

## استفاده از مؤلفه‌های اصلی ماتریس ضرایب تابعیت تصادفی جهت تغییر ژنتیکی منحنی شیردهی گاوهای هلستاین در ایران

حسین مهربان<sup>۱\*</sup>، اردشیر نجاتی جوارمی<sup>۲</sup>، سید رضا میرایی آشتیانی<sup>۳</sup>، حسن مهربانی یگانه<sup>۴</sup> و نولیا ایباز اسکریچ<sup>۵</sup>

۱، دانشجوی دکتری ۲، دانشیار ۳، استاد و ۴، استادیار پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران ۵، محقق ژنتیک و اصلاح نژاد دام، مؤسسه ایرتا، لیدا، اسپانیا  
(تاریخ دریافت: ۹۰/۶/۲۷ - تاریخ تصویب: ۹۰/۱۲/۱۰)

### چکیده

هدف از این تحقیق، بررسی اثر مؤلفه‌های اصلی ماتریس ضرایب تابعیت تصادفی بر روی منحنی شیردهی و تشکیل شاخص انتخاب اصلاحی براساس این مؤلفه‌ها جهت تغییر منحنی شیردهی، برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی و فنوتیپی و همچنین برآورد وراثت پذیری این شاخص در گاوهای هلستاین ایران بود. بدین منظور دوره شیردهی ۳۰۱ (۵ الی ۳۰۵) روزه به ۱۰ مرحله به گونه‌ای تقسیم شد که در  $I_{PC_1}$  (شاخص اصلاحی محدود نشده) این مراحل دارای ارزش یکسان و در  $I_{PC_2}$  (شاخص اصلاحی محدود شده) براساس میزان پیشرفت ژنتیکی مورد نظر در هر مرحله شیردهی ارزش‌های وزنی آنها محاسبه شدند. نتایج نشان داد که اولین مؤلفه اصلی بر روی سطح تولید شیر اثر داشته و دومین مؤلفه اصلی با تداوم شیردهی رابطه داشتند. مؤلفه اصلی سوم باعث افزایش (کاهش) تولید شیر در اوائل و اواخر (اواسط) دوره شیردهی و مؤلفه اصلی چهارم باعث کاهش (افزایش) تولید در اوائل (اواخر) و اواسط نیمه دوم (اول) منحنی شدند. به دلیل تأکید بیشتر  $I_{PC_2}$  بر روی تداوم شیردهی و کاهش پیشرفت ژنتیکی تولید شیر در مراحل اولیه شیردهی، ضرایب وزنی مؤلفه‌های اول (دوم) و سوم (چهارم) این شاخص در مقایسه با  $I_{PC_1}$  کاهش (افزایش) یافتند. میزان وراثت پذیری  $I_{PC_2}$  (۰/۰۸) نسبت به  $I_{PC_1}$  (۰/۳۳) به دلیل کاهش واریانس ژنتیکی افزایشی در نتیجه کواریانس ژنتیکی منفی بین مراحل شیردهی، کاهش یافت و افت پیشرفت ژنتیکی را به همراه داشت.

**واژه‌های کلیدی:** شاخص انتخاب محدود شده، پیشرفت ژنتیکی، تداوم شیردهی، تابعیت تصادفی

### مقدمه

اما این معیارها به طور کلی منعکس کننده نرخ کاهشی تولید شیر پس از اوج شیردهی است. مطالعات مختلفی که در زمینه ارتباط شکل منحنی شیردهی با صفات تولیدمثلی و سلامت صورت گرفته، نشان داده‌اند که صفت تداوم شیردهی دارای ارزش اقتصادی است، زیرا این صفت با تولیدمثل، سلامتی و هزینه‌های خوراک رابطه دارد (Solkner & Fuch, 1987). همچنین گاوهایی که دارای تداوم شیردهی بیشتری هستند،

استفاده از مدل‌های روز آزمون با تابعیت تصادفی این امکان را فراهم آورده است که علاوه بر افزایش صحت ارزیابی‌های ژنتیکی، بتوان تداوم شیردهی را نیز از لحاظ ژنتیکی ارزیابی کرد (Jamrozik et al., 1997). معیارهای مختلفی برای بیان تداوم شیردهی وجود دارند (Togashi & Lin, 2004 ; Cobuci et al., 2007)

مطالعات مختلف نشان داده‌اند که اولین مؤلفه اصلی ماتریس ژنتیکی افزایشی مراحل شیردهی یا ضرایب تابعیت تصادفی در ارتباط با سطح تولید شیر و دومین مؤلفه با تداوم شیردهی رابطه دارد (Olori et al., 1999; Duret et al., 2003; Togashi & Lin, 2004; Vicario et al., 2010).

همچنین نشان داده شده است که همبستگی ژنتیکی منفی (۰/۵۱-) بین دومین مؤلفه اصلی و امتیاز سلولهای بدنی (Somatic Cell Score) وجود دارد (Vicario et al., 2007). با توجه به اینکه تغییر منحنی شیردهی با استفاده از پارامترهای (و یا مؤلفه‌های اصلی) آن می‌باشد نیاز است که تأثیر هر کدام از این پارامترها بر روی منحنی شیردهی با استفاده از داده‌های تولید شیر ایران مشخص شود. هدف از این تحقیق، بررسی اثر هر کدام از مؤلفه‌های اصلی ماتریس ژنتیکی افزایشی ضرایب تابعیت تصادفی بر روی منحنی شیردهی گاوهای هلشتاین در ایران و تشکیل شاخص انتخاب اصلاحی براساس این مؤلفه‌ها جهت تغییر ژنتیکی منحنی شیردهی، برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی و فنوتیپی و همچنین برآورد وراثت‌پذیری این شاخص بود.

