

برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی و تعیین برخی عوامل تأثیرگذار بر آن در گاوهای هلشتاین ایران

محمد صاحب‌هنر^{۱*}، محمد مرادی شهربابک^۲، سیدرضا میرائی آشتیانی^۳ و محمدباقر صیادنژاد^۴
۱، ۲، ۳، دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد و استادان پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران
۴، کارشناس ارشد مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور
(تاریخ دریافت: ۸۸/۷/۷ - تاریخ تصویب: ۸۹/۲/۸)

چکیده

در این مطالعه، روند ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران، با استفاده از داده‌های مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور مربوط به گاوهای زایش اول بین سال‌های ۱۳۷۰ الی ۱۳۸۵ برآورد شد. جهت بررسی برخی عوامل موثر بر تغییرات روند ژنتیکی از داده‌های ۱۸ واحد گاوداری دارای رکوردهای مورد نظر استفاده شد. اجزاء ماتریس (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی با استفاده از تجزیه همزمان پنج صفتی و الگوریتم ترکیبی EM-AI نرم‌افزار WOMBAT برآورد گردید. وراثت‌پذیری صفات شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین به ترتیب، ۰/۲۵۵، ۰/۱۹۷، ۰/۲۱۰، ۰/۳۱۷ و ۰/۳۰۸ برآورد شد. روند ژنتیکی از تابعیت خطی میانگین بهترین پیش‌بینی ناریب خطی ارزش اصلاحی حیوانات بر سال تولد برآورد گردید. روند ژنتیکی در کل جمعیت برای صفات شیر، چربی و پروتئین به ترتیب برابر $۳۵/۴۳۷ \pm ۲/۶۵۵$ ، $۰/۷۱۴ \pm ۰/۰۵۹$ ، $۰/۹۴۵ \pm ۰/۰۶۹$ کیلوگرم و برای درصد چربی و درصد پروتئین $۰/۰۰۵ \pm ۰/۰۰۶$ و $۰/۰۰۲ \pm ۰/۰۰۲$ بدست آمد ($P < ۰/۰۰۱$). مقایسه روند ژنتیکی ۱۸ گله با یکدیگر نشان داد که بین روند ژنتیکی برآورد شده در گله‌های مختلف تفاوت معنی‌داری وجود دارد ($P < ۰/۰۰۱$). در بررسی تأثیر برخی عوامل باروری بر روند ژنتیکی، تأثیر سن در زمان اولین زایش ($P < ۰/۰۰۱$) و میانگین تعداد زایش ($P < ۰/۰۰۵$) بر روند ژنتیکی صفات تولیدی معنی‌دار شد. اثر حذف دام‌ها بر روند ژنتیکی صفات تولیدی معنی‌دار بود ($P < ۰/۰۰۵$). در گله‌های مورد بررسی بطور عمده دام‌ها تحت عوامل غیرارادی حذف شده و سهم حذف ارادی اندک بود. تأثیر حذف غیرارادی بر روند ژنتیکی معنی‌دار بود ($P < ۰/۰۰۱$).

واژه‌های کلیدی: روند ژنتیکی، صفات تولیدی، گاو هلشتاین، باروری، حذف.

مقدمه

روند ژنتیکی در جمعیت گاوشیری محاسبه شود (Kennedy & Moxley, 1975). بیشتر صفات مهم اقتصادی صفات کمی هستند که توسط تعداد زیادی ژن کنترل شده و تحت تأثیر عوامل محیطی قرار دارند.

هدف برنامه‌های اصلاح گاوشیری، افزایش شایستگی ژنتیکی صفات مهم اقتصادی می‌باشد. جهت ارزیابی تأثیر برنامه‌های اصلاحی در گذشته و حال لازم است که

(FCM)، فاصله زایش یک روز افزایش می‌یابد (Short et al., 1990). در برخی مطالعات رابطه منفی بین تغییرات ژنتیکی تولید شیر و برخی عوامل باروری گزارش شده است (Roman et al., 1999; Bonczek et al., 1992).

در گله‌های صنعتی گاوشیری، تفکیک حذف ارادی و حذف غیرارادی حایز اهمیت است. حذف ارادی زمانی رخ می‌دهد که گاودار تصمیم به حذف یک دام سالم و بارور به دلیل کمی تولید می‌گیرد. در مقابل حذف غیرارادی، حذف دام‌های پرتولید و اقتصادی در اثر بیماری، صدمات، عدم باروری یا تلفات بیان می‌شود (Weigel et al., 2003). برخی از عوامل مدیریتی بر بقای گاوهای شیری بواسطه تغییر سطوح حذف غیرارادی و ارادی تأثیرگذار می‌باشد (Weigel et al., 2003). مطالعه تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی در غالب چهار برنامه حذف شامل: ۱) انتخاب ارادی در زمان تولد بر اساس ارزش اصلاحی برآورد شده با استفاده از اطلاعات شجره، ۲) انتخاب بر اساس ارزش اصلاحی برآورد شده تنها بر اساس عملکرد، ۳) انتخاب جوانترین گاوها و ۴) انتخاب طی دوره اول شیردهی بر اساس ارزش اصلاحی برآورد شده، نشان داد زمانیکه از بهترین گاوهای نر استفاده شود تفاوتی بین روش‌های ۱، ۲ و ۴ از نظر پیشرفت ژنتیکی وجود ندارد (Pearson & Freeman, 1973). شبیه‌سازی شدت‌های مختلف حذف بر روند ژنتیکی بیانگر رابطه خطی بین حذف و روند ژنتیکی تولید شیر بود بطوری که به ازای یک درصد افزایش در حذف بر اساس تخمین توانایی تولید در دوره‌های بعد، روند ژنتیکی تولید شیر به میزان ۱/۶ کیلوگرم افزایش می‌یافت (Congleton, 1988). نتایج مطالعه ۱۸۶ گله در ایالت Wisconsin، نشان داد که ریسک حذف غیرارادی دام‌های پرتولید در مقایسه با میانگین گاوها از ۰/۵ بین سال‌های ۱۹۸۱ تا ۱۹۸۹ به ۰/۶۸ بین سال‌های ۱۹۹۶ تا ۲۰۰۰ افزایش یافته در حالیکه ریسک حذف ارادی گاوهای کم‌تولید در همان دوره زمانی از ۴/۲۰ به ۲/۵۵ کاهش یافته است (Weigel et al., 2003).

همبستگی ژنتیکی بین صفات یکی از مشخصه‌های مهم و تأثیرگذار یک برنامه اصلاحی است. بدنبال تغییر در تولید شیر مطالعه تغییرات همبسته در مقدار چربی،

جهت برآورد روند ژنتیکی لازم است که برای تغییرات محیطی موثر بر عملکرد فنوتیپی، تصحیح انجام گیرد (Blair & Pollak, 1984). Smith (1962) با استفاده از معادلات تابعیت، روند ژنتیکی و محیطی را بر اساس تفاوت تابعیت‌های عملکرد بر زمان در گروه‌های مختلف، محاسبه نمود. Blair & Pollak (1984) جهت محاسبه روند ژنتیکی از گروه‌های کنترل استفاده کردند و روند ژنتیکی را از تفاوت میانگین گروه‌های آزمایشی و کنترل محاسبه نمودند. با گسترش روش‌های پیشرفته آماری، امکان برآورد اجزای ژنتیکی و محیطی میسر گردید. از نظر تئوری، اگر پارامترهای ژنتیکی شناخته شده باشند بهترین برآورد از روند ژنتیکی با استفاده از مدل‌های مختلط Henderson حاصل می‌شود (Boichard et al., 1995). روند ژنتیکی از تابعیت میانگین بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) ارزش اصلاحی بر سال تولد محاسبه می‌گردد (Hintz et al., 1978). تاکنون مطالعات مختلفی در زمینه روند ژنتیکی صفات تولیدی در گاوهای هلشتاین ایران صورت گرفته است.

