



## استفاده از مدل مختلط چندکی خطی در بررسی صفت فاصله گوساله‌زایی گاوهای هلشتاین ایران

حسین نعیمی پور یونسی<sup>۱</sup>، محمد مهدی شریعتی<sup>۲</sup>، سعید زره دارن<sup>۲</sup>، مهدی جباری نوقایی<sup>۲</sup>، همایون فرهنگ فر<sup>۱</sup>

۱ و ۲ به ترتیب دانشگاه بیرجند و دانشگاه فردوسی مشهد

Email\*: hnaeimipour@birjand.ac.ir

### چکیده

هدف از این تحقیق بررسی عوامل محیطی گله سال، فصل زایش، درصد ژن هلشتاین و سن اولین زایش و اثر تصادفی حیوان بر صفت فاصله گوساله‌زایی با استفاده از مدل رگرسیون چندکی مختلط بود. در این تحقیق از رکوردهای ۶۴۵۳۰ رأس گاو شیری هلشتاین، متعلق به ۷۵۴ گله، که طی سال‌های ۱۳۷۴-۱۳۸۸ زایش داشتند استفاده گردید. تجزیه داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار R و بسته آماری lqmm انجام شد. نتایج نشان داد متغیر همراه سن اولین زایش و درصد ژن هلشتاین در چارک‌های مختلف فاصله گوساله‌زایی رفتار یکسانی نداشت. همچنین همبستگی رتبه‌ای بالای ارزش اصلاحی در چارک‌های مختلف با مدل دام در این صفات نشان داد، ضمن اینکه رتبه‌بندی ارزش اصلاحی در چارک‌های مختلف با مدل دام تقریباً یکسان بود، اثرات ثابت در چارک‌های مختلف قابل برآورد می‌باشند. روند ژنتیکی فاصله گوساله‌زایی در همه چارک‌ها معنی دار بود. روند ژنتیکی فاصله گوساله‌زایی در مدل دام معنی دار نبود.

**لغات کلیدی:** مختلط چندکی، صفات تولیدمثلی، آنالیز ژنتیکی، هلشتاین

### مقدمه

هندرسون (۱۹۴۹) برای ارزیابی ژنتیکی یک روش محاسباتی ارائه نمود و آن را بهترین پیش‌بینی نااریب خطی<sup>۱</sup> نامید که در این روش اثرات ثابت و تصادفی (ارزش اصلاحی حیوانات) همراه با یکدیگر و به صورت همزمان به ترتیب برآورد و پیش‌بینی می‌شوند. در مدل‌های مختلط فرض بر این است که پیش‌بینی‌کننده‌ها توزیع شرطی صفت، فقط از طریق پارامتر موقعیت (به عنوان مثال میانگین) تأثیر دارند. شواهد تجربی وجود دارد که نشان می‌دهد این فرض در برخی کاربردهای واقعی مناسب نیست به عنوان مثال افرادی که در برخی متغیرهای وابسته مثل فشار خون، اندازه

<sup>۱</sup>Best Linear Unbiased Prediction



تومور و شاخص توده بدن، رده‌های مختلف دارند ممکن است بیشتر یا کمتر و یا به صورت معکوس تحت تأثیر اثرات ثابت (مثل سن، جنس و وضعیت اجتماعی اقتصادی) قرار گیرند (۳).

مدل رگرسیون معمولی به تحلیل گر کمک میکند تا رابطه میانگین توزیع تصادفی متغیر وابسته را با تعدادی متغیر مستقل بررسی کند. از آنجایی که میانگین یکی از معیارهای تمرکز میانگین است آگاهی از آن به تنهایی نمی‌تواند اطلاعات کاملی از شکل توزیع به همراه داشته باشد. با توجه به این واقعیت، رگرسیون معمولی نیز ممکن است نتواند اطلاعات کافی در باره شکل توزیع متغیر تصادفی تحت مطالعه را در سطوح مختلف متغیر تشریحی بدست دهد. شیوه برآورد پارامترهای مدل رگرسیون معمولی بر حداقل کردن مربع باقی مانده‌های (انحرافات) مدل مبتنی بر روش حداقل مربعات<sup>۲</sup> است. در رگرسیون چندکی برخلاف رگرسیون معمولی از حداقل کردن مجموع قدرمطلق موزن برای برآورد پارامترهای مدل استفاده می‌شود و مبتنی بر روش حداقل قدر مطلق انحرافات<sup>۳</sup> می‌باشد. در حالی که برآوردگر رگرسیون کلاسیک حداقل مربعات خطی در صورتی که خطاها نرمال نباشند غیر مؤثر است اما برآوردگر رگرسیون چندکی نسبت به نرمال نبودن خطاها و داده‌های پرت استوار<sup>۴</sup> است (۵). هدف از این تحقیق استفاده از رگرسیون چندکی مختلط در بررسی صفت فاصله گوساله‌زایی بود.

