

اثر هم‌خونی بر پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی و تولیدمثل و روند ارزش‌های اصلاحی گاوهای هلشتاین ایران

محمد رکوعی^۱، رسول واعظ ترشیزی^{۲*}، محمد مرادی شهربابک^۳، مهدی سرگلزائی^۴
و اندرس کریستین سورنسن^۵

۱، ۲، دانشجوی دکتری و دانشیار دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ۳، استاد پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، ۴، محقق مرکز بهبود ژنتیکی دام‌های اهلی دانشگاه گونلف، کانادا، ۵، استاد گروه ژنتیک و بیوتکنولوژی دانشگاه آرهوس، دانمارک
(تاریخ دریافت: ۸۸/۱۱/۴ - تاریخ تصویب: ۸۹/۱۱/۲۰)

چکیده

اثر هم‌خونی بر برآورد پارامترهای ژنتیکی، ارزش‌های اصلاحی و روند ژنتیکی صفات تولیدی (شیر، چربی و پروتئین)، صفات تولیدمثل (سن در اولین زایش، فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی، فاصله گوساله‌زائی، فاصله بین زایش تا اولین تلقیح، و آسان‌زائی) و ماندگاری گاوهای هلشتاین در ایران، مورد مطالعه قرار گرفت. ضریب هم‌خونی هر حیوان با استفاده از شجره ۲۹۸۴۴ گاو نر و ۸۲۲۵۹۹ گاو ماده موجود در کشور، پس از تکمیل اطلاعات آنها از طریق شجره گاوهای نر بین المللی متولد شده بعد از سال ۱۸۸۳ میلادی، محاسبه شد. رکورد کلیه حیواناتی که حداقل معیار کامل بودن شجره آنها برای ۵ نسل اخیر، بزرگتر یا مساوی ۰/۷۰ بود، در نظر گرفته شد. میانگین معیار کامل بودن شجره رکوردهای مورد استفاده در این تحقیق برای کلیه صفات بزرگتر از ۰/۹۰ بود. پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات مورد مطالعه و ارزش‌های اصلاحی حیوانات با استفاده از دو مدل حیوانی تک صفتی، با و بدون برازش هم‌خونی برآورد شدند. اگرچه تفاوت بین مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی حاصل از دو مدل برای صفات مختلف اندک بود اما برازش هم‌خونی در مدل باعث تغییر معنی داری در ارزش‌های اصلاحی برآورد شده و روند ژنتیکی آنها شد. برای تمامی صفات به استثنای صفت آسان‌زائی، اختلاف رتبه‌ای حیوانات نر بر اساس ارزش‌های اصلاحی بیشتر از حیوانات ماده بود. همبستگی‌های رتبه‌ای ارزش‌های اصلاحی حیوانات براساس دو مدل، برای حیوانات نر در دامنه ۰/۹۶۶ تا ۰/۹۹۴، به ترتیب، برای شیر و چربی تولیدی، و برای حیوانات ماده در دامنه ۰/۹۵۳ تا ۰/۹۹۷، به ترتیب، برای فاصله گوساله‌زائی و سن در اولین زایش، قرار داشت. این برآوردها، که به طور معنی داری کمتر از یک بودند، نشان می‌دهد برازش هم‌خونی در مدل‌های ارزیابی حیوانات به جهت تصحیح رکوردها لازم و ضروری است.

واژه‌های کلیدی: هم‌خونی، روند ژنتیکی، ماندگاری، هلشتاین.

مقدمه

پیشرفت روش‌های ارزیابی ژنتیکی، استفاده از کامپیوترهای پرسرعت و به کارگیری فناوری‌های تولیدمثل مانند تلقیح مصنوعی، چند تخمک‌گذاری و انتقال رویان، باروری داخل آزمایشگاهی و تولید رویان، و کلونینگ، موجب افزایش شدت انتخاب و امکان انتخاب حیوانات برتر را مهیا کرده است. اگرچه این امر موجب شده است که پیشرفت ژنتیکی قابل توجه‌ای در صفات اقتصادی گاوهای شیری ایجاد شود، اما احتمال انتخاب حیواناتی که با هم خویشاوندی بیشتری دارند را نیز افزایش داده است. بررسی‌ها نشان داده است که رتبه‌بندی بین‌المللی گاوهای نر و استفاده از تعداد محدودی از آنها به عنوان حیوانات برتر برای مدت طولانی، سطح هم‌خونی حیوانات و روابط خویشاوندی بین آنها را افزایش داده (Miglior, 2000) به طوری که تقریباً غیرممکن است حیواناتی بدون رابطه خویشاوندی با دیگر حیوانات، در اکثر نژادهای گاو شیری خصوصاً گاوهای هلشتاین مشاهده شود (Croquet et al., 2006).

مطالعات انجام شده در گاوهای هلشتاین آمریکا نشان داده است که از سال ۱۹۶۰، ضریب هم‌خونی سالیانه ۰/۲ درصد افزایش داشته است و بیش از ۳۰ درصد گاوهای هلشتاین موجود در آمریکا، به ۲ گاو نر متولد شده در دهه ۱۹۶۰ بر می‌گردد (Hansen, 2004).

همچنین، بررسی شجره گاوهای هلشتاین ۲۴ کشور دنیا نشان داده است که اندازه موثر جمعیت گاوهای این نژاد در سال ۱۹۹۵ به پایین‌ترین حد خود (۵۵ راس گاو نر) رسیده است. هر چند این تعداد در سال ۱۹۹۹ به ۴۴۹ رأس افزایش پیدا کرد اما خویشاوندی بالای گاوهای متولد شده در آن سال، بر میزان هم‌خونی جمعیت گاوهای هلشتاین بسیار موثر بوده است (Mark et al., 2002). این میزان که از سال ۱۹۹۴ در کشورهای مختلف از ۳/۹ درصد تا ۵/۵ درصد متغیر بوده (VanRaden, 2005) آثار نامطلوبی بر صفات اقتصادی داشته است. گزارشات متعددی نشان می‌دهد که افزایش هم‌خونی میانگین تولید شیر، چربی، پروتئین و ماندگاری را کاهش و سخت‌زائی، مرده‌زائی، سن اولین زایش، فاصله گوساله‌زائی و سلول‌های سوماتیک را افزایش می‌دهد (Croquet et al., 2006; McParland et

al., 2007; Rokouei et al., 2010) کاهش واریانس ژنتیکی افزایشی در نتیجه افزایش هم‌خونی نیز در دیگر مطالعات گزارش شده است (Villanueva & Woolliams, 1997). این کاهش باعث شده است که تطابق‌پذیری حیوانات نسبت به تغییرات محیطی کاهش یابد و در طولانی مدت، پیشرفت ژنتیکی در برنامه‌های اصلاح نژادی محدود شود (Goddard et al., 1990; Villanueva et al., 2006). علی‌رغم تأثیر هم‌خونی بر میانگین و واریانس، این عامل در ارزیابی‌های ژنتیکی فقط توسط اینتربول (Interbull) از سال ۲۰۰۵ در نظر گرفته شده است.

