



دانشگاه گیلان

نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان

جلد هشتم، شماره چهارم، ۱۳۹۹

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

۱-۱۶

DOI: 10.22069/ejrr.2021.16270.1678

استفاده از مدل دام با گروه‌بندی ژنتیکی برای تجزیه و تحلیل برخی صفات تولیدمثلی گاوهای هلشتاین ایران

علیرضا شاطری^۱، *محمد رکوعی^۲، غلامرضا داشناب^۳، احمد مقیمی اسفندآبادی^۴ و هادی فرجی آروق^۵

^۱دانش آموخته کارشناسی ارشد و ^۲دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

^۳دانشیار گروه علوم دامی و بیوانفورماتیک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

^۴کارشناس ارشد مرکز اصلاح نژاد دام کشور

^۵استادیار پژوهشکده دام‌های خاص، دانشگاه زابل

تاریخ دریافت: ۹۷/۱۱/۱۷؛ تاریخ پذیرش: ۹۹/۱۰/۱۰

چکیده

سابقه و هدف: صحت برآوردهای مولفه‌های واریانس و کواریانس برای صفات مهم اقتصادی از جمله صفات تولیدمثلی پیش نیاز طراحی راهبردهای اصلاحی موثر می‌باشد. برای پیش‌بینی واقعی‌تر ارزش‌های اصلاحی رکوردهای فنوتیپی سال‌های مختلف، گروه‌بندی ژنتیکی پیشنهاد شد. با توجه به وجود اطلاعات نامعلوم در شجره گاوهای هلشتاین ایران، در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی برای حیوانات با والدین نامعلوم ضروری به نظر می‌رسد. بنابراین، تحقیق حاضر به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی، روند ژنتیکی و صحت ارزش‌های اصلاحی برآورد شده برخی صفات تولید مثلی (فاصله بین زایش تا اولین تلقیح، فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی و فاصله زایش) گاوهای هلشتاین ایران با در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی برای حیوانات با والدین نامعلوم انجام شد.

مواد و روش‌ها: از اطلاعات مربوط به زایش و تلقیح سه شکم اول زایش ۳۳۶۱ گله هلشتاین ایران که توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور بین سال‌های ۱۳۶۰ تا ۱۳۹۲ جمع‌آوری شده بود، مورد استفاده قرار گرفت. حیوانات با والدین نامعلوم براساس سال تولد و جنس گروه‌بندی شده و صفات توسط دو مدل با (مدل ۲) و بدون (مدل ۱) گروه‌بندی ژنتیکی تجزیه و تحلیل شدند. با استفاده از معیار اطلاعات بیزی و معیار اطلاعات آکائیک، مدل بهتر از بین دو مدل حیوانی بالا برای همه صفات مشخص گردید. از همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن برای بررسی تغییر رتبه‌بندی حیوانات با در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی استفاده شد. صحت ارزش‌های اصلاحی و روند ژنتیکی با استفاده از دو مدل برآورد شده و مورد مقایسه قرار گرفت. آماده سازی داده‌ها و محاسبات آماری با نرم‌افزار R و واکاوی ژنتیکی با نرم‌افزار ASReml انجام شد.

یافته‌ها: مقدار واریانس و معیار خطا ژنتیک افزایشی در مدل ۲ پایین‌تر از مدل ۱ و برای واریانس باقیمانده برعکس بود اما تفاوت معنی‌داری بین مقادیر دو مدل وجود نداشت. براساس معیارهای برازش نکویی مدل، مدل ۲ بهترین مدل برای تمامی

*نویسنده مسئول: rokouei@uoz.ac.ir

صفات انتخاب شد. مقدار وراثت‌پذیری صفات فاصله زایش و فاصله زایش تا اولین تلقیح با استفاده از مدل ۲ پایین‌تر (غیرمعنی‌دار) از مدل ۱ برآورد گردید. مقدار وراثت‌پذیری برای همه صفات تولیدمثلی توسط دو مدل پایین‌تر از ۰/۰۵ بدست آمد. رتبه بندی بهترین گاوهای نر و ماده در اثر گروه‌بندی ژنتیکی تغییر کرد. صحت برآوردهای ارزش‌های اصلاحی بدست آمده برای تمامی صفات در همه زایش‌ها در مدل ۲ بالاتر از مدل ۱ بود و از لحاظ آماری تفاوت معنی‌داری را نشان داد (۰/۰۰۱ < P). روند ژنتیکی تمامی صفات (به استثنای صفت فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی در گوساله‌زایی اول و سوم) حاصل از مدل ۱ و ۲ مثبت برآورد گردید و مقادیر برآورد شده بین دو مدل متفاوت از هم بود.

نتیجه‌گیری: نتایج نشان داد که در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی برای تجزیه و تحلیل صفات تولیدمثلی گاوهای هلشتاین ایران و پیش‌بینی صحیح شایستگی حیوانات ضروری به نظر می‌رسد.

واژه‌های کلیدی: روند ژنتیکی، صحت ارزش اصلاحی، فاصله زایش، وراثت‌پذیری

مقدمه

باروری گاو ماده یکی از عوامل مهم تاثیرگذار در طول عمر گله‌های شیری است. با این وجود بیشتر برنامه‌های اصلاح نژادی در گله‌های شیری بخصوص در ایران، بر صفات تولید شیر متمرکز شده است. مطالعات زیادی رابطه ژنتیکی منفی بین صفات تولید مثل و تولید شیر را گزارش کرده‌اند (۱، ۲، ۳۰ و ۳۹). به همین دلیل، برنامه‌های انتخاب اغلب با چالش حفظ هم‌زمان و رضایت‌بخش باروری و سطوح بالای تولید مواجه هستند. بنابراین در نظر گرفتن صفات باروری در برنامه‌های انتخاب به منظور بهبود باروری و حداقل رساندن اثرات منفی روی این صفات ضروری است (۷، ۳۸). برآورد پارامترهای ژنتیکی برای اجرای برنامه‌های اصلاحی و ارزیابی پیشرفت ژنتیکی برنامه‌های اصلاحی در حال اجرا مورد نیاز است و صحت برآوردهای پارامترهای ژنتیکی اهمیت اساسی دارد (۳۷). صحت برآوردهای مولفه‌های واریانس و کواریانس برای صفات مهم اقتصادی از جمله صفات تولیدمثلی پیش‌نیاز طراحی راهبردهای اصلاح نژادی است (۱۴).

اطلاعات شجره‌ای موجود در ایران برای گاوهای هلشتاین در اکثر موارد از شاخص کیفی مناسبی برخوردار نیست و در بیشتر موارد متوسط معیار کامل

بودن شجره برای گاوهای هلشتاین ایران کمتر از ۰/۷ است (۳۱). اطلاعات گاوهای هلشتاین ایران نشان می‌دهد که در تمام سال‌ها حتی سال‌های اخیر حیواناتی بدون پدر و مادر مشخص به جمعیت گاوهای هلشتاین اضافه شده‌اند و در ارزیابی‌های ژنتیکی به‌عنوان حیوانات پایه در نظر گرفته می‌شوند حال آنکه پتانسیل ژنتیکی این حیوانات با حیوانات پایه متفاوت است (۳۱).

