

برآورد روند ژنتیکی صفات تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل روزآزمون

سپیده حاتمیان^{۱*}، سعید انصاری مهیاری^۲، محمد علی ادريس^۳، حمید غلامی^۴

^۱، دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان ^۲، استادیار گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان ^۳،

استاد گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان ^۴، مرکز تولید مواد ژنتیکی گاوهای شیری و گوشتی ایران

*سپیده حاتمیان، Hatamiansp@yahoo.com

چکیده

در این پژوهش، برای برآورد روند ژنتیکی صفات تولید شیر گاوهای هلشتاین از اطلاعات مرکز اصلاح دام کشور که مربوط به سال ۱۳۸۵ تا ۱۳۹۰ بود، استفاده شده است. برآورد پارامترها و روند ژنتیکی با توجه به داده های روزآزمون و مدل تابعیت تصادفی صورت گرفت. ارزش اصلاحی حیوانات به طور همزمان، با استفاده از نرم افزار DMU و به شکل مدل دام چند متغیره محاسبه شد. وراثت پذیری تولید شیر، مقدار چربی، مقدار پروتئین به ترتیب ۰/۱۸، ۰/۲۱، ۰/۲۹ برآورد شد. روند ژنتیکی با استفاده از روش بهترین پیش بینی ناریب خطی (BLUP) به صورت ارزش اصلاحی حیوانات بر سال تولد محاسبه و بدست آمد. روند ژنتیکی برای تولید شیر ۰/۱۳±۰/۳۱/۸۶، مقدار چربی ۰/۰۲±۰/۰۴ و مقدار پروتئین ۰/۰۳±۰/۰۹۶ برآورد شد. نتایج حاصل در مورد پیشرفت ژنتیکی صفت تولید شیر مطلوب ولی برای مقدار چربی و پروتئین قابل قبول گزارش نشده است.

واژه های کلیدی: روند ژنتیکی - داده های روزآزمون - مدل تابعیت تصادفی - گاوهای هلشتاین

مقدمه

هدف برآورد روند ژنتیکی در برنامه های اصلاح نژادی، بیان میزان پیشرفت در بهبود صفات تولیدی می باشد که این خود از نظر پیشرفت اقتصادی حائز اهمیت می باشد، برای این امر نیاز به اندازه گیری صفات تولیدی (رکوردهای تکراردار در زمان) می باشد که صحیح ترین روش اندازه گیری این صفات به صورت روزمره (Test day) است (۵). یک مدل مناسب برای آنالیز داده های تکرار شده در سنین مختلف، لازم است که ساختار میانگین و کواریانس که در طول زمان و یا زندگی حیوان متغیر می باشد، در برآورد پارامترهای ژنتیکی مورد نیاز منظور گردد که این امر به غیر از داده های روز آزمون متمر ثمر نخواهد بود.

استفاده از رکوردهای ۳۰۵ روز، با پذیرش منحنی یکسان تولید و استفاده از ضرایب مشابه برای تصحیح داده ها همراه است، که این امر موجب کاهش تفاوت های بیولوژیکی و محدود کردن واریانس ژنتیکی حیوانات می شود (۸). مدل تابعیت تصادفی یک مدل رایج برای آنالیز داده های تکرار شده در زمان و رکوردهای تکرارپذیر می باشد. بهترین استفاده از مدل تابعیت تصادفی تخمین ارزش اصلاحی گاوهای شیری با استفاده از رکوردهای روزآزمون است. این مدل به محققین این اجازه را می دهد که تغییرات در تنوع ژنتیکی در طول زمان را مطالعه کنند و افرادی را انتخاب کنند که الگوی عمومی پاسخ را در زمان تغییر دهند (۱۰). با توجه به مزایای استفاده از مدل روزآزمون، در این پژوهش برآورد روند ژنتیکی با استفاده از رکوردهای روزآزمون تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران انجام شد

مواد و روش ها

در این پژوهش از داده های سال ۱۳۸۵-۱۳۹۰ مرکز اصلاح دام کشور استفاده شد. این داده ها شامل ۶۷۷۳۳۹ داده روزآزمون مربوط ۱۰۷۱۸۱ حیوان که همه اولین شکم زایش و مربوط به ۱۱۱ گله در ایران می باشد. داده ها با استفاده از نرم

افزار Foxpro 9.0 ویرایش و آماده آنالیز گردید، همچنین فایل مربوط به شجره با نرم افزار DMUTRACE تشکیل شد. (توصیف آماری داده ها در جدول ۱ آمده است).