اگرچه تأثیر هم‌خونی بر صفات تولید شیر، چربی و پروتئین در گاوهای هلشتاین ایران معنی‌دار گزارش شده است اما در ارزیابی‌های ژنتیکی، این اثر نادیده گرفته می‌شود (Faraji Arogh, 2009). همچنین همبستگی رتبه‌ای بسیار زیادی بین ارزش‌های اصلاحی گاوهای هلشتاین ایران با و بدون برآزش هم‌خونی برای صفات تولید شیر (۰/۹۹۸) و چربی (۰/۹۹۷) گزارش شده است (Tohidi et al., 2002). عدم تأثیر هم‌خونی بر ارزش‌های اصلاحی حیوانات در مطالعه این محققین، به پایین بودن ضریب هم‌خونی در نتیجه نقص شجره نسبت داده شده است. بنابراین، هدف بررسی حاضر تکمیل شجره گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از منابع اطلاعات بین‌المللی و بررسی تأثیر هم‌خونی بر پارامترهای ژنتیکی و ارزش‌های اصلاحی این گاوها برای صفات تولیدی، تولیدمثل و ماندگاری است.

مواد و روش‌ها

در این بررسی، از اطلاعات گاوهای هلشتاین تحت پوشش مرکز اصلاح نژاد دام کشور، که طی سال‌های ۱۳۴۶ تا ۱۳۸۷ جمع‌آوری شده بود، استفاده شد. در مرحله اول، شجره اسپرم‌های وارداتی تا حد ممکن از طریق منابع اطلاعاتی اینتربول و (Canadian Dairy Network) استخراج گردید. سپس شجره حاصل، که شامل ۳۸۰۱۴ حیوان بود، به شجره اولیه اضافه شد. برای این اطلاعات، معیار کامل بودن شجره (Pedigree Completeness Index) بر اساس رابطه زیر محاسبه گردید (MacCluer et al., 1983):

جنین برای این صفت از اطلاعات مشاهدات حذف گردید.

صفت طول عمر بر اساس فاصله بین اولین زایش تا مرگ یا حذف دام و یا آخرین اطلاعات در دسترس برای هر حیوان تعریف شد. رکوردهای فاقد تاریخ زایش صحیح و همچنین رکوردهای با فاصله بین دو زایش متوالی خارج از محدوده ۲۸۰ تا ۷۵۰ روز و سن اولین زایش خارج از محدوده ۲۰ تا ۴۰ ماه حذف شدند. صفت طول عمر در صورتی که حیوان در اثر مرگ یا به هر دلیل دیگری از گله حذف شده باشد، کامل شده (Uncensored) و در غیر این صورت کامل نشده (Censored) تعریف گردید. تعداد مشاهدات، آماره‌های توصیفی (میانگین، انحراف معیار میانگین، حداقل و حداکثر)، متوسط هم‌خونی و انحراف معیار آن برای کلیه صفات به جز صفت ماندگاری در جدول ۱ ارائه شده است. این آماره‌ها برای صفت ماندگاری در جدول ۲ نشان داده شده است.

برای تجزیه و تحلیل صفات تولیدی شیر، چربی و پروتئین و صفات تولیدمثل سن در اولین زایش، فاصله بین زایش تا اولین تلقیح، فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی و فاصله گوساله‌زایی به جز آسان‌زایی از مدل تک‌صفتی زیر استفاده شد:

$$y_{ij} = \mu + HYS_i + \beta_1 AGE_j + \beta_2 F_j + a_j + e_{ij}$$

که y_{ij} ، رکورد حیوان j برای صفت i ؛ μ میانگین صفت؛ HYS_i ، اثر ثابت گله - سال - فصل زایش؛ β_1 و β_2 به ترتیب ضرایب تابعیت اثر سن در هنگام زایش

$$PCI_{animal} = \frac{2C_{sire}C_{dam}}{C_{sire} + C_{dam}}$$

در این رابطه، C_{sire} و C_{dam} ، به ترتیب، سهم خطوط پدری و مادری، و $C = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i$ ، که a_i معرف انساب شناخته شده حیوان در نسل i و d تعداد نسل (برابر ۵ نسل) است، می‌باشد. به دلیل تأثیر مستقیم PCI بر مقدار و صحت برآورد هم‌خونی (Cassell et al., 2003)، کلیه حیوانات دارای رکورد با حداقل PCI معادل ۰/۷ در نظر گرفته شدند. شجره مربوط به هر صفت از شجره کلی به صورت کامل استخراج و هم‌خونی حیوانات با استفاده از نرم افزار CFC محاسبه شدند (Sargolzaei et al., 2006). در این تحقیق از رکوردهای تولید شیر، تولید چربی و تولید پروتئین دوره شیردهی اول، که براساس ۳۰۵ روز و دوبار دوشش در روز تصحیح شده بودند، استفاده شد. کلیه رکوردهای حیوانات ماده خارج از محدوده سنی ۲۰ تا ۴۰ ماه و حیوانات با کمتر از ۳۰۵ روز شیردهی حذف شدند. صفات تولید مثل، با استفاده از تاریخ‌های ثبت شده برای تک تک حیوانات ماده، بر اساس تعاریف ارائه شده در منابع (Jamrozik et al., 2005)، ایجاد شدند. این صفات عبارت از سن در اولین زایش، فاصله بین زایش تا اولین تلقیح، فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی و فاصله گوساله‌زایی بودند. محدوده سنی بین ۲۰ تا ۴۰ ماه در اولین زایش برای صفات تولیدمثل نیز در نظر گرفته شد. صفت آسان‌زایی با پنج امتیاز به عنوان صفت گوساله منظور شد و کلیه رکوردهای حاصل از دوقلو زایی و سقط