برای پیش‌بینی واقعی‌تر ارزش‌های اصلاحی رکوردهای فنوتیپی سال‌های مختلف، گروه‌بندی ژنتیکی پیشنهاد شد (۱۹). برای گروه‌بندی حیوانات با والدین نامعلوم در شجره می‌توان از سال تولد، سالی که اولین دختر حیوان نر رکورد ایجاد کرده یا سالی که حیوان نر برای تلقیح مورد استفاده قرار گرفته، بهره برداری کرد (۳۰). استفاده از گروه‌بندی ژنتیکی برای ارزیابی ژنتیکی و اثر آن بر صحت و ارزیابی ارزش‌های اصلاحی برآورده شده در برخی مطالعات گزارش شده است (۱۱، ۲۹ و ۳۴).

وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفات تولیدمثلی در بیشتر تحقیقات کمتر از ۰/۱ گزارش شده است (۷، ۱۰، ۱۵، ۱۷ و ۲۴) و گزارشاتی از روند ژنتیکی برای صفات تولیدمثل نیز وجود دارد (۱۶، ۳۶). در همه این گزارشات، برآورد پارامترهای ژنتیکی و روند

برای حیوانات با والدین نامعلوم، گروه‌بندی ژنتیکی براساس سال تولد و جنس انجام شد و مؤلفه‌های واریانس تمامی صفات با استفاده از دو مدل حیوانی زیر (مدل ۱ و ۲) به صورت تک صفت تجزیه و تحلیل گردید:

$$y = Xb + Za + e \quad \text{مدل ۱}$$

$$y = Xb + ZQg + Za + e \quad \text{مدل ۲}$$

در دو مدل فوق y مشاهدات مربوط صفات در سه دوره زایش اول، b بردار آثار ثابت شامل گله-سال - فصل زایش، نوع زایش، تابعیت خطی و درجه دوم سن حیوان هنگام زایش بر اساس ماه (محدوده سنی برای سه زایش اول، دوم و سوم به ترتیب بین ۱۸ تا ۴۰، ۳۰ تا ۶۰ و ۴۰ تا ۸۰ ماه منظور گردید) و تابعیت خطی درصد خلوص هلشتاین، a ، e و g به ترتیب بردارهای آثار تصادفی ژنتیک افزایشی حیوان، باقی‌مانده و گروه‌های ژنتیکی بر اساس سال تولد و جنس می‌باشد و X ، Z و ZQ به ترتیب ماتریس‌های ارتباط دهنده آثار ثابت، تصادفی و گروه‌های ژنتیکی به مشاهدات است.

براساس معیارهای برازش نکویی مدل از جمله معیار اطلاعات بیزی^۴ و معیار اطلاعات آکائیک^۵، مدل بهتر از بین دو مدل حیوانی بالا برای همه صفات مشخص شد. ارزش اصلاحی صفات به دو صورت مدل اول با مؤلفه‌های مدل دوم [مدل ۱۲] و مدل دوم با مؤلفه‌های مدل اول [مدل ۲۱] پیش‌بینی شد. از همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن، برای مقایسه تغییرات رتبه ارزش‌های اصلاحی کل حیوانات، ۱۰ و ۸۰ درصد بهترین گاوهای نر و ماده استفاده گردید. معیار صحت برآورد ارزش‌های اصلاحی و روند ژنتیکی صفات برای دو مدل محاسبه و از آزمون t جفت شده برای

ژنتیکی بدون در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی انجام شده است. با توجه به وجود اطلاعات نامعلوم در شجره گاوهای هلشتاین ایران، در نظر گرفتن گروه‌بندی ژنتیکی برای حیوانات با والدین نامعلوم ضروری به نظر می‌رسد بنابراین، این تحقیق با هدف برآورد پارامترهای ژنتیکی، روند ژنتیکی برخی صفات تولیدمثل و بررسی اثر در نظر گرفتن گروه بندی ژنتیکی در صحت برآوردهای ارزش اصلاحی انجام شد.

مواد و روش‌ها

داده‌های مورد استفاده در این تحقیق مربوط به اطلاعات تاریخ زایش و تلقیح در سه شکم اول زایش ۳۳۶۱ گله بود که توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور بین سال‌های ۱۳۶۰ تا ۱۳۹۲ جمع‌آوری شده بود. صفات تولید مثل شامل فاصله بین زایش تا اولین تلقیح^۱، صفت فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی^۲ و صفت فاصله گوساله‌زائی^۳ در سه شکم اول زایش بودند. دامنه فاصله زایش بین ۲۶۰ تا ۷۵۰ روز در نظر گرفته شد (۴). با استفاده از تاریخ زایش قبلی و تاریخ اولین تلقیح، صفت فاصله بین زایش تا اولین تلقیح و از تفاوت تاریخ اولین تلقیح تا آخرین تلقیح که منجر به آبستنی شده بود صفت فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی استخراج گردید. شجره حیوانات دارای مشاهده از شجره کلی (۶۰۱۰۲۵ حیوان، ۱۳/۰۹ درصد از حیوانات دارای والدین نامشخص بودند) استخراج و مورد استفاده قرار گرفت. جدول ۱ آمار توصیفی برای صفات تولیدمثلی را در دوره‌های زایش مختلف نشان می‌دهد.

1. Calving to First Service (CTFS)
2. First Service to Conception (FSTC)
3. Calving Interval (CI)

4. Bayesian information criterion (BIC)
5. Akaike information criterion (AIC)

در رابطه بالا، SEP و σ_a^2 به ترتیب صحت، معیار خطای پیش‌بینی و واریانس ژنتیک افزایشی هستند (۲۴). آماده سازی داده‌ها و محاسبات آماری با نرم‌افزار R و واکاوی ژنتیکی با نرم‌افزار ASReml 3.1 (۹) انجام شد.

مقایسه در دو مدل استفاده شد. صحت ارزش‌های اصلاحی برآورد شده به صورت رابطه زیر محاسبه شد:

$$r = \sqrt{1 - \frac{SEP^2}{\sigma_a^2}}$$

جدول ۱- آمار توصیفی صفات تولیدمثلی در سه دوره زایش اول

Table 1- Descriptive statistics of reproductive traits in first three calving period

حداکثر	حداقل	انحراف معیار	میانگین	تعداد	دوره	صفت*
Maximum	Minimum	SD	Mean	Number	period	Trait
725	279	83.49	413.10	475774	1	فاصله زایش (روز)
730	270	80.28	410.00	349061	2	CI (Day)
745	270	78.72	408.10	380289	3	
210	21	42.45	89.53	249428	1	فاصله زایش تا اولین تلقیح (روز)
210	21	42.62	87.19	188177	2	
210	21	42.06	86.71	127257	3	CTFS (Day)
419	0	137.19	98.89	258716	1	فاصله اولین تلقیح تا منجر به آبستنی (روز)
419	0	132.77	93.70	193430	2	
419	0	129.70	88.70	128912	3	

*CI: Calving Interval; CTFS: Calving to First Service; FSTC: First Service to Conception

از مدل اول بود و این روند برای هر سه دوره زایش صادق بود. واریانس فنوتیپی مدل دوم، به جز دوره اول زایش صفت فاصله زایش، روند مشابه واریانس ژنتیکی مشاهده شد و در هر دو مدل برآورد (از شکم اول به شکم سوم زایش) واریانس فنوتیپی روند کاهشی بود.

