

DOI: 10.22034/AS.2021.32288.1490

## برآورد پارامترها و روندهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولید مثلی گاوهای ماده و نرخ باروری گاوهای نر هلشتاین ایران

علی محمدی<sup>۱</sup>، صادق علیجانی<sup>۲\*</sup>، سید عباس رأفت<sup>۲</sup> و رستم عبداللهی آرپناهی<sup>۳</sup>

تاریخ دریافت: ۹۸/۱/۶ تاریخ پذیرش: ۹۸/۱۱/۲۳

<sup>۱</sup> دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز

<sup>۲</sup> به ترتیب دانشیار و استاد گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

<sup>۳</sup> استادیار گروه علوم دامی، دانشگاه جورجیا، آمریکا

\*مسئول مکاتبه: Email: saeidsbry@yahoo.com

### چکیده

**زمینه مطالعاتی:** فرآیند تولیدمثل برای پایداری اقتصادی صنعت پرورش گاو شیری بسیار حائز اهمیت است. هدف: این مطالعه به منظور ارزیابی ژنتیکی صفات تولیدمثلی گاوهای ماده و نرخ باروری گاوهای نر هلشتاین ایران انجام شد. روش کار: از اطلاعات مربوط به صفات تولیدمثلی برای تلسیه‌ها و گاوهای شکم اول تا سوم در بین سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۶ موجود در مرکز اصلاح نژاد کشور و همچنین اطلاعات مربوط به نرخ باروری گاوهای نر استفاده شد. تعداد حیوانات موجود در شجره ۳۴۵۲۷۳۰ رأس بود. صفات مورد بررسی شامل: نرخ باروری گاوهای نر، سن در زمان اولین تلقیح، سن در زمان اولین زایش، روزهای باز، فاصله گوساله‌زایی، طول دوره آبستنی، نرخ آبستنی، فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی، روزهای بین زایش تا اولین تلقیح و تعداد تلقیح به ازای آبستنی بود. انتخاب معادلات مدل و اثرات ثابت با استفاده از رویه GLM نرم‌افزار (9.3) SAS و آنالیزهای ژنتیکی با استفاده از مدل حیوانی توسط نرم‌افزار Remlf90 انجام شد. **نتایج:** کمترین مقدار وراثت‌پذیری برای صفت فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی - تلسیه (۰/۰۰۲) و بیشترین مقدار برای نرخ باروری گاوهای نر (۰/۳۰) برآورد گردید. همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی، در محدوده ۰/۵۶- (بین صفات طول دوره آبستنی با سن در زمان اولین زایش) تا ۰/۸۳- (بین صفات فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی با تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی) بدست آمد. روند ژنتیکی منفی برای صفات نرخ باروری گاو نر (۳/۴۹-٪/سال)، سن در زمان اولین تلقیح (۴/۰۳- روز/سال)، سن در زمان اولین زایش (۲/۶۶- روز/سال)، طول دوره آبستنی (۰/۰۷- روز/سال) و نرخ آبستنی (۰/۸۳-٪/سال) معنی‌دار بدست آمد. روند فنوتیپی برای صفات فاصله گوساله‌زایی، روزهای باز، فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی و روزهای بین زایش تا اولین تلقیح نامطلوب بدست آمد. **نتیجه‌گیری نهایی:** نتایج نشان داد که صفات تولیدمثلی پیچیده می‌باشند و لذا باید برای اهداف انتخاب در شاخص انتخاب لحاظ گردند. همچنین، علی‌رغم وجود روندهای ژنتیکی مطلوب در صفات مورد بررسی که در اثر استفاده از اسپرم‌های خارجی حاصل شده است، روندهای فنوتیپی مطلوب نبود.

واژگان کلیدی: صفات تولیدمثلی، روند ژنتیکی، وراثت‌پذیری، نرخ باروری گاو نر

## مقدمه

فرآیند تولیدمثل در دام‌های اهلی به عنوان یکی از مهمترین بخش‌های دامپروری از جایگاهی ویژه برخوردار می‌باشد. علت این اهمیت را می‌توان در حفظ و نگهداری نسل، آماده نمودن بستری مناسب برای برنامه‌های اصلاح نژادی، تولید گوساله و دوره‌های منظم شیردهی جستجو نمود. یکی از مهمترین شاخص‌های تولیدمثلی گله‌های گاو شیری بازده باروری می‌باشد که به صورت نسبت تعداد گاوهای آبستن شده به تعداد کل گاوهای تلقیح شده تعریف می‌شود (رویال و همکاران ۲۰۰۲ و سیدشریفی ۲۰۱۷). افزایش بازده باروری با افزایش عملکرد تولیدمثلی گاوهای شیری باعث افزایش تعداد گوساله‌های تولیدی در هر سال شده و متعاقباً با اثر بر نسبت افراد انتخاب شده می‌تواند بر عملکرد برنامه آزمون نتاج تأثیر گذارد. همچنین بازده آبستنی با کاهش سن زایش گاوهای شیری باعث کاهش فاصله نسل شده و در نتیجه باعث افزایش پاسخ انتخاب می‌شود (فیدلروا و همکاران ۲۰۰۸ و اقبال سعید ۲۰۱۱). باروری گله برای پایداری اقتصادی صنعت پرورش گاو شیری بسیار حائز اهمیت است، به دلیل اینکه ناتوانی در باروری می‌تواند سودآوری گله را از طریق افزایش هزینه‌های تلقیح‌های مجدد برای باروری، درمان‌های دامپزشکی و در نهایت کاهش تولید شیر دچار اختلال نماید (پرایس و همکاران ۲۰۱۰). همچنین، باروری گاو شیری به طور پیوسته در حال کاهش و در حال تبدیل شدن به یکی از علل اصلی کشتار، حذف و جایگزینی گاو در گله‌های شیری در سراسر جهان است (جامروزیک و همکاران ۲۰۰۵ و اولسن و همکاران ۲۰۱۱).

طی سال‌های اخیر انتخاب برای بهبود عملکرد مناسب گاوهای شیری از نظر صفات تولید شیر، به عنوان بخش مهمی از اهداف پرورش در حوزه دامپروری تبدیل شده است (محمدی و همکاران، ۲۱۰۳ و ۲۰۱۴). این خود به عنوان عامل اصلی در کاهش باروری به دلیل همبستگی ژنتیکی نامطلوب بین صفات تولید شیر و باروری مطرح می‌شود (پرایس و همکاران ۲۰۱۰؛ والش و همکاران

۲۰۱۱ و کدرمایدین ۲۰۰۴). برنامه‌های انتخاب گاو شیری اغلب بر روی اطلاعات فنوتیپی باروری که وراثت-پذیری پایینی نیز دارند متمرکز شده، که برخی از آنها ارتباط زیادی با سطح تولید شیر بالا دارند. این فنوتیپ‌ها برای ایجاد شاخص‌های انتخاب، که شامل صفات تولیدی به طور معمول تولید شیر و همچنین صفات تولیدمثلی می‌باشد، مورد استفاده قرار می‌گیرد (بیفانی و همکاران ۲۰۰۵).

برنامه‌های اصلاح نژادی و راهبردهای مدیریتی، تغذیه-ای و فیزیولوژیکی برای بهبود سودآوری کلی از طریق تأکید بر باروری گاوها حاصل می‌شود (شووک، ۲۰۰۶ و رویال و همکاران ۲۰۰۲). عوامل متعددی از جمله سن مادر یا شکم زایش، جنس گوساله، طول دوره آبستنی و فصل زایش بر عملکرد زایش اثر دارند (فیدلروا و همکاران ۲۰۰۸؛ بارت و همکاران ۲۰۰۵). مطالعات اخیر نشان داده است که پیشرفت ژنتیکی برای صفات باروری به دلیل پایین بودن وراثت‌پذیری صفات تولیدمثلی (کمتر از ۱/۰) و عدم دقت در رکورد برداری، مطلوب نمی‌باشد (شیرمرادی و همکاران ۲۰۱۰؛ رهبر و همکاران ۲۰۱۶). با این وجود، در سال‌های اخیر، صفات باروری به عنوان شاخص انتخاب در صفات تولیدمثلی و ارزیابی ژنتیکی در کشورهای مختلف به دلیل اهمیت باروری در گاوهای شیری مورد توجه قرار گرفته است (میگلیور و همکاران ۲۰۰۵). علت اصلی پائین بودن وراثت‌پذیری صفات تولیدمثلی، پیچیده بودن و ترکیبی بودن این صفات می‌باشد. به عنوان مثال صفت فاصله گوساله‌زایی، شامل مجموع روزهای باز و طول دوره آبستنی می‌باشد و یا صفت روزهای باز و تعداد تلقیح منجر به آبستنی، به موفقیت یا شکست در تلقیح و همچنین طول دوره شیردهی و عوامل دیگر بستگی دارد (دلجو عیسی‌لو و پاشا اسکندری نسب، ۲۰۱۲). بنابراین به دلیل عوامل نامبرده بهبود ژنتیکی در دام‌های اهلی آهسته‌تر صورت گرفته است، و از اینرو استفاده از اسپرم دام‌های نر با ظرفیت ژنتیکی بالا در گله‌های تجاری توصیه شده است (ساهانا و همکاران ۲۰۱۱). نرخ باروری گاو نشان

شد. اطلاعات مربوط به فایل شجره از سال ۱۳۶۲ تا ۱۳۹۶ و کل حیوانات موجود در شجره ۳۴۵۲۷۳۰ بود. رکوردها مربوط به تلسیه‌ها و گاوهای شکم اول تا سوم، در دامنه-ی سنی ۲۱ تا ۴۶ ماه (شکم اول)، ۳۰ تا ۶۷ ماه (شکم دوم) و ۴۲ تا ۸۰ ماه (شکم سوم) بودند (همامی و همکاران ۲۰۰۸ و محمدی و همکاران ۲۰۲۰).