Dadpasand Taromsari (1999) با استفاده از تجزیه دو صفتی روند ژنتیکی را در جمعیت گاوهای هلشتاین ایران برای صفات شیر و چربی و با تجزیه تک صفتی برای درصد چربی، Razmkabir (2005) روند ژنتیکی صفات شیر، چربی و پروتئین را با استفاده از تجزیه سه صفتی برای دام‌های زایش اول جمعیت گاوهای هلشتاین ایران و Saghi (2001) روند ژنتیکی صفات شیر و چربی را برای گاوهای هلشتاین در شرایط مختلف آب و هوایی ایران بررسی نمود. عوامل متعددی بر روند ژنتیکی صفات اقتصادی موثر می‌باشد.

از نقطه نظر مدیریتی، تغییر شرایط مدیریتی گله بر عملکرد فنوتیپی و واریانس فنوتیپی و ژنتیکی صفات موثر می‌باشد (Calus et al., 2005). ناهمگنی بین گله‌ها در تولید، علت برآورد پارامترهای ژنتیکی متفاوت برای تولید شیر در گله‌های مختلف گزارش شده است (Short et al., 1990).

مطالعات مختلف بیانگر رابطه نامطلوب بین تولید و عوامل تولیدمثلی است. بررسی رابطه ژنتیکی تولید شیر و فاصله زایش نشان داد که به ازای هر ۱۰۰ کیلوگرم افزایش ژنتیکی در شیر تصحیح شده برای چربی

ویرایش داده‌ها محدودیت‌های زیر در نظر گرفته شده است.

۱. رکوردهای تولیدی دام‌های زایش اول بین سال‌های ۱۳۷۰ الی ۱۳۸۵.

۲. با توجه به اینکه جهت برآورد روند ژنتیکی از رکوردهای دام‌های زایش اول استفاده شد، دام‌هایی که سن زایش آن‌ها کمتر از ۲۱ و بالاتر از ۳۶ ماه بود، حذف شدند. میانگین سن زایش دام‌ها برابر ۲۶/۴۰ ماه بود.

۳. گاوهایی با تولید شیر تصحیح شده کمتر از ۱۰۰۰ و بالاتر از ۱۵۰۰۰ کیلوگرم، مقدار چربی کمتر از ۳۲ کیلوگرم و مقدار پروتئین کمتر از ۳۰ کیلوگرم حذف شده‌اند.

۴. رکوردهای مربوط به گله‌هایی که کمتر از ۵ رکورد داشتند، حذف شد.

جهت بررسی عوامل تأثیرگذار بر روند ژنتیکی اطلاعات مورد نیاز در فاصله زمانی مورد مطالعه، از ۱۸ واحد از گاوداری‌های بزرگ دارای سیستم ثبت اطلاعات مناسب واقع در هشت استان شامل ۴۸۶۱۴ داده جمع‌آوری گردید. جهت بررسی ساختار آماری داده‌ها، بررسی توزیع صفات از نرم‌افزار آماری SAS 9.1 (2003) و برازش مدل‌های مختلف از نرم‌افزار آماری R-2.6 (2007) استفاده شد. خلاصه آماری مربوط به صفات شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین در جدول ۱ نشان داده شده است.

مقدار پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین به دلیل ارزش اقتصادی صفات مذکور و تغییرات همبسته در این صفات در اثر انتخاب، حایز اهمیت می‌باشد (Roman et al., 1999).

حال سوال اساسی این است که آیا روند ژنتیکی صفات تولیدی در گاوهای هلشتاین ایران مناسب است و چه عواملی بر آن تأثیر می‌گذارد؟ اهداف مورد نظر در این مطالعه، برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی و ارزیابی آن در دوره‌های مختلف زمانی، بررسی تغییرات روند ژنتیکی صفات تولیدی در مدیریت‌های مختلف گاوداری و بررسی رابطه تغییرات روند ژنتیکی صفات تولیدی و برخی از عوامل مدیریتی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق به منظور برآورد روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران از اطلاعات جمع‌آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور استفاده شده است. داده‌های مورد استفاده شامل رکوردهای زایش اول صفات شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین، تصحیح شده بر اساس ۳۰۵ روز شیردهی و دوبار دوشش مربوط به ۱۲۷۲ گله می‌باشد. ویرایش و آماده‌سازی داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار Visual Fox Pro 9 (2004) و تهیه فایل شجره با استفاده از نرم‌افزار CFC 1.0 (Sargolzaei et al., 2006) انجام گرفت. در

جدول ۱- چکیده آماری داده‌های زایش اول صفات مورد بررسی

صفه	تعداد	میانگین	انحراف معیار	ضریب تغییرات	چولگی	کشدگی
شیر (kg)	۲۲۰۶۳۴	۶۴۳۰/۸۵	۱۴۵۱/۷۹	۲۲/۵۸	-۰/۱۲	-۰/۰۱
چربی (kg)	۲۰۶۷۳۶	۲۰۱/۹۵	۵۰/۱۰	۲۴/۸۲	۰/۲۵	۰/۰۲
پروتئین (kg)	۸۸۰۴۳	۲۱۳/۷۰	۳۹/۷۵	۱۸/۶۰	-۰/۱۸	۰/۳۱
درصد چربی	۲۰۶۷۳۶	۳/۱۷	۰/۰۰۱	۱۶/۲۸	۰/۳۰	۰/۱۱
درصد پروتئین	۸۸۰۴۳	۳/۱۰	۰/۰۰۰۹	۹/۰۳	۲/۸۲	۰/۳۱

مدل زیر جهت ارزیابی دام‌ها مورد استفاده قرار گرفت:

$$y_{ij} = \mu + HYS_i + a_j + b_1(AFC - \overline{AFC}) + b_2(\overline{AFC} - AFC)^2 + e_{ij}$$

مشاهده مربوط به زامین حیوان در i امین گروه گله- سال- فصل، μ میانگین جمعیت، HYS_i اثر ثابت i امین گروه گله- سال- فصل، a_j اثر تصادفی زامین حیوان، AFC اثر سن در زمان اولین زایش بر حسب ماه، \overline{AFC} میانگین

مدل زیر جهت ارزیابی دام‌ها مورد استفاده قرار گرفت:

$$y_{ij} = \mu + HYS_i + a_j + b_1(AFC - \overline{AFC}) + b_2(\overline{AFC} - AFC)^2 + e_{ij}$$

(بعنوان معیاری از شرایط مدیریتی مختلف) که اثر آنها بر روند ژنتیکی صفات تولیدی مورد بررسی قرار گرفت عبارت بودند از:

۱. میانگین تعداد زایش در هر گله، با میانگین ۴/۲ زایش.

۲. سن در زمان اولین زایش، با میانگین ۲۶ ماه.

۳. فاصله گوساله‌زایی، با میانگین ۱۴ ماه.

