



Genetic evaluation of the number of services per conception with and without censored data in Iranian dairy cows

M. Atapour¹, M. Razmkabir^{2*}, M. Mokhtari³

1. Former MSc Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

2. Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

3. Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Jiroft, Jiroft, Iran

(Received: 09-06-2022 – Accepted: 05-11-2022)

Introduction: The profitability of dairy cattle herds mainly depends on the reproductive performance of cows. Because reproductive performance is effective on the amount of daily milk and calf production per cow, increasing the number of inseminations per conception, lengthening the calving interval in the herd, and causing the voluntary (due to the age of the animal) and involuntary (due to illness or fertility disorders) elimination. For evaluating fertility traits, we sometimes come across domains whose records were incomplete at the time, out of range, or delayed. These records are called censored records. The typical way to deal with such records is to delete them from the data set. However, this reduces the information available for genetic evaluation and may affect trait variance by masking actual genetic differences between animals. Another way is to use appropriate statistical methods to place censored records in genetic evaluations. The use of censored records in genetic evaluations yields more reliable genetic parameters, and it can increase the estimation accuracy of breeding values giving the support that the breeding value estimation is close to the true breeding value. The present study aimed to investigate the role of censored records in the estimation of genetic parameters of the number of inseminations per conception in Iranian dairy cows.

Materials and methods: The dataset included 29621 records collected from 2005 to 2019 by the Vahdat Cooperative of Isfahan in Iran. FoxPro software (version 9.0) was used to edit and prepare data, remove incorrect records and create contemporary groups. Five animal models, including Threshold Model (TM), Penalty Model (PM), Modified Penalty Model (MPM), Threshold-Threshold Model (TTM), and Modified Threshold-Threshold Model (MTTM), were used for the genetic evaluation of this trait. The predictive ability of the models was assessed using cross-validation. Also, a simulation study was performed to determine the appropriate model.

Results and discussion: The estimated heritability using different models was 0.3 (0.013), 0.07 (0.013), 0.07 (0.013), 0.3 (0.13), and 0.4 (0.012) for TM, PM, TTM, MPM, and MTTM, respectively. The highest correlation of breeding values for all animals was between MPM and TM (0.98). The same result was obtained for the best sire (sire with at least 20 daughters). The high correlation shows that these models work similarly in selecting the best sires. The low correlation between models indicates that the models rank sires differently. Therefore, the choice of model can affect the ranking of males. The top 10 sires showed less correlation between models than the active sires. When the number of males decreases, the selection becomes more strict. The prediction accuracy in models with censored records is higher than in models without censored records because the use of models that include censored records is due to the increased information about the trait, and the absence of bias due to deleting records improves the accuracy of estimating breeding values. Consequently, if the censoring status is not taken into account, animals with superior breeding values may be biased. The low ratio of common superior animals in different percentages between models showed that these two models rank the animals differently. Still, the high proportion of common superior animals indicates the similarity of the two models in choosing the best animals. So, model selection can be effective in ranking superior animals because when the censored record is used, the

* Corresponding author: m.razmkabir@uok.ac.ir



information is increased and the situation would be closer to reality. The cross-validation showed that the accuracy of the breeding value prediction by different models was higher in models with censored records than in models without censored records. The results of the simulation study showed that the models with censored records provided better genetic parameter estimates. TTM has been able to estimate expected heritability better than other models. The percentage of top animals in common between the top 10 and the top one percent of simulated animals with different models showed that the ability of the TTM model to select real top animals is more than other models, which shows that this model has identified top animals better.

Conclusions: The results of the present study showed that the censored records are important for estimating the genetic parameters of the number of inseminations per conception in Iranian dairy cows and ignoring those led to a biased estimation of the parameters. Data simulations also showed that using censored records provided more realistic genetic parameter estimates.

Keywords: Censored data, Genetic Parameters, Predictive ability, Reproductive performance, Threshold model

How to cite this article:

Atapour M., Razmkabir M. and Mokhtari M. 2022. Genetic evaluation of the number of services per conception with and without censored data in Iranian dairy cows. *Animal Production Research*, 11(4): 37-46. doi: 10.22124/AR.2023.22447.1711



ارزیابی ژنتیکی تعداد تلقیح منجر به آبستنی در گاوهای شیری ایران با و بدون استفاده از داده‌های سانسور شده

مرضیه عطاپور^۱، محمد رزم کبیر^{۲*}، مرتضی مختاری^۳

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان

۲- دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان

۳- دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جیرفت

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۳/۱۹ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۸/۱۴)