**Table 1- Brief structure of the pedigree and number of individuals**

| Information                    | Number of records |
|--------------------------------|-------------------|
| Total No. of animals           | 3452730           |
| Total No. of Inbreds           | 2236808           |
| Total No. of sires             | 85742             |
| Total No. of dams              | 1616057           |
| No. of animals with progeny    | 1701799           |
| No. of animals without progeny | 1750931           |
| No. of founders                | 452122            |
| No. of non-founders            | 3000608           |

رکوردهای مورد بررسی در این مطالعه شامل صفات: نرخ باروری گاو نر، سن در زمان اولین تلقیح، سن در زمان اولین زایش، روزهای باز، فاصله گوساله‌زایی، نرخ آبستنی، طول دوره آبستنی، فاصله بین اولین و آخرین تلقیح منجر به آبستنی و روزهای بین زایش تا اولین تلقیح، تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی بود (محمدی و همکاران، ۲۰۲۰). ساختار شجره در این مطالعه در جدول ۱ نشان داده شده است. اطلاعات آماری (تعداد، کمینه، بیشینه، میانگین، انحراف معیار و تعداد گله) برای صفات مختلف مورد آنالیز در جدول ۲ ارائه شده است.

ویرایش داده‌ها مطابق با مطالعات قیاسی و همکاران (۲۰۱۱) و فاتحی و شفر، (۲۰۰۳) انجام شد. بنابراین، رکوردهای مربوط به صفت سن در زمان اولین تلقیح در دامنه ۳۲۰-۹۰۰ روز، سن در زمان اولین زایش در دامنه ۱۳۵۰-۶۳۰ روز، فاصله گوساله‌زایی در دامنه ۳۰۰-۷۰۰ روز، روزهای باز در دامنه ۴۰-۳۵۰ روز، نرخ آبستنی در دامنه ۲۸-۵۵٪، طول دوره آبستنی در دامنه ۲۶۰

دهنده میزان گیرایی اسپرم گاوهای مورد استفاده برای تلقیح مصنوعی است. باروری گاوهای نر به طور متداول در آزمایشگاه با استفاده از ویژگی‌های کیفی مختلف از جمله خصوصیات مورفولوژی، حجم، غلظت (با وراثت-پذیری ۰/۱۵ تا ۰/۳۰) و تحرک اسپرم (با وراثت‌پذیری تقریباً ۰/۶۰) مورد ارزیابی قرار می‌گیرد. با این وجود، این ویژگی‌ها تنها بخشی از تفاوت‌های مشاهده شده در باروری را در بین گاوهای نر نشان می‌دهد (رزنده و همکاران ۲۰۱۸؛ پناگاریکانو و همکاران ۲۰۰۲). با این حال، باروری گاو نر را می‌توان به طور مستقیم با استفاده از رکوردهای نرخ باروری آنها ارزیابی نمود. در این زمینه، از سال ۲۰۰۸ صنعت دامپروری ایالات متحده آمریکا به ارزیابی فنوتیپی باروری گاوهای نر دسترسی پیدا کرده است که نرخ باروری گاو نر نامیده می‌شود (کان و هاچیسون ۲۰۰۸).

بنابراین با توجه به اهمیت صفات تولیدمثلی و همچنین اسپرم‌های مورد استفاده در تلقیح مصنوعی در گاوهای شیری کشور هدف از این تحقیق، برآورد پارامترهای ژنتیکی، همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات و همچنین پیش‌بینی میانگین ارزش اصلاحی و فنوتیپی صفات تولیدمثلی (سن در زمان اولین تلقیح، سن در زمان اولین زایش، روزهای باز، فاصله گوساله‌زایی، نرخ آبستنی، طول دوره آبستنی، فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی و روزهای بین زایش تا اولین تلقیح، تعداد تلقیح به ازای آبستنی) و همچنین صفت نرخ باروری گاو نر، در گاوهای هلشتاین ایران برای تلسیه‌ها و گاوهای شکم اول تا سوم بود.

## مواد و روش‌ها

رکوردهای مربوط به زایش و تلقیح گاوهای هلشتاین ایران از مرکز اصلاح نژاد کشور بین سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۶ (بر اساس سال زایش) گردآوری شد. همچنین اطلاعات مربوط به نرخ باروری گاوهای نر مربوط به سال‌های ۲۰۰۸ تا ۲۰۱۸ که از اسپرم آنها در دامداری-های کشور استفاده می‌شود از سایت CDCB<sup>۱</sup> استخراج

۲۹۰- روز، روزهای بین زایش تا اولین تلقیح در  
دامنه ۲۰-۳۰ روز، فاصله بین اولین و آخرین تلقیح منجر  
به آبستنی در دامنه ۰-۲۹۰ روز و تعداد تلقیح به ازای  
آبستنی در دامنه ۱-۱۰ بار بود.

**Table 2- Summary statistics of data used for female fertility traits and sire conception rate**

| Traits <sup>1</sup>                                                                         | No. of records | Max  | Min  | Mean±SD      | No. of herds |
|---------------------------------------------------------------------------------------------|----------------|------|------|--------------|--------------|
| Sire conception rate (SCR/%)                                                                | 13294          | 7.6% | -16% | -0.314±2.11  | 985          |
| Age at the first service -heifer (AFS <sub>H</sub> /d)                                      | 433382         | 900  | 320  | 505.83±22.49 | 3062         |
| Age at the first calving-heifer (AFC <sub>H</sub> /d)                                       | 965729         | 1350 | 630  | 785.98±28.04 | 3932         |
| Calving interval- the first three lactations (CI/d)                                         | 725810         | 700  | 300  | 410.56±20.26 | 2394         |
| Open days- the first three lactations (OD/d)                                                | 693308         | 350  | 40   | 128.53±11.34 | 2388         |
| Pregnancy rate- the first three lactations (PR/%)                                           | 708920         | 55   | -28  | 26.86±5.18   | 2393         |
| Gestation length-heifer (GL <sub>H</sub> /d)                                                | 985849         | 290  | 260  | 277.36±16.65 | 3346         |
| Gestation length- the first three lactations (GL/d)                                         | 1123471        | 290  | 260  | 279.25±15.44 | 1311         |
| Days from calving to the first service-the first lactation (DFS <sub>1</sub> /d)            | 259904         | 300  | 20   | 105.74±10.28 | 2419         |
| Days from calving to the first service-the second lactation (DFS <sub>2</sub> /d)           | 192130         | 300  | 20   | 104.44±10.22 | 2313         |
| Days from calving to the first service-the third lactation (DFS <sub>3</sub> /d)            | 125205         | 300  | 20   | 102.58±10.13 | 2064         |
| Days from calving to the first service-the first three lactations (DFS/d)                   | 160170         | 300  | 20   | 90.98±9.54   | 1151         |
| Interval between the first and last insemination-heifer (IFL <sub>H</sub> /d)               | 440265         | 290  | 0    | 7.97±2.82    | 3118         |
| Interval between the first and last insemination-first the lactation (IFL <sub>1</sub> /d)  | 275918         | 290  | 0    | 18.47±4.30   | 2486         |
| Interval between the first and last insemination-the second lactation (IFL <sub>2</sub> /d) | 200688         | 290  | 0    | 20.05±4.48   | 2359         |
| Interval between the first and last insemination-the third lactation (IFL <sub>3</sub> /d)  | 129980         | 290  | 0    | 19.90±4.46   | 2096         |
| interval between the first and last insemination-the first three lactations (IFL/d)         | 168984         | 290  | 0    | 25.53±5.05   | 1213         |
| Number of services per conception-heifer (NS <sub>H</sub> /n)                               | 443041         | 10   | 1    | 1.18±1.08    | 3119         |
| Number of services per conception-the first lactation (NS <sub>1</sub> /n)                  | 283360         | 10   | 1    | 1.44±1.20    | 2513         |
| Number of services per conception-the second lactation (NS <sub>2</sub> /n)                 | 205926         | 10   | 1    | 1.49±1.22    | 2389         |
| Number of services per conception-the third lactation (NS <sub>3</sub> /n)                  | 133506         | 10   | 1    | 1.47±1.21    | 2133         |

H: heifer, 1: the first lactation, 2: the second lactation, 3: the third lactation, d: day, n: number.

تاریخ زایش قبل؛ طول دوره آبستنی: تاریخ زایش - تاریخ  
آخرین تلقیح (منجر به آبستنی)؛ نرخ باروری: (روزهای  
باز - ۲۳۳) \* ۰/۲۵ (ونردن و همکاران ۲۰۰۴)؛ فاصله بین  
اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی: تاریخ آخرین تلقیح  
- تاریخ اولین تلقیح و روزهای بین زایش تا اولین تلقیح:  
تاریخ اولین تلقیح - تاریخ زایش قبلی.

