

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر

توسط مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی در گاوهاي هلشتاين ايران

• محمد رضا بحرینی بهزادی (نویسنده مسئول)

استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج

• امینه قانع

دانش آموخته کارشناسی ارشد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج

تاریخ دریافت: تیر ۱۳۹۶ شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۷۴۳۳۲۲۴۸۴۰

Email: bahreini@yu.ac.ir

• جواد حبیبیزاد

استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج

چکیده:

هدف از انجام این پژوهش برآورد پارامترهای ژنتیکی روز آزمون صفت تولید شیر گاوهاي هلشتاين با استفاده از مدل تابعیت تصادفی و برازش تابع چندجمله‌ای لزاندر بود. برای این منظور از ۱۱۱۲۵۲ رکورد روز آزمون دوره‌ی شیردهی اول که در بین سال‌های ۱۳۹۲ تا ۱۳۹۵ توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور جمع‌آوری شده بود، استفاده گردید. مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر با استفاده از مدل حیوانی تحت نرم افزار WOMBAT برآورد شدند. در مدل مورد استفاده، اثر ثابت گروه همزمان گله-سال-فصل زایش و متغیر کمکی سن گاو هنگام اولین زایش قرار داده شد. تابع چندجمله‌ای لزاندر با درجات برازش ۲ تا ۶ جهت در نظر گرفتن شکل منحنی شیردهی گاوها در دو سطح ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم استفاده شد. مدل تابعیت تصادفی با درجه‌ی برازش ۶ برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم به عنوان بهترین مدل تعیین شد. نتایج به دست آمده نشان داد که میانگین وراثت پذیری صفت تولید شیر در نیمه‌ی اول دوره‌ی شیردهی بیشتر از میانگین وراثت-پذیری به دست آمده برای نیمه‌ی دوم آن بود. بیشترین مقدار وراثت پذیری در ماه آخر (۰/۳۵) و کمترین مقدار آن مربوط به اولین ماه شیردهی (۰/۱۴) می‌باشد. حد اکثر میزان همبستگی ژنتیکی بین ماه‌های نزدیک به یکدیگر به دست آمد که با افزایش فاصله بین آنها همبستگی‌ها کاهش پیدا نمود. به طور کلی مدل تابعیت تصادفی به دلیل اعمال منحنی شیردهی حیوانات در دو سطح ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم و با در نظر گرفتن همبستگی ژنتیکی میان رکوردهای روز آزمون برای ارزیابی دقیق‌تر رکوردهای تکرارشده در زمان پیشنهاد می‌شود.

Applied Animal Science Research Journal No 26 pp: 33-46

Estimation of Genetic Parameters of Milk Yield Trait Using Test-Day Model with Random Regression in Iranian Holstein Cows

By: Mohammad Reza Bahreini Behzadi^{1*}, Amine Ghane², Javad Habibizad¹

1: Assistant professor, Department of Animal Science, Yasouj University.

2- MSc Graduated, Department of Animal Science, Yasouj University

The aim of this study was to estimate genetic parameters for test-day milk yield in Iranian Holstein cows, applying Legendre polynomials functions of random regression models. A total of 111252 test-day milk yield records of the first lactation that collected by the Animal Breeding and Milk Improvement Centre of Iran during 1986 and 2013 were used. The genetic parameters were estimated by restricted maximum likelihood method and average information algorithm using the WOMBAT software. The fixed effects of herd-year-season of test day as contemporary group and age at calving as covariates were fitted in the model of analysis. Legendre polynomials with order of fitting 2 to 6 were implemented to take account of genetic and environmental aspects of milk production over the course of lactation. The model with 6th-order Legendre polynomial for additive genetic effect and permanent environmental effect was more appropriate model to describe the covariance structure of the data. The results of this study show that heritability estimates for test-day records were highest in the first half part of the lactation, ranging from 0.14 to 0.35. Genetic correlations between test-day records were high for consecutive records and decreased as the interval between tests increased. Random regression model suggested to the lactation curve of the animals due to considering genetic and permanent environmental level and account the genetic correlations to be used between test days for more accurate assessment records of test day.

