



## Original Research Paper

## Study of longevity in Iranian Holstein dairy cows using random regression model

Ali Ashrafiyan<sup>1</sup>, Nasser Emam Jomeh Kashan<sup>1\*</sup>, Mokhtar Ali Abbasi<sup>2</sup>, Ali Asghar Sadeghi<sup>1</sup>, Mohammad Rokouei<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Department of Animal Science, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

<sup>2</sup> Department of Animal Science Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Karaj, Iran.

<sup>3</sup> Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Iran

## Key Words

Breeding value  
Censored data  
Heritability  
Holstein breeds  
Longevity  
Random Regression Animal Model  
Uncensored data

## Abstract

**Introduction:** The longevity in dairy cow is the duration of presence of an animal the herd from the date of first calving to the date culled. In present research, the aim is 1) to estimate the genetic parameters of the longevity trait of uncensored animals using random regression model and 2) to study longevity of daughters of sires in the population using the EBV of bulls based on 20 daughters and 3) to test the random regression model (RRM) for EBV prediction of Animals with censored data.

**Materials & methods:** Genetic parameters of longevity and breeding value of bulls were estimated by ECHIDNA software using RRM with restricted maximum likelihood (REML) method. The file used for the genetic evaluation contained data on 18,120 daughters from 906 bulls. A number of 20 daughters that randomly selected from each sire to use for EBV prediction. In addition to the daughters used for genetic evaluation (18,120 cows), there were 285,064 daughters of the bulls in the main file. The bulls were grouped according to the Breeding value from high to low based on the area under the normal curve. Then, the mean of longevity of the daughters in each group who were not used the EBV prediction calculated. In a file 10 daughters were randomly selected of 20 daughters of each bull and their months of longevity divided by 2 and 3. These data were considered as censored in the data file.

**Results:** The permanent environmental effect and the additive genetic effect had the largest and smallest contribution to the total variance, respectively. The heritability of the trait was low (0.003-0.032) which is in agreement with results of other report. The difference of mean longevity between groups (LSD test) was significant ( $P < 0.01$ ). Also, the increase of the mean of EBV of the groups, the mean of longevity of their daughters in the population increased. The correlation of EBV of animals with censored and uncensored data state were +0.815.

**Discussion:** In the split the low heritability of the longevity trait, using the sperm of superior bulls in terms of EBV of longevity can improve the longevity in the population. Also, it is possible to evaluate and select the bulls with a low progeny number and increase the mean of longevity in the population of Holstein dairy cows. Moreover, the EBV of longevity for young and producing animals can be predicted by RRM.

\* Corresponding Author's email: [nasser\\_ejk@yahoo.com](mailto:nasser_ejk@yahoo.com)

Received: 12 January 2023; Reviewed: 12 February 2023; Revised: 14 April 2023; Accepted: 17 May 2023

(DOI):10.70102/AEJ.2025.16.1.4

## مقاله پژوهشی

## بررسی ماندگاری در گله‌های گاو هلشتاین ایران با روش رگرسیون تصادفی

علی اشرفیان<sup>۱</sup>، ناصر امام‌جمعه‌کاشان<sup>۱\*</sup>، مختار علی‌عباسی<sup>۲</sup>، علی‌اصغر صادقی<sup>۱</sup>، محمد رکوعی<sup>۳</sup><sup>۱</sup> گروه علوم دامی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران<sup>۲</sup> مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران<sup>۳</sup> گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، ایران

## کلمات کلیدی

## چکیده

ارزش ارثی  
داده کامل  
داده غیر کامل  
ماندگاری  
مدل رگرسیون تصادفی  
وراثت‌پذیری  
نژاد هلشتاین

**مقدمه:** ماندگاری گاو شیری عبارت از مدت زمان حضور یک حیوان در گله از تاریخ زایش اول تا تاریخ حذف می‌باشد. هدف از این تحقیق، برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت ماندگاری حیوانات دارای داده کامل با مدل رگرسیون تصادفی (RRM) و بررسی ماندگاری دختران مولدهای نر در جمعیت براساس انتخاب ژنتیکی گاوهای نر با استفاده از اطلاعات ۲۰ دختر آن‌ها و توانایی پیش‌بینی ارزش ارثی (EBV) حیوانات دارای داده غیر کامل با استفاده از RRM می‌باشد.

**مواد و روش‌ها:** فایل مورد استفاده برای ارزیابی ژنتیکی حیوانات حاوی داده‌های مربوط به ۱۸۱۲۰ راس دختر از ۹۰۶ مولد نر بود. این گاوهای نر دارای ۲۰ دختر بودند که از بین دختران آن‌ها به‌طور تصادفی انتخاب شده بودند. این گاوهای نر علاوه بر دختران مورد استفاده در ارزیابی ژنتیکی (۱۸۱۲۰ راس) در فایل اصلی ۲۸۵۰۶۴ راس دختر داشتند. مولدهای نر براساس ارزش ارثی متغیر ماندگاری با توجه به مساحت زیرمنحنی نرمال از زیاد به کم در ۵ گروه، گروه‌بندی شدند. سپس میانگین ماندگاری دختران هر گروه که در ارزیابی از آن‌ها استفاده نشده بود محاسبه شد. در یک فایل دیگر از بین ۲۰ دختر گاوهای نر که کلیه آن‌ها دارای داده کامل بودند تعداد حداکثر ۱۰ دختر که حداقل ماندگاری آن‌ها ۶ ماه بود (تعداد ۷۸۸۲ راس) به‌طور تصادفی انتخاب و برای غیر کامل فرض کردن اطلاعات آن‌ها عدد ماندگاری آن‌ها به‌طور تصادفی بر ۲ و ۳ تقسیم شد. سپس اطلاعات آن‌ها به‌صورت داده غیر کامل به‌همراه حیوانات دارای داده کامل در فایل داده منظور شد.