دامنه وراثت‌پذیری برآورد شده با مدل دوم برای صفات فاصله زایش و فاصله زایش تا اولین تلقیح به ترتیب $0/025 - 0/047$ و $0/018 - 0/039$ و با استفاده از مدل اول به ترتیب $0/028 - 0/049$ و $0/019 - 0/042$ بود اما برای صفت فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی در سه دوره زایش با دو مدل یکسان برآورد شد. مقادیر معیار اطلاعات بیزی و آکائیک مدل دوم نسبت به مدل اول برای همه صفات در دوره‌های زایش مختلف پایین بود که نشان از مناسب بودن مدل دوم نسبت به مدل اول برای تجزیه و تحلیل صفات می‌باشد.

نتایج و بحث

مؤلفه‌های واریانس برآورد شده بر اساس دو مدل با و بدون گروه‌های ژنتیکی برای صفات تولیدمثلی به تفکیک سه دوره اول زایش در جدول ۲ آورده شده است. مقایسه واریانس ژنتیکی افزایشی بین مدل یک و دو (به ترتیب مدل‌های بدون و با گروه‌بندی ژنتیکی) نشان داد که وارد نمودن گروه‌های ژنتیکی به تجزیه و تحلیل تمامی صفات باعث کاهش اندک و غیرمعنی‌دار واریانس ژنتیکی مستقیم شد به نحوی که در هر سه زایش متوالی با وارد نمودن گروه‌های ژنتیکی، واریانس ژنتیکی و به تبع آن معیار خطا اندکی تغییر داشت. لازم به ذکر است که در بررسی مجزای دو مدل نیز این روند صادق بود یعنی از شکم اول زایش تا شکم سوم زایش در هر دو مدل، روند کاهشی و غیر معنی‌دار در واریانس ژنتیکی مستقیم و معیار خطای برآورد شده مشاهده شد.

برای واریانس باقی‌مانده، مقادیر برآورد شده برای همه صفات در مدل دوم اندکی بزرگتر و غیرمعنی‌دار

جدول ۲- مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری (معیار خطا) صفات مختلف به تفکیک مدل با (مدل ۳) و بدون (مدل ۱) گروه‌بندی ژنتیکی

Table 2. Variance components and heritability (standard error) of different traits with (model 2) and without (model 1) genetic grouping model

BIC	AIC	h^2	σ_p^2	σ_e^2	σ_a^2	مدل Model	دوره period	صفت Trait
906.59	884.70	0.049 (0.003)	6394.78 (14.95)	6083.71 (338.95)	311.07 (19.47)	1	1	فاصله زایش
242.78	220.89	0.047 (0.002)	6389.05 (14.47)	6091.29 (340.62)	297.76 (18.85)	2	1	
13385.85	13364.65	0.035 (0.002)	5918.91 (15.67)	5709.80 (305.12)	209.11 (14.36)	1	2	Calving Interval (CI)
12758.60	12737.39	0.032 (0.002)	5911.90 (15.62)	5721.94 (309.19)	189.96 (13.55)	2	2	
17113.92	17093.65	0.028 (0.003)	5668.58 (18.78)	5511.83 (252.23)	156.75 (10.41)	1	3	
16561.54	16541.27	0.025 (0.003)	5663.79 (18.75)	5522.36 (254.36)	141.43 (9.74)	2	3	فاصله زایش تا اولین تلقیح
4911.38	4890.81	0.042 (0.003)	1392.89 (4.35)	1335.00 (250.72)	57.89 (12.96)	1	1	
4382.92	4362.34	0.039 (0.003)	1391.56 (4.34)	1337.24 (252.67)	54.32 (12.39)	2	1	Calving To First Service (CTFS)
7204.99	7485.04	0.025 (0.003)	1310.90 (4.70)	1277.58 (236.93)	33.32 (9.30)	1	2	
6717.32	6697.38	0.025 (0.003)	1310.38 (4.71)	1277.37 (235.87)	33.01 (9.06)	2	2	فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی
16588.89	16569.82	0.019 (0.003)	1271.44 (5.65)	1247.75 (195.44)	23.69 (6.26)	1	3	
16143.63	16124.56	0.018 (0.003)	1271.16 (5.65)	1248.69 (194.78)	22.47 (5.85)	2	3	
8249.82	8229.16	0.003 (0.001)	16297.13 (48.38)	16252.90 (327.54)	44.23 (3.38)	1	1	فاصله اولین تلقیح تا First Service To Conception(FSTC)
7606.08	7578.41	0.003 (0.001)	16296.34 (48.15)	16253.60 (328.75)	42.74 (3.16)	2	1	
18997.04	18977.02	0.003 (0.001)	15326.98 (53.49)	15278.40 (277.33)	48.58 (3.15)	1	2	فاصله اولین تلقیح تا First Service To Conception(FSTC)
18353.78	18333.76	0.003 (0.001)	15325.13 (53.51)	15280.80 (276.96)	44.33 (2.81)	2	2	
9192.88	9173.77	0.003 (0.001)	14568.45 (63.76)	14528.20 (220.71)	40.25 (2.17)	1	3	
8582.90	8563.78	0.003 (0.001)	14571.06 (63.79)	14534.60 (220.15)	36.46 (1.90)	2	3	

σ_a^2 : Additive variance; σ_e^2 : Residual variance; σ_p^2 : Phenotypic variance; h^2 : Heritability; AIC: Akaike information criterion; BIC: Bayesian information criterion. h^2 وراثت‌پذیری؛ معیار اطلاعات آکائیک: AIC معیار اطلاعات بیزی؛ σ_p^2 واریانس فنوتیپی؛ σ_e^2 واریانس باقیمانده؛ σ_a^2 واریانس افزایشی؛ BIC: Bayesian information criterion.

ظرفیت ژنتیکی حیوانات متفاوت است. پایین بودن مقدار وراثت‌پذیری صفات تولیدمثل نشان دهنده این واقعیت است که سهم عمده‌ای از تفاوت فنوتیپی موجود برای هر صفت در بین جمعیت گاوهای هلشتاین ناشی از تفاوت محیطی و غیر ژنتیکی بین آن‌ها و نیز پیچیده بودن و ترکیبی بودن این صفات است (۱۲). بنابراین بهبود مدیریت گله بخصوص مدیریت تولیدمثل نسبت به انجام صرفاً انتخاب ژنتیکی در بهبود قابل توجه صفات تولیدمثلی می‌تواند بیشتر مفید باشد. مقادیر متفاوت وراثت‌پذیری‌های برآورد شده می‌تواند به علت متفاوت بودن نژاد حیوان، سیستم مدیریتی، عوامل محیطی، اندازه و ساختار داده، مدل‌های تجزیه و تحلیل و روش‌های آماری مورد استفاده باشد (۱۶).