## مواد و روش

به منظور بررسی صفت فاصله گوساله‌زایی با رگرسیون چندکی مختلط، از رکوردهای ۶۴۵۳۰ رأس گاو شیری که طی سال‌های ۱۳۷۴ تا ۱۳۸۸ زایش داشته و توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود دام کشور جمع آوری شده بودند استفاده گردید. ویرایش داده‌ها توسط نرم افزار فاکس پرو نسخه ۲/۶ صورت گرفت. تجزیه عوامل محیطی (گله، سال و فصل زایش، سن اولین زایش و درصد ژن هلشتاین بر صفت فاصله گوساله‌زایی با استفاده از رویه خطی عمومی (GLM) نرم‌افزار آماری SAS نسخه ۹/۲ و برای چارک‌های مختلف نرم‌افزار R انجام شد. برای برآورد اجزای واریانس و ارزش‌های اصلاحی به روش حداکثر درستنمایی محدود شده<sup>۵</sup> براساس مدل دام تک صفتی از نرم‌افزار DMU استفاده گردید (۶). از مدل آماری زیر برای تجزیه و تحلیل ژنتیکی تک متغیره استفاده شد:

<sup>۱</sup> Least Square

<sup>۲</sup> Least Absolute Deviations (LAD)

<sup>۳</sup> Robustness

<sup>۵</sup> Restricted Maximum Likelihood (REML)



$$y_{ijkl} = \mu + \text{herd}_i + \text{sea}_j + \text{year}_k + b_1(\text{HF} - \overline{\text{HF}}) + b_2(\text{AGE} - \overline{\text{AGE}}) + a_i + e_{ijkl} \quad \text{معادله ۳:}$$

در این مدل؛  $y_{ijkl}$ : رکورد حیوان،  $\mu$  میانگین کل، اثرات ثابت  $i$  امین گله،  $j$  امین فصل،  $k$  امین سال، اثر تصادفی گله - سال زایش - فصل زایش  $a_i$ ، ضریب رگرسیون خطی درصد ژن هلشتاین،  $\text{HF}$ : اثر درصد ژن هلشتاین،  $\overline{\text{HF}}$ : میانگین درصد ژن هلشتاین،  $\text{AGE}$ : اثر سن اولین زایش،  $\overline{\text{AGE}}$ : میانگین سن اولین زایش و  $e_{ijkl}$ : اثر تصادفی باقیمانده،  $a_i$ : اثر تصادفی حیوان  $j$  ام و  $e_{ijkl}$ : اثر تصادفی باقیمانده می باشد.

برای محاسبه ارزش های اصلاحی در مدل مختلط رگرسیون چندکی از بسته نرم افزار  $lqmm$  استفاده شد (۱) و با نرم افزار SPSS نسخه ۲۲ همبستگی رتبه ای اسپیرمن و معنی داری بین BLUP و ارزش های اصلاحی چارک-های مختلف برای صفات فوق محاسبه شد. روند ژنتیکی و فنوتیپی دام های ماده به ترتیب از تابعیت میانگین ارزش اصلاحی و میانگین فنوتیپی صفات بر سال زایش، توسط نرم افزار آماری SAS نسخه ۹/۲ محاسبه گردید.