جدول ۱- آمار توصیفی صفات تولیدی و تولیدمثل دوره شیردهی اول گاوهای هلشتاین ایران

صفت ^۱	تعداد	میانگین (انحراف معیار)	حداقل	حداکثر	هم‌خونی (انحراف معیار)
MY (کیلوگرم)	۹۴۸۱۲	۷۰۸۲/۷۳ (۱۴۱۴/۵۰)	۱۸۱۰	۱۴۶۲۶	۳/۱۳ (۲/۰۵)
FY (کیلوگرم)	۸۵۷۶۲	۲۲۳/۱۹ (۵۴/۱۵)	۵۰	۴۸۸/۱	۳/۱۱ (۲/۰۶)
PY (کیلوگرم)	۴۸۰۹۰	۲۲۹/۹۲ (۳۸/۳۷)	۶۱/۶۰	۴۵۶/۱	۳/۳۸ (۲/۰۲)
AFC (روز)	۱۸۶۲۰۶	۷۹۴/۲۸ (۸۹/۳۰)	۵۳۲	۱۲۲۶	۳/۱۶ (۲/۱۱)
FSTC (روز)	۸۰۰۵۸	۲۳/۱۱ (۵۷/۴۰)	۰	۴۰۲	۳/۲۲ (۲/۰۱)
CI (روز)	۷۵۴۴۶	۴۱۹/۷۰ (۹۰/۹۳)	۲۸۰	۷۵۰	۳/۰۲ (۲/۰۴)
FCI (روز)	۷۳۵۲۴	۱۱۳/۳۱ (۷۳/۸۲)	۲۰	۴۰۲	۳/۰۶ (۲/۰۳)
CE	۱۹۱۷۱۷	۱/۳۷ (۰/۱۶۶)	۱	۵	۳/۱۲ (۱/۸۹)

۱- MY = تولید شیر؛ FY = تولید چربی؛ PY = تولید پروتئین؛ AFC = سن در اولین زایش؛ FSTC = فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی؛ CI = فاصله گوساله‌زایی؛ FCI = فاصله بین زایش تا اولین تلقیح؛ CE = آسان‌زایی.

ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری صفر در نظر گرفته شد.

برای صفت طول عمر مدل ویبول مختلط زیر استفاده شد:

$$h_{ijklmno}(t) = h_0(t) \exp[hys_i(t) + h_{var_j}(t) + p_k(t_1, t_2) + m_l(t) + \beta_1 AFC_m + F_n + s_o],$$

در این مدل، $h_{ijklmno}(t)$ احتمال حذف هر حیوان در زمان t ؛ تابع خطر پایه با پارامترهای مقیاس λ و شکل ρ ($h_0 = \lambda \rho (\lambda t)^{\rho-1}$)؛ $hys_i(t)$ ، اثر تصادفی وابسته به زمان گله - سال - فصل با فرض توزیع مستقل لگاریتم گاما؛ $h_{var_j}(t)$ ، اثر ثابت وابسته به زمان اندازه گله در ۵ سطح (تغییرات کمتر از ۵- درصد، بین ۵- تا ۵+ درصد، بین ۵+ تا ۱۵+ درصد، بین ۱۵+ تا ۳۵+ درصد و بزرگتر از ۳۵+ درصد)؛ $p_k(t_1, t_2)$ ، آثار ثابت و ترکیبی وابسته به زمان دوره-های زایش با هفت سطح (دوره ۱ تا ۶ و بزرگتر) و مرحله شیردهی با سه سطح (کمتر از ۲۷۰، بین ۲۷۰ تا ۳۸۰ و بزرگتر از ۳۸۰)، t_1 و t_2 ، به ترتیب سن بر اساس روز بعد از اولین زایش و بعد از آخرین زایش؛ $m_l(t)$ ، اثر ثابت وابسته به زمان تولید شیر ۳۰۵ روز معادل بلوغ در داخل سال - گله با پنج سطح (کمتر از ۱/۵-، بین ۱/۵- تا ۰/۵-، بین ۰/۵- تا ۰/۵+، بین ۰/۵+ تا ۱/۵+ و بزرگتر از ۱/۵+ انحراف معیار) در نظر گرفته شد. برای گاوهای بدون تولید استاندارد در دوره زایش فعلی برای تعیین سطح تولید، سطح تولیدی زایش قبل منظور گردید. همچنین، β_1 ، ضریب تابعیت غیر وابسته به زمان سن در هنگام زایش اول (AFC_m)؛ F_n ، اثر ثابت غیر وابسته به زمان هم‌خونی که شامل ۵ سطح کمتر ۳/۱۲۵ درصد، بین ۳/۱۲۵ درصد تا ۶/۲۵ درصد، بین ۶/۲۵ درصد تا ۱۲/۵ درصد، بین ۱۲/۵ درصد تا ۱۸/۷۵ درصد و بزرگتر از ۱۸/۷۵ درصد؛ s_o ، اثر تصادفی حیوان نر با فرض توزیع نرمال با میانگین صفر و ماتریس کواریانس $A\sigma_s^2$ ، که A ماتریس روابط خویشاوندی و σ_s^2 واریانس ژنتیکی افزایشی حیوان نر است. لازم به توضیح است که واریانس hys و حیوان نر برآورد و هر کدام برای برآورد دیگری ثابت فرض شد. این عمل تا وقتی تفاوتی در برآورد هر یک در طی دو

(AGE_j) و هم‌خونی حیوان (F_j)؛ a_j اثر تصادفی حیوان و e_{ij} اثر باقی مانده است. برای صفت فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی یک اثر تصادفی اضافی نر تلاقی گر به صورت غیر ژنتیکی در مدل فوق نیز منظور گردید. در بررسی سن در اولین زایش، اثر سن در هنگام زایش از مدل آماری حذف و برای صفت فاصله بین زایش تا اولین تلقیح اثر گله - سال - ماه زایش (Andersen- Ranberg et al., 2005) به عنوان اثر ثابت، جایگزین HYS_i گردید.

جدول ۲- آمار توصیفی صفت ماندگاری گاوهای هلشتاین ایران

۱۴۶۴۳۸	تعداد رکورد
۱۲۵۰	تعداد گله
۲۴/۸۰	درصد رکوردهای کامل نشده
۳/۰۷	متوسط هم‌خونی برای رکوردهای کامل نشده
	زمان بر اساس روز بین اولین زایش تا آخرین تاریخ کامل نشده
۱	حداقل
۱۴۰۹	متوسط
۴۵۷۷	حداکثر
۲/۷۶	متوسط هم‌خونی برای رکوردهای کامل شده
	زمان بر اساس روز بین اولین زایش تا آخرین تاریخ کامل شده
۱	حداقل
۹۸۸	متوسط
۴۹۲۲	حداکثر

برای صفت آسان‌زائی، مدل آماری به شرح زیر بود:

$$y_{ijklmn} = \mu + HYS_j + SEX_k + \beta_1 AGE_m + \beta_2 FM_m + \beta_3 F_n + a_n + m_n + e_{ijklmn}$$