همچنین تعداد دفعات مورد استفاده از اسپرم گاوهای نر  
برای تلقیح مصنوعی در صفت نرخ باروری گاو نر در  
محدوده ۳۰۰ تا ۱۲۰۲۱۱ و این صفت در دامنه ۷/۶ تا  
۱۶- قرار داشت.  
صفات مورد آنالیز به این صورت بدست آمدند: سن در  
زمان اولین تلقیح: تاریخ اولین تلقیح - تاریخ تولد؛ سن در  
زمان اولین زایش: تاریخ زایش - تاریخ تولد؛ فاصله  
گوساله‌زایی: تاریخ زایش فعلی - تاریخ زایش قبل؛  
روزهای باز: تاریخ آخرین تلقیح (منجر به آبستنی) -

Table 3- The following animal models in scalar notation was applied to estimate genetic parameters in analyzed traits

| Traits <sup>1</sup> | model                                                                                                         |
|---------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| AFS_H               | $y_{tijk} = H_t + YbSb_i + YSs_j + a_k + e_{tijk}$                                                            |
| AFC_H               | $y_{tijk} = H_t + YbSb_i + YSs_j + a_k + e_{tijk}$                                                            |
| GL_H                | $y_{tijk} = H_t + YbSb_i + YSs_j + a_k + e_{tijk}$                                                            |
| IFL_H               | $y_{tijk} = H_t + YbSb_i + MFI_j + a_k + e_{tijk}$                                                            |
| NS_H                | $y_{tijk} = H_t + YbSb_i + MFI_j + a_k + e_{tijk}$                                                            |
| IFL                 | $y_{tijkl} = H_t + P_i + YSC_j + MFI_k + b(Agepc_{tijkl} - \overline{Age}_{....}) + a_l + e_{tijkl}$          |
| DFS                 | $y_{tij} = H_t + YSC_i + b(Agepc_{tij} - \overline{Age}_{...}) + a_j + e_{tij}$                               |
| NS                  | $y_{tijk} = H_t + YSCp_i + MFI_j + b(Agepc_{tijk} - \overline{Age}_{....}) + a_k + e_{tijk}$                  |
| GL <sup>a</sup>     | $y_{tijkl} = H_t + P_i + YSs_j + a_k + pe_l + e_{tijkl}$                                                      |
| IFL <sup>a</sup>    | $y_{tijkl} = H_t + P_i + YSC_j + MS_k + b(Age_{tijkl} - \overline{Age}_{....}) + a_l + e_{tijkl}$             |
| DFS <sup>a</sup>    | $y_{tijk} = H_t + P_i + YSC_j + b(Age_{tijk} - \overline{Age}_{....}) + a_k + e_{tijk}$                       |
| CI <sup>a</sup>     | $y_{tijklmn} = H_t + P_i + YSC_j + MS_k + b(Age_{tijklm} - \overline{Age}_{.....}) + a_l + pe_m + e_{tijklm}$ |
| OD <sup>a</sup>     | $y_{tijklm} = H_t + P_i + YSC_j + MS_k + b(Age_{tijklm} - \overline{Age}_{.....}) + a_l + pe_m + e_{tijklm}$  |
| PR <sup>a</sup>     | $y_{tijklm} = H_t + P_i + YC_j + MC_k + a_l + pe_m + e_{tijklm}$                                              |
| SCR                 | $y_{tij} = YM_t + b(Rel_{tij} - \overline{Rel}_{...}) + a_i + pe_j + e_{tij}$                                 |

<sup>1</sup>Female fertility traits with "a" suffix include first three lactations together and were treated as repeated measurements in the statistical analysis.

(کوواریت):  $YC_j$ ؛ ژامین سال زایش؛  $YSCp_i$  سال - فصل زایش قبل؛  $b(Agepc_{tijk} - \overline{Age}_{....})$ ؛ سن زایش قبل به ماه به عنوان عامل متغیر کمکی؛  $MFI_j$  اولین ماههای تلقیح و  $b(Rel_{tij} - \overline{Rel}_{...})$  قابلیت اعتماد به عنوان عامل متغیر کمکی می‌باشند. جهت مقایسه اسپرم گاوهای نر، صفت نرخ باروری گاو نر به عنوان یک فنوتیپ در نظر گرفته شده و تعداد تلقیح‌های مورد استفاده از اسپرم گاوهای نر به عنوان یک عامل محسوب می‌شود. همچنین بدلیل اینکه تعداد تلقیح بین نمونه‌ها (بر اساس تعداد دخترهای هر گاو نر) متفاوت است لذا عامل قابلیت اعتماد به عنوان عامل کوواریت داخل مدل اعمال شد.  $a$ ،  $pe$  و  $e$  به ترتیب شامل بردار اثرات (تصادفی) ژنتیکی افزایشی  $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$  واریانس محیط دائمی  $pe \sim N(0, I\sigma_{pe}^2)$  و باقیمانده  $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$  می‌باشند. مدل حیوانی چند صفتی برای برآورد همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات مختلف استفاده شد. برای محاسبه وراثت‌پذیری صفات مختلف از فرمول زیر استفاده شد:  $h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2}$  که  $\sigma_a^2$ ،  $\sigma_{pe}^2$  و  $\sigma_e^2$  به

صفات تولیدمثلی مورد بررسی در این مطالعه در چند گروه قابل دسته‌بندی هستند، گروه اول: صفات سن در زمان اولین زایش، سن در زمان اولین تلقیح، فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی و تعداد تلقیح به ازای آبستنی که توانایی و قابلیت گاوها را برای آبستن شدن نشان می‌دهند. گروه دوم: صفت روزهای بین زایش تا اولین تلقیح، که مربوط به قابلیت و استعداد گاوها برای برگشت به فعلی بعد از زایش است. گروه سوم: صفات روزهای باز، فاصله گوساله‌زایی و طول دوره آبستنی و نرخ آبستنی که در واقع ترکیبی از دو گروه قبل می‌باشند. مدل‌های حیوانی اسکالر مورد استفاده برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مورد آنالیز در جدول ۳ ارائه شده است. که در این معادلات  $y$ ، صفت مورد بررسی؛ اثرات ثابت مدل شامل:  $YM_t$ ، اثر ترکیبی ژامین سال - ماه ارزیابی؛  $H_t$ ، ژامین اثر گله؛  $YbSb_i$ ، ژامین سال - فصل تولد؛  $YSs_j$ ، ژامین سال - فصل تلقیح؛  $P_i$ ، ژامین شکم زایش؛  $YSC_j$ ، اثر ترکیبی ژامین سال - فصل زایش؛  $MS_k$ ، ژامین ماه تلقیح؛  $b(Age_{tijklm} - \overline{Age}_{....})$ ؛ سن در زمان زایش به ماه به عنوان عامل متغیر کمکی

و همکاران (۲۰۱۶)، فرجی آروق و همکاران (۲۰۱۱)، گونزالز-ریسایو و آلتا (۲۰۰۵) و گردلر و همکاران (۲۰۰۷) بود.

وراثت‌پذیری صفات روزهای باز، فاصله گوساله‌زایی، روزهای بین زایش تا اولین تلقیح و طول دوره آبستنی برای گاوهای شکم اول به ترتیب ۰/۰۶، ۰/۰۷، ۰/۰۴ و ۰/۰۷ گزارش شده است که با نتایج بدست آمده از مطالعه ی طغیانی و همکاران (۲۰۱۲) مطابقت دارد. وراثت‌پذیری بدست آمده از نتایج فرجی آروق و همکاران (۲۰۱۱) برای صفت سن در زمان اولین زایش (۰/۱۹) و طغیانی پژوه و همکاران (۲۰۰۹) برای فاصله گوساله‌زایی، روزهای باز و فاصله بین زایش تا اولین تلقیح با نتایج بدست آمده از این مطالعه متفاوت بود. این می‌تواند به دلیل تفاوت در تعداد رکورد مورد آنالیز، روش و مدل مورد استفاده برای آنالیز باشد. وراثت‌پذیری بدست آمده از صفات فاصله‌ای (روزهای باز، فاصله گوساله‌زایی، طول دوره آبستنی) نسبت به صفات دسته‌بندی شده (تعداد تلقیح به ازای آبستنی) بالاتر بود. این نتایج نشان می‌دهد که این صفات ممکن است تحت تأثیر عوامل و تصمیمات مدیریتی مانند طول دوره استروس و یا بکارگیری همزمان سازی فحلی در دامداری باشد. این نتایج مشابه با یافته‌های قیاسی و همکاران (۲۰۱۱) بر روی گاوهای هلشتاین ایران بود. با توجه به نتایج، افزایش ناچیزی در مقدار وراثت‌پذیری صفات فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی و تعداد تلقیح به ازای آبستنی در تلیسه‌ها نسبت به گاوهای زایش کرده مشاهده شد. بیشترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به تلیسه‌ها برای صفت طول دوره آبستنی بود، که با نتایج بدست آمده بوسیله اقبال سعید (۲۰۱۱) بر روی گاوهای هلشتاین ایران مطابقت داشت.

ترتیب واریانس ژنتیک افزایشی، واریانس محیط دائمی و واریانس باقی‌مانده می‌باشند. همچنین برای بدست آوردن روندهای ژنتیکی و فنوتیپی از میانگین ارزش‌های اصلاحی هر حیوان برای هر سال (۷۰ تا ۹۶) استفاده گردید.

محاسبه روندهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولید مثلی گاوهای هلشتاین ایران در برنامه‌های انتخاب اهمیت ویژه‌ای دارند. برای این کار ارزش‌های اصلاحی حیوانات از طریق نرم افزار REMLF90 بدست آمدند و سپس تاریخ تولد هر حیوان روبروی آن‌ها قرار داده شد. در ادامه با استفاده از رویه Proc means در نرم‌افزار (9.3) SAS، میانگین ارزش‌های اصلاحی برای هر سال بدست آمد. برای محاسبه روندهای فنوتیپی نیز بجای ارزش‌های اصلاحی از فنوتیپ صفت مربوطه استفاده شد. همچنین برای بدست آوردن ضرایب رگرسیون خطی ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی از رویه Proc reg در نرم‌افزار (9.3) SAS استفاده شد. برای آماده سازی و ویرایش داده‌ها از نرم افزار Visual Foxpro 9.0، (9.3) SAS، R (3.6.1) و RENUMF90 و جهت آماده کردن فایل شجره از نرم افزار CFC استفاده شد. مؤلفه‌های واریانس با روش حداکثر درستنمایی محدودشده (REML) و با استفاده از نرم‌افزار REMLF90 (میزتال و همکاران ۲۰۰۲) برآورد شدند.