چکیده

هدف از پژوهش حاضر، بررسی نقش رکوردهای سانسور شده بر تخمین فراسنجه‌های ژنتیکی برای صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی در گاوهای شیری ایران بود. داده‌های مورد استفاده در این پژوهش شامل ۲۹۶۲۱ رکورد زایش اول مربوط به هشت گله بودند که طی سال‌های ۱۳۸۳ تا ۱۳۹۶، به وسیله شرکت تعاونی وحدت اصفهان جمع‌آوری شده بود. برای ارزیابی ژنتیکی این صفت از پنج مدل شامل: مدل آستانه‌ای، مدل پنالتی، مدل پنالتی اصلاح شده، مدل خطی-آستانه‌ای و مدل خطی-آستانه‌ای اصلاح شده استفاده و قدرت پیش‌بینی مدل‌ها با استفاده از اعتبارسنجی متقابل مقایسه شد. همچنین، یک مطالعه شبیه‌سازی برای تعیین مدل مناسب انجام گرفت. وراثت‌پذیری حاصل با استفاده از مدل‌های مختلف از ۰/۰۳ تا ۰/۰۷ متغیر بود. نسبت حیوانات برتر مشترک در صدک‌های مختلف بین مدل‌ها نشان داد که نوع مدل می‌تواند در رتبه‌بندی حیوانات برتر اثرگذار باشد. صحت پیش‌بینی ارزش اصلاحی با مدل‌های مختلف، در مدل‌هایی که دارای رکوردهای سانسور شده بودند، بیشتر از مدل بدون رکوردهای سانسور شده بود. نتایج شبیه‌سازی نشان داد که مدل‌های دارای رکورد سانسور شده، برآورد صحیح‌تری از فراسنجه‌های ژنتیکی ارائه می‌دهند. از این رو، استفاده از رکوردهای سانسور شده در ارزیابی ژنتیکی صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی در گاوهای زایش اول هله‌تاین ایران ضروری است.

واژه‌های کلیدی: داده‌های سانسور شده، فراسنجه‌های ژنتیکی، قابلیت پیش‌بینی، عملکرد تولیدمثلی، مدل آستانه‌ای

* نویسنده مسئول: m.razmkabir@uok.ac.ir

مقدمه

۰/۶۸ برآورد شد. همچنین، گزارش شد که با در نظر گرفتن داده‌های سانسور شده، صحت ارزیابی تعداد تلقیح منجر به آبستنی افزایش می‌یابد، در حالی که اثر اندکی بر فراسنجه‌های ژنتیکی روزهای باز داشت (Chang *et al.*, 2006). پژوهشی دیگر که روی سن نخستین زایش گاوهای برزیلی با استفاده از مدل‌های مختلف انجام شد نشان داد که حذف داده‌های خارج از محدوده، بر برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی و رتبه‌بندی نرها اثر قابل توجهی دارد. همچنین، مدل‌هایی که رکوردهای سانسور شده در آن‌ها حذف شده بود، از نظر مقایسه با سایر مدل‌ها، بدترین رتبه‌بندی‌ها را داشتند (Malhado *et al.*, 2013).

با توجه به اینکه تاکنون پژوهشی در زمینه استفاده از مدل‌های سانسور شده برای ارزیابی ژنتیکی صفات باروری گاوهای شیری ایران گزارش نشده است، هدف از پژوهش کنونی، ارزیابی ژنتیکی صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی با و بدون استفاده از داده‌های سانسور شده و بررسی اثر وضعیت سانسور بر برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی این صفت در گاوهای شیری ایران بود.

مواد و روش‌ها

داده‌ها: برای ارزیابی ژنتیکی صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی گاوهای شیری با استفاده از مدل‌های مختلف و بررسی میزان همبستگی بین آن‌ها، از داده‌های جمع‌آوری شده به وسیله شرکت تعاونی وحدت اصفهان استفاده شد که شامل ۲۸۱۷۷۲ رکورد زایش هشت گله مربوط به سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۷ بودند. فایل شجره نیز از شجره کل گاوهای هلشتاین ایران موجود در شرکت تعاونی وحدت اصفهان تهیه شد. اطلاعات مربوط به شجره در جدول ۱ ارائه شده است. به منظور ویرایش داده‌ها و آماده‌سازی آن‌ها، حذف رکوردهای مشکوک و نادرست، کدگذاری و ایجاد فصل و گروه‌های هم‌عصر، از نرم‌افزار FoxPro (نسخه

سودآوری گله‌های گاو شیری عمدتاً به عملکرد تولیدمثلی گاو متکی است، زیرا عملکرد تولیدمثلی بر میزان تولید شیر روزانه و تعداد گوساله به ازای هر گاو، به علت افزایش تعداد تلقیح منجر به آبستنی، طولانی شدن فاصله گوساله‌زایی در گله و حذف ارادی (ناشی از سن دام) و اجباری (ناشی از بیماری و یا اختلالات باروری) اثرگذار است (Bahri *et al.*, 2012; Keshavarzi *et al.*, 2020).

در ارزیابی صفات باروری گاهی دام‌هایی وجود دارند که رکوردهای آن‌ها در آن زمان، کامل نشده است و یا رکوردهای آن‌ها خارج از محدوده مورد مطالعه هستند یا این که در ثبت رکورد تأخیر صورت گرفته است، که این نوع رکوردها را رکوردهای سانسور شده می‌نامند (Hou *et al.*, 2009). ساده‌ترین راه در مواجهه با این نوع رکوردها، حذف آن‌ها است. اما این عمل سبب کم شدن اطلاعات برای ارزیابی ژنتیکی می‌شود و ممکن است با پوشاندن تفاوت‌های ژنتیکی واقعی بین حیوانات، واریانس صفت را تحت تأثیر قرار دهد. گزینه دیگر، استفاده از روش‌های آماری مناسب برای قرار دادن رکوردهای سانسور شده در ارزیابی‌های ژنتیکی است (Lázaro *et al.*, 2019). استفاده از رکوردهای سانسور شده در ارزیابی‌های ژنتیکی، فراسنجه‌های ژنتیکی قابل اطمینان‌تری را بدر اختیار قرار داده و موجب پیش‌بینی ارزش اصلاحی ناریب می‌شود (Costa *et al.*, 2019).