### مواد و روش‌ها

در این تحقیق از ۱,۵۷۶,۱۰۲ رکورد روزآزمون تولید شیر متعلق به ۲۲۱,۸۶۲ رأس گاو هلشتاین شکم اول که بین سالهای ۱۳۶۶ الی ۱۳۸۷ زایش داشتند جهت برآورد ماتریس واریانس-کواریانس ضرایب تابعیت تصادفی مورد استفاده قرار گرفته بودند (Aliloo, 2010).

### شاخص انتخاب براساس بردار مؤلفه‌های اصلی ماتریس ضرایب تابعیت تصادفی

دوره شیردهی ۳۰۱ روزه (۵ الی ۳۰۵) به ۱۰ مرحله به گونه‌ای تقسیم شد که مرحله اول (۳۱-۵) و بقیه مراحل (مرحله ۲ الی ۱۰) ۳۰ روز شیردهی را شامل شدند. با در نظر گرفتن تابع لژاندر (با رتبه چهارم) جهت توصیف منحنی شیردهی، شاخص انتخاب براساس مراحل شیردهی به صورت زیر تعریف شد (Togashi & Lin, 2003):

$$I = \sum_{j=1}^{49} b_j EBV_j = \sum_{j=1}^{49} b_j \sum_{i=1}^{n_i} \sum_{h=1}^h a_i(h) a_i \quad , \quad I = b' S_0$$

سودآورترند (Dekkers et al., 1998). در مطالعه‌ای نشان داده شد گاوهای که دارای منحنی شیردهی تخت-تری (Flatter) هستند قابلیت ابتلاء کمتری به انواع بیماری‌ها (بیماری‌های پستانی، دست و پا، متابولیکی، تولیدمثلی و غیره) دارند (Jakobsen et al., 2003). مطالعه بر روی همبستگی بین معیارهای تداوم شیردهی و تولید شیر نشان دهنده رابطه منفی برای برخی از آن معیارهاست (Togashi & Lin, 2004).

معیارهایی که در این مطالعه مورد استفاده قرار گرفت شامل اختلاف ارزش‌های اصلاحی تولید شیر روز ۶۵ و ۲۸۰ شیردهی ( $D_{65} - D_{280}$ )، نسبت ارزش‌های اصلاحی تولید شیر روز ۲۸۰ به ۶۵ ( $\frac{D_{280}}{D_{65}}$ )، نسبت اختلاف ارزش‌های اصلاحی تولید شیر روزهای ۶۶ و ۲۸۰ به اختلاف ارزش‌های اصلاحی تولید شیر روزهای ۵ و ۶۵ ( $\frac{D_{280}-D_{66}}{D_{65}-D_{5}}$ ) و در نهایت مجموع اختلاف ارزش‌های اصلاحی روزهای ۶۵ به بعد شیردهی با روز ۲۸۰ ( $\sum_{i=66}^{280} D_{280} - D_i$ ). نتایج نشان دهنده ارتباط منفی بین اختلاف ارزش‌های اصلاحی تولید شیر روز ۶۵ و ۲۸۰ شیردهی و مجموع اختلاف ارزش‌های اصلاحی روزهای ۶۵ به بعد شیردهی با روز ۲۸۰ ارزش‌های اصلاحی تولید شیر کل بودند. به عبارت دیگر بین معیارهای اول و آخر تداوم شیردهی با ارزش‌های اصلاحی کل شیر تولید رابطه منفی وجود داشت. از سوی دیگر با توجه به ارزش نسبی اقتصادی تولید شیر در ایران (حدود ۶۰٪) (Sadeghi-Sefidmazgi et al., 2009)، افزایش تداوم شیردهی نباید به گونه‌ای باشد که تولید شیر کاهش یابد.

به عبارت دیگر باید منحنی شیردهی را به گونه‌ای تغییر داد که بدون کاهش تولید شیر (یا حداقل کردن این کاهش) تداوم شیردهی افزایش یابد. برای نیل به این امر از شاخص انتخابی که وزنه‌های متفاوتی را در مراحل مختلف دوره شیردهی در نظر بگیرد می‌تواند استفاده شود. اما به توجه به کواریانس بین مراحل مختلف شیردهی، حتی با تعیین این ضرایب، تفسیری که از این ضرایب وجود دارد پیچیده می‌گردد و به راحتی قابل توجیه نیستند. به همین دلیل می‌توان از مؤلفه‌های اصلی ماتریس ژنتیکی افزایشی مراحل شیردهی و یا ضرایب تابعیت تصادفی استفاده کرد.

$$\sigma_{K_{FC}}^2 = b_{FC}' E_{FC} K_{FC} E_{FC}' b_{FC} = b_{FC}' D_{FC} b_{FC}, \quad \sigma_{K_{PC}}^2 = b_{PC}' E_{PC} K_{PC} E_{PC}' b_{PC}, \quad h_{FC}^2 = \frac{\sigma_{K_{FC}}^2}{\sigma_{K_{FC}}^2 + \sigma_{E_{FC}}^2}$$

$D_{FC}$  ماتریسی قطری است که اعداد روی قطر مقادیر ویژه ماتریس کواریانس ژنتیکی افزایشی ضرایب تابعیت تصادفی ( $K_{FC}$ ) و ماتریس واریانس- کواریانس فنوتیپی ضرایب تابعیت تصادفی هستند.