در مطالعه صفات مربوط به رشد گاوهای نیلور، با استفاده از گروه‌بندی ژنتیکی گزارش گردید که استفاده از گروه‌بندی ژنتیکی در پیش‌بینی شاخص‌های ژنتیکی حیوانات دارای شجره‌پدیری نامشخص، مناسب‌تر است (۳۲) که با نتایج این تحقیق مطابقت دارد. همچنین برای صفات افزایش وزن بعد شیرگیری، نمره ماهیچه و دور کمر (۲۶) و صفات تولیدی (۲۲) نیز، مدل با گروه‌بندی ژنتیکی مناسب گزارش شد که با نتایج این تحقیق مطابقت دارد.

تفاوت معنی‌داری بین رتبه‌های حاصل از مقایسه دو مدل ۱ با ۱۲ و مدل ۲ با ۲۱ وجود نداشت بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که تغییرات موجود بین مولفه‌های واریانس تاثیر معنی‌داری در رتبه‌بندی حیوانات نداشت. برای بررسی تاثیر گروه‌بندی ژنتیکی بر رتبه‌بندی حیوانات همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن بین مدل ۱ با ۲۱ در حالت‌های مختلف بررسی شد (جدول ۳). روند رتبه‌ای اسپیرمن صفات فاصله زایش، فاصله زایش تا اولین تلقیح و فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی برای تمامی حیوانات و نیز کل

وراثت‌پذیری صفت فاصله زایش در سه شکم زایش برای مدل اول و دوم کمتر از مقدار گزارش شده $0/0633$ (۶)، $0/184$ (۲۶) و $0/17$ (۵) بود. مقادیر پایین وراثت‌پذیری نسبت به تحقیق حاضر نیز در برخی مطالعات گزارش شده است (۲۱، ۲۳ و ۳۵). مشابه تحقیق حاضر، وراثت‌پذیری صفت فاصله گوساله‌زائی برای گاو سیاه ژاپن و فریزین $0/047$ گزارش شد (۳، ۲۸). وراثت‌پذیری فاصله گوساله‌زائی برای سه شکم اول زایش گله‌های گیرولاندو برزیل به ترتیب $0/01$ ، صفر و $0/08$ گزارش شد (۱۰) که برای زایش اول و دوم نسبت به یافته‌های تحقیق حاضر پایین‌تر و برای شکم سوم زایش بالاتر از نتایج تحقیق حاضر بود.

دامنه وراثت‌پذیری صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح در تحقیقات مختلف بین $0/03$ تا $0/058$ گزارش شده است (۸، ۱۳ و ۱۷) که تنها وراثت‌پذیری بدست آمده در شکم اول در دامنه گزارش شده قرار دارد و برای زایش‌های دیگر با مدل ۱ و ۲ پایین‌تر از دامنه گزارش شده بود. وراثت‌پذیری برای صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح در گاوهای هلشتاین ایران، تونس و چین به ترتیب $0/058$ ، $0/025$ و $0/034$ بدست آمد (۷، ۱۷ و ۱۸) و نتایج تحقیق حاضر با نتایج هلشتاین تونس و چین مشابه بوده و نسبت به نتایج هلشتاین ایران کمتر می‌باشد.

دامنه وراثت‌پذیری $0/24 - 0/044$ برای صفت فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی (۷، ۱۵ و ۱۷) نسبت به یافته‌های این تحقیق بالاتر می‌باشد. میانگین این صفت در گله‌های هلشتاین ایران نسبت به موارد گزارش شده (۷، ۱۷) خیلی بالاتر می‌باشد که از دلایل احتمالی آن می‌توان به عدم توجه کافی به این صفات در گله‌های مورد مطالعه اشاره داشت.

وراثت‌پذیری یک صفت از یک جمعیت به جمعیت دیگر به دلیل تفاوت سطوح مدیریتی و

علیرضا شاطری و همکاران

رتبه‌بندی حیوانات در شکم‌های بالا در اثر وارد کردن گروه‌بندی ژنتیکی است. تمامی همبستگی‌های بدست آمده نسبت به یک اختلاف معنی‌دار داشتند و همچنین لازم به ذکر است که احتمال وجود اختلاف میان دو جنس در صفات مورد مطالعه برای هر سه شکم زایش، معنی‌دار بود.

حیوانات ماده، از زایش اول تا سوم دارای روند کاهشی بود؛ این در حالی است که این روند در ۱۰ درصد برترین گاوهای نر (به جز صفت فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی) و در تجزیه و تحلیل مربوط به کل حیوانات نر (به جز صفت فاصله زایش) از زایش اول به سمت زایش سوم دارای روند منظم و کاهشی بود. روند کاهشی نشان دهنده تغییر بیشتر در

جدول ۳- همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن بین مدل ۱ با ۲۱ به تفکیک صفات مختلف و احتمال اختلاف با ۱

Table 3. Spearman's rank correlation between model 1 and 21 separated by different traits and the probability of difference with 1

*P	P	ماده‌ها Females	P	نرها Males	P	۱۰ درصد نرها 10% males	P ^۱	کل Total	دوره period	صفت Trait
<0.001	<0.001	0.935	<0.001	0.908	<0.001	0.873	<0.001	0.935	1	CI
<0.001	<0.001	0.923	<0.001	0.916	<0.001	0.835	<0.001	0.922	2	
<0.001	<0.001	0.904	<0.001	0.892	<0.001	0.823	<0.001	0.903	3	
<0.001	<0.001	0.907	<0.001	0.872	<0.001	0.863	<0.001	0.906	1	CTFS
<0.001	<0.001	0.835	<0.001	0.848	<0.001	0.717	<0.001	0.836	2	
<0.001	<0.001	0.762	<0.001	0.763	<0.001	0.716	<0.001	0.761	3	
<0.001	<0.001	0.573	<0.001	0.638	<0.001	0.344	<0.001	0.574	1	FSTC
<0.001	<0.001	0.498	<0.001	0.473	<0.001	0.441	<0.001	0.496	2	
<0.001	<0.001	0.391	<0.001	0.400	<0.001	0.396	<0.001	0.390	3	

P احتمال وجود اختلاف با یک، *P احتمال وجود اختلاف بین دو جنس

P: The probability of a difference with one; P*: The probability of a difference between sexes
CI: Calving Interval; CTFS: Calving to First Service; FSTC: First Service to Conception

این نشان می‌دهد که استفاده از مدل با گروه‌بندی ژنتیکی نسبت به مدل با عدم گروه‌بندی ژنتیکی باعث تغییر در رتبه بهترین گاوهای ماده در سال‌های تولد مختلف شده است. برای صفات فاصله زایش و فاصله زایش تا اولین تلقیح میزان همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن برای دوره شیردهی سوم نسبت به دو دوره اول در بیشتر سال‌ها پایین‌تر بود اما برای صفت فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی روند منظمی مشاهده نشد و در برخی صفات همبستگی منفی و در بیشتر سال‌های شکم اول و سوم میزان همبستگی خیلی پایین‌تر بدست آمد.

همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن هشتاد درصد بهترین گاوهای ماده بین مدل ۱ با ۲۱ به تفکیک صفات، سال تولد و دوره زایش و احتمال اختلاف آن‌ها با یک در جدول ۴ نشان داده شده است. میزان همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن برای ۸۰ درصد بهترین گاوهای ماده برای صفات مختلف در زایش‌ها و سال‌های تولد متفاوت نیز معنی‌دار بدست آمد (به استثنای سال ۱۳۸۶ در دوره زایش دوم صفت فاصله زایش، سال ۱۳۸۶ در دوره اول زایش صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح و سال ۱۳۸۵ در دوره سوم زایش صفت فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی).

جدول ۴- همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن هشتاد درصد بهترین گاوهای ماده بین مدل ۱ با ۲۱ به تفکیک صفات سال تولد و احتمال اختلاف آنها با یک

Table 4. Spearman rank correlation for 80% of the best females between Model 1 and 21 separated by birth year and the probability of their difference with one

سال Year	فاصله زایش CI			CTFS			فاصله زایش تا اولین تلقیح FSTC											
	2			1			2			3								
	<P	80%F	<P	<P	80%F	<P	<P	80%F	<P	<P	80%F	<P	80%F	<P				
1360	0.890	0.001	0.885	0.001	0.853	0.001	0.916	0.001	0.937	0.001	0.948	0.001	0.422	0.001	0.618	0.001	0.154	0.001
1361	0.881	0.022	0.783	0.003	0.750	0.002	0.762	0.005	0.821	0.018	0.643	0.004	0.643	0.004	0.500	0.001	0.600	0.008
1362	0.817	0.001	0.910	0.001	0.895	0.001	0.940	0.006	0.881	0.001	0.765	0.001	-0.076	0.001	0.934	0.004	0.079	0.001
1363	0.721	0.001	0.768	0.001	0.862	0.001	0.969	0.001	0.705	0.001	0.407	0.001	0.025	0.001	0.490	0.001	-0.002	0.001
1364	0.907	0.001	0.875	0.001	0.886	0.001	0.914	0.001	0.791	0.001	0.600	0.001	0.334	0.001	0.326	0.001	0.504	0.001
1365	0.932	0.001	0.867	0.001	0.797	0.001	0.888	0.001	0.979	0.001	0.852	0.001	0.361	0.001	0.181	0.001	0.456	0.001
1366	0.778	0.001	0.756	0.001	0.906	0.001	0.679	0.001	0.369	0.001	0.617	0.001	0.156	0.001	0.542	0.001	-0.189	0.001
1367	0.925	0.001	0.854	0.001	0.903	0.001	0.892	0.001	0.814	0.001	0.739	0.001	0.328	0.001	0.411	0.001	-0.144	0.001
1368	0.854	0.001	0.891	0.001	0.832	0.001	0.929	0.001	0.801	0.001	0.933	0.001	0.266	0.001	0.609	0.001	0.546	0.001
1369	0.958	0.001	0.927	0.001	0.816	0.001	0.955	0.001	0.873	0.001	0.775	0.001	0.058	0.001	0.689	0.001	0.225	0.001
1370	0.929	0.001	0.775	0.001	0.844	0.001	0.893	0.001	0.726	0.001	0.721	0.001	0.324	0.001	0.532	0.001	0.346	0.001
1371	0.819	0.001	0.771	0.001	0.896	0.001	0.746	0.001	0.765	0.001	0.639	0.001	0.350	0.001	0.299	0.001	0.437	0.001
1372	0.870	0.001	0.768	0.001	0.759	0.001	0.823	0.001	0.792	0.001	0.566	0.001	0.288	0.001	0.414	0.001	0.469	0.001
1373	0.937	0.001	0.830	0.001	0.816	0.001	0.823	0.001	0.821	0.001	0.717	0.001	0.295	0.001	0.220	0.001	0.313	0.001
1374	0.915	0.001	0.817	0.001	0.745	0.001	0.819	0.001	0.678	0.001	0.759	0.001	0.318	0.001	0.594	0.001	0.233	0.001
1375	0.886	0.001	0.845	0.001	0.762	0.001	0.847	0.001	0.755	0.001	0.716	0.001	0.432	0.001	0.695	0.001	0.592	0.001
1376	0.875	0.001	0.849	0.001	0.737	0.001	0.799	0.001	0.733	0.001	0.793	0.001	0.418	0.001	0.448	0.001	0.461	0.001
1377	0.838	0.001	0.865	0.001	0.819	0.001	0.930	0.001	0.753	0.001	0.669	0.001	0.129	0.001	0.346	0.001	0.455	0.001
1378	0.889	0.001	0.778	0.001	0.898	0.001	0.903	0.001	0.753	0.001	0.687	0.001	0.369	0.001	0.432	0.001	0.297	0.001
1379	0.916	0.001	0.919	0.001	0.865	0.001	0.888	0.001	0.729	0.001	0.714	0.001	0.164	0.001	0.479	0.001	0.608	0.001
1380	0.945	0.001	0.879	0.001	0.857	0.001	0.896	0.001	0.812	0.001	0.746	0.001	0.398	0.001	0.221	0.001	0.391	0.001
1381	0.885	0.001	0.890	0.001	0.743	0.001	0.876	0.001	0.746	0.001	0.721	0.001	0.648	0.001	0.428	0.001	0.154	0.001
1382	0.957	0.001	0.828	0.001	0.886	0.001	0.926	0.001	0.636	0.001	0.849	0.001	0.460	0.001	0.157	0.001	0.159	0.001
1383	0.939	0.001	0.953	0.001	0.918	0.001	0.967	0.003	0.817	0.001	0.853	0.001	0.678	0.001	0.729	0.001	0.363	0.001
1384	0.924	0.001	0.906	0.001	0.869	0.001	0.919	0.008	0.883	0.001	0.903	0.003	0.518	0.001	0.733	0.001	0.613	0.001
1385	0.974	0.003	0.880	0.001	0.500	0.001	0.938	0.008	0.845	0.003	0.700	0.037	0.375	0.003	0.818	0.003	0.600	0.0833
1386	0.968	0.015	1.00	ns	-	-	0.900	0.119	0.200	0.042	-	-	0.410	0.001	-0.200	0.022	-	-

* اعداد ۱، ۲ و ۳ به ترتیب دوره شیردهی اول، دوم و سوم را نشان می‌دهد.