پس از تعیین هر یک از عوامل بالا برای هر یک از واحدهای گاوداری، مدل تابعیت زیر برازش داده شد:

$$y_i = \mu + b_1(PH - \overline{PH}) + b_2(AFC - \overline{AFC}) + b_3(CI - \overline{CI}) + e_i$$

$$y_i = \mu + b_1(PH - \overline{PH}) + b_2(AFC - \overline{AFC}) + b_3(CI - \overline{CI}) + e_i$$

y_i روند ژنتیکی صفات شیر، چربی و پروتئین دام‌های زایش اول در هر گله، μ اثر میانگین، \overline{PH} میانگین تعداد زایش در هر گله، \overline{PH} میانگین تعداد زایش، \overline{AFC} میانگین سن در زمان اولین زایش در هر گله، \overline{AFC} میانگین سن در زمان اولین زایش، \overline{CI} فاصله زایش، \overline{CI} میانگین فاصله زایش، b_1 ، b_2 ، b_3 ضرایب تابعیت خطی روند ژنتیکی صفات تولیدی از میانگین تعداد زایش، میانگین سن در زمان اولین زایش و فاصله زایش و e_i اثر باقیمانده است. بررسی تأثیر عوامل حذف بر روند ژنتیکی صفات تولیدی با استفاده از اطلاعات حذف مربوط به ۳۴۹۴۲ دام ماده انجام شد. میانگین سن حذف در دام‌های ماده برابر ۲۰۸۰/۳ روز، تقریباً برابر ۵/۵ سال بود. حذف حیوانات در واحدهای مورد بررسی بر اساس بیش از ۱۳۵ عامل مختلف صورت گرفته که در مجموع به دو گروه حذف غیرارادی و حذف ارادی تقسیم گردید.

حذف غیرارادی شامل:

۱. حذف ناشی از مشکلات و بیماری‌های تولیدمثلی (آندومتری، کیست، عفونت رحم، پرولاپس و غیره)
۲. حذف ناشی از مشکلات تغذیه‌ای و بیماری‌های گوارشی (نفخ، اسهال، عفونت، مسمومیت و غیره)
۳. حذف ناشی از مشکلات و بیماری‌های حرکتی (زمین‌گیری، آرتروز، شکستگی، لنگش و غیره)
۴. حذف ناشی از بیماری‌ها (یون، لکوز، بروسلوز، سل و غیره)

سن در زمان اولین زایش، b_1 ، b_2 ، b_3 ضرایب تابعیت خطی و درجه دوم سن زایش بر صفات تولیدی و e_{ij} اثر تصادفی باقیمانده می‌باشد. جهت تجزیه داده‌ها و پیش‌بینی ارزش اصلاحی حیوانات، برآورد مولفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی، الگوریتم EM-AI نرم‌افزار WOMBAT 1.0 (Meyer, 2007) تحت سیستم عامل Linux، مورد استفاده قرار گرفت. داده‌ها بصورت تک صفتی و همزمان دو، سه و پنج صفتی تجزیه شدند. روند فنوتیپی از تابعیت میانگین تولید بر سال تولد محاسبه گردید. روند ژنتیکی دام‌های نر و ماده با استفاده از تابعیت میانگین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده حاصل از تجزیه همزمان پنج صفتی حیوانات بر سال تولد برآورد گردید. میانگین ارزش اصلاحی دام‌های نر و ماده در هر سال، با استفاده از فرمول‌های زیر محاسبه گردید (Hintz et al., 1978):

$$\sum_i n_{ip} \hat{s}_i / n_p$$

$$\sum_j \hat{C}_j / m_p$$

$$i \hat{s}_i \text{ که } \sum_i n_{ip} \hat{s}_i / n_p \sum_j \hat{C}_j / m_p$$

امین گاونر که در pp امین سال متولد شده، \hat{s}_i ارزش اصلاحی برای i امین گاو نر، n_p تعداد کل دختران i امین گاونر که در pp امین سال متولد شده، \hat{C}_j ارزش اصلاحی j امین گاو ماده، m_p تعداد گاوهای ماده که در p امین سال متولد شده. روند محیطی از تفاضل بین روند فنوتیپی از روند ژنتیکی در هر سال برآورد گردید. پس از برآورد ارزش اصلاحی حیوانات روند ژنتیکی صفات شیر، چربی و پروتئین در هر یک از واحدها محاسبه شد. جهت بررسی تأثیر مدیریت‌های مختلف بر روند ژنتیکی صفات تولیدی، مدل زیر مورد بررسی قرار گرفت:

$$y_i = \mu + H_i + b(BY - \overline{BY}) + e_i$$

$$y_i = \mu + H_i + b(BY - \overline{BY}) + e_i$$

ارزش اصلاحی دام‌ها برای صفات شیر، چربی و پروتئین در هر سال، μ اثر میانگین، H_i اثر ثابت گله، \overline{BY} میانگین سال تولد، b ضریب تابعیت خطی میانگین ارزش اصلاحی دام‌ها از سال تولد و e_i اثر باقیمانده است. عوامل باروری

دام‌های حذف شده غیرارادی، $VC \overline{VC}$ میانگین ارزش اصلاحی دام‌های حذف شده ارادی در هر گله، $\overline{VC \overline{VC}}$ میانگین ارزش اصلاحی دام‌های حذف شده ارادی، b_1 ، b_2 و b_3 ضرایب تابعیت روند ژنتیکی صفات تولیدی دام‌های زایش اول از میانگین ارزش اصلاحی دام‌های حذف شده غیرارادی و ارادی و e_i اثر باقیمانده است.

اثر گروه‌های حذف غیرارادی از تابعیت میانگین ارزش اصلاحی دام‌ها برای صفات تولیدی در هر گله از میانگین ارزش اصلاحی دام‌های حذف شده در هر گروه محاسبه گردید. از آنجا که ۸۰٪ از مشکلات پستانی ناشی از ورم‌های پستانی گزارش شده، در گروه مشکلات پستانی تأثیر ورم‌های پستان مدنظر قرار گرفته است.

نتایج و بحث

روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی

وراثت‌پذیری بدست آمده در تجزیه تک صفتی، میانگین دو، سه صفتی و پنج‌صفتی در جدول ۲ نشان داده شده است. وراثت‌پذیری حاصل از تجزیه‌های مختلف برای صفات شیر، چربی، پروتئین و درصد چربی مشابه بود در صورتیکه وراثت‌پذیری درصد پروتئین با افزایش تعداد صفات، کاهش یافته است. زمانیکه تمام حیوانات برای تمام صفات مورد نظر فنوتیپ نداشته باشند با استفاده از تجزیه چند صفتی امکان برآورد ارزش اصلاحی برای تمام حیوانات میسر می‌گردد.