جدول ۱- ماتریس (کو) واریانس ژنتیکی افزایشی ضرایب تابعیت تصادفی (Aliloo, 2010)

$K_{FC}$	$K_{PC}$	$K_{EC}$	$K_{EC}$	
			۰.۴۰(۰.۳۰۰)	$K_{FC}$
			۱۴	
	symmetri	۰.۲۷(۰.۰۴۴)	۰.۰۸(۰.۰۸۴)	$K_{PC}$
	c	۱	۲	
		۰.۳۶(۰.۰۱۷)	۰.۲۰(۰.۰۲۰)	$K_{EC}$
		۰	-۱	
۰.۵(۰.۰۰۴)	۰.۱۰(۰.۰۰۷)	۰.۰۶(۰.۰۱۱)	۰.۴۳(۰.۰۳۲)	$K_{EC}$
۰/	-۰	۰	۰	

\*اعداد داخل پرانتز معیار اشتباه هستند

جدول ۲- ماتریس (کو) واریانس ژنتیکی افزایشی مقدار ویژه های ضرایب تابعیت تصادفی (Aliloo, 2010)

$D_{FC}$	$D_{PC}$	$D_{EC}$	$D_{EC}$	
۰	۰	۰	۱۸۵(۰.۹۲/۳۸)	$D_{FC}$
			۱۴	
۰	۰	۹۵(۰.۵/۹۱)	۰	$D_{PC}$
		۰/		
۰	۲۶(۰.۱/۶۰)	۰	۰	$D_{EC}$
	۰/			
۰.۲(۰.۰/۱۰)	۰	۰	۰	$D_{EC}$
۰/				

\*اعداد داخل پرانتز درصد هر مقدار ویژه از کل است

می توان نوشت:

$$P = SK_P S', S'PS = S'SK_P S' S', K_P = (S' S)^{-1} S' P S (S' S)^{-1} \quad (1)$$

جهت برآورد  $K_P$  از ماتریس کواریانس فنوتیپی زیر (جدول ۳) براساس معادله (۱) استفاده شد.

در معادله فوق  $b_{FC}$  عامل وزن دهنده به مراحل ده گانه EBV مجموع ارزشهای اصلاحی برآورد شده روزانه برای هر مرحله یا EBV برای  $j$  امین مرحله،  $m_j$  و  $n_j$  اولین و آخرین روز  $j$  امین مرحله شیردهی،  $k$  درجه چندجمله ای برای اثر ژنتیکی افزایشی ( $k=4$ )، و  $\phi_j(t)$  چندجمله ای لژاندر  $i$  ام در روز  $t$  ام استاندارد شده (بین -۱ و ۱) و  $a_i$  برابر  $i$  امین ضریب رگرسیون تصادفی است. همچنین ماتریس  $S$  شامل مجموع هر رتبه چندجمله لژاندر داخل مراحل بوده و می تواند بدون در نظر گرفتن رکوردها محاسبه شود.

$$S_{10 \times 4} = \begin{bmatrix} 10^0 & \sum_{t=1}^{10} \phi_1(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_2(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_3(t) \\ 10^1 & \sum_{t=1}^{10} \phi_1(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_2(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_3(t) \\ 10^2 & \sum_{t=1}^{10} \phi_1(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_2(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_3(t) \\ 10^3 & \sum_{t=1}^{10} \phi_1(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_2(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_3(t) \\ 10^4 & \sum_{t=1}^{10} \phi_1(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_2(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_3(t) \\ 10^5 & \sum_{t=1}^{10} \phi_1(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_2(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_3(t) \\ 10^6 & \sum_{t=1}^{10} \phi_1(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_2(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_3(t) \\ 10^7 & \sum_{t=1}^{10} \phi_1(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_2(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_3(t) \\ 10^8 & \sum_{t=1}^{10} \phi_1(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_2(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_3(t) \\ 10^9 & \sum_{t=1}^{10} \phi_1(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_2(t) & \sum_{t=1}^{10} \phi_3(t) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 2132 & -3797 & 4901 & -5799 \\ 2121 & -2050 & 1932 & -054 \\ 2121 & -2041 & -176 & 2271 \\ 2121 & -1225 & -1581 & 2286 \\ 2121 & -408 & -2284 & 916 \\ 2121 & 408 & -2284 & -916 \\ 2121 & 1225 & -1581 & -2286 \\ 2121 & 2041 & -176 & -2271 \\ 2121 & 2858 & 1932 & 054 \\ 2121 & 3674 & 4743 & 5612 \end{bmatrix}$$

در تجزیه به مؤلفه های اصلی (Principal Components Analysis (PCA) متغیرهای همبسته (ضرایب تابعیت تصادفی) به نحوی تغییر شکل می یابند و متغیرهای جدیدی را ایجاد می کنند که از یکدیگر مستقل هستند.

از این روش جهت تشکیل شاخص انتخاب اصلاحی برای کشف و تفسیر بهتر وابستگی بین ضرایب تابعیت تصادفی استفاده شد. می توان نوشت (Togashi & Lin, 2006):

$$I_{PC} = \sum_{i=1}^4 b_{PCi} PC_i = PC' b_{PC} = \alpha' E_{FC} b_{PC}$$

که  $PC$  بردار مؤلفه های اصلی ( $PC_1$  تا  $PC_4$ )،  $b_{PC}$  بردار ضرایب این مؤلفه ها،  $\alpha$  بردار ضرایب تابعیت تصادفی و  $E_{FC}$  بردار ویژه ماتریس کواریانس ژنتیکی افزایشی ضرایب تابعیت تصادفی ( $K_{FC}$ ) است.

