۵	درست‌نمایی محدود شده	۰/۶۲۲

نتیجه‌گیری کلی

یکی از ساده‌ترین معیارهای مقایسه مدل‌های مختلف برای تعیین میزان سازگاری آنها با داده‌های مورد مطالعه، مقایسه مقدار واریانس‌های برآورد شده برای هر یک از این مدل‌ها می‌باشد (جمورازیک و شفر، ۲۰۰۲). در این پژوهش مقدار واریانس باقی‌مانده برآورد شده برای هر یک از صفات تولیدی (مقدار شیر، درصد چربی و درصد پروتئین شیر) با استفاده از روش بیزی (به ترتیب، ۱۴/۵۶، ۰/۴۱۶ و ۰/۰۷۱) همواره، هر چند جزئی، کمتر از مقادیر مشابه برای روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (به ترتیب، ۱۵/۲۰، ۰/۴۳۰ و ۰/۰۷۶) بوده است. اگرچه اختلافات چشمگیری برای دو روش مورد

استفاده در این پژوهش مشاهده نمی‌شود، اما به نظر می‌رسد استفاده از روش بیزی به دلیل افزایش واریانس‌های ژنتیکی و نیز کاهش واریانس‌های باقی‌مانده منجر به بهبود دقت برآوردها گردد. از طرف دیگر بر اساس نتایج حاصل از این پژوهش، هزینه محاسباتی استفاده از روش بیزی به‌طور قابل توجهی کمتر از مقدار مشابه برای روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده بود. از آنجا که یکی از عمده موانع تجزیه داده‌های حجیم با مدل‌های پیچیده هزینه محاسباتی آن‌ها می‌باشد، لذا استفاده از روش بیزی جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای شیری کشور پیشنهاد می‌شود.

سپاسگزاری

بدین وسیله از مسئولین محترم مرکز اصلاح نژاد کشور جهت در اختیار گذاشتن اطلاعات مورد نیاز و نیز همکاری مسئولین محترم مرکز محاسبات دانشگاه تبریز به ویژه جناب آقای مهندس نصیرزاده صمیمانه تقدیر و تشکر می‌گردد.

منابع

- Abdollahpour, R., Moradi Shahrabak, M., Nejati Javaremi, A. and Vaez Torshizi, R. 2010. Genetic analysis of daily milk, fat percentage and protein percentage of Iranian first lactation Holstein cattle. *J. World Appl. Sci.* 10: 1042-1046.
- Ardalanfar, M., Hasani, S., Zerehdaran, S. and Sayadnezhad, M. 2010. An estimation of genetic parameters for some economic traits in Iranian crossbred dairy cattle. *Iranian J. Anim. Sci.* 41: 215-221. (In Persian)
- Bilal, G. and Khan, M.S. 2009. Use of test-day milk yield for genetic evaluation in dairy cattle: a review. *Pakistan Vet. J.* 29: 35-41.
- Gengler, N. 1996. Persistency of lactation yields: A review. *Interbull Bulletin.* 12: 87-96.
- Ghavi Hossein-Zadeh, N. and Ardalan, M. 2010. Estimation of genetic parameters for body weight traits and litter size of Moghani sheep, using a Bayesian approach via Gibbs sampling. *J. Agri. Sci.* 148: 363-370.
- Gianola, D. and Fernando, R.L. 1986. Bayesian methods in animal breeding theory. *J. Anim. Sci.* 63: 217-244.
- Jamrozik, J. and Schaeffer, L.R. 2002. Bayesian comparison of random regression models for test-day yields in dairy cattle. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23, Montpellier, France.
- Kheirabadi, K., Alijani, S., Rafat, S.A. and Moghaddam, G. 2012. Use of multi-trait random regression test-day model for estimate of genetic parameters of