تعداد تلقیح منجر به آبستنی یکی از صفات مهم در بیان وضعیت عملکرد تولیدمثل در گله و از جمله صفات مهم باروری از نظر اقتصادی است (Nishida *et al.*, 2006). در پژوهش‌های مختلفی برای ارزیابی ژنتیکی صفات باروری، از رکوردهای سانسور شده استفاده شده است. در یک مطالعه، با استفاده از مدل خطی-آستانه‌ای سانسور شده، همبستگی ژنتیکی و باقی‌مانده بین تعداد تلقیح منجر به آبستنی و روزهای باز در گاوهای نروژی به ترتیب ۰/۷۷ و

جدول ۱- ساختار شجره مورد استفاده در این مطالعه

Table 1. Pedigree structure used in this study

Item	Number
Total population	121856
Inbred animals	90085
Number of sires	3267
Number of dams	70213
Average family size	2.03

افزایشی حیوان k ام، و e_{ijkl} = اثر تصادفی باقی مانده هستند.

۲- *مدل پنالتی یا مدل جریمه (Penalty Model (PM):* در این روش از مدل آستانه‌ای استفاده می‌شود، اما رکوردهای سانسور شده حذف نمی‌شوند، بلکه به بالاترین حد هر گروه، پنالتی اضافه شده و به جای رکوردهای سانسور شده قرار می‌گیرد. در صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی، پنالتی برابر با یک است یعنی فرض بر این است که اگر یک بار دیگر دام تلقیح شود، آبستن خواهد شد (Donoghue et al., 2004). مدل ماتریسی این روش نیز همانند مدل آستانه‌ای است، با این تفاوت که در اینجا هم رکوردهای سانسور نشده و هم رکوردهای سانسور شده برای صفت وجود دارند.

۳- *مدل پنالتی اصلاح شده (Modified Penalty Model (MPM):* این مدل نیز همانند مدل پنالتی شامل داده‌های سانسور شده و سانسور نشده است، ولی در این مدل، میانگین هر گروه به علاوه پنالتی به جای داده‌های سانسور شده قرار می‌گیرد (Costa et al., 2019). مدل ماتریسی برای این روش همانند مدل آستانه‌ای است.

۴- *مدل آستانه‌ای-آستانه‌ای (Threshold-Threshold Model (TTM):* این مدل بر اساس یک مدل دومتغیره است که شامل یک مدل برای صفت آستانه‌ای (تعداد تلقیح منجر به آبستنی) و یک مدل برای یک صفت دوتایی (مربوط به وضعیت سانسور شامل کد صفر برای رکوردهای سانسور نشده و کد یک برای رکوردهای سانسور شده) است. استفاده از وضعیت آستانه می‌تواند طبقه‌بندی بهتری از اطلاعات را ارائه دهد و در نتیجه موجب صحت بیشتر شود. در اینجا نیز رکوردهای سانسور شده، با حد بالای گروهی که به آن متعلق هستند به اضافه پنالتی، جایگزین می‌شوند. مدل ماتریسی این روش به صورت زیر است (Lázaro et al., 2019):

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_y & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b}_y \\ \mathbf{b}_1 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_y & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_y \\ \mathbf{a}_1 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_y \\ \mathbf{e}_1 \end{bmatrix}$$

که در آن، \mathbf{y} = بردار مشاهدات مربوط به صفت در مقیاس پشت صحنه‌ای و $\mathbf{1}$ بردار مربوط به وضعیت سانسور است که به صورت ۰ برای رکوردهای سانسور نشده و ۱ برای رکوردهای سانسور شده است. X_y و X_1 به ترتیب ماتریس‌های طرح مرتبط‌کننده آثار ثابت و Z_y و Z_1 ماتریس‌های طرح مرتبط‌کننده آثار تصادفی به بردارهای

استفاده شد (Visual FoxPro9.0, 2006). پس از ویرایش، ۲۹۶۲۱ رکورد مربوط به زایش اول سال‌های ۸۳ تا ۹۶ انتخاب شد و رکوردهای سایر سال‌ها به دلیل کم بودن اطلاعات مورد نیاز، حذف شد. برای ایجاد گروه‌های هم‌عصر، حیوانات موجود در هر گله در دو سال متوالی با هم به عنوان یک گروه در نظر گرفته شد زیرا در بعضی از سال‌ها، گله‌ها رکوردهای اندکی داشتند و از این رو با هم ادغام شدند.