### نتایج و بحث

برآورد مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی (واریانس ژنتیکی افزایشی، باقی‌مانده، محیط دائمی، فنوتیپی و وراثت-پذیری) برای صفات مختلف تولیدمثلی در جدول ۴ نشان داده شده است. وراثت‌پذیری‌های بدست آمده برای تمام صفات تولیدمثلی پائین بود. در صفات مورد مطالعه کمترین مقدار وراثت‌پذیری برای IFL<sub>H</sub> (فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی برای تلیسه‌ها) ۰/۰۰۲ و بیشترین مقدار وراثت‌پذیری برای SCR (نرخ باروری گاو نر) ۰/۳۰۳ بدست آمد. روند وراثت‌پذیری در این مطالعه مطابق با نتایج قیاسی و همکاران (۲۰۱۱)، رهبر

Table 4- Variance components and heritabilities of female fertility traits and sire conception rate

| Traits <sup>1</sup> | $V_A$ | $V_{PE}$ | $V_e$   | $V_{phe}$ | $h^2$ |
|---------------------|-------|----------|---------|-----------|-------|
| SCR                 | 1.465 | 1.397    | 1.965   | 4.827     | 0.303 |
| AFS <sub>H</sub>    | 59.34 | -        | 1903    | 1962.34   | 0.033 |
| AFC <sub>H</sub>    | 5.23  | -        | 1151.23 | 1151.23   | 0.005 |
| CI                  | 335.6 | 254.1    | 6392.7  | 6392.7    | 0.052 |
| OD                  | 242.0 | 152      | 4561    | 4955      | 0.048 |
| PR                  | 26.92 | 1.185    | 314.21  | 314.205   | 0.085 |
| GL <sub>H</sub>     | 1.64  | -        | 15.159  | 15.159    | 0.108 |
| GL                  | 1.50  | 0.297    | 15.727  | 15.727    | 0.095 |
| DFS <sub>1</sub>    | 191.5 | -        | 3216.5  | 3216.5    | 0.059 |
| DFS <sub>2</sub>    | 94.59 | -        | 3109.59 | 3109.59   | 0.031 |
| DFS <sub>3</sub>    | 74.82 | -        | 2998.82 | 2998.82   | 0.025 |
| DFS                 | 54.61 | 105      | 2328.61 | 2328.61   | 0.023 |
| IFL <sub>H</sub>    | 2.69  | -        | 362.692 | 362.692   | 0.002 |
| IFL <sub>1</sub>    | 73.74 | -        | 4308.74 | 4308.74   | 0.017 |
| IFL <sub>2</sub>    | 73.73 | -        | 4107.73 | 4107.73   | 0.018 |
| IFL <sub>3</sub>    | 52.39 | -        | 3963.39 | 3963.39   | 0.013 |
| IFL                 | 69.15 | 48.42    | 7701.57 | 7701.57   | 0.009 |
| NS <sub>H</sub>     | 0.004 | -        | 0.298   | 0.298     | 0.013 |
| NS <sub>1</sub>     | 0.029 | -        | 0.912   | 0.912     | 0.032 |
| NS <sub>2</sub>     | 0.027 | -        | 0.938   | 0.938     | 0.028 |
| NS <sub>3</sub>     | 0.017 | -        | 0.917   | 0.917     | 0.018 |

$V_A$ ,  $V_{PE}$ ,  $V_e$  and  $V_{phe}$ : additive genetic, permanent environmental, error and phenotypic variances, respectively.  $h^2$ : heritability.

همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی و فنوتیپی برای صفات مختلف تولید مثلی در جدول ۵ نشان داده شده است. همبستگی ژنتیکی افزایشی در بازه ۰/۵۵۹- (بین صفات طول دوره آبستنی و سن در زمان اولین زایش) تا ۰/۸۲۹ (بین صفات فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی و تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی) بدست آمد. یکی از ویژگی‌های صفات تولید مثلی این است که می‌توانند به طور مستقیم از تاریخ زایش بدست بیایند. بویژه در مورد صفات روزهای باز و نرخ آبستنی که برآوردهای همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی (۰/۳۹-) و فنوتیپی (۰/۸۰-) برای این صفات نشان می‌دهد که این دو صفت ژنتیکی هستند زیرا نرخ باروری یک عملکرد خطی از روزهای باز است (قیاسی و همکاران ۲۰۱۱؛ و نردن و همکاران، ۲۰۰۴ و گونزالز-ریسیو و آلداندا ۲۰۰۵). انصاری-لاری و همکاران (۲۰۱۰)، همبستگی ژنتیکی پائینی بین دو صفت مذکور در گاوهای هلشتاین ایران را گزارش کردند. همبستگی‌های ژنتیکی برای صفت روزهای بین زایش تا اولین تلقیح با صفت تعداد تلقیح به

با وجود اینکه صفت فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی در مقیاس پیوسته اندازه‌گیری می‌شود و برای ارزیابی اجزای واریانس تحت مدل‌های خطی با REML مناسب‌تر است، برآوردهای وراثت پذیری برای تعداد تلقیح به ازای آبستنی و فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی بسیار مشابه بود. بنابراین هر دو صفات در این جمعیت در یک شاخص انتخابی قابل تعویض هستند که توانایی باروری پس از ظهور علائم باروری را در نظر می‌گیرند (قیاسی و همکاران ۲۰۱۱؛ علی‌لو و همکاران ۲۰۱۵). رکورد برداری صفت تعداد تلقیح به ازای آبستنی نسبت به صفات فاصله‌ای مانند فاصله گوساله‌زایی دشوارتر است. زیرا فاصله گوساله‌زایی را می‌توان به سادگی از طریق تاریخ‌های ثبت شده شیردهی محاسبه کرد، اما ثبت تعداد تلقیح به ازای آبستنی در بسیاری از گله‌ها رایج نیست. در مواردی که تعداد تلقیح به ازای آبستنی مستقیماً ثبت نشوند، صفات فاصله‌ای می‌توانند به عنوان گزینه‌های جایگزین استفاده شوند.

ازای آبستنی ( $-0.005$ ) منفی بدست آمد. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که یک رابطه ژنتیکی ضعیفی بین بازیابی عملکرد تولیدمثل و توانایی فعلی پس از زایمان وجود دارد. در نتیجه، صفات باروری مختلف باید با شاخص باروری ترکیب شده تا به طور ژنتیکی باعث افزایش نرخ باروری در بین گاوهای ماده شوند (قیاسی و همکاران ۲۰۱۱).

همبستگی ژنتیکی افزایشی مثبت ( $0.41$ ) بین روزهای باز و فاصله گوساله‌زایی نشان می‌دهد با افزایش تعداد روزهای باز به طور مستقیم فاصله گوساله‌زایی نیز افزایش می‌یابد. با توجه به وضعیت مدیریت، در اکثر گله‌های گاو شیری کشور فاصله گوساله‌زایی به دلیل افزایش روزهای باز بالا می‌باشد. البته این افزایش روزهای باز می‌تواند به علت تصمیم مدیریتی باشد. در

این موارد دامدار تصمیم می‌گیرد که دام را به علل مختلف دیرتر تلقیح کرده و آبستن نماید. با این حال طغیانی پژوه و همکاران (۲۰۰۹) همبستگی ژنتیکی بسیار پایین ( $0.11$ ) و قیاسی و همکاران (۲۰۱۱) همبستگی ژنتیکی بسیار بالا ( $0.99$ ) را بین روزهای باز و فاصله گوساله‌زایی در گاوهای هلشتاین ایران گزارش نمودند. همبستگی ژنتیکی افزایشی بین تعداد تلقیح به ازای آبستنی و فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی، بالا و نزدیک به ۱ بود. معمولاً رکوردبرداری صفاتی مانند تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی بسیار پر هزینه و دشوارتر از صفتی مثل فاصله گوساله‌زایی می‌باشد، زیرا این صفت به سادگی و از طریق ثبت تاریخ‌های زایش قابل دستیابی می‌باشد.

Table 5- Direct additive genetic (upper triangle) and phenotypic (lower triangle) correlations by female fertility traits in Iranian Holstein cows

|     | OD     | CI     | GL     | PR     | IFL    | DFS    | NS     | AFC    | AFS    |
|-----|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| OD  |        | 0.415  | 0.087  | -0.389 | -0.092 | 0.195  | 0.533  | -0.253 | 0.012  |
| CI  | 0.851  |        | -0.348 | -0.236 | 0.663  | 0.497  | 0.680  | -0.035 | -0.252 |
| GL  | 0.154  | -0.498 |        | 0.606  | -0.197 | 0.284  | 0.266  | -0.559 | 0.211  |
| PR  | -0.798 | -0.771 | 0.849  |        | -0.151 | 0.382  | 0.318  | -0.427 | 0.212  |
| IFL | 0.693  | 0.677  | -0.477 | -0.607 |        | 0.326  | 0.829  | 0.078  | -0.117 |
| DFS | 0.331  | 0.543  | -0.367 | -0.289 | 0.006  |        | -0.005 | -0.007 | -0.170 |
| NS  | 0.649  | 0.592  | 0.407  | -0.464 | 0.774  | -0.217 |        | 0.129  | 0.031  |
| AFC | -0.289 | 0.103  | -0.202 | -0.668 | 0.323  | 0.369  | 0.272  |        | -0.350 |
| AFS | 0.029  | -0.342 | 0.391  | 0.372  | -0.275 | -0.224 | 0.074  | 0.499  |        |

همچنین همبستگی ژنتیکی بالایی ( $0.663$ ) بین فاصله گوساله‌زایی و فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی بدست آمد. با این حال، لازم به ذکر است که استفاده از فاصله گوساله‌زایی به جای فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی می‌تواند فاصله زایش را افزایش دهد، زیرا صفت فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی، قبل از صفت فاصله گوساله‌زایی ثبت می‌شود. چنین نتایجی را قیاسی و همکاران (۲۰۱۱) بر روی گاوهای هلشتاین ایران، گونزالز-ریسیو و آندا (۲۰۰۵)، بر روی گاوهای هلشتاین اسپانیا و همچنین