**نتایج:** وراثت‌پذیری صفت نظیر سایر تحقیقات کم در دامنه ۰/۰۳-۰/۰۳۲ برآورد شد. تفاوت میانگین ماندگاری دختران کلیه گروه‌ها با آزمون LSD معنی‌دار بود ( $P < 0/01$ ). با افزایش میانگین EBV گروه پدران، ماندگاری دختران در جمعیت نیز بیش‌تر می‌شد. همبستگی رتبه ای EBV حیوانات در حالت داده غیر کامل و کامل برابر ۰/۸۱۵+ برآورد شد.

**بحث و نتیجه‌گیری:** علی‌رغم کم بودن وراثت‌پذیری متغیر ماندگاری استفاده از اسپرم گاوهای نر برتر از نظر ارزش ارثی ماندگاری می‌تواند در بهبود ماندگاری در جمعیت موثر باشد. در ضمن، با استفاده از اطلاعات تعداد محدودی از نتاج از هر گاو نر برای ارزیابی ژنتیکی، می‌توان میانگین ماندگاری در جمعیت گاوهای شیری هلشتاین را افزایش داد. هم‌چنین EBV ماندگاری دختران در حال تولید مولدهای نر (داده غیر کامل) را نیز به‌وسیله RRM پیش‌بینی کرد.

\* پست الکترونیکی نویسنده مسئول: nasser\_ejk@yahoo.com

تاریخ دریافت: ۲۲ دی ۱۴۰۱؛ تاریخ داوری: ۲۳ بهمن ۱۴۰۱؛ تاریخ اصلاح: ۲۵ فروردین ۱۴۰۲؛ تاریخ پذیرش: ۲۷ اردیبهشت ۱۴۰۲

(DOI):10.70102/AEJ.2025.16.1.4

## مقدمه

برتر از MTM و PHM است (۱۳). در صفات تکرار شده در زمان تفاوت شکل منحنی تولید تعدادی از حیوانات نسبت به میانگین جمعیت زیاد است. همچنین ژن‌ها و میزان بیان آن‌ها در طول زمان نیز ممکن است متفاوت باشد. پس مدلی که با آن بتوان کواریانس بین رکوردهای یک حیوان در زمان‌های مختلف را در نظر گرفت بهتر می‌توان خصوصیات زیستی یک صفت تکرارپذیر را بررسی نمود. در یک فایل داده ممکن است اطلاعات تعدادی از حیوانات ناقص و یا رکوردبرداری در فواصل زمانی مختلف باشد و پیش‌بینی عملکرد این حیوانات در کلیه زمان‌ها برای دامپروران مهم باشد. مدلی که در آن می‌توان کلیه این عوامل را در نظر گرفت مدل رگرسیون تصادفی است (۱۴). هدف از این تحقیق، برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت ماندگاری حیوانات دارای داده کامل با مدل رگرسیون تصادفی و بررسی ماندگاری دختران مولدهای نر در جمعیت براساس انتخاب ژنتیکی گاوهای نر با استفاده از ۲۰ دختر بود. همچنین، کارایی مدل رگرسیون تصادفی برای پیش‌بینی EBV حیوانات دارای داده‌های غیر کامل نیز بررسی شد.

## مواد و روش‌ها

داده‌های مورد نیاز برای این تحقیق از مرکز اصلاح‌نژاد دام ایران دریافت شد. تعداد حیوانات موجود در فایل اصلی داده و شجره دریافتی به ترتیب برابر ۱۵۶۸۸۴۰ و ۲۸۸۱۲۶۸ راس در ۴۳۴۱ گله مربوط به سال‌های تولد ۱۳۶۱ تا سال ۱۴۰۰ بود. در ویرایش این فایل حیواناتی که دارای تاریخ زایش اول و تاریخ حذف از گله بودند انتخاب شدند. دامنه سن زایش اول ۳۵-۲۰ ماه تعیین شد. همچنین فقط گله‌هایی انتخاب شدند که از سال ۱۳۷۵ تا زمان دریافت فایل داده (سال ۱۴۰۰) دارای اطلاعات بودند. در این فایل تعداد ۹۰۶ راس گاو نر وجود داشت که حداقل تعداد دختران هر یک از آن‌ها ۲۰ راس بود. مجموع دختران این گاوهای نر ۳۰۳۱۸۴ راس در ۲۱۱۸ گله بود. در این فایل دامنه تاریخ تولد از ۱۳۸۳ تا ۱۳۹۶ تعیین شد. سپس در یک فایل جداگانه به صورت تصادفی ۲۰ دختر از هر گاو نر انتخاب شدند. در این فایل تعداد ۱۸۱۲۰ گاو ماده در ۲۵ گله وجود داشت. تعداد گاوهای ماده مولد در این گله‌ها ۲۳۱ تا ۱۴۷۱ راس متغیر بود. میانگین ضریب هم‌خونی در جمعیت شجره برابر با ۰/۰۳۷ بود. اطلاعات مربوط به فایل شجره در جدول ۱ ارائه شده است.

**متغیر ماندگاری:** حداکثر مدت ماندگاری حیوانات در گله‌های مورد مطالعه ۷۲ ماه (۶ سال) پس از زایش اول تعیین شد. نتایج یک تحقیق نشان داد با زیاد شدن سن دختران گاوهای نر میزان برآورد ارزش ارثی تغییر کرده و برآورد دقت ارزیابی نیز آریب می‌شود لذا پیشنهاد شده که فواصل زمانی ماندگاری ۶ ماه و کم‌تر در نظر گرفته