جهت محاسبه  $E_{FC}$  از ماتریس  $K_{FC}$  (جدول ۱) استفاده شد. واریانس ژنتیکی افزایشی، وراثت پذیری و واریانس فنوتیپی  $I_{PC}$  عبارتست از:

$$\Delta \alpha_j = \text{Cov}(\alpha_j, \hat{b}_{PC}^i) \left( \frac{\hat{i}}{\sigma_{iPC}} \right), (j = 0, 1, 2, 3), \quad \Delta_{\alpha} = K_{\alpha} E_{\alpha} b_{PC}^i (\hat{i} / \sigma_{iPC})$$

پاسخ انتخاب همبسته ضریب تابعیت تصادفی  $z$  نسبت به این شاخص برابر است با:

جدول ۳- ماتریس (کو) واریانس فنوتیپی تولید شیر (Aliloo, 2010)

مرحله	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰
۱	۱۱۳									
۲	۲۶۷۵۹	۱۴۸								
۳	۲۰۱۷۹	۲۰۰۹۶	۱۳۰							
۴	۱۶۳۳۹	۱۹۸۱۲	۱۰۷	۲۱۶۹۴						
۵	۱۳۹۹۲	۱۸۹۰۱	۱۰۵	۱۸۳	۲۱۹۲۸	۱۸۹				
۶	۱۲۷۵۵	۱۷۵۸۷	۱۲۶	۱۴۳	۲۳۰۸۶	۲۳۴۲۹	۹۴			
۷	۱۲۲۴۳	۱۶۰۹۵	۱۳۹	۱۷۰	۲۳۰۵۸	۲۳۶۴۵	۱۷۸	۱۰		
۸	۱۱۸۶۳	۱۳۴۷۶	۱۰۹	۱۵۵	۲۲۷۱۰	۲۳۴۶۳	۲۴۱۶۱	۱۸۵	۳۱	
۹	۱۱۲۲۶	۱۲۷۹۸	۹۰	۱۵۹	۲۱۰۱۸	۲۲۷۱۰	۲۴۰۶۲	۲۴۹۷۷	۳۳	۱۵۵
۱۰	۹۷۸۱	۱۲۸۴۱	۹۷	۱۱۲	۱۷۸۷۲	۱۸۸۷۲	۲۰۲۶۴	۲۵۳۶۰	۳۱	۲۹۷۶۴

( از معادله زیر استفاده از ژنتیکی مراحل شیردهی (Togashi & Lin, 2003):

$$\Delta_{\alpha} = S \Delta_{\alpha} \quad \Delta_{\alpha} = (S' S)^{-1} S' \Delta_{\alpha} \quad (5)$$

اما معادله (۴) برای تمام  $\Delta_{\alpha}$  ها منطبق نیست بلکه با مقداری خطا (e) همراه است (مگر برای  $\Delta_{\alpha}$  خاصی و یا اینکه ماتریس S مربع باشد) یعنی:

$$\Delta_{\alpha} = (S' S)^{-1} S' \Delta_{\alpha} + e \quad (6)$$

در صورت داشتن ضرایب وزنی مؤلفه‌های اصلی ( $b_{PC}$ ) می‌توان آن‌ها را به ضرایب هر مرحله شیردهی ( $b$ ) تبدیل کرد. ارتباط بین  $b_{PC}$  و  $b$  را می‌توان بدین صورت نشان داد:

$$I = b_1' S \alpha = \alpha' S' b_1, \quad I_{PC} = \alpha' E_{\alpha} b_{PC_1} \quad \text{و} \quad E_{\alpha} b_{PC_1} = S' b_1$$

با توجه به معادلات فوق می‌توان نوشت:

$$b_{PC_1} = E_{\alpha}^{-1} S' b_1 \quad (7)$$

$$b_1 = (SS')^{-1} S E_{\alpha} b_{PC_1} \quad (8)$$

جهت بدست آوردن پیشرفت ژنتیکی هر کدام از مؤلفه‌های اصلی می‌توان طرفین را در  $E_{\alpha}$  ضرب کرد.

$$E_{\alpha}' \Delta_{\alpha} = E_{\alpha}' K_{\alpha} E_{\alpha} b_{PC}^i (\hat{i} / \sigma_{iPC}) = D_{\alpha} b_{PC}^i (\hat{i} / \sigma_{iPC}) \quad (2)$$

$$b_{PC}^i = D_{\alpha}^{-1} E_{\alpha}' \Delta_{\alpha} (\sigma_{iPC} / \hat{i}) \quad (3)$$

جهت حل معادله (۲) نیاز است که شرط زیر برقرار باشد:

$$\hat{i} = \sqrt{\Delta_{\alpha}' E_{\alpha} D_{\alpha}^{-1} E_{\alpha}' \Delta_{\alpha}} \quad (4)$$

معادله (۲) دارای بینهایت جواب است، یعنی به جای هر عددی  $\sigma_{iPC}$  انحراف معیار افزایشی شاخص انتخاب (دلخواهی را می‌توان جایگزین کرد به شرطی که رابطه (۴) برقرار باشد. جهت تعیین ارتباط بین بردار پیشرفت ( و بردار پیشرفت  $\Delta_{\alpha}$  ژنتیکی ضرایب تابعیت تصادفی)