## نتایج و بحث

در تجزیه عوامل محیطی با روش خطی عمومی اثر گله، سال و فصل زایش، سن اولین زایش و درصد ژن هلشتاین بر صفت فاصله گوساله زایی معنی دار بود ( $P < 0/05$ ). تجزیه عوامل محیطی برای چارک های مختلف نشان داد اثرات گله، سال و فصل زایش، درصد ژن هلشتاین و سن اولین زایش در همه چارک ها معنی دار بود به جز درصد ژن هلشتاین که در چارک سوم فاصله گوساله زایی یا در ۷۵ درصد توزیع مقادیر فاصله گوساله زایی در هر مقدار درصد ژن هلشتاین، معنی دار نبود. جدول شماره ۱ اثر درصد ژن هلشتاین و سن اولین زایش را بر فاصله گوساله زایی نشان می دهد.

جدول ۱: اثر متغیر همراه بر صفت فاصله گوساله زایی در چارک های مختلف و مدل دام

Table 1. The effect of Covariates on calving interval trait in different quartiles and animal model

| مدل دام | چارک سوم | چارک دوم | چارک اول | چارک                  |
|---------|----------|----------|----------|-----------------------|
| AM      | Q3       | Q2       | Q1       | متغیر همراه-Covariate |
| 0.06    | 0.33     | 0.006    | 0.04     | ژن هلشتاین            |
|         |          |          |          | HF (%)                |
| 0.35    | 0.42     | 0.03     | 0.33     | سن اولین زایش         |
|         |          |          |          | AFC (Mo)              |

Holstein gene Percentage (HF), Age at first calving (AFC)



درصد ژن هلشتاین بیشترین تأثیر را بر فاصله گوساله‌زایی در چارک سوم نشان داد به طوری که با افزایش یک درصد ژن هلشتاین در چارک سوم (۷۵٪) درصد توزیع مقادیر فاصله گوساله‌زایی (۰/۳۳ ماه فاصله گوساله‌زایی آنها افزایش یافت که در مقایسه با چارک اول (۰/۰۴ ماه) و چارک دوم (۰/۰۶ ماه) بسیار بیشتر بود. به عبارت دیگر واریانس فاصله گوساله‌زایی در مقادیر بالای درصد ژن هلشتاین بیشتر بود (۷). اثر سن اولین زایش بر فاصله گوساله‌زایی در چارک دوم در مقایسه با چارک‌های اول و سوم بسیار کمتر بود. بنابراین انتظار می‌رود در ارزیابی ژنتیکی حیوانات در مدل دام چارکی نسبت به مدل دام رایج برای فاصله گوساله‌زایی دقت بیشتری داشته باشد. جدول شماره ۲ همبستگی ارزش اصلاحی بین مدل دام با صفت فاصله گوساله‌زایی در چارک‌های مختلف را نشان می‌دهد. همبستگی رتبه‌ای پیرسون ارزش اصلاحی بین مدل دام با صفات در چارک‌های مختلف بالا بود. همبستگی بالای ارزش اصلاحی در چندک‌های مختلف با مدل دام، نشان می‌دهد که رتبه‌بندی حیوانات به لحاظ ارزش اصلاحی در دو روش مدل دام و مدل مختلط چندکی تفاوت زیادی ندارند ضمن اینکه مدل رگرسیون چارکی توانایی برآورد اثرات ثابت را نیز در چارک‌های مختلف دارد. همبستگی پیرسون بین چارک‌های مختلف با یکدیگر از ۹۹٪ بالاتر بود.

جدول ۲: همبستگی ارزش اصلاحی در چارک‌های مختلف با مدل دام

Table 3. Breeding values correlation between different quartiles (Q1-Q3) with animal model

| چارک سوم | چارک دوم | چارک اول | صفت   |
|----------|----------|----------|---|
| Q3       | Q2       | Q1       | Trait                                       |
| 0.91     | 0.91     | 0.90     | فاصله گوساله‌زایی<br>Calving Interval (day) |

روند ژنتیکی صفت فاصله گوساله‌زایی در جدول ۳ نشان داده شده است. نتایج نشان داد براساس مدل چارکی روند ژنتیکی فاصله گوساله‌زایی در همه چارک‌ها معنی‌دار بود. روند ژنتیکی فاصله گوساله‌زایی در مدل دام معنی‌دار نبود ( $P > 0/05$ ). روند فنوتیپی صفت فاصله گوساله‌زایی به ترتیب  $116 (\pm 15)$  کیلوگرم،  $0/04 (\pm 0/008)$  و  $0/02 (\pm 0/005)$  درصد و  $3 (\pm 0/4)$  روز بود. وراثت‌پذیری صفت فاصله گوساله‌زایی، ۰/۰۴ بود.