۵. حذف ناشی از مشکلات و بیماری‌های پستانی (انواع ورم‌های پستان، عفونت پستان، پارگی، کارتیه‌کور و غیره)
۶. حذف ناشی از مشکلات قلبی و ریوی (پنومونی، پریکاردیت، آبسه ریوی، عفونت قلبی و غیره)
۷. تلفات دام (خفگی، برق‌گرفتگی، مارگزیدگی و غیره) حذف ارادی شامل:
۱. فروش دام‌های مازاد
۲. حذف ناشی از کمی تولید
۳. حذف ناشی از مشکلات تیپ (پستان پاندولی، پستان کوچک، عدم رشد، نقص تیپ و غیره)
۴. حذف دام‌های غیراقتصادی (پیری، ناآرامی، شاخداری و غیره)
۵. فروش دام‌های داشتی و انتخابی

جهت بررسی اثر حذف ابتدا تابعیت روند ژنتیکی صفات مقدار شیر، چربی و پروتئین از میانگین ارزش اصلاحی دام‌های حذف شده برای صفات مذکور، در هر گله محاسبه گردید. سپس جهت مطالعه تأثیر هر یک از گروه‌های حذف غیرارادی و ارادی بر روند ژنتیکی صفات تولیدی مدل زیر مورد استفاده قرار گرفت:

$$y_i = \mu + b_1(IVC - \overline{IVC}) + b_2(VC - \overline{VC}) + e_i$$

y_i روند ژنتیکی صفات شیر، چربی و پروتئین دام‌های زایش اول در هر گله، μ اثر میانگین، $IVC \overline{IVC}$ میانگین ارزش اصلاحی دام‌های حذف شده غیرارادی در هر گله، $\overline{IVC \overline{IVC}}$ میانگین ارزش اصلاحی

جدول ۲- وراثت‌پذیری بدست آمده در تجزیه تک صفتی، میانگین دو، سه صفتی و پنج صفتی[‡]

صفت	تک صفتی	میانگین دو صفتی	میانگین سه صفتی	پنج صفتی
شیر	۰/۲۵۹(۰/۰۰۶)	۰/۲۵۹(۰/۰۰۶)	۰/۲۵۸(۰/۰۰۶)	۰/۲۵۵(۰/۰۰۶)
چربی	۰/۱۹۵(۰/۰۰۶)	۰/۱۹۵(۰/۰۰۶)	۰/۱۹۶(۰/۰۰۶)	۰/۱۹۷(۰/۰۰۶)
پروتئین	۰/۲۰۷(۰/۰۱۰)	۰/۲۱۰(۰/۰۱۷)	۰/۲۱۳(۰/۰۰۷)	۰/۲۱۰(۰/۰۰۷)
درصد چربی	۰/۳۱۹(۰/۰۰۶)	۰/۳۱۹(۰/۰۰۶)	۰/۳۱۹(۰/۰۰۶)	۰/۳۱۷(۰/۰۰۶)
درصد پروتئین	۰/۳۴۴(۰/۰۱۱)	۰/۳۳۸(۰/۰۱۱)	۰/۳۲۷(۰/۰۰۹)	۰/۳۰۸(۰/۰۰۹)

[‡] اعداد داخل پرانتز نشان‌دهنده خطای استاندارد برآورد است.

Dadpasand Taromsari (1999) وراثت‌پذیری تولید شیر و مقدار چربی را در تجزیه دو صفتی ۰/۳۳ و ۰/۲۳ و وراثت‌پذیری درصد چربی را با استفاده از تجزیه

Moradi Shahrababak (2002) وراثت‌پذیری تولید شیر و مقدار چربی را با استفاده از داده‌های ۳۰۵ روز در گاوهای هلستاین ایران به ترتیب ۰/۲۲ و ۰/۲۱،

است. Dadpasand Taromsari (1999) همبستگی ژنتیکی صفات شیر و چربی را ۰/۶۱، Razmkabir (2005) همبستگی ژنتیکی صفات شیر و چربی ۰/۷۷، شیر و پروتئین ۰/۸ و چربی و پروتئین را ۰/۷۴ گزارش نمود.

تک‌صفتی ۰/۳۲ و Razmkabir (2005) وراثت‌پذیری تولید شیر، مقدار چربی و پروتئین را با استفاده از تجزیه سه صفتی ۰/۲۶۸، ۰/۲۱۷ و ۰/۲۴۵ در جمعیت گاوهای هلستاین ایران برآورد نمود. همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدی در جدول ۳ نشان داده شده

جدول ۳- ضرایب همبستگی ژنتیکی (بالای قطر) و فنوتیپی (پائین قطر) با استفاده از تجزیه همزمان پنج صفتی[‡]

صفت	شیر	چربی	پروتئین	درصد چربی	درصد پروتئین
شیر	-----	۰/۶۳۶(۰/۰۱۱)	۰/۹۰۲(۰/۰۰۴)	-۰/۵۷۹(۰/۰۱۳)	-۰/۶۱۸(۰/۰۱۶)
چربی	۰/۷۲۳(۰/۰۰۱)	-----	۰/۷۳۶(۰/۰۱۱)	۰/۲۵۲(۰/۰۱۸)	-۰/۰۷۰(۰/۰۲۴)
پروتئین	۰/۹۲۶(۰/۰۰۱)	۰/۷۴۴(۰/۰۰۱)	-----	-۰/۳۵۸(۰/۰۱۸)	۰/۲۲۴(۰/۰۲۴)
درصد چربی	-۰/۴۶۸(۰/۰۰۲)	۰/۲۳۹(۰/۰۰۳)	-۰/۳۳۸(۰/۰۰۳)	-----	۰/۶۹۷(۰/۰۱۴)
درصد پروتئین	-۰/۴۹۴(۰/۰۰۳)	-۰/۱۷۵(۰/۰۰۳)	-۰/۱۵۹(۰/۰۰۴)	۰/۵۲۰(۰/۰۰۳)	-----

[‡] اعداد داخل پرانتز نشان‌دهنده خطای استاندارد برآورد است.

پروتئین را در جمعیت گاوهای هلستاین ایران به ترتیب، ۳۳/۸۴، ۰/۶۴ و ۱/۰۰ کیلوگرم گزارش نمود. Weller & Ezra (2004) روند ژنتیکی صفات شیر، چربی و پروتئین را به ترتیب، ۵۳/۷، ۲/۰۰ و ۲/۱۵ کیلوگرم و درصد چربی و درصد پروتئین را ۰/۰۰۲۶ و ۰/۰۰۵۲ برای گاوهای هلستاین اسرائیل گزارش کردند که نشان می‌دهد که اگرچه همبستگی بین تولید شیر، درصد چربی و درصد پروتئین منفی است با این وجود، افزایش تولید شیر همراه با افزایش درصد چربی و درصد پروتئین امکان‌پذیر می‌باشد.

روند ژنتیکی صفات شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین در کل جامعه در جدول ۴ نشان داده شده است. روند ژنتیکی برای صفات شیر، چربی و پروتئین مثبت و برای درصد چربی و درصد پروتئین منفی بدست آمد. Dadpasand Taromsari (1999) میزان روند ژنتیکی صفات شیر و چربی را ۱۲/۴۸ و ۰/۱۳ کیلوگرم و درصد چربی را ۰/۰۰۲۷۵، -Saghi (2001) متوسط روند ژنتیکی تولید شیر، مقدار و درصد چربی را به ترتیب، ۲۶/۲۱، ۰/۹۱ کیلوگرم و ۰/۰۴ درصد و Razmkabir (2005) روند ژنتیکی صفات شیر، چربی و

جدول ۴- روند ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی صفات تولیدی با استفاده از تجزیه همزمان پنج صفتی[‡]

صفت	روند ژنتیکی	روند فنوتیپی	روند محیطی
شیر (kg)	۳۵/۴۴(۲/۶۵۵) ^{***}	۱۲۲/۷۵(۲/۹۳۶) ^{***}	۸۷/۳۱(۲/۴۶۸) ^{***}
چربی (kg)	۰/۷۱(۰/۰۵۹) ^{***}	۴/۵۳(۰/۲۸۰) ^{***}	۳/۸۲(۰/۲۴۹) ^{***}
پروتئین (kg)	۰/۹۵(۰/۰۶۹) ^{***}	۵/۳۶(۱/۴۲۲) ^{**}	۴/۴۲(۱/۴۴۰) ^{**}
درصد چربی	-۰/۰۰۶(۰/۰۰۰۵) ^{***}	-۰/۰۰۷(۰/۰۰۳) ^{***}	-۰/۰۱۳(۰/۰۰۳) ^{**}
درصد پروتئین	-۰/۰۰۲(۰/۰۰۰۲) ^{***}	-۰/۰۰۶(۰/۰۱۳) ^{***}	-۰/۰۰۸(۰/۰۱۳) ^{ns}

[‡] اعداد داخل پرانتز نشان‌دهنده خطای استاندارد برآورد است.