** ۸۰ درصد بهترین ماده‌ها (80%F)؛ احتمال اختلاف با عدد یک؛ ns غیر معنی دار

* The numbers 1, 2, and 3 indicate the first, second and third lactation period, respectively.

**80%F: 80% of the best females; P: The probability of difference with one; ns: non significant

میانگین صحت ارزش‌های اصلاحی برآورده شده با مدل ۲۱ نسبت به مدل ۱ برای تمامی صفات در دوره‌های مختلف بالاتر بود (جدول ۵) و اختلاف بین مدل در زایش‌های مختلف معنی‌دار می‌باشد. چنانچه مشاهده می‌شود بالاترین صحت برای ارزش‌های اصلاحی در دو مدل برای شکم اول بدست آمد (به استثنای صفت فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی در مدل ۱). بنابراین می‌توان گفت که وارد کردن گروه‌بندی ژنتیکی در مدل باعث افزایش صحت برآوردهای ارزش اصلاحی صفات تولیدمثل شده است.

تغییر در رتبه‌بندی حیوانات با وارد کردن گروه‌بندی ژنتیکی در مدل تجزیه و تحلیل صفات وزن یکسالگی و افزایش وزن بعد شیرگیری برای گله‌های نیلور گزارش شده است (۳۲). مشابه تحقیق حاضر، تغییر در رتبه‌بندی بهترین گاوهای نر و ماده برای صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران در تحقیق خالقی فر (۲۲) مشاهده شد به طوری که برای صفات تولیدی، میزان همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن برای دوره شیردهی سوم نسبت به دو دوره اول در بیشتر سال‌ها پایین بوده و در سال‌های آخر میزان همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن بالاتر از سال‌های اول بود.

جدول ۵- میانگین صحت ارزش‌های اصلاحی برآورده شده با دو مدل ۱ و ۲۱ و احتمال اختلاف بین آن‌ها

Table 5. The accuracy mean estimated breeding values with model 1 and 21, and the probability of the difference between them

P-value	مدل ۱ Model 1	مدل ۲۱ Model21	دوره Period	صفت Trait
<0.001	0.449	0.521	1	فاصله زایش Calving Interval (CI)
<0.001	0.427	0.450	2	
<0.001	0.423	0.438	3	
<0.001	0.363	0.477	1	فاصله زایش تا اولین تلقیح Calving To First Service (CTFS)
<0.001	0.320	0.374	2	
<0.001	0.299	0.335	3	
<0.001	0.354	0.420	1	فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی First Service To Conception(FSTC)
<0.001	0.368	0.404	2	
<0.001	0.348	0.408	3	

فاصله زایش با مدل یک در زایش اول و دوم بالاتر از مدل ۲۱ بود این در حالی است که برای زایش سوم مدل ۲۱ بالاترین برآورد روند ژنتیکی برای صفت فاصله زایش داشت. برای صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح نتیجه برعکس صفت فاصله زایش بود و مدل ۲۱ در زایش اول بالاترین روند و در شکم دوم و سوم پایین‌ترین روند نسبت به مدل یک داشت. صرف‌نظر از علامت روند ژنتیکی، روند ژنتیکی بدست آمده برای صفت فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی در مدل ۲۱ در هر سه شکم زایش بالاتر از مدل ۱ بدست آمد.

مشابه یافته‌های این تحقیق، بالا بودن صحت برآوردهای ارزش‌های اصلاحی با مدل گروه‌بندی ژنتیکی برای صفات تولیدی در گاوهای هلشتاین نیز گزارش شده است (۲۲). همچنین تاثیر در صحت برآوردهای ارزش اصلاحی در تحقیقات دیگری نیز نشان داده شده است (۱۱، ۲۹) که مشابه یافته‌های تحقیق حاضر بود. روند ژنتیکی صفات تولیدمثل بر اساس دو مدل با و بدون گروه‌های ژنتیکی محاسبه شد و نتایج آن در جدول ۶ آورده شده است. روند ژنتیکی برای همه صفات به استثنای صفت فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی در زایش اول و دوم در دو مدل مثبت برآورد شد. روند ژنتیکی صفت

جدول ۶- روند ژنتیکی (انحراف خط) صفات مختلف بر اساس مدل ۱ و ۲۱ و احتمال وجود اختلاف بین آنها

Table 6. Genetic trend (standard error) of different traits based on model 1 and 21, and the probability of the difference between them

P-value	مدل ۱ Model 1	مدل ۲۱ Model21	دوره period	صفت Trait
0.0001	0.632 (0.027)	0.577 (0.031)	1	فاصله زایش Calving Interval (CI)
0.0001	0.897 (0.028)	0.504 (0.025)	2	
0.0003	0.332 (0.018)	0.499 (0.038)	3	
0.0001	0.187 (0.013)	0.331 (0.018)	1	فاصله زایش تا اولین تلقیح Calving To First Service (CTFS)
0.0001	0.323 (0.013)	0.137 (0.008)	2	
0.0001	0.162 (0.015)	0.074 (0.009)	3	
0.0573	-0.054 (0.006)	-0.121 (0.040)	1	فاصله اولین تلقیح تا منجر به آبستنی First Service To Conception(FSTC)
0.0252	0.039 (0.006)	0.134 (0.045)	2	
0.0001	-0.006 (0.007)	-0.196 (0.020)	3	

نتیجه گیری کلی

گروه بندی ژنتیکی باعث کاهش واریانس افزایشی برآورد شده گردید و میزان وراثت پذیری برآورده شده برای صفات فاصله زایش و فاصله زایش تا اولین تلقیح با مدل گروه بندی ژنتیکی اندکی پایین تر از مدل بدون گروه بندی بود. وراثت پذیری پایین صفات تولیدمثل نشان دهنده این است که انتخاب ژنتیکی برای این صفات پیشرفت قابل توجهی نداشته و بهتر است شرایط محیطی و مدیریت تولیدمثلی برای بهبود صفات بهتر گردد. همچنین گروه بندی ژنتیکی باعث تغییر در رتبه بندی بهترین گاوهای نر و ماده شده و صحت برآورد ارزشها اصلاحی را بهبود داد. روند ژنتیکی صفات با مدل گروه بندی ژنتیکی برای بیشتر صفات در گروه بندی ژنتیکی بالا بود. با توجه به اینکه برآورد پارامترهای ژنتیکی برای راه اندازی برنامه های اصلاحی ضروری بوده و صحت برآوردها برای تضمین پیش بینی دقیق شایستگی ژنتیکی حیوانات ضروری است بنابراین بهتر است جهت برآورد صحیح پارامترها، گروه بندی ژنتیکی برای حیوانات انجام شده و در تجزیه و تحلیل منظور گردد.