جدول ۳: روند ژنتیکی در چارک‌های مختلف و مدل دامی

Table 4. Genetic trend in different quartiles (Q1-Q3) and animal model (AM)

| مدل دامی | چارک سوم | چارک دوم | چارک اول | صفت |
|----------|----------|----------|----------|-----|
|----------|----------|----------|----------|-----|



| AM                        | Q3                        | Q2                        | Q1                          | Trait                                       |
|---------------------------|---------------------------|---------------------------|-----------------------------|---|
| 0.09 <sup>ns</sup> (0.05) | -0.2 <sup>**</sup> (0.01) | -0.04 <sup>*</sup> (0.01) | -0.04 <sup>**</sup> (0.009) | فاصله گوساله‌زایی<br>Calving Interval (day) |

### نتیجه گیری و پیشنهادات:

با توجه به اینکه متغیر همراه سن اولین زایش و درصد ژن هلشتاین در چندک‌های مختلف برای صفت فاصله گوساله‌زایی رفتار یکسانی نداشت، چنانچه ارزیابی ژنتیکی حیوانات در مدل دام چندکی صورت گیرد انتظار می‌رود، برای صفاتی از قبیل فاصله گوساله‌زایی نسبت به مدل دام رایج، از دقت بیشتری برخوردار باشد.

### منابع

- Geraci, M. (2016). lqmm: Linear Quantile Mixed Models. R package version 1.5.3. Available at: <http://CRAN.R-project.org/package=lqmm>.
- Geraci, M., & Bottai, M. (2006). Quantile regression for longitudinal data using the asymmetric Laplace distribution. *Biostatistics*, 8(1), 140-154.
- Geraci, M., & Bottai, M. (2014). Linear quantile mixed models. *Statistics and computing*, 24(3), 461-479.
- Henderson, C. (1949). Estimation of changes in herd environment. *J. Dairy Sci*, 32(1), 706715.
- Koenker, R., & Bassett, G. (1978). Regression quantiles. *Econometrica: journal of the Econometric Society*, 33-50.
- Madsen, P., & Jensen, J. (2008). A user's guide to DMU: a package for analysing multivariate mixed models, version 6, release 4. *Danish Institute of Agricultural Sciences, Tjele, Denmark*.
- McMillen, D. P. (2012). *Quantile regression for spatial data*: Springer Science & Business Media.



2<sup>nd</sup> National Congress on Advanced  
Research in Animal Sciences  
11-12 April – 2018  
University of Birjand



دومین همایش ملی پژوهش های نوین  
در علوم دامی  
۲۲ و ۲۳ فروردین ۱۳۹۷  
دانشگاه بیرجند



## Using of quantile regression mixed model at calving interval trait of Iranian Holsteins

Hossein Naeemipour Younesi <sup>\*1</sup>, Mohammad Mahdi Shariati <sup>2</sup>, Saeed Zerehdaran <sup>2</sup>, Mehdi Jabbari Nooghabi <sup>2</sup>, Homayon Farhangfar <sup>2</sup>

1, 2: respectively, Birjand university and Ferdowsi university of Mashhad, Iran

Email\* : hnaeimipour@birjand.ac.ir

### Abstract

The objective of this study was to estimate the effects of environmental factors such as herd, year and season of calving, Holstein gene percentage, age at first calving as fixed effects, and random animal effects on calving interval (CI) trait using quantile regression (QR) mixed model. An animal model was used to compare and discuss the results. Data comprised of 64,530 primiparous cows from 754 herds calved between 1996 and 2010. Mixed QR model was carried out using LQMM package of R software. The results showed that the effects of age at first calving and Holstein gene percentage across different quantiles were not similar. The spearman correlation between predicted breeding values from QR analyses at different quantiles with ones from animal model were high (0.91). It shows the ranking of animals based on EBV from different models is almost identical, while, the fixed effects differ across quantiles. The genetic trends estimated with QR at different quantiles were different.

**Key words:** Quantile regression mixed model, reproduction traits, genetic analysis, Holstein