### افزایش تولید شیر در صورت متفاوت بودن ارزش

#### مراحل شیردهی

با توجه به اینکه در مراحل اول و دوم و خصوصاً در مرحله دوم حیوانات در تعادل منفی انرژی هستند پیشرفت ژنتیکی ( $\Delta G$ ) این مراحل صفر در نظر گرفته شد، همچنین ارزش پیشرفت ژنتیکی سایر مراحل یکسان در نظر گرفته شدند. با توجه به اینکه روند ژنتیکی تولید شیر (۵ الی ۳۰۵ روز طی سالهای ۶۶ الی ۸۷) در ایران حدود ۲۷/۳ کیلوگرم (رگرسیون میانگین ارزش‌های اصلاحی مراحل شیردهی گاوهای ماده در هر سال بر سال زایش آنها) محاسبه شد، بردار پیشرفت ژنتیکی بدین صورت تعریف شد:

$$\Delta_1 = [\Delta G_1 \ \Delta G_2 \ \Delta G_3 \ \Delta G_4 \ \Delta G_5 \ \Delta G_6 \ \Delta G_7 \ \Delta G_8 \ \Delta G_9 \ \Delta G_{10}] = [0 \ 0 \ 3.41 \ 3.41 \ 3.41 \ 3.41 \ 3.41 \ 3.41 \ 3.41 \ 3.41]$$

چون پیشرفت ژنتیکی مراحل سوم تا دهم یکسان در نظر گرفته شد بدین معنی است که کل پیشرفت ژنتیکی (۲۷/۳) بر تعداد آن‌ها (۸) تقسیم شد و عدد ۳/۴۱ بدست آمد. با توجه به معلوم بودن ماتریس  $S$  و بردار  $\Delta_1$ ، بردار پیشرفت ژنتیکی ضرایب تابعیت تصادفی طبق رابطه (۶) به صورت زیر محاسبه شد:

$$\Delta_{\alpha_2} = [0.136 \ 0.035 \ -0.029 \ 0.012]$$

محاسبه بردار فوق با مقداری خطا همراه بود که باعث شد براساس این بردار، بردار پیشرفت ژنتیکی مراحل شیردهی به صورت زیر باشند:

$$\Delta_2 = [-0.459 \ 1.328 \ 2.509 \ 3.208 \ 3.535 \ 3.601 \ 3.515 \ 3.309 \ 3.333 \ 3.456]$$

میزان واریانس ژنتیکی افزایشی این شاخص نیز در نظر گرفته شد  $\sigma_{p_{FC_2}}^2$  برابر با واریانس ژنتیکی افزایشی بدست  $b_{p_{FC_2}}$  و در نهایت براساس روابط (۳) و (۴) بردار آمد.

$$b_{p_{FC_2}} = [130.95 \ 193.22 \ -950.62 \ 2453.12]$$

$$I_{p_{FC_2}} = 130.95PC_1 + 193.22PC_2 - 950.62PC_3 + 2453.12PC_4$$

مقدار واریانس فنوتیپی و وراثت‌پذیری این شاخص برابر است با:

$$\sigma_{a_{FC_2}}^2 = 621798.62 \cdot \sigma_{p_{FC_2}}^2 = 7695658.4$$

$$h_{FC_2}^2 = 0.08$$

جهت برآورد همبستگی ژنتیکی بین شاخص‌های

اصلاحی از رابطه زیر استفاده شد:

$$r = \frac{\text{cov}(I_{FC_1}, I_{FC_2})}{\sqrt{\sigma_{a_{FC_1}}^2 \sigma_{a_{FC_2}}^2}} = \frac{b_{p_{FC_1}}' D_{FC_1} b_{p_{FC_2}}}{\sqrt{\sigma_{a_{FC_1}}^2 \sigma_{a_{FC_2}}^2}} \quad (9)$$

### نتایج و بحث

#### افزایش تولید شیر در صورت یکسان بودن ارزش

##### مراحل شیردهی

در این حالت عامل‌های وزن دهنده به مراحل مختلف شیردهی یکسان می‌باشند.

$$b_1 = [1 \ 1 \ 1 \ 1 \ 1 \ 1 \ 1 \ 1 \ 1 \ 1]'$$

با استفاده از رابطه (۸) ضرایب وزنی برای هر یک از مؤلفه‌های اصلی محاسبه شد.

$$b_{p_{FC_1}} = [204.20 \ -33.68 \ 72.58 \ 12.35]'$$

در نتیجه شاخص انتخاب  $I_{p_{FC_1}}$  (تولید شیر ۳۰۵ روز) در این حالت بدین صورت بدست آمد:

$$I_{p_{FC_1}} = 204.20PC_1 - 33.68PC_2 + 72.58PC_3 + 12.35PC_4$$

با استفاده از بردار  $b_{p_{FC_1}}$ ، ماتریس‌های  $K_p$  و  $K_g$  واریانس ژنتیکی افزایشی، واریانس فنوتیپی و وراثت‌پذیری این شاخص برآورد شدند.

$$\sigma_{a_{FC_1}}^2 = 621798.62 \cdot \sigma_{p_{FC_1}}^2 = 1873426.1 \cdot h_{FC_1}^2 = 0.33$$