بر خلاف نتایج حاصل از این تحقیق، روند ژنتیکی برآورد شده برای صفت فاصله زایش برای گاوهای هلشتاین کشت صنعت خرمدره زنجان (۱۲) ۰/۰۴- روز و برای زایش اول و دوم در گاوهای هلشتاین ایران به ترتیب، ۰/۰۴ و ۰/۰۲- روز در سال گزارش شده است (۱۶). روند ژنتیکی برای صفت فاصله زایش در مطالعه روی گاوهای هلشتاین شمال ایران با استفاده از مدل حیوانی، ۰/۰۲ روز در سال گزارش شد (۲۵) که از لحاظ عددی پایین تر از نتایج تحقیق حاضر است.

میزان بالای روندهای ژنتیکی برای صفات وزن بدن گله های نیلور در مدل با گروه بندی ژنتیکی براساس سال تولد نیز گزارش شد (۳۲). همچنین خالقی فر (۲۲) گزارش کردند که با گروه بندی ژنتیکی براساس سال و جنس تولد برای حیوانات با والدین نامعلوم، روند ژنتیکی صفات تولیدی بالاتر از حالتی بود که گروه بندی ژنتیکی انجام نمی شد. با گروه بندی ژنتیکی برای حیوانات با والدین نامعلوم در شجره نسبت به حذف آنها از تجزیه و تحلیل باعث افزایش پاسخ به انتخاب شده و خود این افزایش می تواند در روند ژنتیکی صفات تاثیر بگذارد (۳۲).

منابع

1. Abe, H., Masuda, Y. and Suzuki, M. 2009. Relationships between reproductive traits of heifers and cows and yield traits for Holstein in Japan. *Journal of Dairy Science*. 92: 4055–4062.
2. Albarràn-Portillo, B. and Pollot, G.E. 2013. The relationship between fertility and lactation characteristics in Holstein cows on United Kingdom commercial dairy farms. *Journal of Dairy Science*. 96: 635–646.
3. Amini, Z.A.G.H., Mohamed-Khair, A.A., Lotfi, M.A.M. and Kurt P.J. 2007. Milk yield and reproductive performance of Friesian cows under Sudan tropical conditions. *Archives Animal Breeding*. 50 (2): 155-164.
4. Ansari-Lari, M., Rezagholi, M. and Reiszadeh, M. 2009. Trends in calving age and calving intervals for Iranian Holstein in Fars province, Southern Iran. *Tropical Animal Health and Production*. 41: 1283-1288.
5. Ayalew, W., Aliy, M. and Negussie, E. 2017. Estimation of genetic parameters of the productive and reproductive traits in Ethiopian Holstein using multi-trait models. *Asian-Australasian Journal of Animal Science*. 30 (11): 1550- 1556.
6. Ayied, A.Y., Jadoa, A.J. and Abdurada, A.J. 2011. Heritabilities and breeding values of production and reproduction traits of Holstein cattle in Iraq. *Journal of Basrah Researches*. 37 (4): 66-70.
7. Ben Zaabza, H., Ben Gara, A., Hammami, H., Jemmali, B., Ferchichi, M.A., and Rekik, B. 2016. Genetic parameters of reproductive traits in Tunisian Holsteins. *Archives Animal Breeding*. 59: 209–213.
8. Berry, D.P., Wall, E. and Pryce, J.E. 2014. Genetics and genomics of reproductive performance in dairy and beef cattle. *Animal*. 8: 105-121.
9. Butler, D.G., Cullis, B.R., Gilmour, A.R. and Gogel, B.J. 2009. ASReml-R reference manual. The State of Queensland, Department of Primary Industries and Fisheries, Brisbane. from <http://discoveryfoundation.org.uk/download/s/asreml/release3/asreml-R.pdf>.
10. Canaza-Cayo, A.W., Lopes, P.S., Cobuci, J.A., Martins, M.F. and Silva, M.V.G.B.D. 2018. Genetic parameters of milk production and reproduction traits of Girolando cattle in Brazil. *Italian Journal of Animal Science*. 17 (1): 22-30.
11. Casellas, J., Piedrafta, J. and Varona, L. 2007. Bayes factor for testing between different structures of random genetic groups: A case study using weaning weight in Bruna dels Pirineus beef cattle. *Genetic Selection Evolution*. 39: 39–53.
12. Deljoo-Isaloo, H.A. and Eskandari Nasab, M.P. 2011. The estimation of genetic and environmental parameters and genetic and phenotype and genetic trend strand for reproduction traits of Holstein cows was Khoramdare Culture Technology. *Journal of Animal Science (Pajouhesh & Sazandegi)*. 92: 52-58. (In Persian).
13. Estrada-Leon, R.J., Magana, J.G. and Segura-Correa, J.C. 2008. Genetic parameters for reproductive traits of Brown Swiss cows in the tropics of Mexico. *Journal of Animal and Veterinary Advances*. 7 (2): 124-129.
14. Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. 1996. *Introduction to quantitative genetics* (4th ed). Longman group, England.
15. Faraji-Arough, H. and Rokouei, M. 2016. Bayesian inference of genetic parameters for reproductive traits in Sistani native cows using Gibbs sampling. *Journal of Livestock Science and Technology*. 4 (2): 39-49.
16. Faraji-Arough, H., Aslaminejad, A.A. and Farhangfar, H. 2011. Estimation of genetic parameters and trends for age at first calving and calving interval in Iranian Holstein cows. *Journal of Research in Agricultural Science*. 7 (1): 79-87.
17. Ghiasi, H., Pakdel, A., Nejati – Javaremi, A., Mehrabani – Yeganeh,