در مدل فوق، y_{ijklmn} ، آسان‌زائی گوساله‌های متولد شده در دوره زایش اول؛ μ میانگین جمعیت؛ HYS_j اثر ثابت گله - سال - فصل زایش؛ SEX_k اثر جنس در سه سطح (نر، ماده و نامعلوم)، β_1 ، β_2 و β_3 به ترتیب ضرایب تابعیت صفت به سن مادر در هنگام زایش (AGE_m)، هم‌خونی مادر (FM_m) و هم‌خونی گوساله (F_n)؛ a_n ، m_n و e_{ijklmn} به ترتیب اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثر ژنتیکی افزایشی مادری و اثر تصادفی باقی مانده است. برای این صفت، کواریانس اثر

واریانس ژنتیکی افزایشی (۱/۷۱، ۰/۷۶ و ۱/۲۹ درصد، به ترتیب، برای برای فاصله بین زایش تا اولین تلقیح، فاصله گوساله زایی و فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی) و افزایش واریانس باقیمانده (۰/۰۳، ۰/۰۳ و ۰/۰۵ درصد، به ترتیب، برای فاصله بین زایش تا اولین تلقیح، فاصله گوساله‌زایی و فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی) و در نتیجه کاهش وراثت‌پذیری آنها (۱/۷۵، ۰/۶۱ و ۱/۲۱ درصد، به ترتیب، برای فاصله بین زایش تا اولین تلقیح، فاصله گوساله زایی و فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی) شد. تأثیر هم‌خونی بر مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری صفات آسان‌زایی و سن اولین زایش بسیار ناچیز و قابل اغماض بود. در بررسی‌های انجام شده بر روی برخی صفات کمی در مگس دروزوفیل، زیاد شدن واریانس ژنتیکی افزایشی در نتیجه افزایش هم‌خونی گزارش شده است (Wang et al., 1998). این محققین دلیل افزایش را به اثر متقابل بین آلل‌ها در یک جایگاه ژنی (اثر غلبه) نسبت داده‌اند. بنابراین، این کاهش در وراثت‌پذیری برخی صفات تولیدی مثل نیازمند بررسی بیشتری است.

در مطالعه‌ای نشان داده شده است که برازش هم‌خونی در مدل بدون عوامل غیر افزایشی (غلبه و اپیستازی)، موجب افزایش ناچیزی در واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و در نتیجه وراثت‌پذیری‌های صفات تولید شیر، مقدار چربی و درصد چربی گاوهای هلشتاین کانادا در مقایسه با مدل‌های بدون برازش آثار هم‌خونی می‌شود. بنابراین، زیاد بودن برآوردهای مؤلفه واریانس ژنتیکی افزایشی و وراثت‌پذیری صفات تولید شیر در صورت منظور کردن هم‌خونی در مطالعه حاضر می‌تواند ناشی از عدم برازش آثار غلبه و یا اپیستازی باشد (Miglior et al., 1995). این نشان می‌دهد که ممکن است با برازش هم‌خونی و منظور کردن عوامل غیرافزایشی ژنها در مدل تغییری در واریانس ژنتیکی افزایشی مشاهده نشود. نتایج بررسی‌های انجام شده در گاوهای شمال ایتالیا، با استفاده از مدل پدری با و بدون برازش هم‌خونی، نشان داد که وجود هم‌خونی در مدل باعث تغییر واریانس ژنتیکی در بیشتر صفات می‌شود (Fioretti et al., 2002; Van Wyk et al., 2009) که شدت آن با یافته‌های تحقیق حاضر مطابقت ندارد.

دوره متوالی مشاهده نشد ادامه پیدا کرد و پس از آن هر دو مؤلفه در برآورد نهائی ثابت منظور شدند.

برای تعیین اثر هم‌خونی بر پارامترهای مختلف، مدل مربوط به هر صفت بدون برازش اثر هم‌خونی مجدداً اجرا شدند. بدین ترتیب پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی کلیه صفات با (مدل ۱) و بدون (مدل ۲) برازش هم‌خونی برآورد و مقایسه شدند. برای برآورد مؤلفه‌ها و پارامترهای ژنتیکی کلیه صفات به جزء ماندگاری از نرم‌افزار DMU (Madsen & Jensen, 2007) و برای صفت ماندگاری از نرم‌افزار Survival kit 3.12 استفاده شد (Ducrocq & Sölkner, 1998). علاوه بر این، بهترین پیش‌بینی‌های ناریب خطی (BLUP) حیوانات حاصل از دو مدل ۱ و ۲ و ارزش‌های اصلاحی حیوانات با استفاده از مؤلفه‌های واریانس مدل ۱ بدون برازش اثر هم‌خونی (مدل ۳) برآورد شدند. برای صفات مورد مطالعه، میانگین‌های ارزش‌های اصلاحی برآورد شده با مدل‌های ۱ و ۲ و ۳ با استفاده از رویه t به صورت جفت شده مقایسه شدند. همچنین، روند تغییرات ژنتیکی صفات با استفاده از رویه تابعیت ارزش‌های اصلاحی از سال (۱۳۶۹ تا ۱۳۸۶) و ارتباط آنها با استفاده از رویه همبستگی، بر اساس همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن با نرم‌افزار SAS 9.2 (2009) بررسی شدند.

نتایج و بحث

برآورد مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری‌های حاصل از آنها بر اساس مدل‌های ۱ و ۲ برای صفات مورد مطالعه در جدول ۳ ارائه شده است. به طور کلی، منظور کردن اثر هم‌خونی، اگرچه تغییرات قابل توجهی در واریانس فنوتیپی کلیه صفات ایجاد نکرد اما در حد ناچیزی واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم صفات تولیدی را افزایش (۱/۲۴، ۱/۳۳ و ۱/۵۹ درصد، به ترتیب، برای تولید شیر، چربی و پروتئین) و واریانس باقیمانده را کاهش (۰/۴۶، ۰/۳۰ و ۰/۴۱ درصد، به ترتیب، برای تولید شیر، چربی و پروتئین) داد. این تغییرات موجب شد وراثت‌پذیری صفات تولید شیر اندکی افزایش (۱/۰۳، ۱/۴۲ و ۱/۲۷ درصد، به ترتیب، برای تولید شیر، چربی و پروتئین) یابد. برای صفات تولیدی، برازش اثر هم‌خونی در مدل باعث کاهش

جدول ۳- برآورد مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری حاصل از مدل‌های ۱ و ۲ برای صفات تولیدی و تولیدمثل