با توجه به اینکه شاخص‌های اصلاحی گاوهای شیری برای مدت طولانی براساس صفات تولیدی (تولید شیر، چربی و پروتئین) تعریف شده‌اند (Van Raden, 2004) که نتیجه آن افزایش تولید شیر به میزان قابل توجه و از سوی دیگر تضعیف وضعیت تولیدمثل، سلامت و ماندگاری دام‌ها بوده (Rauw et al., 1998; Verkamp et al., 2001; Abe et al., 2009) به نحوی که ارتباط منفی بین صفات تولیدی و ماندگاری باعث شده است که گاوهای پر تولید طول عمر پائین تری داشته باشند. بنابراین در نظر گرفتن شکل منحنی شیردهی گاوها علاوه بر صفات تولیدی، تولیدمثلی و ماندگاری در اهداف اصلاحی می‌تواند روند رو به ضعف صفات عملکردی را کاهش دهد. بدین منظور نیاز به شاخصی از پارامترهای منحنی شیردهی است که به نحو مؤثری اهداف اصلاحی مورد نظر در تغییر شکل منحنی شیردهی را در نظر بگیرد.

### مقایسه واریانس و وراثت‌پذیری شاخص‌ها

اکنون سؤال این است که چرا میزان وراثت‌پذیری شاخص دوم در مقایسه با شاخص اول به این شدت کاهش یافته‌است؟ در نگاه اول به نظر می‌رسد که این کاهش ناشی از افزایش میزان واریانس محیطی است چون مقدار واریانس افزایشی برای هر دو شاخص مساوی است، اما در واقع واریانس افزایشی شاخص دوم مقدار صحیح آن نیست. با توجه به اینکه شرایط محیطی برای هر دو شاخص یکسان است، میزان واریانس محیطی برای هر دو شاخص مساوی است (نه میزان واریانس ژنتیکی افزایشی) اما به هر حال جهت محاسبه ضرایب وزنی شاخص دوم به عددی دلخواه برای میزان واریانس ژنتیکی افزایشی نیاز بود. جهت برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی صحیح شاخص دوم ابتدا به میزان واریانس محیطی نیاز است که برابر است با:

$$\sigma_{e_2}^2 = 1873426.1 - 621798.62 = 1251627.48$$

در نهایت می‌توان میزان واریانس افزایشی شاخص دوم را براساس رابطه زیر محاسبه کرد:

$$\sigma_{a_2}^2 = h_{PC_2}^2 \times \frac{\sigma_{e_2}^2}{1 - h_{PC_2}^2} = 0.08 \times \frac{1251627.48}{1 - 0.08} = 110019.2$$

با برآورد صحیح‌تری از واریانس افزایشی، از این عدد باید در معادله (۳) جهت محاسبه مجدد ضرایب وزنی شاخص دوم استفاده کرد. مقادیر جدید این ضرایب به صورت زیر است:

$$b_{PC_2}^* = [55.08 \quad 81.27 \quad -399.87 \quad 1031.88] \\ b_{PC_2}^* = 55.08PC_1 + 81.27PC_2 - 399.87PC_3 + 1031.88PC_4$$

لذا سؤال دیگری که مطرح می‌شود این است که چرا میزان واریانس افزایشی شاخص دوم کاهش یافته است؟ برای پاسخ به این پرسش به ضرایب وزنی هر کدام از مراحل شیردهی براساس شاخص دوم نیاز است. جهت این امر مشابه رابطه (۸) مقادیر این ضرایب وزنی محاسبه شدند:

$$b_2 = (SS)^{-1} \Sigma b_{PC_2}^* = [-6.73 \quad 1.32 \quad 4.46 \quad 4.22 \quad 1.92 \quad -1.13 \quad -3.61 \quad -4.20 \quad -1.59 \quad 5.53]$$

اکنون می‌توان به این سؤال پاسخ داد که چرا با تغییر منحنی شیردهی تنوع ژنتیکی شاخص دوم کاهش یافت. با توجه به منفی شدن برخی از ضرایب  $b_2$ ، کواریانس منفی بین برخی مراحل شیردهی ایجاد شده و

در نتیجه تنوع ژنتیکی شاخص انتخاب دوم افت شدیدی پیدا کرد.

### مقایسه ضرایب وزنی شاخص‌ها

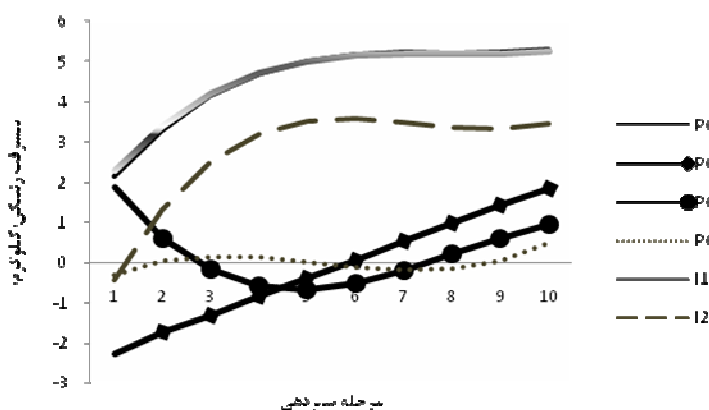
مقایسه ضرایب وزنی دو شاخص، نشان‌دهنده این امر است که میزان ضرایب اول (دوم) و سوم (چهارم) شاخص دوم نسبت به شاخص اول به شدت کاهش (افزایش) یافته است. جهت توجیه این افزایش و کاهش ضرایب به محاسبه پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار هر کدام از مراحل شیردهی نسبت به چهار مؤلفه اصلی نیاز است که از معادلات زیر حاصل می‌شود:

$$\Delta G_1 = \text{cov}(EBV_1, PC_m) / \sigma_{PC_m} \quad \Delta G = S_1 K_2 E_2 \bar{i} / \sigma_{PC_m} \\ \bar{i} = \sqrt{\Delta a_2' E_2 D_2^{-1} E_2 \Delta a_2} = 0.057$$