ماندگاری در گله عبارت از مدت زمانی است که یک حیوان از تاریخ زایش اول تا تاریخ حذف یا مرگ در گله وجود دارد (۱، ۲، ۳). به‌طور کلی زیاد بودن ماندگاری گاوهای شیری باعث افزایش تعداد زایش، تولیدشیر و سود حاصل از فروش گوساله‌ها و همچنین کاهش هزینه جایگزینی تلیسه می‌شود (۴). ماندگاری حیوانات در گله به دلیل تأثیر عواملی نظیر راندمان تولیدمثل، مقدار تولید شیر، مقاومت به بیماری‌ها، شکل بدن و مصرف خوراک با یکدیگر تفاوت دارد (۵). یعنی دلیل اصلی تفاوت ماندگاری حیوانات در گله عوامل محیطی بوده و نقش مولفه ژنتیکی افزایشی در این تفاوت‌ها کم است. لذا، وراثت‌پذیری متغیر ماندگاری زیاد نیست (۶). در یک تحقیق تعداد پنج SNP مرتبط با ماندگاری در گاوهای هلشتاین شناسایی شد. همچنین چندین SNP متوالی بر روی کروموزم‌های شماره ۱۶ و ۳۰ شناسایی شد که وجود دو مکان QTL در ارتباط با باروری، تولید مثل، تنش گرمایی و رفاه حیوانات را نشان داد (۷). همبستگی ژنتیکی طول عمر با صفات تولید شیر (مانند چربی و پروتئین) و امتیاز سلول‌های بدنی، امتیاز وضعیت بدن و صفات باروری بررسی شده است. همبستگی ژنتیکی طول عمر با تولید شیر منفی گزارش شده است (۸). در یک تحقیق بر روی گاوهای هلشتاین کشور چک، همبستگی ژنتیکی طول عمر با نمره وضعیت بدن زیاد گزارش شد (۹). همبستگی ژنتیکی بین فاصله دو زایش و طول عمر در گاوهای هلشتاین کره جنوبی ۰/۲۶- گزارش شده است (۱۰). عموماً از مدل رخدادهای نسبی (PHM) برای تجزیه و تحلیل طول عمر استفاده می‌شود. در این مدل احتمال زنده بودن حیوان در زمان  $t$  با توجه به زمان  $t-1$  ارزیابی می‌شود و ارزیابی حیوانات فقط برای عامل ژنتیکی افزایشی انجام می‌شود. در نسخه ۲۰۱۳ نرم‌افزار Survival Kit منتشر شده توسط Mészáros و همکاران، امکان برازش دو عامل تصادفی همبسته وجود دارد (۱۱). یک روش دیگر برای تجزیه و تحلیل ماندگاری، در نظر گرفتن آن به عنوان یک متغیر دوتایی (۰ (حذف شده) و ۱ (زنده)) است. شواهد نشان می‌دهد ویژگی بقاء در طول عمر تولیدی حیوانات از نظر ژنتیکی و فنوتیپی یکسان نیست (۱۱) و چون مدل رگرسیون تصادفی (RRM) فواصل طول عمر را به عنوان صفات متفاوت ولی همبسته در نظر می‌گیرد لذا برای تجزیه و تحلیل ماندگاری پیشنهاد شد (۱۲). یکی از مزیت‌های استفاده از RRM در نظر گرفتن داده‌های غیر کامل به منظور پیش‌بینی ماندگاری این حیوانات می‌باشد (۱۱). در یک مطالعه شبیه‌سازی بر روی ماندگاری، مدل‌های PHM، RRM و چندصفتی (MTM) مقایسه شدند. پیش‌بینی رکوردهای آینده معیاری بود که برای مقایسه مدل استفاده شد. نتایج نشان داد که RRM

مربوط به زمان مشاهدات (t) و ستون‌ها مربوط به درجه یا تعداد کواریت‌ها برای برازش هر سطح از اثرات تصادفی (k) می‌باشد. پس  $\phi_k(t)$ ، k امین کواریت برای مشاهده گاو m در زمان t است.  $e_{ijtm}$  اثر باقی‌مانده هر مشاهده است.  $n_{pe}$ ،  $n_a$ ،  $n_f$  و  $n_{hys}$  به ترتیب تعداد کواریت‌ها برای برازش رگرسیون ثابت، ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی و HYS می‌باشد. در این مدل براساس شاخص برازندگی مدل (AIC) رگرسیون ثابت با تعداد ۴ کواریت (درجه ۳) و اثرات تصادفی با ۳ کواریت (درجه ۲) در نظر گرفته شد. اثرات ثابت به روش آماری Wald F آزمون شد. این آزمون توسط نرم‌افزار Echidna ارائه می‌شود.

**پیش‌بینی ارزش ارثی در مدل رگرسیون تصادفی:** برای پیش‌بینی ارزش ارثی (EBV) هر حیوان در هر ماه از فرمول ۱ استفاده شد (۱۴).

$$EBV_{mt} = \hat{\phi}_t \hat{a}_m \quad \hat{\phi}_t = \begin{pmatrix} \hat{\phi}_{t1} \\ \hat{\phi}_{t2} \\ \hat{\phi}_{t3} \end{pmatrix} \quad \hat{a}_m = \begin{pmatrix} \hat{a}_{m1} \\ \hat{a}_{m2} \\ \hat{a}_{m3} \end{pmatrix} \quad \text{فرمول ۱}$$

در این فرمول،  $EBV_{mt}$  ارزش ارثی حیوان m در زمان t می‌باشد و  $\phi_k$  بردار ماتریس زمان مربوط به زمان t،  $\hat{a}_m$  بردار ضریب رگرسیون تصادفی ژنتیکی افزایشی مربوط به حیوان m می‌باشند. برای برآورد EBV کل برای هر حیوان، EBVهای مربوط به زمان  $t_1$  تا t برای آن حیوان با یکدیگر جمع شد (فرمول ۲).

$$TEBV_m = \sum_{t=1}^T EBV_{mt} \quad \text{فرمول ۲}$$

در فرمول  $TEBV_m$  ارزش ارثی کل برای حیوان m و  $EBV_{mt}$  ارزش ارثی حیوان m در زمان  $t_n$  می‌باشد.

**برآورد پارامترهای ژنتیکی در مدل رگرسیون تصادفی:** کواریانس بین مشاهدات در ماه‌های مختلف با استفاده از ضرایب مولفه‌های کواریانس برآورد شده به وسیله مدل رگرسیون تصادفی و با فرمول ۳ محاسبه شد (۱۴).

$$Cov = \Phi K \Phi' \quad \text{فرمول ۳}$$

در این فرمول **Cov**، ماتریس کواریانس اثرات تصادفی،  $\Phi$  ماتریس زمان و  $K$  ضرایب مولفه‌های کواریانس و  $\Phi'$  برگردان ماتریس  $\Phi$  می‌باشد. از عناصر محور قطری ماتریس کواریانس حاصل از فرمول ۳ به عنوان واریانس اثرات تصادفی در زمان برای برآورد وراثت پذیری ( $\hat{h}^2$ ) در فرمول ۴ استفاده شد (۱۴).