گردلر و همکاران (۲۰۰۷)، بر روی گاوهای اتریشی و آلمانی نیز گزارش نموده‌اند. همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی بین صفات تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی با فاصله گوساله‌زایی، زوهای باز و فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی مثبت بدست آمد (اقبال-سعید ۲۰۱۰ و قیاسی و همکاران ۲۰۱۱). گردلر و همکاران (۲۰۰۷)، همبستگی ژنتیکی افزایشی بین صفات تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی با فاصله گوساله‌زایی و روزهای باز را بین  $0.42$  تا  $0.22$  در گاوهای اتریشی گزارش کردند. همبستگی‌های فنوتیپی بین صفات در



گاوهای هلشتاین ایران باشد (ألوری و همکاران ۲۰۰۲؛ آقاجاری و همکاران ۲۰۱۵؛ انصاری-لاری و همکاران ۲۰۰۹؛ دلجو عیسی‌لو و پاشا اسکندری نسب، ۲۰۱۲). با این حال روند ژنتیکی و فنوتیپی مثبت مشاهده شده برای روزهای باز می‌تواند به دلیل تصمیم‌های مدیریتی در گله‌های گاو شیری باشد. البته تلقیح گاوها با استفاده از اسپرم‌هایی که برای روزهای باز وضعیت مناسبی دارند می‌تواند روزهای باز را در گله‌های گاو شیری کشور کاهش دهد. میانگین ارزش فنوتیپی برای صفات نرخ باروری گاو نر، سن در زمان اولین زایش، سن در زمان اولین تلقیح، طول دوره آبستنی، نرخ آبستنی، فاصله گوساله‌زایی، روزهای باز، فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی و روزهای بین زایش تا اولین تلقیح به ترتیب در محدوده ۰/۶۲- تا ۰/۶۶، ۷۸۱ تا ۷۸۸، ۵۰۳ تا ۵۰۷، ۲۷۷/۳ تا ۲۷۷/۵، ۲۶/۸ تا ۲۷/۸، ۴۰۶ تا ۴۱۰، ۱۲۴ تا ۱۲۸، ۱۷ تا ۲۰، ۱۰۴ تا ۱۰۸ بدست آمد. نتایج بدست آمده از میانگین ارزش‌های فنوتیپی در این مطالعه مشابه یافته‌های قیاسی و همکاران (۲۰۱۱)، رهبر و همکاران (۲۰۱۶) و فرجی آروق و همکاران (۲۰۱۱) بود.

محدوده ۰/۷۹۷۷- (بین نرخ آبستنی و روزهای باز) تا ۰/۸۵۰۷ (بین فاصله گوساله‌زایی و روزهای باز) بدست آمد. همبستگی فنوتیپی بین نرخ آبستنی با سایر صفات تولیدمثلی به غیر از سن در زمان اولین تلقیح و فاصله گوساله‌زایی، منفی بدست آمد. همچنین، همبستگی فنوتیپی بدست آمده بین روزهای باز با سایر صفات تولیدمثلی به غیر از نرخ آبستنی و سن در زمان اولین زایش، مثبت بدست آمد. این نتایج با مطالعات قیاسی و همکاران (۲۰۱۱)؛ طغیانی و همکاران (۲۰۱۲) و اقبال‌سعید (۲۰۱۱) مطابق بود.

میانگین ارزش اصلاحی و فنوتیپی صفات مختلف تولیدمثلی گاوهای ماده و نرخ باروری گاوهای نر هلشتاین در هر سال تولد در شکل‌های ۱، ۲ و ۳ نشان داده شده است. مقایسه روندهای ژنتیکی و فنوتیپی این صفات به بهبود ارزیابی ژنتیکی در آینده کمک می‌کند. میانگین ارزش اصلاحی برای نرخ باروری گاوهای نر، سن در زمان اولین زایش، سن در زمان اولین تلقیح، طول دوره آبستنی و نرخ آبستنی به ترتیب در بازه ۰/۳۱- تا ۰/۳۸، ۴/۱۴ تا ۳/۳۴، ۶/۷۰- تا ۵/۶۴، ۰/۴۳۵- تا ۰/۰۶۴- و ۲/۲۰- تا ۱/۹۳- بدست آمد. همچنین، برای صفات فاصله گوساله‌زایی، روزهای باز، فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی و روزهای بین زایش تا اولین تلقیح به ترتیب در محدوده ۹/۱۶ تا ۱۰/۷۳، ۸/۷۲ تا ۱۰/۱۵، ۳/۲۹ تا ۴/۲۱ و ۴/۳۴ تا ۵/۸۴ بدست آمد. صفات فاصله گوساله‌زایی، روزهای باز، فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی و فاصله بین زایش تا اولین تلقیح، روند ژنتیکی مثبتی را در تابعی از سال-های تولد (۷۰ تا ۹۶) نشان دادند. این نتایج مطابق با یافته‌های نیلفروشان و ادريس (۲۰۰۴)، آقاجاری و همکاران (۲۰۱۵)، شیرمرادی و همکاران (۲۰۱۰) و انصاری-لاری و همکاران (۲۰۰۹) بر روی گاوهای هلشتاین ایران بود.

روند ژنتیکی مثبت این صفات نشان داد که انتخاب برای کاهش فاصله آنها در گاوهای هلشتاین ایرانی انجام نشده است. یکی از مهمترین دلایل این امر می‌تواند تمرکز برنامه‌های اصلاح نژادی بر روی صفات تولیدی شیر در

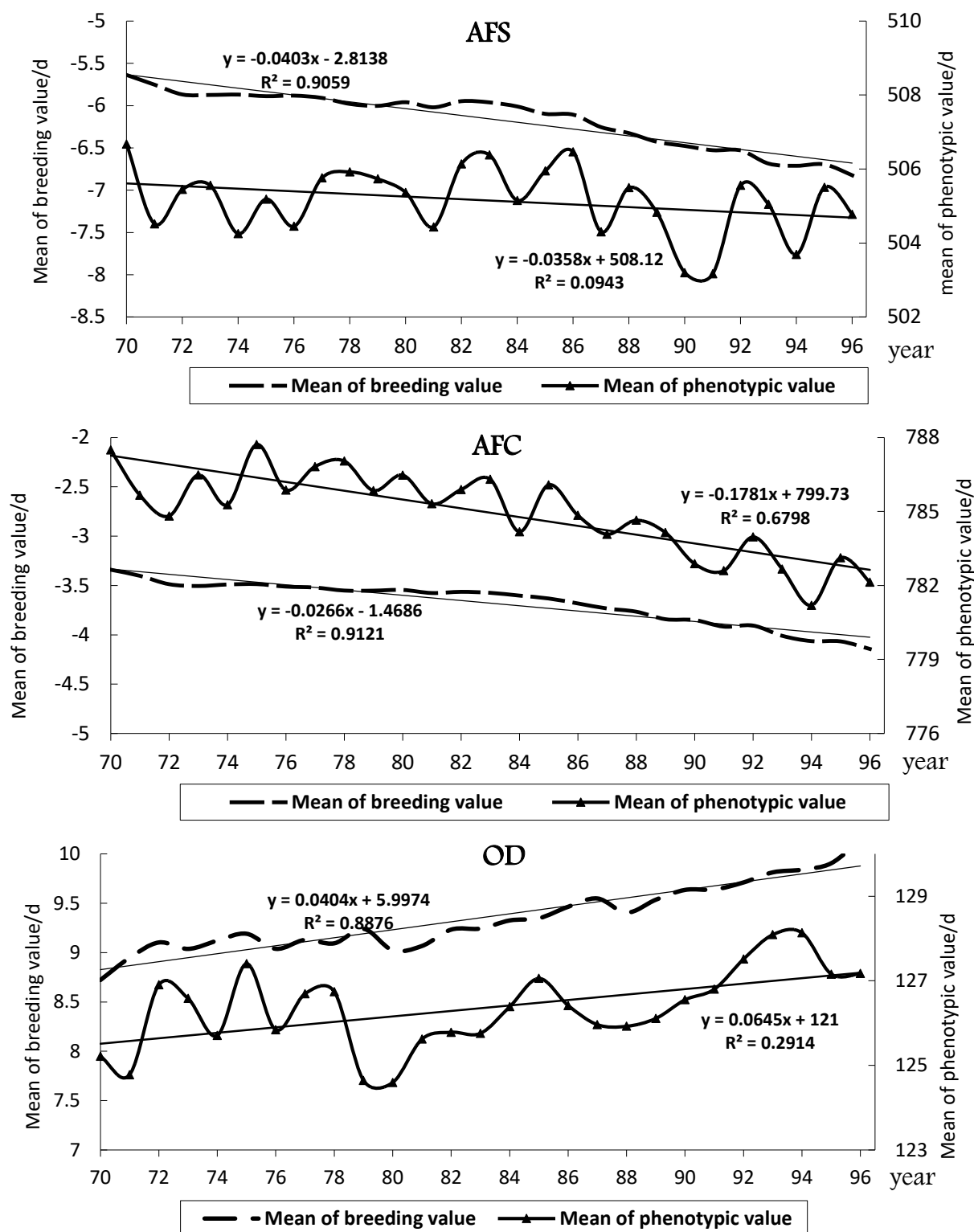


Figure 1- Means of breeding values and phenotypic of age at the first service (AFS), age at the first calving (AFC) and open days (OD) at years of birth.