صفت	مدل ^۱	σ_a^2	$\sigma_m^2, \sigma_{ss}^2$	σ_e^2	σ_p^2	$h^2(S.E.)$
MY	۱	۳۱۲۰۳۲/۱۱	-	۷۵۶۱۱۷/۴۷	۱۰۶۸۱۴۹/۵۸	۰/۲۹۲۱(۰/۱۰۸)
	۲	۳۰۸۱۵۹/۳۵	-	۷۵۹۶۲۵/۴۹	۱۰۶۷۷۸۴/۸۴	۰/۲۸۸۶(۰/۱۰۸)
FY	۱	۲۳۱/۱۹	-	۸۶۰/۸۴	۱۰۹۲/۰۳	۰/۲۱۱۷(۰/۱۰۹)
	۲	۲۲۸/۱۱	-	۸۶۳/۴۵	۱۰۹۱/۵۶	۰/۲۰۸۹(۰/۱۰۸)
PY	۱	۲۱۳/۱۳	-	۶۸۸/۵۶	۹۰/۱/۶۸	۰/۲۳۶۳(۰/۱۰۴۰)
	۲	۲۰۹/۷۵	-	۶۹۱/۴۱	۹۰/۱/۱۶	۰/۲۳۲۸(۰/۱۰۳۹)
AFC	۱	۷۲۱/۹۴	-	۴۲۴۶/۹۷	۴۹۶۸/۹۲	۰/۱۴۵۲(۰/۱۰۰۶۲)
	۲	۷۲۰/۸۳	-	۴۲۴۸/۲۶	۴۹۶۹/۰۹	۰/۱۴۵۰(۰/۱۰۰۶۲)
FSTC	۱	۵۵/۴۵	۶۸۲/۷۰	۲۴۸۹/۳۳	۳۲۲۷/۴۸	۰/۰۱۷۲(۰/۱۰۰۲۸)
	۲	۵۶/۴۰	۶۸۲/۲۷	۲۴۸۸/۶۸	۳۲۲۷/۳۵	۰/۰۱۷۵(۰/۱۰۰۲۸)
CI	۱	۳۶۹/۲۸	-	۷۱۶۵/۴۸	۷۵۳۴/۷۷	۰/۰۴۹۰۱(۰/۱۰۰۶۱)
	۲	۳۷۲/۰۹	-	۷۱۶۳/۳۸	۷۵۳۵/۴۷	۰/۰۴۹۳(۰/۱۰۰۶۲)
FCI	۱	۲۱۹/۸۴	-	۴۱۹۳/۵۴	۴۴۱۳/۳۸	۰/۰۴۹۸(۰/۱۰۰۵۹)
	۲	۲۲۲/۶۸	-	۴۱۹۱/۵۶	۴۴۱۴/۲۴	۰/۰۵۰۴(۰/۱۰۰۵۹)
CE	۱	۰/۰۰۵۹	۰/۰۰۷۲	۰/۳۱۰۸	۰/۳۲۳۹	۰/۰۱۷۳(۰/۱۰۰۲۲)
	۲	۰/۰۰۵۹	۰/۰۰۷۵	۰/۳۱۰۵	۰/۳۲۳۹	۰/۰۱۷۳(۰/۱۰۰۲۲)

۱. مدل ۱ با برازش اثر هم‌خونی و مدل ۲ بدون برازش اثر هم‌خونی؛ σ_m^2 = واریانس مادری؛ σ_{ss}^2 = واریانس نر تلاقی‌گر

متوسط ارزش‌های اصلاحی دو جمعیت نر و ماده متفاوت بود اما برای همه صفات تحت مطالعه روند مشابهی در هر دو جمعیت مشاهده شد. این نتایج با یافته‌های سایر محققین مطابقت دارد (Tohidi et al., 2002). به طور کلی، نتایج بررسی حاضر به وضوح نشان می‌دهد که وجود هم‌خونی در مدل ارزیابی حیوانات، تغییرات ارزش‌های اصلاحی صفات مختلف را، در نتیجه کاهش واریانس خطای پیش‌بینی، بهتر توصیف می‌کند. این امر ممکن است به علت تصحیح ارزش‌های اصلاحی حیوانات در نتیجه منظور کردن اثر نامطلوب هم‌خونی بر صفات باشد.

روند تغییرات ارزش‌های اصلاحی حیوانات (ضرایب تابعیت) برای صفات تولیدی و تولیدمثل در سال بر اساس مدل ۱ (با برازش هم‌خونی) و مدل ۲ (بدون برازش هم‌خونی) و سطح احتمال تفاوت آن‌ها در جدول ۵ ارائه شده است. برای صفات تولید شیر و چربی، ضرایب تابعیت ارزش‌های اصلاحی در سال بر اساس مدل ۱ به ترتیب ۹/۸۱ درصد (۵۳/۶۵ کیلوگرم در مقایسه با ۴۸/۲۹ کیلوگرم) و ۹/۷۹ درصد (۱/۱۷ کیلوگرم در مقایسه با ۱/۰۵ کیلوگرم) بیشتر از مدل ۲ بودند ($p < ۰/۰۵$). برای تولید پروتئین نیز اگرچه برازش

میزان پس روی هم‌خونی و میانگین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده بر اساس مدل‌های ۱، ۲ و ۳ در جدول ۴ نشان داده شده است. همان‌طور که مشاهده می‌شود تغییر در مقدار مؤلفه‌های واریانس، تأثیر بسیار کمی بر میانگین ارزش‌های اصلاحی حاصل از مدل‌های ۲ و ۳ داشت. بنابراین، مقایسه‌های بررسی حاضر بر اساس نتایج حاصل از دو مدل ۱ و ۲ صورت گرفت. این مقایسه‌ها نشان داد که عدم برازش هم‌خونی در مدل باعث کاهش میانگین ارزش‌های اصلاحی صفات تولیدی (۱۹/۹ درصد، ۱۴/۱ درصد و ۱۸/۵ درصد، به ترتیب، برای صفات تولید شیر، چربی و پروتئین) و افزایش میانگین ارزش‌های اصلاحی صفات تولید مثل (۱۰/۱ درصد، ۱۳/۱ درصد، ۱۵/۶ درصد و ۷/۵ درصد، به ترتیب، برای صفات سن در اولین زایش، فاصله بین زایش تا اولین تلقیح، فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی و فاصله گوساله‌زائی) می‌شود. این کاهش (افزایش) در میانگین ارزش‌های اصلاحی صفات تولیدی (تولید مثل) در نتیجه حذف هم‌خونی از مدل با نتایج حاصل از اثر هم‌خونی بر وراثت‌پذیری‌های صفات فوق مطابقت دارد. این تغییرات برای ارزش‌های اصلاحی مادری آسان‌زایی بسیار زیاد و ۷۵/۶ درصد بود. اگرچه

به ترتیب ۳۳/۸۴ کیلوگرم، ۰/۶۴ کیلوگرم و ۱/۰۰ کیلوگرم گزارش کردند. بیشتر بودن روندهای ژنتیکی مطالعه حاضر بر اساس مدل ۲ در مقایسه با نتایج گزارش شده می‌تواند مربوط به اختلاف در سال مینا، محدوده سال‌های مورد استفاده و شجره تکمیل شده باشد.