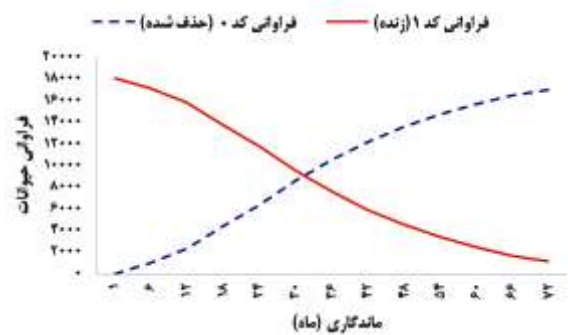
$$\hat{h}^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_{PE}^2 + \hat{\sigma}_{HYS}^2 + \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2} \quad \text{فرمول ۴}$$

در این فرمول  $\hat{h}^2$  برآورد وراثت پذیری،  $\hat{\sigma}_{PE}^2$ ،  $\hat{\sigma}_{HYS}^2$  و  $\hat{\sigma}_e^2$  به ترتیب واریانس‌های اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی، گله-سال- فصل تولد و واریانس باقی‌مانده می‌باشند. توزیع

شود (۱۲). لذا در این تحقیق مدت زمان ماندگاری در فواصل ۶ ماه منظور شد. نحوه تغییرات ماندگاری در زمان برحسب تعداد حیوانات یا توزیع کد ۰ (حذف شده) و ۱ (زنده) در شکل ۱ ارائه شده است. با افزایش سن در جمعیت فراوانی کد ۱ کم و کد ۰ زیاد می‌شود.

جدول ۱: اطلاعات شجره حیوانات

اطلاعات	تعداد حیوانات
حیوانات	۳۲۷۵۴
حیوانات دارای رکورد	۱۸۱۲۰
مولد نر دارای نتاج	۱۶۹۲
پدران دارای نتاج و اطلاعات	۹۰۶
مولد ماده دارای نتاج	۱۴۹۴۰
مادران دارای نتاج و اطلاعات	۶۲۷۰
حیوانات هم‌خون	۲۸۳



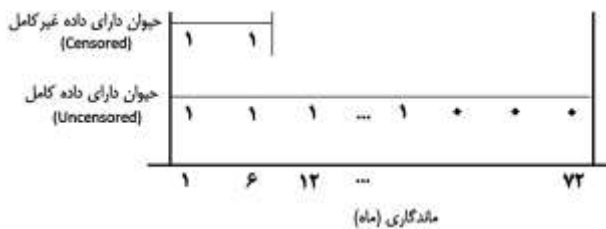
شکل ۱: تغییرات ماندگاری براساس فراوانی حیوانات حذف شده (کد ۰) و حیوانات زنده (کد ۱) از ماه ۱ تا ۷۲ پس از زایش اول

**مدل دام رگرسیون تصادفی:** پارامترهای ژنتیکی ماندگاری با مدل دام رگرسیون تصادفی به روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) به وسیله نرم‌افزار ECHIDNA نسخه ۱/۶۷ (۱۵) با مدل ۱ و با تابع logit برآورد شد.

$$y_{ijtm} = Pr_i + AFC_j + \sum_{k=1}^{n_f} \beta_k \phi_k(t) + \sum_{k=1}^{n_a} a_{kj} \phi_k(t) + \sum_{k=1}^{n_{pe}} p_{ekj} \phi_k(t) + \sum_{k=1}^{n_{hys}} HYS_{kj} \phi_k(t) + e_{ijtm} \quad \text{مدل ۱}$$

در این مدل  $y_{ijtm}$  مشاهده روز آزمون گاو m در زمان t در استان i در گروه سن زایش اول زمی باشد.  $\beta_k$ ، k امین ضریب رگرسیون ثابت،  $Pr_i$  اثر ثابت استان (i=1, ..., 10)،  $AFC_j$  اثر ثابت زایش اول (j=1, ..., 16) است. متغیرهای  $a_{kj}$ ،  $p_{ekj}$  و  $HYS_{kj}$  به ترتیب k امین ضریب رگرسیون تصادفی ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی، گله-سال- فصل تولد (۱۰۷۰ سطح) برای گاو m است.  $\phi$  یک ماتریس زمان که از ضرب چند جمله‌ای زمان استاندارد شده در بازه ۱- تا ۱+ در (ضرب) چند جمله‌ای لژاندر حاصل می‌شود. هر یک از ردیف‌های این ماتریس

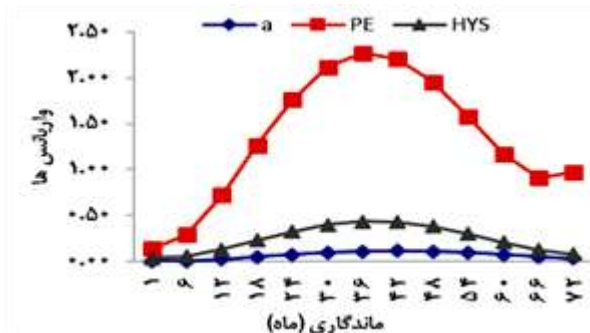
۲ و ۳ تقسیم شد و داده ماندگاری آن‌ها این به‌عنوان داده غیرکامل به‌همراه حیوانات دارای داده کامل در فایل منظور شد. بنابراین بیش‌تر گاوهای نر در فایل داده دارای ۲۰ دختر بودند که تعداد ۱۰ راس آن‌ها دارای داده کامل و تعداد ۱۰ راس دیگر دارای داده غیرکامل بودند (شکل ۱).