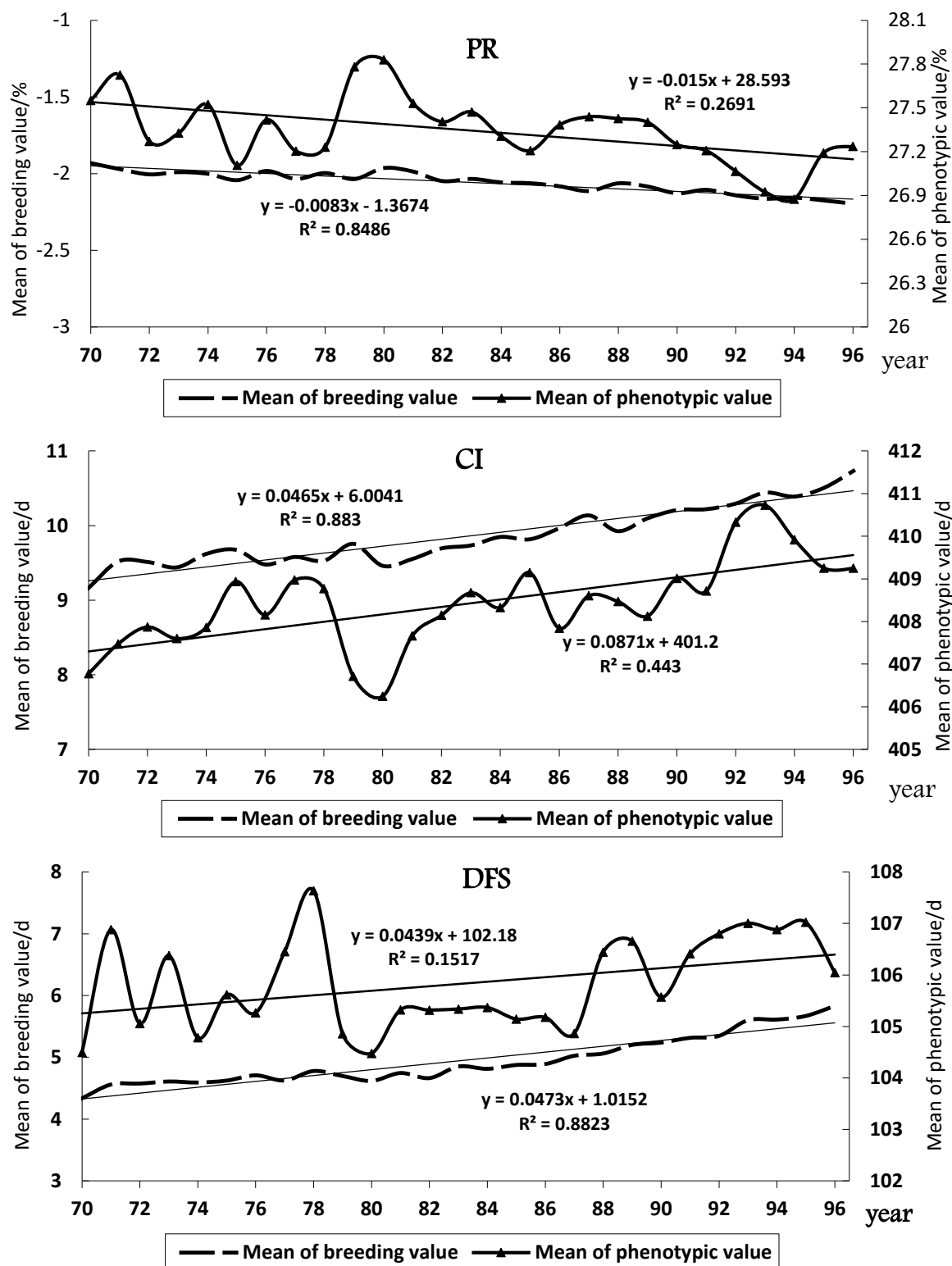


Figure 2- Means of breeding values and phenotypic of pregnancy rate (PR), calving interval (CI) and days from calving to the first service (DFS) at years of birth.

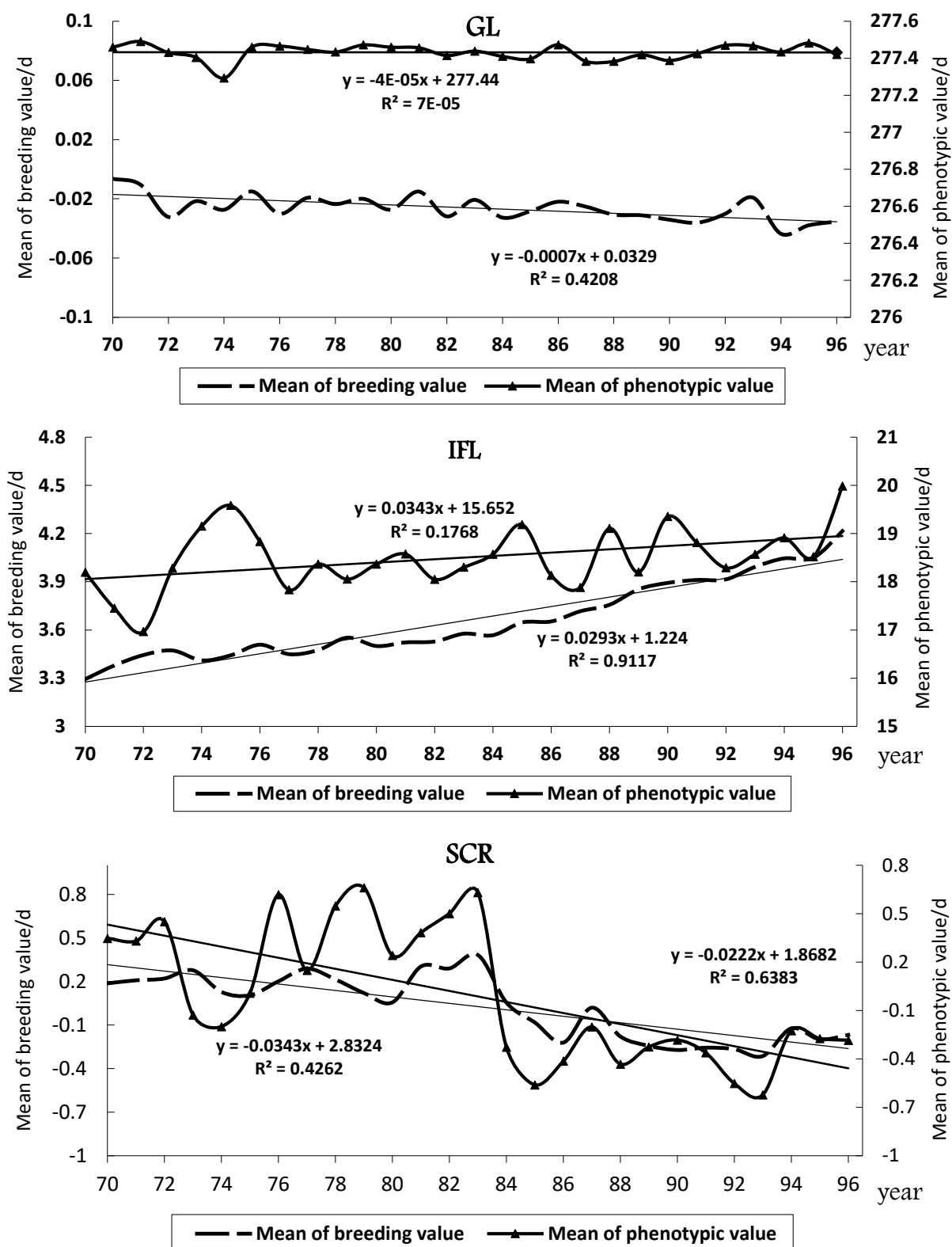


Figure 3- Means of breeding values and phenotypic of gestation length (GL), interval between the first and last insemination (IFL) and sire conception rate (SCR) at years of birth

مشاهده می‌شود به دلیل استفاده از اسپرم‌های خارجی است که در این اسپرم‌ها به صفات باروری نیز توجه ویژه‌ای شده است. همچنین روندهای فنوتیپی منفی برای صفات ذکر شده می‌تواند بدلیل بلوغ زودرس، روش‌های مناسب پرورش گوساله و یا انتخاب شدید برای عملکرد تولید شیر بالا باشد (هار و نورمن، ۲۰۰۶؛ گونزالز-ریسایو و همکاران ۲۰۰۴ و انصاری-لاری و همکاران ۲۰۰۹). در مطالعه‌ای که انصاری-لاری و همکاران (۲۰۰۹)، بر روی گاوهای هلشتاین فارس و جنوب ایران انجام دادند، روند فنوتیپی منفی را بین سال‌های ۱۳۷۹ تا ۱۳۸۴ برای صفت سن در زمان اولین زایش گزارش کردند.