جدول ۱- توصیف آماری صفات تولید شیر

| صفات | میانگین | انحراف معیار | حداقل | حداکثر |
|---------|---------|--------------|-------|--------|
| شیر | ۳۱/۸۶۱ | ۷/۴۲۴ | ۳/۰۰۰ | ۷۵/۰۰۰ |
| چربی | ۱/۰۴۸ | ۰/۳۳۲ | ۰/۲۰۰ | ۳/۹۸۰ |
| پروتئین | ۰/۹۶۴ | ۰/۲۳۳ | ۰/۵۹۹ | ۳/۰۸۹ |

در

این تحقیق برای مدل رگرسیون تصادفی، ضرائب لژاندر با استفاده از جدول ضرائب گزارش شده توسط شفر و همکاران (۲۰۰۴) محاسبه و در مدل قرار گرفت. سپس با استفاده از مدل تابعیت تصادفی در نرم افزار DMU آنالیز انجام و میانگین ارزش های اصلاحی بر اساس سال تولد محاسبه و روند ژنتیکی برای صفات تولید شیر برآورد گردید. مدل استفاده شده در این تحقیق مدل رگرسیون تصادفی (RRM) بود که برای آنالیز رکوردهای روزآزمون گاوهای شیری به کار برده شد.

$$Y_{tijk} = htd_i + \sum_{k=0}^{nf} \phi_{tjk} \beta_k + \sum_{k=0}^{nr} \phi_{tjk} u_{jk} + \sum_{k=0}^{nr} \phi_{tjk} pe_{jk} + e_{tijk}$$

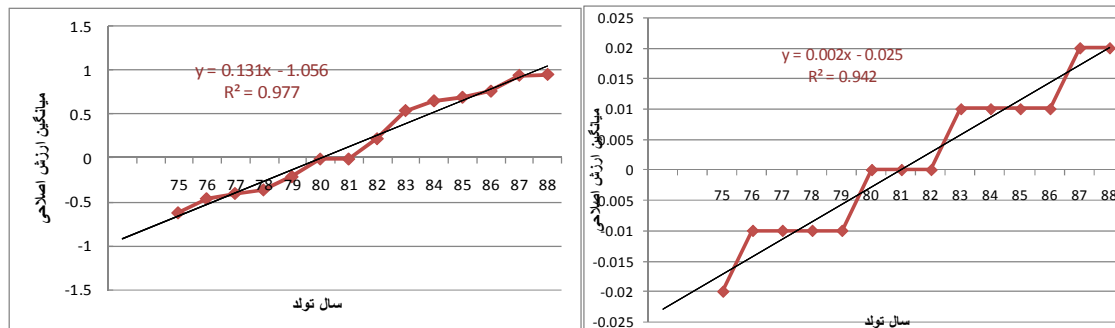
در این مدل، Y_{tijk} رکورد روزآزمون گاو j ام در روز t ام در زیر گروه گله-روز آزمون i ام، β_k ضرائب رگرسیون ثابت، u_{jk} و pe_{jk} به ترتیب k امین رگرسیون تصادفی اثرات حیوان و محیط دائمی برای حیوان j ام، ϕ_{tjk} چند جمله ای لژاندر k ام در روز t ام، nf درجه چند جمله ای های برازش شده به عنوان رگرسیون ثابت، nr درجه چند جمله ای ها برای اثرات حیوان و محیط دائمی و e_{tijk} اثر تصادفی باقیمانده می باشند.

نتایج

در تحقیقات انجام شده میزان پیشرفت ژنتیکی برای تولید شیر ۳۰۵ روز برای زایش اول در تولید شیر $۳۳/۸۴ \pm ۲/۱۰$ کیلوگرم و مقدار چربی و پروتئین به ترتیب $۰/۷۴ \pm ۰/۰۵$ ، $۱/۰۰ \pm ۰/۰۸$ برآورد شد (۹). در پژوهش دیگر روند ژنتیکی برای صفات شیر و چربی و پروتئین به ترتیب $۳۵/۴۳۷ \pm ۲/۶۵۵$ ، $۰/۷۱۴ \pm ۰/۰۵۹$ و $۰/۹۴۵ \pm ۰/۰۶۹$ برآورد شد (۲). در گاوهای هلشتاین آمریکا روند ژنتیکی صفات تولید شیر و مقدار چربی به ترتیب $۹۴/۷$ و $۳/۴۶$ کیلوگرم برآورد شد (۳). ازرا و ولر میزان وراثت پذیری صفات تولید شیر، چربی و پروتئین را $۰/۳۹$ ، $۰/۴۲$ و $۰/۳۴$ گزارش کردند (۱۱).

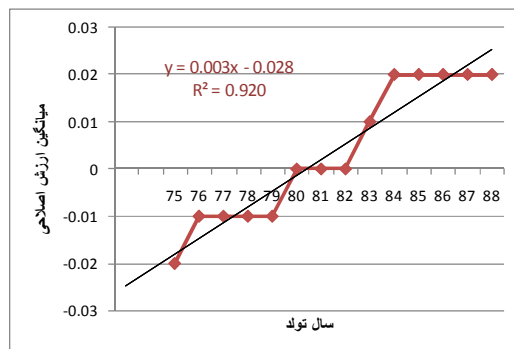
در تحقیق حاضر میزان وراثت پذیری تولید شیر، مقدار چربی و پروتئین به ترتیب $۰/۱۸$ ، $۰/۲۱$ و $۰/۲۹$ بدست آمد. همچنین میزان همبستگی تولید شیر و پروتئین برابر $۰/۹۷$ و با چربی برابر با $۰/۹۸$ بود. پس از آنالیز و به دست آمدن نتایج