شکل ۱: ساختار فایل داده برای حیوانات دارای داده کامل و غیر کامل

## نتایج

**وراثت‌پذیری:** تغییرات وراثت‌پذیری و واریانس‌های مربوط به متغیر ماندگاری در شکل ۲ ارائه شده است. دامنه تغییرات واریانس ژنتیکی افزایشی ۰/۱۰۹-۰/۰۰۴ و برای اثر گله-سال-فصل تولد ۰/۴۳۸-۰/۰۳۷ و برای اثر محیطی دائمی ۰/۱۳۹-۰/۲۶۸ می‌باشد. دامنه تغییرات وراثت‌پذیری ۰/۰۰۳-۰/۰۳۲ است که در دامنه سایر تحقیقات در ایران می‌باشد (۱۶، ۱۷). در ماه‌های اول بعد از زایش اول چون اعضای کلیه خانواده‌ها در گله‌ها وجود دارند لذا وراثت‌پذیری ماندگاری نزدیک به صفر است. با افزایش سن و حذف حیوانات، تفاوت بین خانواده‌ها از نظر ظرفیت ژنتیکی برای ماندگاری در گله‌ها ظاهر شده و وراثت‌پذیری تا ماه ۵۴ افزایش می‌یابد. سپس چون به‌تدریج بیش‌تر اعضای خانواده‌ها حذف می‌شوند لذا مجدداً تفاوت ژنتیکی بین خانواده‌ها تا ماه ۷۲ کاهش می‌یابد. چون کلیه حیوانات دارای داده کامل هستند لذا انتها و ابتدای نمودار قابل تفسیر می‌باشد و پدیده رونگه‌دربرازش اثرات تصادفی به‌وسیله چندجمله‌ای‌ها مشاهده نمی‌شود (۱۸).



اثر باقی‌مانده در مدل ۱ به‌صورت یکنواخت در نظر گرفته شد. برای بررسی ماندگاری دختران فایل اصلی (۲۸۵۰۶۴ راس) مولدهای نر (تعداد ۹۰۶ راس) براساس ارزش ارثی ماندگاری با توجه به مساحت زیرمنحنی نرمال و با استفاده از فرمول ۵ گروه‌بندی شدند.

$$\text{فرمول ۵} \quad Z_i = \frac{TEBV_i - \mu_{TEBV}}{SD_{TEBV}}$$

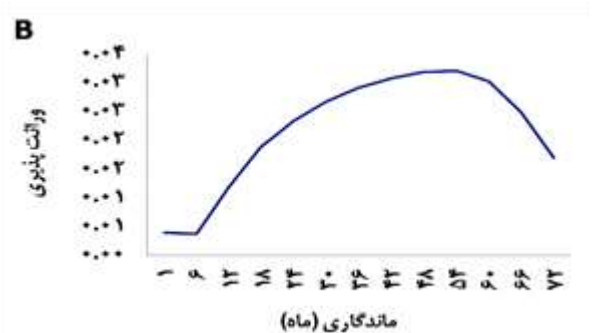
در این فرمول  $Z_i$  مقدار استاندارد شده ارزش ارثی کل ماندگاری مولد نر  $i$  ( $TEBV_i$ )،  $\mu_{TEBV}$  میانگین ارزش ارثی مولدهای نر و  $SD_{TEBV}$  انحراف استاندارد ارزش ارثی مولدهای نر می‌باشد. مساحت زیرمنحنی از چپ به راست (از کم‌ترین تا بیش‌ترین مقدار میانگین ارزش ارثی) به ۵ گروه تقسیم و هر یک از مولدهای نر با توجه به مقدار  $Z$  محاسبه شده گروه‌بندی شدند (جدول ۲).

جدول ۲: مساحت زیر منحنی نرمال برای هر گروه

گروه	مساحت
۱	$Z \leq -0/8416212$
۲	$-0/8416212 < Z \leq -0/2533471$
۳	$-0/2533471 < Z \leq 0/2533471$
۴	$0/2533471 < Z \leq 0/8416212$
۵	$Z > 0/8416212$

**پیش‌بینی EBV حیوانات دارای داده غیرکامل:** یکی از

ویژگی‌های تجزیه و تحلیل متغیر ماندگاری به‌وسیله مدل رگرسیون تصادفی در نظر گرفتن حیوانات دارای داده‌های غیرکامل می‌باشد. به عبارت دیگر با این مدل می‌توان برای حیواناتی که در زمان ارزیابی ژنتیکی زنده هستند EBV برای متغیر ماندگاری پیش‌بینی نمود. برای بررسی این موضوع، از فایل مورد استفاده (۱۸۱۲۰ راس) از بین دختران هر گاو نر که کلیه آن‌ها دارای داده کامل بودند تعداد ۱۰ دختر که ماندگاری آن‌ها حداقل ۶ ماه بود به‌طور تصادفی انتخاب شدند. تعداد این حیوانات ۷۸۸۲ راس بود. سپس برای غیرکامل فرض کردن اطلاعات آن‌ها داده ماندگاری این حیوانات به‌طور تصادفی بر



شکل ۲: تغییرات وراثت‌پذیری (نمودار A) و واریانس‌های (نمودار B) اثر محیطی دائمی (PE)، ژنتیکی افزایشی (a) و گله-فصل-سال تولد (HYS) متغیر ماندگاری

با توجه به شکل ۱ شیب منحنی ماندگاری نسبتاً زیاد است. لذا ممکن است منفی بودن همبستگی ماه اول ماندگاری (کلیه حیوانات زنده هستند) با سایر ماه‌ها به دلیل شیب زیاد کاهشی منحنی ماندگاری باشد یا به عبارت دیگر به دلیل زیاد بودن شدت حذف گاوها از گله‌ها بعد از ماه اول پس از زایش اول است.

**همبستگی ژنتیکی:** یکی از ویژگی‌های مدل رگرسیون تصادفی در نظر گرفتن تفاوت کواریانس ژنتیکی متغیر در ماه‌های مختلف می‌باشد. همبستگی ژنتیکی بین ماه‌های مختلف در جدول ۳ ارائه شده است. همبستگی ژنتیکی بین ماه‌های مجاور نسبتاً زیاد است که ممکن است به دلیل اشتراک ژن‌های موثر بر صفت ماندگاری باشد.