ضرایب رگرسیون خطی مقادیر ارزش اصلاحی و فنوتیپی برای صفات تولیدمثلی به همراه ضرایب تعیین (%) در جدول ۶ گزارش شده است. صفاتی که روند ژنتیکی منفی نشان دادند عبارت بودند از: نرخ باروری گاو نر (۲/۲۲ - %)، سن در زمان اولین تلقیح (۴/۰۳ - روز/سال)، سن در زمان اولین زایش (۲/۶۶ - روز/سال)، طول دوره آبستنی (۰/۰۷ - روز/سال) و نرخ آبستنی (۰/۸۳ - روز/سال). صفاتی که روند فنوتیپی منفی نشان دادند عبارت بودند از: نرخ باروری گاو نر (۳/۴۹ - %)، سن در زمان اولین زایش (۱۷/۸۱ - روز/سال)، سن در زمان اولین تلقیح (۳/۵۸ - روز/سال)، طول دوره آبستنی (۰/۰۴ - روز/سال) و نرخ آبستنی (۱/۵۰ - روز/سال). این روندهای ژنتیکی منفی که در اغلب صفات تولیدمثلی

Table 6- Estimates of linear regression coefficients of breeding value and phenotypic ( $\times 100$ ) for fertility traits (year)

| Trait     | Direct genetic trend $\pm$ SE | (%) $R^2$ | Phenotypic trend $\pm$ SE       | (%) $R^2$ |
|-----------|-------------------------------|-----------|---------------------------------|-----------|
| SCR (%/y) | -2.22 $\pm$ 0.33**            | 63.83     | -3.49 $\pm$ 0.85**              | 41.15     |
| AFS (d/y) | -4.03 $\pm$ 0.26**            | 90.59     | -3.58 $\pm$ 2.22 <sup>ns</sup>  | 9.43      |
| AFC (d/y) | -2.66 $\pm$ 0.16**            | 91.21     | -17.81 $\pm$ 2.45**             | 67.98     |
| CI (d/y)  | 4.65 $\pm$ 0.34**             | 88.30     | 8.71 $\pm$ 1.95**               | 44.30     |
| GL (d/y)  | -0.07 $\pm$ 0.02**            | 42.08     | -0.004 $\pm$ 0.01 <sup>ns</sup> | 0.03      |
| OD (d/y)  | 4.04 $\pm$ 0.28**             | 88.76     | 6.45 $\pm$ 2.01**               | 29.14     |
| PR (%/y)  | -0.83 $\pm$ 0.07**            | 84.86     | -1.50 $\pm$ 0.49**              | 26.91     |
| IFL (d/y) | 2.93 $\pm$ 0.18**             | 91.17     | 3.43 $\pm$ 0.15*                | 17.68     |
| DFS (d/y) | 4.73 $\pm$ 0.35**             | 88.23     | 4.39 $\pm$ 2.07*                | 15.17     |

\*:  $P < 0.05$ , \*\*:  $P < 0.01$ , (d/y): (day/year), ns: Not significant ( $P > 0.05$ ),  $R^2$ : R-Square, SE: Standard error.

نسب (۲۰۱۲) و آقاجاری و همکاران (۲۰۱۵) بود.

### نتیجه‌گیری کلی

پارامترهای ژنتیکی برای صفات مختلف تولیدمثلی در تلیسه‌ها و گاوها و همچنین برای باروری گاوهای نر برآورد شد. نتایج حاصل از این مطالعه نشان داد که صفات باروری پیچیده می‌باشند و باید در شاخص انتخاب برای اهداف انتخاب در نظر گرفته شوند. با توجه به اطلاعات موجود از باروری گاوهای نر پیش‌بینی ژنتیکی از گاوهای نر می‌تواند اثر مثبتی بر صنعت دامپروری داشته باشد. به عنوان مثال، حذف زودهنگام گوساله‌های نر با باروری پائین امکان پذیر می‌شود.

صفات فاصله گوساله‌زایی، روزهای باز، فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح منجر به آبستنی و روزهای بین زایش تا اولین تلقیح به ترتیب با ۸/۷۱، ۶/۴۵، ۳/۴۳ و ۴/۳۹ مقدار، روند فنوتیپی مثبتی (روز/سال) را در طی سال‌های ۷۰ تا ۹۶ نشان دادند (جدول ۵). این نتایج مطابق نتایج بدست آمده برای گاوهای هلشتاین ایران بوسیله فرجی آروق و همکاران (۲۰۱۱)؛ انصاری-لاری و همکاران (۲۰۱۰)؛ آقاجاری و همکاران (۲۰۱۵) بود. با توجه به نتایج بدست آمده می‌توان نتیجه گرفت که روند فنوتیپی مثبت (نامطلوب) برای صفات تولیدمثلی به دلیل اثرات محیطی بویژه نقص مدیریتی شکل گرفته است. این نتایج مطابق با یافته‌های دلجو عیسی‌لو و پاشا اسکندری

روندهای ژنتیکی منفی در صفات تولیدمثلی گاوهای ماده  
به دلیل استفاده از اسپرم‌های خارجی است. حال آن‌که  
روندهای فنوتیپی مثبت و نامطلوب برای این صفات به  
دلیل اثرات محیطی بویژه مدیریت می‌باشد که باعث می-  
شود دام نتواند عملکرد مناسبی از خود نشان دهد.

#### منابع مورد استفاده

- Aliloo H, Pryce JE, Oscar Gonzalez-Recio O, Cocks B and Hayes B, 2015. Validation of markers with non-additive effects on milk yield and fertility in Holstein and Jersey cows. *BMC Genetics* 16:77–89.
- Ansari-Lari M, Kafi M, Sokhtanlo M, Nategh Ahmadi MH, 2010. Reproductive performance of Holstein dairy cows in Iran. *Tropical Animal Health Production* 42: 1277–1283.
- 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 Production* 41: 1283–1288.
- Barbat A, Bonaiti B, Guillaume F, Druet T, Colleau JJ and Boichard D, 2005. Overview of phenotypic fertility results after artificial insemination in the three main French dairy cattle breeds. *Rencontre Recherche Ruminants* 12: 137–140.
- Biffani S, Marusi M, Biscarini F and Canadesi F, 2005. Developing a Genetic Evaluation for fertility using angularity and milk yield as correlated traits. *INTERBULL Bulletins* 33: 63–66.
- Deljoo-Isaloo H A and Pasha-Eskandari-Nasab M, 2012. The estimation genetic and environmental parameters and genetic and phenotype and genetic trend for reproduction traits of Holstein cattle was Khoramdare culture technology. *Journal of Animal Science* 92: 52–58.
- Eghbalsaied S, 2011. Estimation of genetic parameters for 13 female fertility indices in Holstein dairy cows. *Tropical Animal Health Production* 43: 811–816.
- Faraji-Arough H, Aslaminjad AA and Farhangfar H, 2011. Estimation of genetic parameter and trends for age at first calving and calving interval in Iranian Holstein cattle. *Journal of Research in Agricultural* 7: 79–87.
- Fatehi J and Schaeffer LR, 2003. Data management for the fertility project. Report to the Technical Committee of the Canadian Genetic Evaluation. <http://cgil.uoguelph.ca/dcbgc/Agenda0303/FatehiReport.pdf>
- Fiedlerova M, Rehak D, Vacek M, Volek J, Fiedler J, Simecek P, Masata O and Jilek F, 2008. Analysis of non-genetic factors affecting calving difficulty in the Czech Holstein population. *Czech Journal of Animal Science* 53: 284–291.
- 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: 277–280.
- González-Recio O and Alenda R, 2005. Genetic parameters for female fertility traits and a fertility index in Spanish dairy cattle. *Journal of Dairy Science* 88: 3282–3289.
- Gredler B, Fürst C and Sölkner J, 2007. Analysis of new fertility traits for the joint genetic evaluation in Austria and Germany. *Interbull Bulletin* 37: 152–155.
- Hammami H, Rekik B, Soyeurt H, Ben Gara A and Gengler N, 2008. Genetic Parameters for Tunisian Holsteins Using a Test-Day Random Regression Model. *Journal Dairy Science* 91: 2118–2126.
- Hare E and Norman H D, 2006. Trends in calving ages and calving intervals for dairy cattle breeds in the United States. *Journal of Dairy Science* 89: 365–370.
- Jamrozik J, Fatehi J, Kistemaker GJ, Schaeffer LR, 2005. Estimates of genetic parameters for Canadian Holstein female reproduction traits. *Journal of Dairy Science* 88: 2199–2208.
- Kadermideen HN, 2004. Genetic correlations among body condition score, somatic cell score, milk production, fertility and conformation traits in dairy cows. *Animal Science* 79: 191–201.
- Kuhn M, Hutchison J and Norman H, 2008. Modeling nuisance variables for prediction of service sire fertility. *Journal of Dairy Science* 91: 2823–35.
- Miglior F, Muir BL and Van Doormaal BJ, 2005. Selection indices in Holstein cattle of various countries. *Journal of Dairy Science* 88: 1255–1263.