- Iranian Holsteins. The fifth Iranian Congress on Animal Science, 29-30 August. Isfahan University, Iran. (In Persian)
- Lidauer, M. and Mäntysaari, E.A. 1999. Multiple trait reduced rank random regression test-day model for production traits. *Interbull Bulletin*. 74-80.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T. and Lee, D.H. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Montpellier, France. CD-ROM communication 28: 7.
- Moghaddaszadeh Ahrabi, S., Eskandari Nasab, M.P., Alijani, S. and Abbasi, M.A. 2005. Estimation of genetic parameters for milk and fat yield traits of Holstein dairy cattle using test day records. *J. Agri. Sci. Natur. Resour.* 12: 7-16. (In Persian)
- Mrode, R.A. 2005. Linear models for the prediction of animal breeding values. Second Edition. CABI Publishing. 344p.
- Reents, R., Jamrozik, J., Schaeffer, L.R. and Dekkers, J.C.M. 1995. Estimation of genetic parameters for test day records of somatic cell score. *J. Dairy Sci.* 78: 2847-2857.
- Sahebbonar, M., Moradi Shahrabak, M., Miraei Ashtiani S.R. and Sayyad Nejad, M.B. 2010. An estimation of genetic trend for production traits and a determination of the impact of some factors on it in Iranian Holstein cattle. *Iranian J. Anim. Sci.* 41: 173-184. (In Persian)
- SAS Institute Inc. 2003. SAS 9.1.3 Help and documentation, Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Schaeffer, L.R. and Dekkers, J.C.M. 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. 18: 443-446.
- Schenkel, F.S., Schaeffer, L.R. and Boettcher, P.J. 2002. Comparison between estimation of breeding values and fixed effects using Bayesian and empirical BLUP estimation under selection on parents and missing pedigree information. *Genet. Sel. Evol.* 34: 41-59.
- Shadparvar, A.A. and Yazdanshenas, M.S. 2005. Genetic parameters of milk yield and milk fat percentage test-day records of Iranian Holstein cows. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 18: 1231-1236.
- Sorensen, D.A., Wang, C.S., Jensen, J. and Gianola, D. 1994. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.* 26: 333-360.
- Yousefi-golvardi, A., Hafezian, H., Chashnidel, Y. and Farhadi, A. 2012. Genetic parameters and trends of production traits in Iranian Holstein population. *African J. Biotech.* 11: 2429-2435.
- Wang, C.S., Rutledge, J.J. and Gianola, D. 1993. Marginal inferences about variance components in a mixed linear model using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.* 25: 41-62.



Gorgan University of Agricultural
Sciences and Natural Resources

J. of Ruminant Research, Vol. 1 (4), 2014
<http://ejrr.gau.ac.ir>

Comparison of two different statistical methods in estimation of (co)variance components of milk production traits of Iranian Holstein cows

K. Kheirabadi¹, *S. Alijani², S.A. Rafat³ and Gh. Moghaddam⁴

¹M.Sc. Graduated Dept. of Animal Sciences, Faculty of Agriculture, Tabriz University

²Assistant Prof., Dept. of Animal Sciences, Faculty of Agriculture, Tabriz University

³Associate Prof., Dept. of Animal Sciences, Faculty of Agriculture, Tabriz University

⁴Professor, Dept. of Animal Sciences, Faculty of Agriculture, Tabriz University

Received: 12/24/2012; Accepted: 07/20/2013

Abstract

The aim of this study was comparison of restricted maximum likelihood and Bayesian statistical methods to estimate of (co)variance components of production traits of Iranian Holstein cows by multi-trait random regression animal model. Data included 181,226 test-day records collected on 21,469 first lactation cows. The model included herd-year-season of calving, year-month of test day, somatic cell score, age of calving and milking time as fixed effects, and random regression coefficients for additive genetic, and permanent environmental effects. For restricted maximum likelihood method, heritability's of test-day milk yield were higher in the middle (0.30) than at the beginning (0.08) or the end (0.23) of lactation, but for Bayesian method the highest value was observed for end of lactation (0.31). Genetic correlations among 305-d yield traits ranged from -0.502 (milk yield-protein percentage) to 0.712 (fat-protein percentage) for restricted maximum likelihood method and from -0.525 (milk yield-protein percentage) to 0.703 (fat-protein percentage) for Bayesian method. Residual variances of production traits for first method were 0.005 (%²) to 0.64 (kg²) higher than these values for second method.

Keywords: Restricted maximum likelihood, Bayesian, Multi-trait random regression, Variance components

*Corresponding author; Email: sad-ali@tabrizu.ac.ir