جدول ۳: همبستگی ژنتیکی ماندگاری بین ماه‌های مختلف

ماندگاری (ماه)	۱	۶	۱۲	۱۸	۲۴	۳۰	۳۶	۴۲	۴۸	۵۴	۶۰	۶۶	۷۲
۱	-۰/۱۳	-۰/۵۲	-۰/۶۱	-۰/۶۶	-۰/۷۰	-۰/۷۳	-۰/۷۴	-۰/۷۶	-۰/۸۰	-۰/۸۵	-۰/۹۰	-۰/۹۶	-۰/۹۸
۶	۰/۹۲	۰/۸۶	۰/۸۳	۰/۸۰	۰/۷۷	۰/۷۴	۰/۷۰	۰/۶۴	۰/۵۴	۰/۳۷	۰/۰۴		
۱۲	۰/۹۹	۰/۹۸	۰/۹۶	۰/۹۷	۰/۹۵	۰/۹۲	۰/۸۹	۰/۸۳	۰/۷۱	۰/۴۳			
۱۸	۱/۰۰	۰/۹۹	۰/۹۹	۱/۰۰	۰/۹۸	۰/۹۶	۰/۸۹	۰/۷۹	۰/۵۳				
۲۴	۱/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۹۹	۰/۹۸	۰/۹۲	۰/۸۳	۰/۵۹					
۳۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۹۹	۰/۹۸	۰/۹۴	۰/۸۵	۰/۶۳					
۳۶	۱/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۹۹	۰/۹۸	۰/۹۵	۰/۸۸	۰/۶۶					
۴۲	۱/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۹۹	۰/۹۸	۰/۹۷	۰/۹۰	۰/۷۰					
۴۸	۱/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۹۹	۰/۹۸	۰/۹۹	۰/۹۲	۰/۷۴					
۵۴	۱/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۹۹	۰/۹۸	۰/۹۹	۰/۹۵	۰/۷۹					
۶۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۹۹	۰/۹۸	۰/۹۸	۰/۹۸	۰/۸۶					
۶۶	۱/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۹۹	۰/۹۸	۰/۹۸	۰/۹۸	۰/۹۴					
۷۲	۱/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۰/۹۹	۰/۹۸	۰/۹۸	۰/۹۸	۰/۹۴					

استاندارد ماندگاری ۲۸۵۰۶۴ راس گاو به ترتیب برابر با ۳۳/۰۰ و ۲۱/۲۶ ماه می‌باشد. دلیل زیاد بودن انحراف استاندارد در این جمعیت ممکن است به دلیل کم بودن وراثت‌پذیری و پیچیدگی صفت Complex traits ماندگاری باشد. برای بررسی آماری تفاوت میانگین بین گروه‌های جدول ۵ از آزمون LSD استفاده شد (جدول ۵). تفاوت میانگین ماندگاری دختران بین کلیه گروه‌ها معنی‌دار است ( $P < 0.01$ ). می‌توان نتیجه‌گیری نمود که علی‌رغم کم بودن وراثت‌پذیری امکان تغییر میانگین ماندگاری از طریق انتخاب ژنتیکی در جمعیت وجود دارد.

**برآورد ارزش ارثی ماندگاری:** در ارزیابی ژنتیکی تعداد ۹۰۶ گاو نر به صورت تصادفی، تعداد ۲۰ دختر مربوط به هر یک از آن‌ها انتخاب و استفاده شد. سپس با در نظر گرفتن مساحت زیر منحنی نرمال، گاوهای نر براساس ارزش ارثی پیش‌بینی شده (EBV) به ۵ گروه تقسیم‌بندی شدند. ماندگاری تعداد ۲۸۵۰۶۴ راس دختران مربوط به تعداد ۹۰۶ گاو نر که در ارزیابی ژنتیکی این پدران از آن‌ها استفاده نشده بود (فایل اصلی داده) بررسی شد (جدول ۴). با افزایش میانگین EBV پدران در هر گروه، میانگین ماندگاری دختران آن‌ها در جمعیت نیز زیاد می‌شود. میانگین و انحراف

جدول ۴: میانگین ارزش ارثی (EBV) ماندگاری پدران در حالت وجود ۲۰ دختر و ماندگاری دختران آن‌ها در جمعیت به تفکیک هر گروه

گروه	تعداد پدران	خطای استاندارد $\pm$ میانگین EBV پدران	تعداد دختران	خطای استاندارد $\pm$ میانگین ماندگاری دختران (ماه)
۱	۱۸۰	-۰/۴۸ $\pm$ ۰/۱۱	۵۱۸۲۸	۲۹/۲۴ $\pm$ ۱۸/۹۰
۲	۲۲۵	-۰/۲۶ $\pm$ ۰/۰۵	۵۸۷۸۲	۳۰/۴۶ $\pm$ ۱۹/۵۶
۳	۱۸۲	-۰/۰۸ $\pm$ ۰/۰۵	۵۰۹۸۳	۳۱/۷۴ $\pm$ ۲۰/۳۶
۴	۱۳۵	۰/۰۷ $\pm$ ۰/۰۵	۴۶۲۶۶	۳۴/۰۰ $\pm$ ۲۱/۴۱
۵	۱۸۴	۰/۳۸ $\pm$ ۰/۱۷	۷۷۱۰۵	۳۷/۷۱ $\pm$ ۲۳/۴۹
کل	۹۰۶	-۰/۰۸ $\pm$ ۰/۳۱	۲۸۵۰۶۴	۳۳/۰۰ $\pm$ ۲۱/۲۶