*** معنی‌دار در سطح ۰/۰۰۱، ** معنی‌دار در سطح ۰/۰۱، ns غیرمعنی‌دار

میزان پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار برای یک صفت تقریباً یک درصد میانگین فنوتیپی آن صفت است (Smith, 1962; Rendel & Robertson, 1950). به عنوان مثال میزان روند ژنتیکی مورد انتظار برای تولید شیر با توجه به میانگین فنوتیپی آن (جدول ۱) تقریباً

مقایسه روند ژنتیکی محاسبه شده در این مطالعه با سایر مطالعات انجام شده در ایران، نشان می‌دهد که هدف انتخاب در ایران در جهت افزایش تولید شیر می‌باشد. بطورکلی، میزان روند ژنتیکی صفات تولیدی در ایران کمتر از مقادیر مورد انتظار است. از نظر تئوری،

برتری می‌توان به استفاده گسترده از تلقیح مصنوعی که منجر به افزایش نرخ باروری و به دنبال آن افزایش شدت انتخاب در دام‌های نر شده است، اشاره نمود (Burnside et al., 1992).

Burnside et al. (1992) نشان دادند که میزان تفاوت انتخاب در پدران گاوهای نر نسبت به مادران آنها و در پدران گاوهای ماده نسبت به مادران آنها بالاتر است. Nizamani & Berger (1996) گزارش کردند که انتخاب در مادران گاوهای ماده نسبت به سایر مسیرها با شدت کمتری انجام گرفته و این امر منجر به کمتر بودن پیشرفت ژنتیکی در این مسیر نسبت به سایر مسیرها شده است و علت آنرا پایین بودن نرخ باروری دام‌های ماده بیان کردند.

۶۵ کیلوگرم است. روند ژنتیکی برآورد شده برای تولید شیر در این مطالعه، معادل ۰/۵۵٪ میانگین فنوتیپی می‌باشد.

جهت بررسی روند ژنتیکی در دوره‌های مختلف زمانی روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی صفات شیر و چربی بر حسب سال تولد، در جداول ۵ و ۶ نشان داده شده است. بررسی جداول نشان‌دهنده بالاتر بودن روند ژنتیکی صفات فوق‌الذکر در دوره سوم است. در مقابل، روند محیطی صفات مذکور در دوره سوم کمتر از دوره‌های قبل می‌باشد. بررسی جداول زیر حاکی از این امر می‌باشد که در دوره سوم سهم اثرات ژنتیکی موثرتر از اثرات محیطی است. جدول ۷ بیانگر روند ژنتیکی صفات تولیدی برای حیوانات نر و ماده می‌باشد. نتایج نشان می‌دهد نرخ پیشرفت ژنتیکی برای تولید شیر در دام‌های نر بیشتر از دام‌های ماده است. از دلایل این

جدول ۵- روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی تولید شیر (کیلوگرم) در دوره‌های مختلف زمانی[‡]

دوره زمانی	روند ژنتیکی	روند فنوتیپی	روند محیطی
اول (۱۳۶۷-۱۳۷۱)	۱۹/۲۹۳(۶/۸۲)*	۱۰۸/۹۰(۶/۱۲)**	۸۹/۶۲(۱۲/۳۸)**
دوم (۱۳۷۲-۱۳۷۶)	۲۲/۲۶۸(۸/۲۲)*	۱۱۴/۸۴(۱۱/۸۷)**	۹۲/۵۸(۹/۰۵)**
سوم (۱۳۷۷-۱۳۸۳)	۵۳/۰۰۰(۲/۵۹)**	۱۲۵/۶۸(۱۲/۸۴)**	۷۲/۶۸(۱۲/۹۳)**

[‡] اعداد داخل پرانتز نشان‌دهنده خطای استاندارد برآورد است.

*** معنی‌دار در سطح ۰/۰۰۱، ** معنی‌دار در سطح ۰/۰۱، * معنی‌دار در سطح ۰/۰۵.

جدول ۶- روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی مقدار چربی (کیلوگرم) در دوره‌های مختلف زمانی[‡]

دوره زمانی	روند ژنتیکی	روند فنوتیپی	روند محیطی
اول (۱۳۶۷-۱۳۷۱)	۰/۲۷۷(۰/۱۴۳) ^{ns}	۱/۴۷۳(۰/۶۶۹) ^{ns}	۱/۱۹۵(۰/۶۳۲) ^{ns}
دوم (۱۳۷۲-۱۳۷۶)	۰/۲۴۸(۰/۱۴۶) ^{ns}	۴/۱۹۹(۰/۵۵۶)**	۳/۹۵۱(۰/۴۶۵)**
سوم (۱۳۷۷-۱۳۸۳)	۱/۱۷۱(۰/۰۸۵)**	۴/۴۹۱(۰/۸۶۹)**	۳/۳۱۹(۰/۰۹)**

[‡] اعداد داخل پرانتز نشان‌دهنده خطای استاندارد برآورد است.

*** معنی‌دار در سطح ۰/۰۰۱، ** معنی‌دار در سطح ۰/۰۱، ^{ns} غیر معنی‌دار

جدول ۷- روند ژنتیکی صفات تولیدی برای حیوانات نر و ماده[‡]

صفت	نر	ماده
شیر (kg)	۳۷/۷۲۳(۴/۸۹۳)**	۳۵/۷۲۱(۲/۶۶۷)**
چربی (kg)	۰/۶۷۶(۰/۰۸۷)**	۰/۷۲۳(۰/۰۶۰)**
پروتئین (kg)	۱/۰۲۳(۰/۱۳۲)**	۰/۹۵۴(۰/۰۶۹)**
درصد چربی	-۰/۰۰۸(۰/۰۱۳)**	-۰/۰۰۶(۰/۰۰۵)**
درصد پروتئین	-۰/۰۰۲(۰/۰۰۴)**	-۰/۰۰۲(۰/۰۰۲)**

[‡] اعداد داخل پرانتز نشان‌دهنده خطای استاندارد برآورد است.

*** معنی‌دار در سطح ۰/۰۰۱

اثر گله

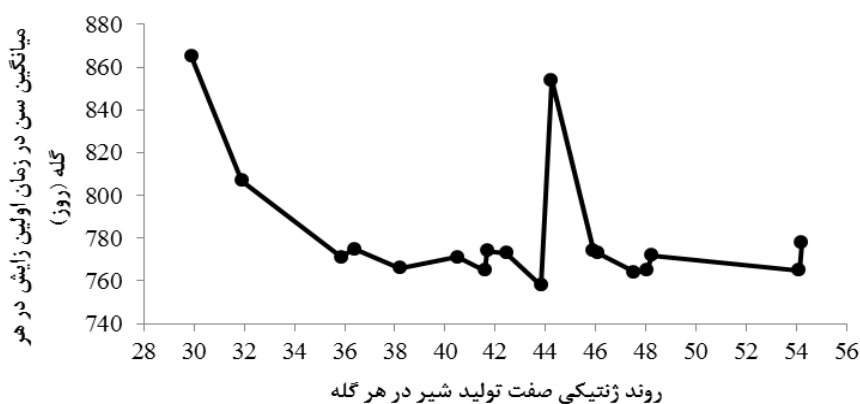
اثر عامل گله و سال تولد بر میانگین ارزش اصلاحی صفات شیر، چربی و پروتئین معنی‌دار شد ($P < 0/001$). در نتیجه، تفاوت مشاهده شده بین روند ژنتیکی صفات تولیدی گله‌های مختلف معنی‌دار است و این تفاوت ناشی از شرایط مدیریتی مختلف در هر گله می‌باشد. با توجه به تأثیر عامل مدیریت بر تغییرات روند ژنتیکی، بهبود شرایط مدیریتی در افزایش پیشرفت ژنتیکی

صفات مورد بررسی موثر است.