هم‌خونی در مدل ضریب تابعیت را ۹/۱۴ درصد (۱/۳۸ کیلوگرم در مقایسه با ۱/۲۵ کیلوگرم) نسبت به مدل بدون هم‌خونی افزایش داد، اما این تغییر معنی‌دار نبود ($p > 0.05$). Razmkabir et al. (2009) با استفاده از اطلاعات سال‌های ۱۳۶۶ تا ۱۳۸۳ گاوهای هلشتاین ایران، روند ژنتیکی صفات تولید شیر، چربی و پروتئین را

جدول ۴- میزان پس روی هم‌خونی و میانگین ارزش‌های اصلاحی حیوانات به تفکیک مدل و جنس

صفت ^۱	پس روی هم‌خونی			گاوهای نر			گاوهای ماده		
	مدل ۱	مدل ۲	مدل ۳	مدل ۱	مدل ۲	مدل ۳	مدل ۱	مدل ۲	مدل ۳
MY	۳۱۶/۵۶	۲۵۳/۵۵	۲۵۳/۹۰	۴۹۳/۰۰	۴۰۱/۹۲	۴۰۲/۶۳	-۱۹/۰۷(۲/۱۱۰)	-۱۹/۵۵	-۱۹/۵۵
FY	۹/۵۸	۸/۲۳	۸/۲۵	۱۱/۸۱	۹/۸۲	۹/۸۵	-۰/۴۴۱(۰/۰۷۱)	۲/۷۰	۲/۷۰
PY	۶/۹۱	۵/۶۳	۵/۶۴	۱۰/۲۹	۸/۲۹	۸/۳۱	-۰/۴۶۰(۰/۰۸۸)	۷/۳۰	۷/۳۰
AFC	-۱۱/۹۰	-۱۰/۷	-۱۰/۳۷	-۲۱/۲۰	-۱۹/۵۴	-۱۹/۵۵	۰/۴۵۱(۰/۱۰۰)	۶/۵۷	۶/۵۷
FSTC	۱/۴۱	۱/۶۳	۱/۶۲	۲/۳۵	۲/۷۲	۲/۷۰	-۰/۱۴۴(۰/۱۱۰)	۰/۳۳	۰/۳۳
CI	۵/۱۷	۵/۵۶	۵/۶۴	۶/۶۰	۷/۳۳	۷/۳۰	۰/۲۶۲(۰/۲۳۳)	۰/۳۳	۰/۳۳
FCI	۴/۳۹	۴/۹۶	۴/۹۴	۵/۷۳	۶/۶۰	۶/۵۷	۰/۲۸۹(۰/۱۶۰)	۰/۳۳	۰/۳۳
CE	۰/۳۳۰۵	۰/۳۲۶۷	۰/۳۲۶۴	۰/۳۳۴۸	۰/۳۳۶۱	۰/۳۳۵۱	۰/۰۰۸۶(۰/۰۰۱)	۰/۳۳	۰/۳۳
CE_m	-۰/۲۸۵۲	-۰/۰۶۹۷	-۰/۰۶۹۷	-۰/۳۲۵۲	-۰/۰۸۴۹	-۰/۰۸۴۷	۰/۰۰۱۴(۰/۰۰۷)	۰/۳۳	۰/۳۳

CE_m - ۱ = آسان‌زائی (مادری)

جدول ۵- روند ژنتیکی صفات تولیدی و تولیدمثل با و بدون اثر هم‌خونی

و سطح احتمال تفاوت دو مدل

صفت	روند ژنتیکی (انحراف استاندارد)		احتمال تفاوت
	مدل ۱	مدل ۲	
MY	۵۳/۵۴۰(۲/۶۶۱)	۴۸/۲۹۰(۲/۷۴۶)	۰/۰۳۵
FY	۱/۱۶۵(۰/۰۵۵)	۱/۰۵۱(۰/۰۵۸)	۰/۰۳۰
PY	۱/۳۷۸(۰/۰۸۷)	۱/۲۵۲(۰/۰۸۹)	۰/۰۸۵
AFC	-۲/۸۸۳(۰/۲۲۹)	-۲/۷۵۸(۰/۲۳۲)	۰/۳۰۰
FSTC	۰/۵۳۷(۰/۰۵۳)	۰/۵۶۳(۰/۰۵۳)	۰/۳۱۶
CI	۰/۸۱۷(۰/۰۵۸)	۰/۸۶۴(۰/۰۵۸)	۰/۲۱۷
FCI	۰/۵۹۳(۰/۰۴۲)	۰/۶۵۳(۰/۰۴۲)	۰/۰۸۴
CE	۰/۰۰۲(۰/۰۰۳)	۰/۰۰۲(۰/۰۰۳)	۰/۴۹۳
CE_m	-۰/۰۱۹(۰/۰۰۱)	-۰/۰۱۴(۰/۰۰۲)	۰/۰۰۱

($p > 0.05$). منظور کردن هم‌خونی در مدل ارزیابی هیچگونه تغییری در روند ژنتیکی افزایشی مستقیم صفت آسان‌زایی ایجاد نکرد اما به طور معنی‌داری روند ژنتیکی مادری این صفت را از ۰/۰۱۴- در مدل ۲ به ۰/۰۱۹- در مدل ۱ کاهش داد ($p < 0.05$).

در ارزیابی‌های ژنتیکی صفات، اثر هم‌خونی فقط بر واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم با منظور شدن آن در ماتریس روابط خویشاوندی در نظر گرفته می‌شود

برای صفات تولیدمثل، برآزش هم‌خونی در مدل باعث کاهش ضرایب تابعیت سن در اولین زایش (۲/۸۸- روز در مقایسه با ۲/۷۶- روز)، فاصله بین زایش تا اولین تلقیح (۰/۵۹ روز در مقایسه با ۰/۶۵ روز)، فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی (۰/۵۴ روز در مقایسه با ۰/۵۶ روز) و فاصله گوساله‌زائی (۰/۸۲ روز در مقایسه با ۰/۸۶ روز) شد. اگرچه این کاهش‌ها روند مطلوبی را نشان می‌دهند اما از نظر آماری معنی‌دار نبودند

تأثیر قابل ملاحظه هم‌خونی بر ارزش اصلاحی مادری می‌باشد.