- H., Honarvar, M., Gonzalez- Recio, O., Jesus Carabano, M. and Alenda, R. 2011. Genetic variance components for female fertility in Iranian Holstein cows. *Livestock Science*. 139 (3): 277-280.
18. Guo, G., Guo, X., Wang, Y., Zhang, X., Zhang, S., Li, X., Liu, L., Shi, W., Usman, T., Wang, X., Du, L. and Du, L. 2014. Estimation of genetic parameters of fertility traits in Chinese Holstein cattle. *Canadian Journal of Animal Science*. 94 (2): 281-285.
19. Henderson, C.R. 1949. Estimation of changes in herd environment. *Journal of Dairy Science*. 32: 709 (Abstr).
20. Jamrozik, J., Fatehi, J., Kistemaker, G.J. and Schaeffer, L.R. 2005. Estimates of genetic parameters for Holstein female fertility-sixteen traits. Research Report to the GEB, Canada. 1-14.
21. Kadarmideen, H.N., Thompson, R., Coffey, M.P. and Kossaibati, M.A. 2003. Genetic parameters and evaluations from single- and multiple-trait analysis of dairy cow fertility and milk production. *Livestock Production Science*. 81: 183-195.
22. Khaleghifar, Y. 2014. Estimated genetic trends for production traits of cows Iranian Holstein using animal models with consider genetic groups. MSc. Dissertation. Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol. (In Persian).
23. Montaldo, H., Trejo, C. and Lizana, C. 2017. Genetic parameters for milk yield and reproduction traits in the Chilean Dairy Overo Colorado cattle breed. *International Journal of Agriculture and Natural Resources*. 44 (1): 24-34.
24. Mrode, R.A. and Thompson, R. 2005. *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values*, CABI Pub.
25. Nafez, M., Zerehdaran, S., Hassani, S. and Samiei, R. 2012. Genetic Evaluation of Productive and Reproductive Traits of Holstein Dairy Cows in the North of Iran. *Iranian Journal of Animal Science Research*. 4 (1): 69-77. (In Persian).
26. Oliveira Júnior, G.A., Eler, J.P., Ferraz, J.B.S., Petrini, J., Mattos, E.C. and Mourão, G.B. 2013. Prediction of breeding values in beef cattle using different definitions of additive genetic groups. *Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal*. 14: 277-286.
27. Osman, M.M., EL-Bayomi, K.H.M. and Moawed, A. 2013. Estimation of heritabilities, genetic correlations, phenotypic correlations and genetic trends for production and reproduction traits of Holstein-Friesian dairy cattle using sire model. *Suez Canal Veterinary Medical Journal*. 8 (1): 1. 115-128.
28. Oyama, K., Katsuta, T., Anada, A. and Mukai, F. 2002. Heritability and repeatability estimates for reproductive traits of Japanese black cows. *Journal of Dairy Science*. 83: 1680-1685.
29. Petrini, J., Pertile, S.F.N, Eler, J.P., Ferraz, J.B.S., Mattos, E.C., Figueiredo, L.G.G. and Mourão, G.B. 2015. Genetic grouping strategies in selection efficiency of composite beef cattle (*Bos taurus* × *Bos indicus*). *Journal of Animal Science*. 93 (2): 541-552.
30. Pollak, E.J. and Quaas, R.L. 1983. Definition of group effects in sire evaluation models. *Journal of Dairy Science*. 66(7): 1503-1509.
31. Rokouei, M., Vaez Torshizi, R., Moradi Shahrababak, M., Sargolzaei, M. and Sorensen, A.C. 2010. Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. *Journal of Dairy Science*. 93 (7): 3294-3302.
32. Shiotsuki, L., Cardoso, F.F., Silva, J.A. and Albuquerque, L.G. 2013. Comparison of a genetic group and unknown paternity models for growth traits in Nellore cattle. *Journal of Animal Science*. 91 (11): 5135-5143.
33. Sullivan, P. 1995. Alternatives for genetic evaluation with uncertain parentage. *Canadian Journal of Animal Science*. 75: 31-36.

34. Theron, H., Kanfer, F. and Rautenbach, L. 2002. The effect of phantom parent groups on genetic trend estimation. *South African Journal of Animal Science*. 32: 130–135.
35. Toghiani-Pozveh, S., Shadparvar, A.A., Moradi Shahrabak, M. and Dadpasand Taromsari, M. 2009. Genetic analysis of reproduction traits and their relationship with conformation traits in Holstein cows. *Livestock Science*. 125: 84–87.
36. Vergara, O.D., Elzo, M.A. and Ceron Munoz, M.F. 2009. Genetic parameters and genetic trends for age at first calving and calving interval in an Angus-Blanco Orejinegro-Zebu multibreed cattle population in Colombia. *Livestock Science*. 126: 318–322.
37. Wasike, C.B. 2006. Genetic evaluation of growth and reproductive performance of Kenya Boran Cattle. MSc. Dissertation. Egerton University, Njoro, Kenya.
38. Weigel, K.A. and Rekaya, R. 2000. Genetic parameters for reproductive traits of Holstein Cattle in California and Minnesota. *Journal of Dairy Science*. 83: 1072–1080.
39. Yamazaki, T., Hagiya, K., Takeda, H., Yamaguchi, S., Osawa, T. and Nagamine, Y. 2014. Genetic correlations among female fertility, 305-day milk yield and persistency during the first three lactations of Japanese Holstein cows. *Livestock Science*. 168: 26–31.



Gorgan University of Agricultural
Sciences and Natural Resources

J. of Ruminant Research, Vol. 8(4), 2021
<http://ejrr.gau.ac.ir>

Using animal model with genetic grouping for the analysis of some reproductive traits in Iranian Holstein cows

A.R. Shateri¹, *M. Rokouei², G.R. Dashab³, A. Moghimi Esfand Abadi⁴ and H. Faraji-Arough⁵

¹M.Sc. Graduated and ³Associate Prof., Dept. of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Iran, ²Associate Prof., Dept. of Animal Science and bioinformatics, Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Iran, ⁴Senior Expert of the Animal Breeding Center of Iran, Karaj, Iran
⁵Assistant Prof., Research Center of Special Domestic Animals, University of Zabol, Zabol, Iran

Received: 02/06/2019; Accepted: 12/30/2020

Abstract

Background and objectives: The accuracy of estimates of variance and covariance components is a prerequisite for designing breeding strategies of important economic traits such as reproductive traits. Genetic grouping was suggested to predict breeding values of phenotypic records in different years with high accuracy. As there is unknown information in the pedigree of Holstein dairy cows in Iran, genetic group animal models with unknown parents seem necessary. Therefore, the present study was conducted to estimate the genetic parameters, genetic trend, and accuracy of estimated breeding values of some reproductive traits (i.e. calving to first service (CTFS), first service to conception (FSTC) and calving interval (CI)) in dairy cows considering genetic grouping for animals with unknown parents.

Materials and methods: Information on calving and insemination dates of the first three calving periods from 3361 herds of the Iranian Holstein, collected by the Animal Breeding Center of Iran from 1981 to 2013 was used. Animals with unknown parents were grouped based on the year of birth and sex and the traits were analyzed using two models, with (model 2) or without genetic grouping (model 1). The model with the lowest Bayesian information criterion (BIC) and the Akaike information criterion (AIC) was considered the best model. Spearman's rank correlation coefficient was used to examine changes in animal rank by considering the genetic grouping. The accuracy of breeding values and genetic trends were estimated and compared using two models. Data preparation and statistical analysis were performed using R-software and ASReml software, respectively.

Results: The amount of variance and the cumulative genetic standard error were lower in model 2 compared to model 1 while it was the opposite for the residual variance, however, there was no significant difference between the values of the two models. Model 2 was selected as the best model for all studied traits based on the goodness of fit criteria. The heritability of CI and CTFS was estimated to be lower (non-significant) in model 2 compared to model 1. The heritability values were estimated less than 0.05 for all reproductive traits within the two models. The ranking of the best males and females changed due to genetic grouping. The accuracy of estimated breeding values (EBVs) for all studied traits was significantly ($P < 0.001$) higher in

*Corresponding author; rokouei@uoz.ac.ir

model 2 when compared to model 1. The genetic trend of all traits (with the exception of the FSTC in the first and third calving period) was positive in both models 1 and 2, and the estimated values were different between the two models.

Conclusion: The results from the current study showed that genetic grouping is necessary to analyze the reproductive traits of Iranian Holstein cows as well as accurately predict the genetic merit of animals.

Keywords: Breeding value accuracy, Calving interval, Genetic trend, Heritability