نمودار (۱) نشان دهنده میزان پیشرفت ژنتیکی هر کدام از مراحل شیردهی نسبت به انتخاب براساس مؤلفه‌های اصلی است. اکنون نقش هر کدام از مؤلفه‌های اصلی بر روی منحنی شیردهی روشن شده است، به نحوی که مؤلفه اصلی اول بر روی میزان تولید شیر، مؤلفه اصلی دوم بر روی میزان تداوم شیردهی، مؤلفه اصلی سوم باعث افزایش (کاهش) تولید شیر در اوائل و اواخر (اواسط) دوره شیردهی و مؤلفه اصلی چهارم باعث کاهش (افزایش) تولید در اوائل (اواخر) و اواسط نیمه دوم (اول) منحنی می‌شوند (نمودار ۱) که با نتایج دیگر مطالعات منطبق است (Olori et al., 1999; Duret et al., 2003; Togashi & Lin, 2006; Vicario et al., 2010). چون پیشرفت ژنتیکی اوائل (اواسط و اواخر) دوره شیردهی در شاخص انتخاب دوم نسبت به شاخص اول کمتر (بیشتر) بوده و از طرفی تأکید بیشتری بر روی تداوم شیردهی صورت گرفته، نتیجه آن ضریب وزنی بزرگتر (کوچکتر) بر روی مؤلفه‌های دوم (اول) و چهارم (سوم) بود. با توجه به مقادیر ویژه (Eigen value) ماتریس ژنتیکی افزایشی ضرایب تابعیت تصادفی، ۹۸/۲۹ درصد تغییرات توسط دو مؤلفه اول توجیه شدند که می‌توان فقط از این دو مؤلفه به نحو مؤثری برای تغییر منحنی شیردهی استفاده کرد. ولیکن با توجه به اینکه از دست دادن هیچ مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی مدنظر ما نبود و از طرف دیگر که تعداد چهار مؤلفه اصلی، تعداد مؤلفه‌ی زیادی نیست، در این مطالعه از تمام آنها جهت تشکیل شاخص انتخاب اصلاحی استفاده

دو ماه نخست در شاخص اول ۵/۷ و ۸ ماه بعدی ۳۹/۸ کیلوگرم در مقایسه با شاخص دوم که باعث پیشرفت ژنتیکی معادل ۰/۸۶ کیلوگرم در دو ماه نخست و ۲۶/۴۵ کیلوگرم در بقیه ماه‌ها، مورد انتظار است که می‌تواند منجر به کاهش استرس های ناشی از تولید زیاد در مراحل اولیه شیردهی در گاوهای پرتولید شود.

شد. منطبق شدن پیشرفت ژنتیکی (نمودار ۱) اولین مؤلفه اصلی و  $I_{PC_2}$  ( یا تولید شیر ۳۰۵ روز) نشان دهنده این است که این دو صفت در واقع یک صفت هستند (همبستگی ۰/۹۹). از سوی دیگر شاخص دوم باعث می‌شود پیشرفت ژنتیکی به طور مؤثر بعد از ماه دوم صورت گیرد. میزان پیشرفت ژنتیکی



نمودار ۱- پیشرفت ژنتیکی مؤلفه‌های اصلی و شاخص‌ها (I1=  $I_{PC_2}$  و I2=  $I_{PC_1}$ )

سو باعث پیشرفت ژنتیکی بسیار جزئی در اوائل دوره شیردهی شده (و در نتیجه کاهش استرس ناشی از تعادل منفی انرژی در گاوهای پرتولید) و از طرفی دیگر، پیشرفت ژنتیکی را به دوران پس از اوج شیردهی (بعد از دو ماه نخست) منتقل می‌کند. نکته دیگر این است که ارتباط بین این معیار و میزان تولید شیر ۳۰۵ روز مانند برخی از معیارهای تداوم شیردهی منفی نیست.

### نتیجه‌گیری کلی

استفاده از شاخص انتخاب محدود شده، امکان تغییر منحنی شیردهی به سمت دلخواه را می‌تواند فراهم کند. تعریف شاخص انتخابی که باعث محدود کردن پیشرفت ژنتیکی در مراحل اولیه شیردهی شود می‌تواند مشکلات ناشی از تعادل منفی انرژی در گاوهای پرتولید (در آینده) را کاهش دهد.

اما در مقایسه با شاخص انتخاب محدود نشده دارای وراثت‌پذیری پائین که منشأ این کاهش، افت واریانس ژنتیکی افزایشی در این شاخص، به دلیل کواریانس منفی ایجاد شده بین مراحل شیردهی بود که به کاهش پیشرفت ژنتیکی منجر شد.

اما از طرف دیگر دلیل کاهش واریانس ژنتیکی افزایشی  $I_{PC_2}$  نسبت به  $I_{PC_1}$  تحت شرایط یکسان، میزان پیشرفت ژنتیکی  $I_{PC_2}$  حدود ۱/۶۶ برابر  $I_{PC_1}$  است. به عبارت دیگر تغییر منحنی شیردهی با استفاده از هر شاخصی باعث کاهش واریانس ژنتیکی افزایشی و به تبع آن کاهش پیشرفت ژنتیکی آن خواهد شد.