نتایج بدست آمده در تحقیق حاضر، اثر هم‌خونی بر رتبه حیوانات را بیشتر از نتایج مطالعه مشابه بر روی گاوهای هلشتاین ایران نشان می‌دهد (Tohodi et al., 2002). دلیل این تأثیر، بیشتر می‌تواند ناشی از برآوردهای صحیح‌تر ضریب هم‌خونی حیوانات، در نتیجه استفاده از شجره کامل تر در بررسی حاضر باشد. همچنین در تحقیقات مشابه، ضریب همبستگی اسپیرمن بین ارزش‌های اصلاحی حیوانات، با و بدون برازش هم‌خونی بین ۰/۹۸۵ تا ۰/۹۹۸ گزارش شده است. این ضرایب همبستگی برای ۱۰ درصد بهترین گاوهای نر بر اساس سال‌های مختلف برای صفات وزنی بین ۰/۸۹۱ تا ۰/۹۹۴ گزارش شده است (Fioretti et al., 2002).

اثر هم‌خونی بر صفت ماندگاری حیوانات در جدول ۷ ارائه شده است. این نتایج نشان می‌دهد که با افزایش هم‌خونی احتمال حذف حیوانات افزایش یافته، به طوری که این احتمال در سطوح بیشتر از ۱۲/۵٪ هم‌خونی قابل توجه است. به بیان دیگر، حیوانات با هم‌خونی بیشتر از ۱۲/۵ درصد در مقایسه با حیوانات با هم‌خونی کمتر از ۳/۱۲۵٪ به میزان ۱۳/۶۷٪ بیشتر حذف می‌گردند. با این وجود، هم‌خونی در مدل ارزیابی هیچ گونه اثری بر مؤلفه‌های واریانس صفت ماندگاری و رتبه حیوانات نر نداشت. به نحوی که بر اساس هردو مدل با و بدون برازش هم‌خونی مؤلفه واریانس ژنتیکی حیوانات نر ۰/۳۴۶ و همبستگی رتبه‌ای بین برآوردهای احتمال حذف حیوانات نر برابر یک، برآورد شد.

(Wiggans et al., 1995). بررسی‌ها نشان داده است که برازش این اثر به عنوان یک متغیر کمکی در مدل باعث تصحیح فنوتیپ شده و در نتیجه برآوردهای صحیح‌تری از مؤلفه‌های واریانس و ارزش‌های اصلاحی حیوانات حاصل خواهد شد (Casanova et al., 1992; Wiggans et al., 1995). با توجه به اینکه در هر دو مدل برازش شده مطالعه حاضر ماتریس روابط خویشاوندی همراه با هم‌خونی در نظر گرفته شده است بنابراین تفاوت‌های مشاهده شده در ارزش‌های اصلاحی می‌تواند مربوط به برازش اثر هم‌خونی در مدل باشد. VanRaden (2005) بیان کرد که برازش اثر هم‌خونی در ارزیابی‌های ژنتیکی روند تغییرات ژنتیکی صفات تولیدی، عملکرد طول عمر اقتصادی و نرخ تولیدمثل را، به ترتیب، به میزان ۶، ۲۵ و ۱۴ درصد، تغییر داده است.

در جدول ۶، همبستگی‌های رتبه‌ای ارزش‌های اصلاحی حیوانات برای گاوهای نر و ماده به همراه احتمال اختلاف آنها از یک (همبستگی برابر یک نشان دهنده عدم تفاوت ارزش‌های اصلاحی دو مدل می‌باشد) ارائه شده است. به طور کلی، تأثیر هم‌خونی بر تغییر رتبه حیوانات در گاوهای نر بیشتر از گاوهای ماده بود. برای تمام صفات تحت مطالعه، این همبستگی‌ها به طور معنی‌داری کمتر از یک بودند. این موضوع نشان می‌دهد که وجود هم‌خونی در مدل‌های ارزیابی موجب می‌شود ارزش‌های اصلاحی حیوانات در مقایسه با ارزش‌های اصلاحی حاصل از مدل بدون هم‌خونی تغییر کند. برای صفت آسان‌زایی، همبستگی رتبه‌ای حیوانات بر اساس ارزش‌های اصلاحی مادری برای گاوهای نر و ماده بسیار کم (به ترتیب، ۰/۲۸۹ و ۰/۴۶۵) بوده که نشان دهنده

جدول ۶- همبستگی رتبه‌ای ارزش‌های اصلاحی حیوانات بر اساس مدل ۱ و ۲ به تفکیک جنس

صفت	ارزش اصلاحی گاوهای نر		ارزش اصلاحی گاوهای ماده	
	اسپیرمن	احتمال تفاوت	اسپیرمن	احتمال تفاوت
MY	۰/۹۶۶	<۰/۰۰۱	۰/۹۹۴	<۰/۰۰۱
FY	۰/۹۹۴	<۰/۰۰۱	۰/۹۹۵	<۰/۰۰۱
PY	۰/۹۸۴	<۰/۰۰۱	۰/۹۹۲	<۰/۰۰۱
AFC	۰/۹۸۸	<۰/۰۰۱	۰/۹۹۷	<۰/۰۰۱
FSTC	۰/۹۸۶	<۰/۰۰۱	۰/۹۹۴	<۰/۰۰۱
CI	۰/۹۹۴	<۰/۰۰۱	۰/۹۹۷	<۰/۰۰۱
FCI	۰/۹۹۰	<۰/۰۰۱	۰/۹۹۶	<۰/۰۰۱
CE	۰/۹۶۷	<۰/۰۰۱	۰/۹۵۳	<۰/۰۰۱
CE_m	۰/۲۸۹	<۰/۰۰۱	۰/۴۶۵	<۰/۰۰۱

شده، لذا پیشنهاد می‌شود این عامل در مدل ارزیابی‌های ژنتیکی منظور شود.

سپاسگزاری

از همکاری مرکز اصلاح نژاد کشور، و همچنین از آقای پرمدسن به خاطر راهنمایی‌های ارزنده و تهیه نرم‌افزار DMU و از آقای وینسنت دوکروک به خاطر تهیه Survival Kit و از آقایان فیلیپو میگلور و حسین جرجانی به خاطر کمک در تکمیل شجره تشکر و قدردانی می‌گردد.