برای صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی، بازه ۱ تا ۵ تلقیح (با نسبت سانسور برابر با ۰/۰۴) در نظر گرفته شد (Chang et al., 2006). داده‌های موجود در این محدوده (داده‌های سانسور نشده) به همراه داده‌های بیشتر از ۵ تلقیح (داده‌های سانسور شده) با استفاده از مدل‌های مختلف واکاوی شدند. در نهایت، فایل داده‌ها شامل شماره دام، گروه‌های هم‌عصر، فصل و صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی ایجاد شد. برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی، با روش نمونه‌گیری گیبس با استفاده از نرم افزار DMU (نسخه ۶) انجام شد. نمونه‌گیری گیبس، یکی از روش‌های مونت کارلوی زنجیره مارکوف (MCMC) و از تکنیک‌های متداول روش‌های آماری بیزی است. برای واکاوی ژنتیکی، طول توالی زنجیره گیبس برابر با ۲۵۰۰۰ نمونه در نظر گرفته شد و ۱۰۰۰۰ نمونه ابتدایی به عنوان دور سوخته حذف شدند و از نمونه‌های باقی‌مانده، برای محاسبه میانگین و انحراف معیار توزیع پسین اجزای واریانس استفاده شد. برای کاهش همبستگی بین نمونه‌ها، ۱۰ نمونه به عنوان فاصله بین دو نمونه ذخیره شده در نظر گرفته شد (Madsen et al., 2008).

مدل‌های آماری: در تحقیق حاضر، مدل‌های مختلفی به شرح زیر مورد استفاده قرار گرفتند:

۱- *مدل آستانه‌ای (Threshold Model (TM):* در این مدل، فقط داده‌های سانسور نشده (داده‌هایی که در بازه مورد نظر قرار دارند) استفاده شد و داده‌های سانسور شده (داده‌های خارج از بازه مورد نظر) حذف شدند (Lázaro et al., 2019). مدل آماری مورد استفاده در این روش به صورت زیر بود:

$$y_{ijkl} = \mu + H2Y_i + S_j + a_k + e_{ijkl}$$

که، \mathbf{y} = بردار مشاهدات مربوط به صفت در مقیاس پشت صحنه‌ای، μ = میانگین جمعیت، $H2Y_i$ = اثر i امین گروه هم‌عصر، S_j = اثر زامین فصل زایش، a_k = اثر تصادفی ژنتیکی

(Lázaro *et al.*, 2019). میانگین مربعات خطا و همبستگی بین مقادیر پیش‌بینی شده و مشاهده شده برای محاسبه قابلیت پیش‌بینی مدل‌ها با استفاده از میانگین پنج بار محاسبه این دو معیار در زیرمجموعه جمعیت‌های آزمایش به‌دست آمد.

شبیه‌سازی: در پژوهش کنونی، با استفاده از نرم‌افزار QMSim (نسخه ۱)، جمعیت مورد نظر شبیه‌سازی شد (Sargolzaei and Schenkel, 2009). تعداد نسل جمعیت پایه برابر با ۵۰ نسل بود که ابتدا در نسل صفر، ۱۰۰۰ حیوان در نظر گرفته شد و بعد از ۱۰ نسل به ۱۰ هزار حیوان افزایش پیدا کرد و در نهایت در نسل ۵۰ به ۲۵۰۰۰ حیوان رسید. تعداد حیوانات نر در نسل اول، ۲۰۰ حیوان و در نسل آخر، ۵۰۰۰ حیوان بود. برای ایجاد نسل اول، والدین از بین ماده‌ها و نرهای نسل صفر، به‌صورت تصادفی انتخاب شدند. سپس ۱۵ نسل که هر نسل، ۱۰۰۰۰ رکورد داشت، شبیه‌سازی شد. سیستم آمیزشی برای این داده‌ها به‌صورت تصادفی انتخاب شد. داده‌های شبیه‌سازی شده که شامل رکوردهای سانسور شده و سانسور نشده بودند، با استفاده از تمامی مدل‌های ذکر شده، واکاوی شدند.

نتایج و بحث

آمار توصیفی: آمار توصیفی صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی در جدول ۲ ارائه شده است. در پژوهش کنونی، میانگین تعداد تلقیح منجر به آبستنی، ۱/۵۹ (با انحراف معیار برابر با ۰/۹۳)، به‌دست آمد. در مطالعه‌ای که روی تعدادی از گله‌های گاو هلشتاین ایران در سال ۹۷ انجام گرفت، میانگین تعداد تلقیح منجر به آبستنی را ۲/۴۳ گزارش نمود (Rezagholivand *et al.*, 2019). همچنین، در یک مطالعه روی گاوهای هلشتاین ایران در پنج گله، میانگین تعداد تلقیح منجر به آبستنی، ۲/۷۴ گزارش شد (Chegini *et al.*, 2019). در مطالعه‌ای دیگر روی گاوهای هلشتاین ایران، میانگین تعداد تلقیح منجر به آبستنی این گاوها، ۱/۴۴ گزارش شد که کمتر از مقدار مشاهده شده در این پژوهش بود (Mohammadi *et al.*, 2020). در مواردی ممکن است دامدار فقط آخرین تلقیح را ثبت کند که این امر موجب می‌شود میانگین تعداد تلقیح منجر به آبستنی، کمتر از مقدار واقعی باشد.

برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی: وراثت‌پذیری برآورد شده در این مطالعه (جدول ۳) برای صفت تعداد تلقیح منجر به

مشاهدات و وضعیت سانسور هستند. b_l و b_y به ترتیب بردارهای آثار ثابت، a_l و a_y به ترتیب بردارهای آثار ژنتیکی و e_l و e_y بردارهای آثار باقی‌مانده مربوط به مشاهدات و وضعیت سانسور هستند.

۵- مدل اصلاح شده آستانه‌ای-آستانه‌ای (Modified *Threshold-Threshold Model (MTTM)*): این مدل، همانند مدل آستانه‌ای-آستانه‌ای است با این تفاوت که در اینجا، میانگین هر گروه به‌علاوه پنالتی به‌جای داده‌های سانسور شده متعلق به آن گروه قرار می‌گیرد (Costa *et al.*, 2019). مدل ماتریسی برای این روش مانند رابطه بیان شده برای مدل پنالتی است.

برآورد صحت پیش‌بینی: صحت ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده حیوانات به وسیله هر مدل با استفاده از رابطه زیر به‌دست آمد:

$$r = \sqrt{1 - \frac{PEV}{V_A}}$$

که در آن، r = صحت پیش‌بینی ارزش اصلاحی، PEV = واریانس خطای پیش‌بینی و V_A = واریانس ژنتیکی است (Sun *et al.*, 2009).

همبستگی: به منظور برآورد میزان ارتباط بین مقادیر ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده به وسیله مدل‌های مختلف از همبستگی پیرسون، که یکی از کاربردی‌ترین روش‌ها برای اندازه‌گیری همبستگی بین دو مدل است، استفاده شد. همچنین از همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن برای بررسی اثر مدل بر رتبه‌بندی گاوهای نر در مدل‌های مختلف استفاده شد. این همبستگی‌ها با رویه *corr* نرم‌افزار SAS محاسبه شدند (SAS, 2014). نسبت حیوانات مشترک بین مدل‌های مختلف در صدک‌های مختلف (یک درصد و ۱۰ درصد دام‌های برتر) برای ارزیابی شباهت بین مدل‌ها در انتخاب دام‌های برتر استفاده شد.

قابلیت پیش‌بینی و نکویی برازش: قابلیت پیش‌بینی مدل‌ها، با استفاده از اعتبارسنجی متقابل بررسی شد. تمامی مشاهدات، پنج بار به‌صورت تصادفی به دو زیرمجموعه آزمایش (۲۵ درصد مشاهدات) و آموزش (۷۵ درصد مشاهدات) تقسیم شدند. برازش مدل‌ها در زیرمجموعه آموزش انجام شد و سپس پیش‌بینی رکوردها و قابلیت پیش‌بینی مدل‌ها در زیرمجموعه آزمایش بررسی شد. نکویی برازش و قابلیت پیش‌بینی مدل‌ها با استفاده از نرم‌افزار PREDICTF90 (نسخه ۱/۰۴) بررسی شد

نرهای برتر انتخاب شدند، میزان همبستگی کاهش یافت زیرا هر چه تعداد پدران در نظر گرفته شده کمتر باشد، همبستگی اسپیرمن به تغییرات جزئی در طبقه‌بندی حساس‌تر است (Pereira *et al.*, 2007). در گاوهای هلستاین دانمارک برای صفت روزهای باز با استفاده از مدل‌های مختلف و رکوردهای سانسور شده، میزان همبستگی بین مدل‌ها برای نرهایی که حداقل ۲۰ رکورد داشتند بین ۰/۷۶ تا ۰/۹۷ برآورد شده بود (Hou *et al.*, 2009).

صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی: صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی با در نظر گرفتن مدل‌های مختلف برای کل حیوانات در جدول ۴ گزارش شده است. در این پژوهش، کمترین صحت پیش‌بینی (۰/۲۵) مربوط به مدل TM و بیشترین صحت پیش‌بینی (۰/۳۷) مربوط به مدل TTM بود که با PM تفاوت چندانی نداشت. به‌طور کلی، صحت پیش‌بینی در مدل‌هایی که رکوردهای سانسور شده داشتند بیشتر از مدل‌هایی بود که فاقد رکوردهای سانسور شده بودند زیرا استفاده از مدل‌هایی که رکوردهای سانسور شده را در بر می‌گیرند، به دلیل افزایش اطلاعات مربوط به صفت و نیز نبود آریبی ناشی از حذف رکوردها، باعث بهبود صحت برآورد ارزش‌های اصلاحی می‌شود. در نتیجه، اگر وضعیت سانسور در نظر گرفته نشود، ممکن است حیوانات دارای ارزش اصلاحی برتر به‌طور آریب رتبه‌بندی شوند.

آبستنی با استفاده از مدل‌های مختلف از ۰/۰۳ (MPM) و TM تا ۰/۰۷ (TMM و PM) متغیر بود. در ایران، پژوهشی برای برآورد وراثت‌پذیری با در نظر گرفتن رکوردهای سانسور شده برای صفات باروری صورت نگرفته است. در پژوهشی، وراثت‌پذیری صفات روزهای باز و تعداد تلقیح منجر به آبستنی در گاوهای نروژی با استفاده از رکوردهای سانسور شده، ۰/۰۴ برآورد شد (Chang *et al.*, 2006).