میزان پیشرفت ژنتیکی برای صفت تولید شیر، مقدار چربی و پروتئین محاسبه و به ترتیب 0.13 ± 0.01 و 0.02 ± 0.004 و 0.003 ± 0.0009 بدست آمد. که در شکل ۱-۳ این روند نشان داده شده است. با توجه به نتایج به دست آمده پیشرفت ژنتیکی برای تولید شیر نسبت به چربی و پروتئین قابل توجه بوده است. که از سال ۱۳۸۲ با شدت بیشتری اتفاق افتاده است، این به دلایلی مانند افزایش شدت انتخاب بر اثر حذف های اختیاری و یا استفاده از اسپرم هایی با ارزش اصلاحی بالاتر می باشد.



شکل ۲- روند ژنتیکی مقدار چربی

شکل ۱- روند ژنتیکی در تولید شیر



شکل ۳- روند ژنتیکی مقدار پروتئین

منابع

- ۱- دادپسند طارمسری، م.، ر. واعظ ترشیزی، م. مرادی شهر بابک و س. ر. میرائی آشتیانی. ۱۳۸۵. برآورد پارامترها و روند ژنتیکی طول عمر تولیدی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل های تجزیه بقا. مجله علوم کشاورزی ایران، جلد ۳۷، شماره ۴، ص ۷۴۴-۷۳۷.
- ۲- صاحب هنر، م.، م. مرادی شهر بابک و س. ر. میرائی آشتیانی و م. ب. صیاد نژاد. ۱۳۸۹. برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی و تعیین برخی عوامل تاثیر گذار بر آن در گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم کشاورزی ایران، دوره ۴۱، شماره ۲، ص ۱۸۴-۱۷۳.

3. Abdallah, J. M. & B. T. McDaniel. (2000). Genetic parameters and trends of milk, fat, days open, and body weight after calving in North Carolina experimental herds. *Journal of Dairy Science*, 1364-1370.
4. Biassus, I. D. O., J. A. Cobuci, C. N. Costa, P. R. N. Rorato, J. B. Neto & L. L. Cardoso. (2011). Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. *R. Bras. Zootec*, 40, 85-94.

5. Carvalheira, J., E. J. Pollak, R. L. Quaas & R. W. Blake. (2002). An autoregressive repeatability animal model for test-day records in multiple lactations. *Journal of Dairy Science*, 85: 2040-2045.
6. Cobuci, J. A., C. N. Costa, J. B. Neto & A. F. D. Freitas. (2011). Genetic parameters for milk production by using random regression models with different alternatives of fixed regression modeling. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 40(3), 557-567.
7. Madsen, p. (2010). DmuTrace. A program to trace the pedigree for a sub set of animals from a larger pedigree file. University of Aarhus, DJF, Research Center Foulum, Denmark.
8. Moradi Shahrabak, M. (2002). Variance components estimation of production traits in Holstein cattle using test day records, In: Proceeding of 1st seminar on genetics and breeding applied to livestock, poultry and aquatics 20-21 Feb. Faculty of agriculture, University of Tehran, pp. 1-5. (in Farsi).
9. Razmkabir, M., A. Nejati-Javaremi, M. Moradi-Shahrabak, A. Rashidi & M. B. Sayadnejad. (2006). Estimation of genetic trend for production traits in Holstein cattle of Iran. 8th world congress on genetics, Aug. 13-18, Belo horizonte, Brasil.
10. Schaeffer, L. R. (2004). Application of random regression models in animal breeding. *Livestock Production Science*, 18: 35-45.
11. Weller, J. I. & E. Ezra. (2004). Genetic analysis of the Israeli Holstein dairy cattle population for production and nonproduction traits with a multi trait animal model. *Journal of Dairy Science*, 87: 1519-1527.

Estimation of genetic trends for milk production in Holstein cows of Iran using Test-day model

S. Hatamian^{*1}, S. Ansari Mahyari², M. A. Edriss³, H. Gholami⁴

1, M. Sc. Student, 2, Assistant Professor and 3, Professor of Isfahan University of Technology, 4, Semen Production Center, Karaj

*S. Hatamian: Hatamiansp@yahoo.com

Abstract

In order to estimate the genetic trend of milk production in Holstein dairy cows of Iran, data of Iran Animal Breeding Center between 1385-1390 were used. Estimation of parameters and genetic trend were used by Test-day and Random Regression model. Breeding value was computed by DMU software contemporary with multivariable model. Heritability of milk production, measure of fat and protein were estimated as 0.18, 0.21 and 0.29 respectively. Genetic trend was estimated using Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) as breeding value divided to birth date. Genetic trend for milk production, measure of fat and protein were 31.86 ± 0.13 , 1.04 ± 0.002 and 0.96 ± 0.003 , respectively. The result of genetic trend for milk production trait was desirable however, results for measure of fat and protein were not satisfying.

Key words: Genetic trend – Test day records - Random regression model - Holstein cows