Key words: Genetic parameters, Random regression, Milk yield, Test-day records,
Holstein cow

مقدمه

کشورها برای بهبود خصوصیات تولیدی حیوانات از روش‌های علمی اصلاح نژاد دام استفاده می‌شود. تلاش این علم تغییر ویژگی‌های توارثی جوامع زیستی به سمت مطلوب‌تر می‌باشد. انتخاب حیواناتی با ظرفیت ژنتیکی بالاتر در جامعه برای ایجاد نسل آینده، مهمترین اساس برنامه‌های اصلاح نژادی می‌باشد. بنابراین لازم است که صفات مختلف، رکورددگیری شده و مشخصات شجره‌های حیوانات ثبت شود. لازم به ذکر است که وجود تنوع ژنتیکی شرط لازم برای اصلاح نژاد پایدار در ویژگی‌های یک جامعه است. با مشخص نمودن میزان وراثت‌پذیری، همبستگی ژنتیکی، بکارگیری روش‌های مناسب انتخاب و برآورد پیشرفت ژنتیکی حاصل از انتخاب، بهبود صفات تولیدی امکان‌پذیر می‌شود (۳۹).

از میان صفات حائز اهمیت در عملکرد اقتصادی گاوهاش شیری نظر صفات تولید مثبتی (تعداد روزهای باز، تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی، بازدهی باروری و غیره)، صفات مرتبط با سلامتی (میزان ابتلاء به ورم پستان، مشکلات دست و پا و غیره)، وزن بدن، صفات تیپ و طول عمر، اهمیت اقتصادی تولید شیر نسبت به سایر صفات بیشتر است (۶). در سال‌های اخیر تمرکز بر افزایش تولید شیر سبب کاهش شایستگی ژنتیکی گاوها برای سلامت و باروری شده است (۳). از طرفی تغییرات تولید روزانه شیر و ترکیبات آن تحت تأثیر شرایط فیزیولوژیکی بدن و شرایط محیطی قرار دارد (۸). از روش‌های مهم افزایش تولید شیر می‌توان بهبود ژنتیکی عملکرد گاوهاش شیرده (افزایش تولید و توسعه عمودی) و افزایش تعداد گاو مولد (افزایش تولید و توسعه افقی) را نام برد. امروزه در اغلب

هلشتاین ایران با استفاده از مدل تابعیت تصادفی و برآشتاب
چندجمله‌ای لژاندر می‌باشد.

مواد و روش‌ها

داده‌های مورد استفاده در این پژوهش شامل ۱۱۱۲۵۱ رکورد سه
بار دوشش ماهیانه‌ی صفت تولید شیر نخستین دوره‌ی شیردهی
مربوط به ۱۲۶۱۳ رأس گاو شیری هلشتاین بود که در سال‌های
۱۳۶۵ تا ۱۳۹۲ توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی
کشور جمع آوری شده بودند (جدول ۱). رکوردهایی که بیش از
۳ انحراف معیار از میانگین فاصله داشتند، رکورد حیواناتی که سن
آن‌ها در زایش اول در محدوده ۲۱ تا ۴۶ ماهگی نبود و تعداد
رکورد روزآزمون کمتر از ۴ رکورد برای هر فرد از مجموعه داده
مورد استفاده حذف شدند. رکوردهای نهایی مورد استفاده در
محدوده زمانی ۵ تا ۳۰۵ روز دوره‌ی شیردهی قرار داشتند. برای
ذخیره و ویرایش داده‌ها و همچنین آماده‌سازی فایل‌های مختلف
از نرم‌افزار Excel و برای بررسی شجره مورد استفاده از نرم‌افزار
CFC استفاده شد (۴۲). کلیه تجزیه و تحلیل‌های انجام شده در
برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی با استفاده از
نرم‌افزار WOMBAT و بر اساس الگوریتم میانگین اطلاعات و
روش حداقل‌درستنمایی محدود شده (AI-REML) انجام شد
(۳۴). برای تعیین اثرات ثابت معنی‌دار از رویه‌ی GLM و برای
محاسبه توابع ویژه از رویه‌ی IML نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۱
استفاده شد.