بازدهی تولیدمثلی

تأثیر میانگین تعداد زایش ($P < 0/05$) و میانگین سن در زمان اولین زایش ($P < 0/01$) بر روند ژنتیکی صفات شیر، چربی و پروتئین معنی‌دار و تأثیر فاصله زایش غیرمعنی‌دار بود. برای صفات شیر، چربی و پروتئین ضریب تابعیت روند ژنتیکی از میانگین تعداد زایش، برابر $0/86$ ، $0/30$ و $0/26$ و ضریب تابعیت روند ژنتیکی از میانگین سن در زمان اولین زایش

$0/177$ ، $0/004$ و $0/004$ محاسبه گردید. بررسی ضرایب بدست آمده نشان می‌دهد که رابطه میانگین تعداد زایش و سن در زمان اولین زایش با روند ژنتیکی صفات تولیدی معکوس است. در شکل ۱ رابطه بین روند ژنتیکی تولید شیر و میانگین سن در زمان اولین زایش (به جز در یک گله) با کاهش سن در زمان اولین زایش روند ژنتیکی تولید شیر افزایش یافته است.



شکل ۱- رابطه بین روند ژنتیکی تولید شیر و میانگین سن در زمان اولین زایش در هر گله

حیوانات جوان بطور میانگین از نظر ژنتیکی نسبت به حیوانات مسن برتر هستند (Nizamani & Berger, 1996; Hill, 1980). Pearson & Freeman (1973) بیان کردند فاصله نسل بشدت تحت تأثیر زمان انتخاب دام‌های ماده قرار دارد. Nizamani & Berger (1996) بیان کردند که استفاده از اسپرم گاوهای نر جوان در برنامه‌های تلقیح مصنوعی سبب کاهش فاصله نسل در پدران گاوهای نر نژاد جرسی و افزایش پیشرفت ژنتیکی شده است. با افزایش میانگین تعداد زایش فاصله نسل افزایش و تنوع ژنتیکی کاهش یافته که در نهایت منجر به کاهش نرخ پیشرفت ژنتیکی صفات تولیدی می‌گردد.

حذف

حذف دام‌ها در گله‌های مورد بررسی بیشتر تحت تأثیر عوامل غیرارادی انجام شده است بطوریکه، $0/76$ دام‌ها در اثر عوامل غیرارادی و $0/24$ در اثر عوامل ارادی حذف شده‌اند. تأثیر حذف دام‌ها بر روند ژنتیکی صفات تولیدی معنی‌دار بود ($P < 0/05$). ضریب تابعیت روند

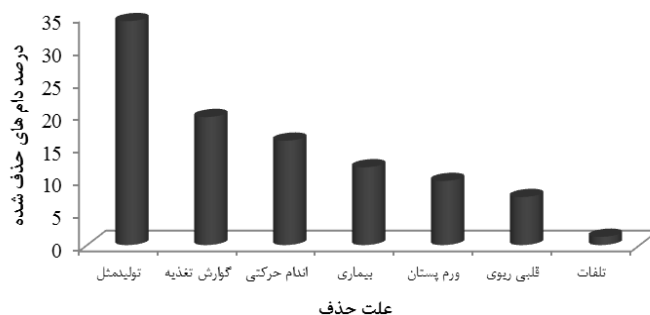
کاهش سن در زمان زایش اثرات مثبت مستقیمی بر پیشرفت ژنتیکی دارد زیرا سبب کاهش فاصله نسل می‌شود (Pirlo et al., 2000). با توجه به معادله اساسی پیشرفت ژنتیکی و عوامل موثر بر آن، انتظار می‌رود با کاهش سن در زمان اولین زایش میزان پیشرفت ژنتیکی افزایش یابد. با این وجود به دلیل پایین بودن وراثت‌پذیری سن در زمان اولین زایش (Moore et al., 1991) کاهش آن از طریق برنامه‌های ژنتیکی مناسب نبوده (Short et al., 1990) و بهبود شرایط محیطی و تصمیمات مدیریتی موثرتر می‌باشد. Pirlo et al. (2000) اثر سن در زمان اولین زایش را بر صفات تولیدی بررسی کردند و مناسب‌ترین سن در زمان اولین زایش را بر اساس محدودیت‌های بیولوژیکی، هزینه پرورش و درآمد حاصل از میزان تولید شیر ۲۳ و ۲۴ ماهگی گزارش نمودند.

جهت افزایش پیشرفت ژنتیکی استفاده از حیوانات جوان در برنامه‌های اصلاحی حایز اهمیت می‌باشد زیرا

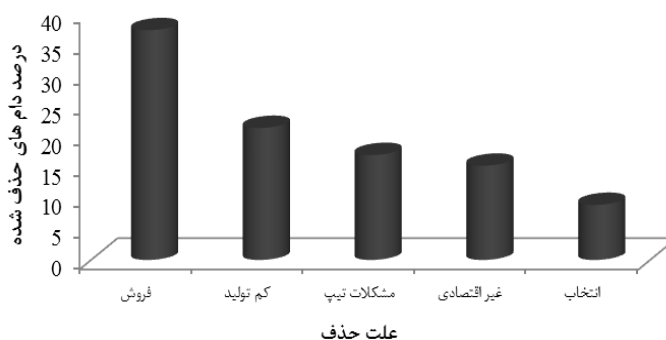
ارادی دامها بر اساس عملکرد، حذف بر اساس میزان تولید در اولین زایش است (Hill, 1980).
 Allaire (1980) بیان کرد که ۰/۱۵ تا ۰/۱۸٪ از میانگین پیشرفت ژنتیکی سالانه ناشی از حذف ارادی در دامهای ماده است که معادل هشت تا ۱۰ کیلوگرم افزایش در میانگین تولید شیر در رکورد زایش اول است. اغلب بین حذف غیرارادی و ارادی تبادل برقرار می‌باشد (Weigel et al., 2003). تغییر جهت حذف از حذفهای غیرارادی به سمت حذفهای ارادی سبب حذف دامهای نامطلوب، افزایش همگنی ترکیب گله و بهبود شرایط مدیریتی و در نتیجه کاهش حذف غیرارادی دامهای برتر می‌گردد. با این وجود، کمبود تلیسه جایگزین و قیمت بالای آن از دلایل پایین بودن حذف ارادی در گله‌ها می‌باشد (Weigel et al., 2003). در مقایسه چهار برنامه حذف پیشنهاد شد در صورتی که افت ارزش گاوها بالا باشد بهترین حالت، انتخاب در تلیسه‌ها است که بالاترین شدت و در عین حال کمترین صحت انتخاب را نسبت به سایر برنامه‌ها دارا می‌باشد (Pearson & Freeman, 1973). جهت افزایش پیشرفت ژنتیکی در صفات تولیدی لازم است که انتخاب در سطح تلیسه‌ها و بر اساس ارزشهای اصلاحی برآورد شده با استفاده از اطلاعات والدین و خویشاوندان آنها صورت گیرد.