جدول ۷- احتمال حذف حیوانات بر اساس

سطوح مختلف هم‌خونی	
احتمال حذف	سطوح هم‌خونی
۱/۰۰۰۰	$0 \leq F < 3/125$
۱/۰۰۴۴	$3/125 \leq F < 6/250$
۱/۰۱۸۲	$6/250 \leq F < 12/500$
۱/۱۳۶۷	$12/500 \leq F < 18/750$
۱/۱۴۸۸	$\geq 18/750$

به طور کلی، نتایج بررسی حاضر نشان می‌دهد که حذف هم‌خونی در مدل‌های ارزیابی ژنتیکی حیوانات برای اکثر صفات اقتصادی موجب تغییر رتبه حیوانات

REFERENCES

- Andersen-Ranberg, I. M., Heringstad, B., Gianola, D., Chang, Y. M. & Klemetsdal, G. (2005). Comparison between bivariate models for 56-Day Nonreturn and interval from calving to first insemination in Norwegian Red. *J. Dairy Sci*, 88, 2190–2198.
- Casanova, L., Hagger, C., Kuenzi, N. & Schneeberger, M. (1992). Inbreeding in Swiss Braunvieh and its influence on breeding values predicted from a repeatability animal model. *J. Dairy Sci*, 75(4), 1119-1126.
- Cassell, B. G., Adamec, V. & Pearson, R. E. (2003). Effect of incomplete pedigrees on estimates of inbreeding and inbreeding depression for days to first service and summit milk yield in Holsteins and Jerseys. *J. Dairy Sci.*, 86, 2967-2976.
- Croquet, C., Mayeres, P., Gillon, A., Vanderick, S. & Gengler, N. (2006). Inbreeding depression for global and partial economic indexes, production, type, and functional traits. *J. Dairy Sci.*, 89, 2257-2267.
- Ducrocq, V. & Sölkner, J. (1998). A package for large analysis of survival data, In: *Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 27, 447–448.
- Faraji Arogh, H. (2009). *Estimate of inbreeding coefficient of Iran Holsteins and its effect on milk production traits*. M. Sc. thesis, Tarbiat Modares University, Iran.
- Fioretti, M., Rosati, A., Pieramati, C. & Van Vleck, L. D. (2002). Effect of including inbreeding coefficients for animal and dam on estimates of genetic parameters and prediction of breeding values for reproductive and growth traits of Piedmontese cattle. *Livest. Prod. Sci.*, 74, 137- 145.
- Goddard, M. G. & Smith, C. (1990). Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. *J. Dairy Sci.*, 73(4), 1113-1122.
- Jamrozik, J., Fatehi, J., Kistemaker, G. J. & Schaeffer, L. R. (2005). Estimates of genetic parameters for Canadian Holstein female reproduction traits. *J. Dairy Sci.*, 88, 2199-2208.
- Interbull. (2005). *National genetic evaluation system information*. Retrieved December 5, 2009, from http://www.interbull.slu.se/national_ges_info2/framesida-ges.htm.
- Hansen, L. B. (2004). *Is genetics a cure for reproductive loss?* Department of Animal Science, University of Minnesota, St. Paul, from http://www.ansci.umn.edu/petersen_symposium/hansen.pdf.
- MacCluer, J. W., Boyce, A. J., Dyke, B., Weitkamp, L. R., Pfennig, D. W. & Parsons, C. J. (1983). Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *J. Hered.*, 74, 394–399.
- Madsen, P. & Jensen, J. (2007). A user's guide to DMU. A package for analysing multivariate mixed models. Version 6, release 4.7, Tjele, Denmark.
- Mark, T., Fikse, W. F., Jorjani, H. & Philippon, J. (2002). Monitoring changes in the structure of global dairy cattle populations, In: *Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, August 19–23, Montpellier, France, 33, 505–508.
- McParland, S., Kearney, J. F., Rath, M. & Berry, D. P. (2007). Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *J. Anim Sci.*, 85, 322-331.
- Miglior, F., Burnside, E. B. & Kennedy, B. W. (1995). Production traits of Holstein cattle: estimation of nonadditive genetic variance components and inbreeding depression. *J. Dairy Sci.*, 78(5), 1174-1180
- Miglior, F. (2000). Impact of inbreeding – managing a declining Holstein gene pool, In: *Proceedings of the 10th worth Holstein Friesian federation conference*, 3D April-3 May 2000 Sydney, New, Australia 108-113.

18. Razmkabir, M., Nejati-Javaremi, A., Moradi Shahrababak, M., Rashidi, A. & Sayadnejad, M. B. (2009). Estimation of Genetic trend for production traits in Holstein cattle of Iran. *Iranian Journal of Animal Science*, 40(1), 7-11.
19. Rokouei, M., Vaez Torshizi, R., Moradi Shahrababak, M., Sargolzaei, A. & Sørensen, C. (2010). Monitoring inbreeding trend and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. *J. Dairy Sci.*, 93(7), 3294-3302.
20. Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. & Colleau, J. J. (2006). CFC: A tool for monitoring genetic diversity, In: *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, CD-ROM Communication 27-28. Belo Horizonte, Brazil, Aug. 13-18.
21. SAS Institute Inc. (2009). *Statistical Analyzing System 9.2*. NC, USA.
22. Tohidi, R., Vaez Torshizi, R., Moradi Shahrababak, M. & Sayyad Nejad, M. B. (2002). Effect of inbreeding on breeding values for milk and fat yields in Iran Holsteins. In: *Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, August 19–23, Montpellier, France vol. 33
23. VanRaden, P. M. (2005). *Inbreeding adjustments and effect on generation trend estimates*. Retrieved December, 5, 2009, from www-interbull.slu.se/bulletins/bulletin33/VanRaden.pdf.
24. Van Wyk, J. B., Fair, M. D. & Cloete, S. W. P. (2009). The effect of inbreeding on the production and reproduction traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. *Livest. Prod. Sci.*, 74, 137–145.
25. Villanueva, B. & Woolliams, J. A. (1997). Optimization of breeding programmers under index selection and constrained inbreeding. *Genet. Res. Camb.*, 69, 145-158.
26. Villanueva, B., Avendano, S. & Woolliams, J. A. (2006). Prediction of genetic gain from quadratic optimisation with constrained rates of inbreeding. *Genet. Sel Evol.* 38(2), 127-146.
27. Wang, J., Caballero, A., Keightly, P. D. & Hill, W. G. (1998). Bottleneck effect on genetic variance: A theoretical investigation of the role of dominance. *Genetics*, 150, 435-447.
28. Wiggans, G. R., VanRaden, P. M. & Zuurbier, J. (1995). Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 78(7), 1584-1590.