- Misztal I, Tsuruta S, Strabel T, Auvray B, Druet T, Lee DH, 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90), Proc, 7th WCGALPP, Montpellier, France. CD-ROM Communication 28: 07.
- Mohammadi A, Alijani S and Daghighkia H, 2014. Comparison of different polynomial functions in random regression model for milk production traits of Iranian Holstein dairy Cattle. *Annals of Animal Science* 14: 55–68.
- Mohammadi A, Alijani S, Rafat SA and Abdollahi-Arpanahi R, 2020. Genome-wide association study and pathway analysis for female fertility traits in Iranian Holstein cattle. *Annals of Animal Science* 20(3): 825–851.
- Mohammadi A, Alijani S, Rafat SA and Taghizadeh A, 2013. Comparison of fitting performance of random regression animal and sire models for yield traits of Iranian Holstein dairy cattle. *Journal of Animal Science Researches*. 4: 160–178. [persian]
- Nilforooshan M and Edris MA, 2004. Effect of age at first calving on some productive and longevity traits in Iranian Holstein of the Isfahan province. *Journal of Dairy Science* 87: 2130–2135.
- Olori VE, Meuwissen THE and Veerkamp R F, 2002. Calving interval and survival breeding values as measure of cow fertility in a pasture - based production system with seasonal calving. *Journal of Dairy Science* 85: 689–696.
- Olsen HG, Hayes BJ, Kent MP, Nome T, Svendsen M, Larsgard AG and Lien S, 2011. Genome-wide association mapping in Norwegian Red cattle identifies quantitative trait loci for fertility and milk production on BTA12. *Animal Genetics* 42: 466–74.
- Penagaricano F, Weigel KA and Khatib H, 2012. Genome-wide association study identifies candidate markers for bull fertility in Holstein dairy cattle. *Animal Genetics* 43: 65–71.
- Pryce JE, Haile-Mariam M, Verbyla K, Bowman PJ, Goddard ME and Hayes BJ, 2010. Genetic markers for lactation persistency in primiparous Australian dairy cows. *Journal of Dairy Science* 93: 2202–2214.
- Rahbar R, Aminafshar M, Abdollahpour R and Chamani M, 2016. Genetic analysis of fertility traits of Holstein dairy cattle in warm and temperate climate. *Acta Scientiarum Animal Sciences* 38: 333–340.
- Rezende FM, Dietsch GO and Penagaricano F, 2018. Genetic dissection of bull fertility in US Jersey dairy cattle. *Animal Genetics* 49: 393–402.
- Royal MD, Flint APF and Woolliams JA, 2002. Genetic and phenotypic relationships among endocrine and traditional fertility traits and production traits in Holstein-Friesian dairy cows. *Journal of Dairy Science* 85: 958–967.
- Sahana G, Gulbrandsen B and Lund MS, 2011. Genome-wide association study for calving traits in Danish and Swedish Holstein cattle. *Journal of Dairy Science* 94: 479–486.
- Seyed Sharifi R, Karari Niri K, Hedayat-Evrigh N, Seifdavati J and Bohlouli M, 2017. Genetic evaluation of some type, production, reproduction and survival traits in Holstein cows in Isfahan province. *Journal of Animal Environmental Research* 3: 17–26.
- Shirmoradi Z, Salehi AR, Pahlavan R and Mollasalehi MR, 2010. Genetic parameters and trend of production and reproduction traits in Iranian Holstein cattle. *Journal of Animal Production* 12: 21–28. [Persian]
- Shook GE, 2006. Major advances in determining appropriate selection goals. *Journal of Dairy Science* 89:1349–1361.
- Toghiani Pozveh S, Shadparvar AA, Moradi Shahrababak 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.
- Toghiani S, 2012. Genetic relationships between production traits and reproductive performance in Holstein dairy cows. *Archiv Tierzucht* 5: 458–468.
- VanRaden PM, Sanders AH, Tooker ME, Miller RH, Norman HD, Kuhn MT and Wiggans GR, 2004. Development of a national genetic evaluation for cow fertility. *Journal of Dairy Science* 87: 2285–2292.
- Walsh SW, Williams EJ and Evans ACO, 2011. A review of the causes of poor fertility in high milk producing dairy cows. *Animal Reproduction Science* 123: 127–138.

## Estimation of genetic and phenotypic parameters and trends of female fertility traits of cows and sire conception rate in Iranian Holstein

A Mohammadi<sup>1</sup>, S Alijani<sup>2\*</sup>, SA Rafat<sup>3</sup> and R Abdollahi-Arpanahi<sup>4</sup>

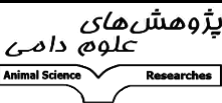
Received: March 26, 2019 Accepted: February 11, 2020

<sup>1</sup>PhD, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Iran

<sup>2</sup>Associate Professor and Professor, respectively, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Iran

<sup>3</sup>Assistant Professor, Department of Animal and Dairy Science, University of Georgia, USA

\*Corresponding author: Email: Sad-ali@tabrizu.ac.ir

|                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |                                                                                                                                                       |                                                                                     |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------|
|  <p>پژوهش‌های علوم دامی<br/>Animal Science Researches</p>                                                                                                                                                               | <p>Journal of Animal Science/vol.30 No.3/ 2020/pp 37-53<br/><a href="https://animalscience.tabrizu.ac.ir">https://animalscience.tabrizu.ac.ir</a></p> |  |
| <p>© 2009 Copyright by Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran<br/>This is an open access article under the CC BY NC license (<a href="https://creativecommons.org/licenses/by-nc/2.0/">https://creativecommons.org/licenses/by-nc/2.0/</a>)<br/>DOI: 10.22034/AS.2021.32288.1490</p> |                                                                                                                                                       |                                                                                     |

**Introduction:** Fertility is considered an important economic trait in cattle, yet despite its importance, reproductive efficiency of dairy cattle has decreased dramatically in the past decades and is of increasing concern to farmers and the dairy industry (Ghiasi et al. 2011; Pryce et al. 2010). Nowadays, the decline in the reproductive efficiency of dairy cattle has become a challenging problem worldwide. As shown in numerous studies, genetic response for fertility traits is expected to be small due to their low heritabilities. In the past decades, many have focused on milk production in selection programs worldwide, which has resulted in reduced female fertility due to the antagonistic genetic relationship between the milk production and the fertility (Pryce et al. 2010; Togiani 2012). Therefore, it is necessary to include fertility traits in the breeding programs for improving fertility or stopping its downward genetic trend (Penagaricano et al. 2012). It is well documented that bull fertility is influenced by genetic factors (Mohammadi et al., 2020). Semen production traits, such as volume and sperm concentration, were found to have moderate heritabilities (from 0.15 to 0.30); whereas some of the semen quality traits (such as motility and percentage of abnormal sperm) had moderate to high heritabilities (close to 0.60), (Rezende et al. 2018). The objective of this study was to assess genetic parameters for fertility traits in Holstein dairy cows and sire conception rate (SCR), a new phenotypic evaluation of bull fertility.

**Materials and method:** Data used in this study were provided by National Animal Breeding center and promotion of Animal Products of Iran (heifers and cows of 1 to 3 parity from 1992 to 2018) and Council of Dairy Cattle Breeding (sire conception rate (SCR) from 2008 to 2018, a phenotypic evaluation of bull fertility). Traits included: sire conception rate (SCR), age at the first service (AFS), age at the first calving (AFC), open days (OD), calving interval (CI), gestation length (GL), pregnancy rate (PR), interval between the first and last insemination (IFL), days from calving to the first service (DFS) and number of services per conception (NS). Edited data included the following: SCR between 7.6 % to -16 %, AFS between 320 and 900 days, AFC between 630 to 1350 days, CI between 300 and 700 days, IFL less than 290, GL between 260 and 290 days, DFS between 20 and 300 days, OD between 40 and 350 days, PR between -28 and 55 and NS between 1 and 10. Subsequently, the multi-variate animal model analysis was carried out in order to estimate the direct additive genetic and phenotypic correlations between fertility traits. Genetic parameters were estimated using animal model in REML methodology (REMLF90 program).

**Results and discussion:** According to our findings, heritability estimates for all fertility traits were



low. Minimum heritability was estimated for IFL trait by heifers (0.002) and maximum amount for SCR trait was 0.303. Heritability estimations for other fertility traits were 0.033, 0.005, 0.052, 0.048, 0.085, 0.108, 0.095, 0.059, 0.031, 0.025, 0.023, 0.017, 0.018, 0.013, 0.009, 0.013, 0.032, 0.028, and 0.018 for AFS, AFC, CI, OD, PR, GL<sub>H</sub>, GL, DFS<sub>1</sub>, DFS<sub>2</sub>, DFS<sub>3</sub>, IFL<sub>1</sub>, IFL<sub>2</sub>, IFL<sub>3</sub>, IFL<sub>123</sub>, NS<sub>H</sub>, NS<sub>1</sub>, NS<sub>2</sub> and NS<sub>3</sub>, respectively. These estimates are in agreement with the results obtained by Ghiasi et al. (2011) and Rahbar et al. (2016) in Holstein cows. Heritability estimates obtained in this study were larger than those obtained by Toghiani Pozveh et al. (2009) for CI, DFS and OD in the previous study of Iranian Holsteins. The heritability estimates obtained for interval traits (OD, CI, and GL) were higher than those obtained for categorical (NS) or binary traits. However, interval traits may be affected by management decisions such as the length of the voluntary waiting period or estrus synchronization applied in some farms (Ghiasi et al. 2011). In general, negative, and moderate additive genetic and phenotypic correlations estimates were obtained between fertility traits. Estimated additive genetic correlations ranged from -0.56 (between GL and AFC) to 0.83 (between IFL and NS). However, estimated phenotypic correlations ranged from -0.80 (between PR and OD) to 0.85 (between GL and OD). The first one is formed by the traits that measure overall fertility of the cow (i.e., CI, OD and PR) which can be obtained directly from calving dates. In particular, OD and PR showed additive genetic (-0.39) and phenotypic (-0.80) correlation estimates indicating that the two traits, as expected, are genetically the same because PR is a linear function of OD. The same results were found by VanRaden et al. (2004) and Ghiasi et al. (2011) in Holstein cattle. The mean breeding values were estimated -0.31 to 0.38, -4.14 to -3.34, -6.70 to -5.64, -0.0435 to -0.0064, -2.20 to -1.93, 9.16 to 10.73, 8.72 to 10.15, 3.29 to 4.21 and 4.34 to 5.84 for SCR, AFC, AFS, GL, PR, CI, OD, IFL DFS, respectively. However, the mean phenotypic values were positive, except for SCR (ranging from -0.62 to 0.66). These results were in agreement with reported results of Aghajari et al. (2015); Ansari-Lari et al. (2009), and Shirmoradi et al. (2010). Negative genetic trend was estimated for SCR (-2.22), AFS (-4.02 %), AFC (-2.66 %), GL (-0.07), and PR (-0.83) traits. Subsequently, for CI, OD, IFL and DFS traits, positive phenotypic trends were observed. These estimated genetic and phenotypic trend agreed with other reports (Faraji-Arough et al. 2011; Rahbar et al. 2016).

**Conclusion:** Genetic parameters (heritabilities and genetic correlations) have been estimated for fertility traits in heifers and cows as well as fertility of bulls. The results of this study indicate that to date breeding programs have paid little attention to reproductive traits in Iranian Holstein cows; therefore, it is recommended to focus more on these traits to improve the performance of Holstein cows. Our results suggest that the genetic prediction of dairy bull fertility is feasible. This could have a positive effect on the dairy industry (e.g, early culling of bull calves with very low SCR predictions).

**Keywords:** Fertility traits, Genetic trend, Heritability, Sire conception rate