ژنتیکی از میانگین ارزش اصلاحی دامهای حذف شده در هر گله برای صفات شیر، چربی و پروتئین به ترتیب، ۰/۴۵-، ۰/۴۰- و ۰/۵۲- محاسبه گردید. این امر نشان می‌دهد که حذف دامها تأثیر نامطلوبی بر روند ژنتیکی صفات تولیدی داشته است. در بررسی تأثیر گروه حذف غیرارادی و ارادی بر روند ژنتیکی صفات تولیدی، تأثیر حذف غیرارادی بر روند ژنتیکی صفات تولیدی معنی‌دار ($P < 0.01$) و تأثیر حذف ارادی غیرمعنی‌دار بود. ضریب تابعیت روند ژنتیکی از حذف غیرارادی برای صفات شیر، چربی و پروتئین به ترتیب، ۰/۵۷-، ۰/۶۲- و ۰/۶۳- محاسبه گردید. بر اساس ضرایب تابعیت حاصله حذف غیرارادی دامها تأثیر نامطلوبی بر روند ژنتیکی داشته و سبب کاهش پیشرفت ژنتیکی صفات تولیدی شده است.

میانگین سن حذف غیرارادی و ارادی به ترتیب، برابر ۵/۶ و ۵/۳ سال بود. مقایسه میانگین سن حذف غیرارادی و ارادی دامها نشان می‌دهد در بیشتر موارد حذف ارادی شامل حذف دامهایی می‌باشد که عمر تولیدی آنها به پایان رسیده و فاقد ارزش اقتصادی هستند، لذا حذف ارادی تأثیر چندانی در جهت پیشرفت ژنتیکی نداشته است. هدف از انتخاب گاوهای ماده در گله بهبود عملکرد فنوتیپی و افزایش پیشرفت ژنتیکی بیان شده است (Hill, 1980). بهترین حالت جهت حذف



شکل ۲- درصد دام در گروه‌های مختلف حذف غیرارادی



شکل ۳- درصد دام در گروه‌های مختلف حذف ارادی

می‌باشند که نشان می‌دهد ریسک حذف گاوهای پرتولید در گله به دلیل حساسیت به شرایط محیطی، بیشتر از گاوهای کم‌تولید است (Weigel et al., 2003). از آنجا که وراثت‌پذیری صفات مرتبط با باروری و سلامت حیوان به شدت پایین می‌باشد، بنابراین گاوهایی که بر اثر این عوامل حذف می‌شوند گاوهایی با ساختار ژنتیکی نامطلوب برای صفات باروری و سلامت نمی‌باشند (Weigel, 2004). لذا بیشتر گاوهایی که بطور غیرارادی حذف می‌شوند گاوهایی هستند که از لحاظ ژنتیکی برتر بوده که به علت شرایط مدیریتی نامطلوب حذف شده‌اند (Weigel, 2004). Weigel et al. (2003) گزارش کردند در گله‌هایی با شرایط مدیریتی مطلوب‌تر از نظر تعداد گاو به ازاء هر کارگر، تعداد دفعات دوشش، مدیریت مناسب تولیدمثل و محیط مناسب پرورش، ریسک حذف غیرارادی دام‌های پرتولید کمتر می‌باشد.

در شکل‌های ۲ و ۳ درصد دام‌های حذف شده در گروه‌های مختلف حذف غیرارادی و ارادی نشان داده شده است. در بین گروه‌های حذف غیرارادی بیشترین تعداد دام در اثر مشکلات تولیدمثلی حذف شده و در بین گروه‌های حذف ارادی بیشترین تعداد دام به فروش رسیده است. معمولاً عمده‌ترین عامل حذف دام‌ها پس از کمی تولید، مشکلات باروری می‌باشد (Short et al., 1990). مقایسه میانگین ارزش اصلاحی تولید شیر در گروه‌های مختلف حذف غیرارادی و ارادی در جداول ۸ و ۹ نشان می‌دهد گاوهایی که غیرارادی حذف شده‌اند میانگین ارزش اصلاحی بالاتری نسبت به گاوهایی که ارادی حذف شده‌اند، دارا هستند. بین گروه‌های حذف غیرارادی دام‌هایی که بر اثر مشکلات گوارشی تغذیه‌ای و ورم‌های پستانی حذف شده‌اند دارای ارزش اصلاحی بالاتری نسبت به سایر گروه‌های حذف غیرارادی

جدول ۸- مقایسه میانگین سن حذف و میانگین ارزش اصلاحی تولید شیر در گروه‌های حذف غیرارادی

تولید مثل	گوارشی تغذیه‌ای	اندام حرکتی	بیماری	ورم پستان	قلبی - ریوی
میانگین سن	۵/۱	۵/۸	۵/۴	۵/۶	۵/۰
میانگین ارزش اصلاحی	۴۱۵/۳۵	۳۸۹/۷	۳۹۵/۸	۴۰۸/۲۳	۳۹۱/۵۳

جدول ۹- مقایسه میانگین سن حذف و میانگین ارزش اصلاحی تولید شیر در گروه‌های حذف ارادی

فروش	کم‌تولید	مشکلات تیپ	غیر اقتصادی	انتخاب
میانگین سن	۵/۲	۶/۱	۸/۸	۴/۳
میانگین ارزش اصلاحی	۹۷/۵	۳۰۹/۸	۱۹۱/۴	۱۵۹/۲

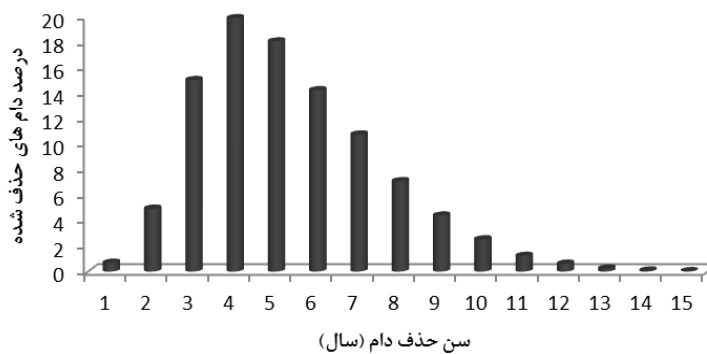
ارزش اصلاحی هر گله داشته است. بدون شک کاهش در حذف ارادی و افزایش حذف غیرارادی سبب کاهش در تولید شیر خواهد شد (Weigel et al., 2003). شکل ۴ نشان‌دهنده درصد دام‌های حذف شده غیرارادی در سنین مختلف است. اگر سن پیک تولید را شش سالگی در نظر بگیریم (McDaniel, 1971)، ۵۹٪ از دام‌ها در سنین کمتر از شش سالگی تحت عوامل غیرارادی حذف شده‌اند. کاهش حذف غیرارادی دام‌ها منجر به افزایش تعداد دام‌های برتری که به سن پیک تولید می‌رسند، می‌گردد.