همبستگی: همبستگی ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده با مدل‌های مختلف برای کل حیوانات و نرهای فعال (نرهای دارای بیش از ۲۰ دختر) و همچنین ۱۰ درصد نرهای برتر نیز در جدول ۳ نشان داده شده است. برای کل حیوانات، بیشترین همبستگی (۰/۹۸) بین مدل‌های TM و MPM بود. همچنین، مدل TM دارای کمترین همبستگی (۰/۷۱) با مدل TMM بود. در انتخاب نرها نیز همبستگی بین مدل‌ها از روند مشابهی تبعیت می‌کرد. همبستگی بالا نشان می‌دهد که این مدل‌ها در انتخاب نرهای برتر، مشابه هم عمل می‌کنند. همبستگی پایین بین مدل‌ها نشان می‌دهد که مدل‌ها، نرها را به‌طور متفاوتی رتبه‌بندی می‌کنند. در نتیجه، انتخاب مدل می‌تواند بر رتبه‌بندی نرها اثر بگذارد. ۱۰ درصد نرهای برتر نسبت به نرهای فعال، همبستگی کمتری بین مدل‌ها نشان دادند زیرا وقتی تعداد نرها کمتر می‌شود، انتخاب سخت‌گیرانه‌تر است. در یک مطالعه روی سن نخستین آبستنی گاوهای نلور، همبستگی کل نرها بین مدل‌های مختلف بالا بود، اما زمانی که پنج و یا ۱۰ درصد

جدول ۲- آمار توصیفی صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی

Table 2. Descriptive statistics of the number of inseminations per conception

Item	N	Min	Max	Mean	SD
Uncensored records	28401	1	5	1.59	0.93
Censored records	1220	6	10	7.2	101.3

جدول ۳- همبستگی پیرسون ارزش اصلاحی کل حیوانات (بالای قطر) و همبستگی اسپیرمن ارزش اصلاحی نرهای فعال (پایین قطر و ۱۰ درصد نرهای برتر داخل پرانتز) بین مدل‌های مختلف و وراثت‌پذیری (SD) برآورد شده برای هر کدام از مدل‌ها (روی قطر)

Table 3. Pearson correlation of all animals' breeding value (above diagonal) and Spearman correlation of active sire breeding value (below diagonal and top 10 sires in parentheses) between different models and estimated heritability (SD) for each model (on diagonal)

Model ¹	TM	PM	TMM	MPM	MTMM
TM	0.03(0.013)	0.79**	0.71**	0.98**	0.79**
PM	0.79** (0.36**)	0.07(0.013)	0.97**	0.90**	0.96**
TMM	0.66** (0.29*)	0.91** (0.90)	0.07(0.013)	0.83**	0.96**
MPM	0.98** (0.96**)	0.88** (0.55**)	0.76** (0.47**)	0.03(0.013)	0.89**
MTMM	0.75** (0.41**)	0.91** (0.84**)	0.91** (0.84**)	0.82** (0.57**)	0.4(0.012)

1: TM: Threshold Model, PM: Penalty Model, MPM: Modified Penalty Model, TMM: Threshold-Threshold Model, MTMM: Modified Threshold-Threshold Model. **: $P < 0.01$

وسيله مدل و مقادير مشاهده شده، مدل‌های TTM و PM به ترتيب بيشترين همبستگي را نسبت به ساير مدل‌ها داشتند. از سوي ديگر، با در نظر گرفتن MSE به عنوان معيار مقايسه نکويي برازش مدل‌ها، به ترتيب مدل‌های PM و MTTM کمترین مقادير MSE را داشتند. به‌طور کلی، می‌توان نتیجه گرفت که در نظر گرفتن رکوردهای سانسور شده، نسبت به مدل TM که به‌طور معمول در ارزیابی ژنتیکی صفات آستانه‌ای استفاده می‌شود، سبب برازش بهتر مدل در ارزیابی ژنتیکی صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی شده است. در پژوهش کنونی، مدل TM نسبت به ساير مدل‌ها، همبستگي کمتر و MSE بيشتری داشت. به‌طور کلی، مدل‌های دارای رکورد سانسور شده، برازش بهتری نسبت به مدل بدون رکورد سانسور شده داشت زیرا وقتی از رکورد سانسور شده استفاده می‌شود، اطلاعات بيشتر شده و در نتیجه به واقعیت نزديک‌تر می‌شود. نتايج حاصل از اعتبارسنجی مدل‌های مورد استفاده برای صفت روزهای باز گاوهای هلشتاین دانمارک نشان داد که مدل دارای رکوردهای سانسور شده دارای بيشترین توانایی پيش‌بینی نسبت به ساير مدل‌ها است (Hou et al., 2009).