جدول ۵: مقایسه میانگین ماندگاری دختران هر گروه از پدران به وسیله آزمون LSD

گروه (I)	گروه (J)	تفاوت میانگین (I-J)	خطای استاندارد	معنی داری	فاصله اطمینان ۹۹٪	
					کران بالا	کران پایین
۱	۲	-۱/۴۳۳*	۰/۱۲۷	۰/۰۰۰	-۱/۷۶	-۱/۱۱
	۳	-۲/۶۲۷*	۰/۱۳۱	۰/۰۰۰	-۲/۹۷	-۲/۲۹
	۴	-۴/۸۸۷*	۰/۱۳۵	۰/۰۰۰	-۵/۲۳	-۴/۵۴
	۵	-۸/۵۹۵*	۰/۱۲۰	۰/۰۰۰	-۸/۹۰	-۸/۲۹
	۱	۱/۴۳۳*	۰/۱۲۷	۰/۰۰۰	۱/۱۱	۱/۷۶
۲	۳	-۱/۱۹۵*	۰/۱۲۷	۰/۰۰۰	-۱/۵۲	-۰/۸۷
	۴	-۳/۴۵۵*	۰/۱۳۰	۰/۰۰۰	-۳/۷۹	-۳/۱۲
	۵	-۷/۱۶۲*	۰/۱۱۵	۰/۰۰۰	-۷/۴۶	-۶/۸۷
	۱	۲/۶۲۷*	۰/۱۳۱	۰/۰۰۰	۲/۲۹	۲/۹۷
	۲	۱/۱۹۵*	۰/۱۲۷	۰/۰۰۰	۰/۸۷	۱/۵۲
۳	۴	-۲/۲۶۰*	۰/۱۳۵	۰/۰۰۰	-۲/۶۱	-۱/۹۱
	۵	-۵/۹۶۸*	۰/۱۲۰	۰/۰۰۰	-۶/۲۸	-۵/۶۶
	۱	۴/۸۸۷*	۰/۱۳۵	۰/۰۰۰	۴/۵۴	۵/۲۳
	۲	۳/۴۵۵*	۰/۱۳۰	۰/۰۰۰	۳/۱۲	۳/۷۹
	۴	۲/۲۶۰*	۰/۱۳۵	۰/۰۰۰	۱/۹۱	۲/۶۱
۴	۵	-۳/۷۰۸*	۰/۱۲۴	۰/۰۰۰	-۴/۰۳	-۳/۳۹
	۱	۸/۵۹۵*	۰/۱۲۰	۰/۰۰۰	۸/۲۹	۸/۹۰
	۲	۷/۱۶۲*	۰/۱۱۵	۰/۰۰۰	۶/۸۷	۷/۴۶
	۳	۵/۹۶۸*	۰/۱۲۰	۰/۰۰۰	۵/۶۶	۶/۲۸
	۴	۳/۷۰۸*	۰/۱۲۴	۰/۰۰۰	۳/۳۹	۴/۰۳

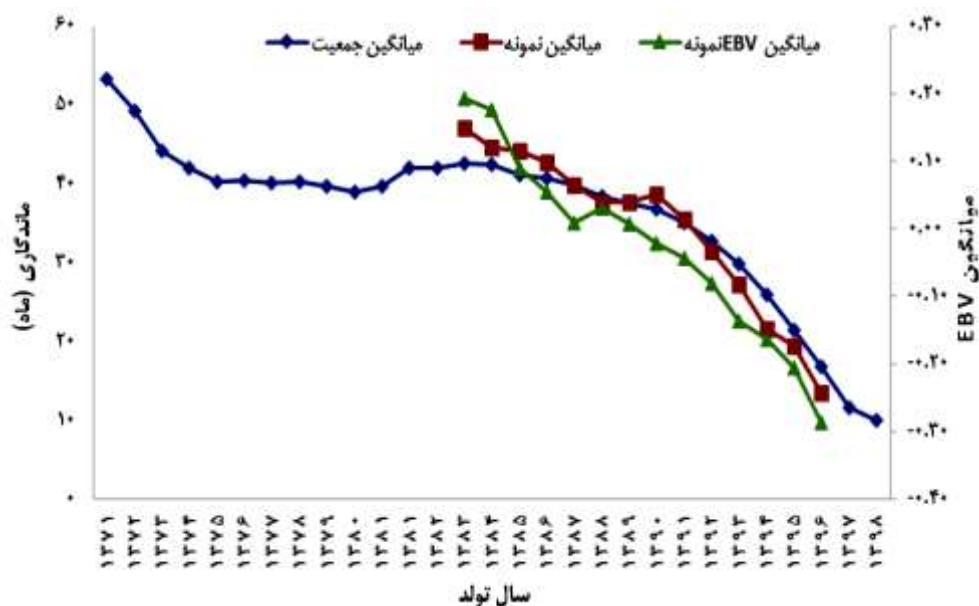
\* تفاوت میانگین در سطح ۰/۰۱ معنی دار است.

دارای تاریخ حذف از گله مورد پرورش در ایران در سال‌های ۱۳۷۱ تا ۱۳۹۸ در شکل ۳ ارائه شده است. این روند کاهشی بوده ولی شیب آن از سال ۱۳۸۶ تا ۱۳۹۸ بیش‌تر است. نحوه تغییرات میانگین در نمونه مورد مطالعه (۱۸۱۲۰ راس) از سال ۱۳۸۳ تا ۱۳۹۶ نیز مشابه جمعیت است. روند میانگین EBV نمونه مورد مطالعه نیز مشابه با روند فنوتیپی کاهشی است. نتایج این تحقیق نشان می‌دهد علی‌رغم کم بودن وراثت‌پذیری متغیر ماندگاری استفاده از اسپرم گاوهای نر برتر از نظر ارزش ارثی ماندگاری می‌تواند موفق باشد (جدول ۴). هم‌چنین علی‌رغم کم بودن وراثت‌پذیری ماندگاری گاوهای نر می‌توان با تعداد نتایج کم ارزیابی و میانگین ماندگاری در جمعیت گاوهای شیری هلشتاین را افزایش داد. به عبارت دیگر قسمتی از واریانس موجود در جمعیت منشاء ژنتیکی داشته و قابل انتقال به نسل بعد می‌باشد. درضمن، چون اطلاعات ماندگاری حیوانات جوان و در حال تولید تا زمان حذف آن‌ها از گله در دسترس نیست و داده‌های آن‌ها غیر کامل می‌باشد می‌توان EBV این حیوانات را نیز با مدل رگرسیون تصادفی پیش‌بینی کرد.