بین دام‌های حذف شده ارادی، دام‌های کم‌تولید دارای پایین‌ترین میانگین ارزش اصلاحی بودند. با این وجود، بررسی سن حذف دام‌های کم‌تولید و سایر گروه‌های حذف ارادی نمایانگر عدم وجود انتخاب بین حیوانات ماده است. در بحث حذف غیرارادی حذف دام‌ها در اثر مشکلات تولیدمثلی، گوارشی و تغذیه‌ای، اندام‌های حرکتی، بیماری، ورم پستان و قلبی و ریوی بر میانگین ارزش اصلاحی هر گله بررسی شد (جدول ۱۰). حذف دام‌ها تحت هر یک از عوامل حذف غیرارادی اثر نامطلوبی بر میانگین ارزش اصلاحی گله دارد. با این وجود، حذف در اثر مشکلات تولیدمثلی و عوامل گوارشی تغذیه‌ای بیشترین تأثیر نامطلوب را بر میانگین

جدول ۱۰- ضرایب تابعیت میانگین ارزش اصلاحی در هر گله از میانگین ارزش اصلاحی

مقدار پروتئین	مقدار چربی	تولید شیر	دام‌های حذف شده در هر گروه
-۰/۹۷***	-۰/۹۸***	-۰/۹۳***	مشکلات تولیدمثلی
-۰/۹۵***	-۰/۹۵***	-۰/۹۳***	مشکلات گوارشی تغذیه‌ای
-۰/۸۵***	-۰/۹۰***	-۰/۸۱***	مشکلات اندام‌های حرکتی
-۰/۶۰***	-۰/۶۷***	-۰/۵۲**	بیماری
-۰/۷۳***	-۰/۷۶***	-۰/۶۶***	ورم پستان
-۰/۸۶***	-۰/۸۰***	-۰/۸۲***	مشکلات قلبی و ریوی

*** معنی‌دار در سطح ۰/۰۰۱، ** معنی‌دار در سطح ۰/۰۱.



شکل ۴- درصد دام‌های حذف شده تحت عوامل غیرارادی در سنین مختلف

سرمایه‌گذاری کوثر و سازمان کشاورزی و دامپروری تأمین اجتماعی به خاطر در اختیار قرار دادن اطلاعات مورد نیاز تشکر و قدردانی می‌گردد.

سپاسگزاری

از مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور، سازمان کشاورزی و دامپروری بنیاد مستضعفان، شرکت

REFERENCES

1. Allaire, F. R. (1980). Economic consequence of replacing cows with genetically improved heifers. *Journal of Dairy Science*, 64, 1985-1995.
2. Blair, H. T. & Pollak, E. J. (1984). Estimation of genetic trend in a selected population with and without the use of a control population. *Journal of Dairy Science*, 58, 878-886.
3. Boichard, D., Bonaiti, B., Barbat, A. & Mattalia, S. (1995). Three method to validation the estimation of genetic trend for dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 78, 431-437.
4. Bonczek, R. R., Richardson, D. O., Moore, E. D., Miller, R. H., Owen, J. R., Dowlen, H. H. & Bell, B. R. (1992). Correlated response in reproductive accompanying selection for milk in Jerseys. *Journal of Dairy Science*, 75, 1154:1160.
5. Burnside, E. B., Jansen, G. B., Civati, G. & Dadati, E. (1992). Observed and theoretical genetic trend in a large dairy production under intensive selection. *Journal of Dairy Science*, 75, 2242-2253.
6. Calus, M. P. L., Windig, J. J. & Veerkamp, R. F. (2005). Associations among descriptors of herd management and phenotypic and genetic levels of health and fertility. *Journal of Dairy Science*, 88, 2178-2189.
7. Congleton, W. R. (1988). Dairy cow culling decision. 2. Profitability and genetic trend in herds with culling on production versus income. *Journal of Dairy Science*, 71, 1905-1915.
8. Dadpasand Taromsari, M. (1999). *Study of genetic trend of production traits in Iranian Holstein cattle*. M. Sc. Thesis. Agriculture Faculty, University of Tehran. (In Farsi).
9. Hill, G. W. (1980). Theoretical aspects of culling and selection in dairy cattle. *Livestock Production Science*, 7, 213-224.
10. Hintz, R. L., Everett R. W. & Van Vleck L. D. (1978). Estimation of genetic trends from cow and sire evaluations. *Journal of Dairy Science*, 61, 607-613.
11. Kennedy, B. W. & Moxley J. E. (1975). Genetic trends among artificially bred Holsteins in Quebec. *Journal of Dairy Science*, 58, 1871-1875.
12. McDaniel. B. T. (1971). Merits and problems of adjusting to other than mature age. *Journal of Dairy Science*, 56, 959-967.
13. Meyer, K. (2007). WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. *Journal of Zhejiang University-SCIENCE B* 8: 815-821. [doi:10.1631/jzus.2007.B0815].
14. Moore, R. K., Kennedy, B. W., Schaeffer, L. R. & Moxley, J. E. (1991). Relationships between age and body weight at calving and production in first lactation Ayrshires and Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 74, 269-278.
15. Moradi Shahrababak, M. (2002). Variance components estimation of production traits in Holstein cattle using test day records, In: *Proceedings 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).
16. Nizamani, A. H. & Berger, P. J. (1996). Estimation of genetic trend for yield traits of the registered Jersey population. *Journal of Dairy Science*, 79, 487-494.
17. Pearson, R. E. & Freeman, A. E. (1973). Effect of female culling and age distribution of the dairy herd on profitability. *Journal of Dairy Science*, 56, 1459-1464.
18. Pirlo, G., Miglior F. & Spernoi M. (2000). Effect of age at first calving on production traits and on difference between milk yield returns and rearing costs in Italian Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 83, 603-608.
19. R Development Core Team. (2007). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.
20. Razmkabir, M. (2005). *Estimation of genetic trend for production traits in Iranian Holstein cattle*. M.Sc. Thesis. Agriculture Faculty, University of Tehran. (In Farsi).
21. Rendel, J. M. & Robertson, A. (1950). Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle. *Journal of Genetics*, 50, 1.
22. Roman, R. M., Wilcox, C. J. & Littell, R. C. (1999). Genetic trends for milk yield of Jerseys and correlated changes in productive and reproductive performance. *Journal of Dairy Science*, 82, 196-204.
23. Saghi, D. A. (2001). *Adaption of Holstein dairy cattle to Iranian environmental condition*. M. Sc. Thesis. Agriculture Faculty, University of Tehran. (In Farsi).
24. Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. & Colleau, J. J. (2006). CFC: a tool for monitoring genetic diversity, In: *Proceedings of 8th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production* 13-18 Aug., Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, pp.27-28.
25. SAS Institute Inc. (2003). *SAS 9.1.3 Help and Documentation*, Cary, NC: SAS Institute Inc.
26. Short, T. H., Blake, R. W., Quaas, R. L. & Van Vleck, L. D. (1990). Heterogeneous Within-Herd Variance. 2. Genetic relationships between milk and calving interval in grade Holstein. *Journal of Dairy Science*, 73, 3321-3329.

27. Smith, C. (1962). Estimation of genetic change in farm livestock using field records. *Animal Production*, 4, 239.
28. Weigel, K. A. (2004). Exploring the role of sexed semen in dairy production systems. *Journal of Dairy Science*, 87, (E. Suppl.): E120-E130.
29. Weigel, K. A., Palmer, R. W. & Caraviello, D. Z. (2003). Investigation of factors affecting voluntary and involuntary culling in expanding dairy herds in Wisconsin using survival analysis. *Journal of Dairy Science*, 86, 1482-1486.
30. Weller, J. I. & Ezra, E. (2004). Genetic analysis of the Israel Holstein dairy cattle population for production and nonproduction traits with a multi trait animal model. *Journal of Dairy Science*, 87, 1519-1527.