دام‌های برتر مشترک: نسبت حیوانات مشترک در یک درصد و ۱۰ درصد حیوانات برتر در جدول ۴ ارائه شده است. مدل TM با مدل MPM دارای بيشترین اشتراك بود. همچنين، مدل TM کمترین اشتراك را با مدل TTM نشان داد. وجود اشتراك کم بين دو مدل نشان می‌دهد اين دو مدل حیوانات را به‌صورت متفاوتی رتبه‌بندی می‌کنند، ولی اشتراك بالا نشان‌دهنده شباهت دو مدل در انتخاب حیوانات برتر است. در پژوهشی روی فاصله زایش در گاوهای گوشتی، گزارش شد که فقط ۳۰ درصد از حیوانات سانسور نشده در ۱۰ درصد حیوانات برتر با مدل‌های دارای رکورد سانسور شده، مشترک هستند. بنابراین انتخاب مدل مناسب می‌تواند تأثیر زیادی بر شناسایی بهترین حیوانات داشته باشد (Donoghue et al., 2004).

نکویی بر/زش: نکویی برازش مدل‌ها با استفاده از میزان همبستگي بين مقادير پيش‌بینی شده و مشاهده شده و میانگین مربعات خطا (MSE) در جدول ۵ ارائه شده است. به‌طور کلی، هر مدلی که همبستگي بين مقادير پيش‌بینی شده و مشاهده شده با آن بيشتر و MSE کمتری داشته باشد در مقايسه با ساير مدل‌ها دارای برتری است. با در نظر گرفتن معيار همبستگي بين مقادير پيش‌بینی شده به

جدول ۴- نسبت حیوانات مشترک بين مدل‌ها در یک درصد (بالای قطر) و ۱۰ درصد (پایین قطر) حیوانات برتر و صحت ارزش اصلاحی پيش‌بینی شده (SE) برای کل دام‌ها (روی قطر)

Table 4. The ratio of common animals between models in 1% (above diagonal) and 10% (below diagonal) of best animals and accuracy of predicted breeding value (SE) for total animals (on diagonal)

Model ¹	TM	PM	TTM	MPM	MTTM
TM	0.25(0.0002)	0.36	0.32	0.86	0.35
PM	0.58	0.36(0.0003)	0.87	0.45	0.16
TTM	0.53	0.88	0.37(0.0003)	0.41	0.77
MPM	0.87	0.71	0.65	0.28(0.0003)	0.43
MTTM	0.57	0.84	0.84	0.69	0.34(0.0003)

¹ TM: Threshold Model, PM: Penalty Model, MPM: Modified Penalty Model, TTM: Threshold-Threshold Model, MTTM: Modified Threshold-Threshold Model

جدول ۵- نکویی برازش مدل‌های مورد استفاده

Table 5. Cross validation of the used models

Model ¹	MSE ²	r (y,ŷ) ³
TM	5.82	0.29
PM	4.46	0.58
TTM	5.74	0.59
MPM	4.55	0.36
MTTM	4.53	0.36

¹ TM: Threshold Model, PM: Penalty Model, MPM: Modified Penalty Model, TTM: Threshold-Threshold Model, MTTM: Modified Threshold-Threshold Model

² Mean Square Error

³ Correlations between observed and predicted phenotypes

مدل حیوانات برتر را بهتر شناسایی کرده است. در نتیجه، مدل TTM مدل بهتری نسبت به سایر مدل‌ها است.

نتیجه‌گیری کلی

نتایج حاصل از این مطالعه نشان داد که رکوردهای سانسور شده بر برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی اثر دارند و حذف آن‌ها منجر به برآورد ارباب فراسنجه‌ها می‌شود. شبیه‌سازی داده‌ها نیز نشان داد که استفاده از رکوردهای سانسور شده، برآوردهای واقعی‌تری را از فراسنجه‌های ژنتیکی ارائه می‌دهد.

تشکر و قدردانی

از گاو‌داری وحدت اصفهان برای در اختیار گذاشتن اطلاعات و داده‌های موردنیاز، تشکر و قدردانی می‌شود.

نتایج شبیه‌سازی: نتایج مربوط سنجش مدل‌های مختلف در برآورد فراسنجه‌های شبیه‌سازی شده در جدول ۶ ارائه شده است. در برآورد وراثت‌پذیری واقعی، مدل TM کمترین توانایی را نسبت به سایر مدل‌ها داشت. درصد حیوانات برتر مشترک بین مدل TM و حیوانات برتر واقعی نسبت به سایر مدل‌ها کمتر بود که نشان می‌دهد مدل TM نتوانسته است حیوانات برتر واقعی را به خوبی شناسایی کند. به‌طور کلی، مدل‌های دارای رکورد سانسور شده، عملکرد بهتری نسبت به مدل TM داشتند. TTM بهتر از سایر مدل‌ها توانسته است وراثت‌پذیری مورد انتظار (وراثت‌پذیری در نظر گرفته شده برای شبیه‌سازی) را برآورد کند. درصد حیوانات برتر مشترک بین ۱۰ درصد و یک درصد برتر حیوانات شبیه‌سازی شده با مدل‌های مختلف نشان داد که توانایی مدل TTM در انتخاب دام‌های برتر واقعی بیشتر از سایر مدل‌ها است که نشان می‌دهد این

جدول ۶- سنجش مدل‌های مختلف در برآورد فراسنجه‌های شبیه‌سازی شده
Table 6. Evaluation of different models in estimating simulated parameters