### همبستگی بین شاخص‌ها

همانطور که قبلاً ذکر شد، برخی از معیارهای تداوم شیردهی با میزان تولید شیر دارای رابطه منفی هستند (Togashi & Lin, 2004)، که این گونه معیارها بدلیل اهمیت نسبی اقتصادی تولید شیر در ایران (Sadeghi-Sefidmazgi et al., 2009) مدنظر ما نیستند.

حال باید دید که همبستگی بین  $I_{PC_2}$  که ضریب وزنی بیشتری را به تداوم شیردهی می‌دهد با  $I_{PC_1}$  (تولید شیر ۳۰۵ روز) چه مقدار است. برای این منظور از رابطه (۹) زیر استفاده شد. با توجه به همبستگی ژنتیکی بالا که بین این دو معیار وجود دارد (۰/۶۰)، می‌توان  $I_{PC_2}$  را به عنوان معیاری از تداوم شیردهی عنوان کرد که از یک



## سپاسگزاری

نویسندگان از حسن علیلو به دلیل در اختیار قرار دادن برخی اطلاعات مورد نیاز در این تحقیق، و علیرضا

نجاتی جوارمی و دکتر عبدالحسین هورفر جهت همکاری در حل برخی از معادلات تشکر و قدردانی می‌کنند.

## REFERENCES

1. Abe, H., Y. Masuda and M. Suzuki. 2009. Relationships between reproductive traits of heifers and cows and yield traits for Holsteins in Japan. *Journal of Dairy Science*.92:4055-4062.
2. Aliloo, H. 2010. A Study of Heterogeneity of Variance in Iranian Holstein Milk Yield Records Using Random Regression Model. MSc. Dissertation. University of Tehran.(In Farsi)
3. Cobuci, J. A., R. F. Euclides, C.N. Costa and R. Torres. 2007. Genetic evaluation for persistency of lactation in Holstein cows using a random regression model. *Genetics and Molecular Biology*. 30:( 2) 349-355 .
4. Dekkers, J.C.M., J. H. Ten Haag and A. Weersink. 1998. Economic aspects of persistency of lactation in dairy cattle. *Livestock Production Science*. 53:237-252.
5. Druet, T., F. Jaffrezic, D. Boichard, and V. Ducrocq. 2003. Modeling lactation curves and estimation of genetic parameters for first lactation test-day records of French Holstein cows. *Journal of Dairy Science*. 86:2480-2490.
6. Jakobsen, J. H., R. Rekaya, J. Jensen, D. A. Sorensen, P. Madsen, D. Gianola, L. G. Christensen and J. Pedersen. 2003. Bayesian estimates of covariance components between lactation curve parameters and disease liability in Danish Holstein cows. *Journal of Dairy Science*. 86:3000-3007.
7. Jamrozik, J., L.R. Schaeffer and J.C.M. Dekkers. 1997. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. *Journal of Dairy Science*. 80:1217-1226.
8. Olori, V. E., W. G. Hill, B. J. McGuirk and S. Brotherstone. 1999. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. *Livestock Production Science*. 61:53-63.
9. Rauw, W.M., E. Kanis , E.N. Noordhuizen-Stassen and F.J. Grommers. 1998. Undesirable side effects of selection for high production efficiency in farm animals: a review. *Livestock Production Science*.56:15-33.
10. Sadeghi-Sefidmazgi, A., M. Moradi-Shahrbaback, A. Nejati-Javaremi, and A. Shadparvar. 2009. Estimation of economic values in three breeding perspectives for longevity and milk production traits in Holstein dairy cattle in Iran. *Italian Journal of Animal Science*. 8:359-375.
11. Solkner, J. and W. Fuchs. 1987. A comparison of different measures of persistency with special respect to variation of test-day milk yields. *Livestock Production Science*. 16:305-319.
12. Togashi, K. and C.Y. Lin. 2003. Modifying the lactation curve to improve lactation milk and persistency. *Journal of Dairy Science*. 86:1487-1493.
13. Togashi, K. and C.Y. Lin. 2004. Efficiency of different selection criteria for persistency and lactation milk yield. *Journal of Dairy Science*. 87:1528-1535.
14. Togashi, K. and C.Y. Lin. 2006. Selection for milk production and persistency using eigenvectors of the random coefficient matrix. *Journal of Dairy Science*. 89:4866-4873.
15. Vicario, D., R. Steri, A. Cappio Borlino and N. P. P. Macciotta. 2007. Analysis of genetic correlations between multivariate measures of lactation persistency and somatic cell score in Italian Simmental cattle. *Italian Journal of Animal Science*. Vol. 6 (SUPPL. 1).
16. Vicario, D., A. Cappio Borlino, L. Degano and N. P. P. Macciotta. 2010. Genetic evaluations of lactation persistency for Italian Simmental cows based on multivariate principal component analysis. In Proceeding of 9<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production 1-6 Aug, Leipzig, Germany, pp. 62-66.
17. Van Raden, P. M. 2004. Selection on net merit to improve lifetime profit. *Journal of Dairy Science*. 87:3125-3131.
18. Veerkamp, R.F., E.P.C. Koenen and G. De Jong. 2001. Genetic correlations among body condition score, yield, and fertility in first-parity cows estimated by random regression models. *Journal of Dairy Science*. 84:2327-2335.