ارزش ارثی حیوانات در یک فایل حاوی حیوانات دارای داده کامل و غیر کامل به وسیله مدل ۱ به روش REML با نرم‌افزار ECHIDNA پیش‌بینی شد. همبستگی رتبه‌ای EBV تعداد ۷۸۸۲ راس دختر در حالت داده کامل و غیر کامل برابر با ۰/۸۱۵+ برآورد شد ( $P < ۰/۰۵$ ). نتیجه این است که با مدل رگرسیون تصادفی می‌توان از اطلاعات حیوانات دارای داده کامل و حیوانات دارای داده غیر کامل برای ارزیابی ژنتیکی متغیر ماندگاری استفاده نمود. در حقیقت با این مدل با استفاده از روابط خویشاوندی و برازش به وسیله چند جمله‌ای‌های متعامد برای حیوانات جوان و در حال تولید EBV قابل‌قبولی پیش‌بینی می‌شود.

## بحث

به‌طور کلی حیوانی که طول مدت ماندگاری او زیاد است نسبت به سایر حیوانات گله خود از نظر مقاومت به بیماری‌های عفونی، خصوصیات تولیدمثل، خصوصیات رفتاری، تولید شیر و راندمان تبدیل خوراک بهتر است. لذا انتخاب حیوانات برای بهبود ماندگاری می‌تواند بر تغییر سایر صفات مطلوب موثر باشد. روند تغییرات ماندگاری جمعیت مربوط به ۶۳۰۴۴۰ راس گاو هلشتاین



شکل ۳: روند تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی افزایشی (EBV) ماندگاری بر حسب زایش

- Frontiers in Genetics. 12: 695543. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.695543>
7. Steri, R., Moiola, B., Catillo, G., Galli, A. and Buttazzoni, L., 2019. Genome-wide association study for longevity in the Holstein cattle population. *Animal*. 13(7): 1350-1357. <https://doi.org/10.1017/S1751731118003191>
  8. Dallago, G.M., Wade, K.M., Cue, R.I., McClure, J.T., Lacroix, R., Pellerin, D., 2021. Keeping dairy cows for longer: A critical literature review on dairy cow longevity in high milk-producing countries. *Animals*. 11(3): 808. <https://doi.org/10.3390/ani11030808>
  9. Zavadilová, L. and Štípková, M., 2012. Genetic correlations between longevity and conformation traits in the Czech Holstein population. *Czech Journal of Animal Science*. 57(3): 125-136. <https://doi.org/10.17221/5566-CJAS>
  10. Do, C., Wasana, N., Cho, K., Choi, Y., Choi, T., Park, B., 2013. The effect of age at first calving and calving interval on productive life and lifetime profit in Korean Holsteins. *Asian Australasian Journal of Animal Sciences*. 26(11): 1511. <https://doi.org/10.5713/ajas.2013.13105>
  11. Van Pelt, M., Meuwissen, T., De Jong, G. and Veerkamp, R., 2015. Genetic analysis of longevity in Dutch dairy cattle using random regression. *Journal of Dairy Science*. 98(6): 4117-4130. <https://doi.org/10.3168/jds.2014-9090>
  12. Schaeffer, L., 1994. editor Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. The proceedings of 5th world congress on genetics applied to

## منابع

1. Caraviello, D., Weigel, K. and Gianola, D., 2004. Analysis of the relationship between type traits and functional survival in US Holstein cattle using a Weibull proportional hazards model. *Journal of Dairy Science*. 87(8): 2677-2686. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(04\)73394-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(04)73394-9)
2. Hare, E., Norman, H. and Wright, J., 2006. Trends in calving ages and calving intervals for dairy cattle breeds in the United States. *Journal of Dairy Science*. 89(1): 365-370. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72102-6](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72102-6)
3. Tsuruta, S., Misztal, I. and Lawlor, T., 2005. Changing definition of productive life in US Holsteins: Effect on genetic correlations. *Journal of Dairy Science*. 88(3): 1156-1165. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(05\)72782-X](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(05)72782-X)
4. De Vries, A. and Marcondes, M., 2020. Overview of factors affecting productive lifespan of dairy cows. *Animal*. 14(S1): s155-s164. <https://doi.org/10.1017/S1751731119003264>
5. Ferris, C., Patterson, D., Gordon, F., Watson, S. and Kilpatrick, D., 2014. Calving traits, milk production, body condition, fertility, and survival of Holstein-Friesian and Norwegian Red dairy cattle on commercial dairy farms over 5 lactations. *Journal of Dairy Science*. 97(8):5206-5218. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7457>
6. Hu, H., Mu, T., Ma, Y., Wang, X. and Ma, Y., 2021. Analysis of longevity traits in Holstein cattle: A review.

- livestock production, Guelph, Ontario, Canada, August, 1994.
13. **Jamrozik, J., Fatehi, J. and Schaeffer, L., 2008.** Comparison of models for genetic evaluation of survival traits in dairy cattle: a simulation study. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 125(2):75-83. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007.00712.x>
  14. **Schaeffer, L.R., 2004.** Application of random regression models in animal breeding. *Livestock Production Science*. 86(1-3):35-45. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(03\)00151-9](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(03)00151-9)
  15. **Gilmour, A.R., 2018.** editor Echidna mixed model software. *Proceedings of the World Congress Applied to Livestock Genetics*.
  16. **Mirhabibi, S., Kashan, N. and Gharahveysi, S., 2018.** Genetic evaluation of survival traits in the Holstein dairy cows of Iran. *Egyptian Journal of Veterinary Sciences*. 49(1): 71-74. <https://doi.org/10.21608/ejvs.2018.3070.1031>
  17. **Amirpour Najafabadi, H., Ansari Mahyari, S., Edriss, M.A. and Strapakova, E., 2016.** Genetic analysis of productive life length in Holstein dairy cows using Weibull proportional risk model. *Archives Animal Breeding*. 59(3):387-393. <https://doi.org/10.5194/aab-59387-2016>
  18. **Meyer, K., 2005.** Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. *Genetics Selection Evolution*. 37: 1-28. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-37-6-473>