Parameter	Model ¹				
	TM	PM	TTM	MPM	MTTM
Heritability	0.21(0.012)	0.23(0.013)	0.24(0.012)	0.22(0.011)	0.22(0.011)
Correlation	0.91**	0.94**	0.99**	0.96**	0.95**
Active sire correlation	0.95**	0.99**	99.0**	0.95**	0.97**
Top 10%	41.3	90.3	93.1	51.04	72.2
Top 1%	21.8	61.4	63.5	60.03	61.06
Accuracy	0.73(0.0002)	0.76(0.0002)	0.77(0.0002)	0.73(0.0002)	0.74(0.0002)

¹ TM: Threshold Model, PM: Penalty Model, MPM: Modified Penalty Model, TTM: Threshold-Threshold Model, MTTM: Modified Threshold-Threshold Model

** : $P < 0.01$

فهرست منابع

- Bahri Binabaj F., Farhangfar H. and Shamshirgaran Y. 2012. Application of poisson generalized linear model for analyzing effects of temperature and relative humidity on the number of insemination per conception of Holstein cows. *Journal of Animal Science Research*, 22(3): 129-136. (In Persian).
- Chang Y. M., Andersen-Ranberg I. M., Heringstad B., Gianola D. and Klemetsdal G. 2006. Bivariate analysis of number of services to conception and days open in Norwegian Red using a censored threshold-linear model. *Journal of Dairy Science*, 89: 772-778.
- Chegini A., Ghavi Hossein-Zadeh N., Hosseini Moghaddam S. H. and Shadparvar A. A. 2019. Genetic aspects of some reproductive, udder health and energy status traits in Holstein cows. *Theriogenology*, 130: 1-7.
- Costa E. V., Ventura H. T., Veroneze R., Silva F. F., Pereira M. A. and Lopes P. S. 2019. Bayesian linear-threshold censored models for genetic evaluation of age at first calving and stayability in Nelore cattle. *Livestock Science*, 230: 103833.
- Donoghue K. A., Rekaya R. and Bertrand J. K. 2004. Comparison of methods for handling censored records in beef fertility data: Field data. *Journal of Animal Science*, 82(2): 357-361.

- Hou Y., Madsen P., Labouriau R., Zhang Y., Lund M. S. and Su G. 2009. Genetic analysis of days from calving to first insemination and days open in Danish Holsteins using different models and censoring scenarios. *Journal of Dairy Science*, 92(3): 1229-1239.
- Keshavarzi H., Sadeghi-Sefidmazgi A., Ghorbani G. R., Kowsar R., Razmkabir M. and Amer P. 2020. Effect of abortion on milk production, health, and reproductive performance of Holstein dairy cattle. *Animal Reproduction Science*, 217: 106458.
- Lázaro S. F., Varona L., e Silva F. F., Ventura H. T., Veroneze R., Brito L. C. and Lopes P. S. 2019. Censored Bayesian models for genetic evaluation of age at first calving in Brazilian Brahman cattle. *Livestock Science*, 221: 177-180.
- Madsen P., Lidauer M. and Mäntysaari EA. 2008. Strategy for estimation of variance components for joint Nordic yield evaluation. *Interbull Bulletin*, 38: 36-39.
- Malhado C. H. M., Malhado A. C. M., Martins Filho R., Carneiro P. L. S., Pala A. and Carrillo J. A. 2013. Age at first calving of Nellore cattle in the semi-arid region of northeastern Brazil using linear, threshold, censored and penalty models. *Livestock Science*, 154(1-3): 28-33.
- Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T. and Lee D. H. 2012. Proceedings from the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France.
- Mohammadi A., Alijani S., Rafat S. A. and Abdollahi-Arpanahi R. 2020. Estimation of genetic and phenotypic parameters and trends of female fertility traits of cows and sire conception rate in Iranian Holstein. *Journal of Animal Science Research*, 30(3): 37-53. (In Persian).
- Nishida A., Aziz M. A., Nishida S. and Suzuki K. 2006. Modelling number of services per conception of Japanese Black cattle by random regression. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 123(1): 56-63.
- Pereira E., Oliveira H. N., Eler J. P., Silva J. I. D. V. and Van Melis M. H. 2007. Comparison among three approaches for evaluation of sexual precocity in Nellore cattle. *Animal*, 1(3): 411-418.
- Rezagholivand Lahrud A., Moradi ShahrBabak M., Moradi ShahrBabak H. and Sattaeei Mokhtari M. 2019. Genetic evaluation of reproductive disorders and fertility traits in Holstein cows under standard and recursive mixed models. *Animal Production*, 20(4): 499-511. (In Persian).
- Sargolzaei M. and Schenkel F. S. 2009. QMSim: a large-scale genome simulator for livestock. *Bioinformatics*, 25(5): 680-681.
- SAS Institute. 2014. Users Guide, Version 9.4M2: Statistics. SAS Institute, Cary, NC, USA.
- Sun C., Madsen P., Nielsen U. S., Zhang Y., Lund M. S. and Su G. 2009. Comparison between a sire model and an animal model for genetic evaluation of fertility traits in Danish Holstein population. *Journal of Dairy Science*, 92(8): 4063-4071.
- Visual FoxPro9.0. 2006. Microsoft Corporation, USA.