رکوردداری ماهیانه از تولید شیر که به عنوان مقدار تولید هر
حیوان در روز رکوردداری محسوب می‌شود، اصطلاحاً
رکوردهای روزآزمون نامیده می‌شود که اساس رکوردهای
تولیدی در طول دوره‌ی ۳۰۵ روز استاندارد شیردهی هستند (۳۸، ۴۵
و ۴۶). مدل‌های تابعیت تصادفی در ارزیابی‌های ژنتیکی صفات
تولیدی در گاوهای شیری می‌توانند ارزش‌های اصلاحی تولید شیر
را در هر زمان خاصی از دوره‌ی شیردهی پیش‌بینی کنند (۱۶).
مدل تابعیت تصادفی، امکان استفاده‌ی مؤثر از داده‌های موجود
برای هر حیوان را به دلیل استفاده از چندین رکورد برای هر حیوان
و همچنین در نظر گرفتن شکل منحنی شیردهی حیوانات در دو
سطح ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم فراهم می‌آورد (۱۹، ۲۲، ۳۳،
۴۰ و ۴۸). در این مدل‌ها، منحنی شیردهی هر حیوان از طریق
برآشتاب ضرایب تابعیت تصادفی برای هر حیوان در مدل منظور
می‌شود (۲۷). در اغلب مدل‌های تابعیت تصادفی از چندجمله‌ای-
های متعامد لژاندر جهت در نظر گرفتن ساختار کوواریانس برای
اثرات ژنتیکی افزایشی تصادفی و محیطی دائم استفاده شده است
(۱۳، ۱۶ و ۳۶). چندجمله‌ای‌های لژاندر مرتبه بالا توانایی مدل-
سازی تغییرات میانگین‌ها و واریانس‌ها را در امتداد یک مقیاس
پیوسته دارند. با این وجود، چندجمله‌ای‌های لژاندر تأکید زیادی
بر مشاهدات انتهایی دارند و این امر در موقعی که مرتبه بالایی از
برآشتاب در مدل وجود داشته باشد می‌تواند مشکل زا باشد (۳۳).

هدف از انجام پژوهش حاضر برآورد پارامترهای ژنتیکی
رکوردهای روزآزمون تولید شیر دوره‌ی شیردهی اول گاوهای

جدول ۱- ساختار شجره مورد استفاده

	تعداد رکوردها
۱۱۱۲۵۱	تعداد حیوانات دارای رکورد
۱۲۶۱۳	تعداد پدر
۱۲۸۱	تعداد مادر
۱۹۶۱	

شکل منحنی شیردهی گاوها در دو سطح ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم استفاده شد. مدل تابعیت تصادفی مورد استفاده به صورت زیر است:

$$y_{ijkt} = HYS_{it} + \sum_{m=1}^n \beta_m (A - \bar{A})^m + \delta_r(t) + \sum_{r=0}^{k-1} \alpha_{jrt} \varphi_r(t^*) + \sum_{r=0}^{k-1} p e_{jrt} \varphi_r(t^*) + \varepsilon_{ijkt}$$

در این فرمول‌ها، p تعداد پارامترهای مدل، N تعداد مشاهدات، t رتبه ماتریس اثرات ثابت در مدل و $\log L$ لگاریتم تابع درستنمایی است.

نتایج و بحث

میانگین و انحراف معیار رکوردهای روزآزمون تولید شیر گاوها مورد مطالعه در ماههای مختلف شیردهی در جدول ۲ ارائه شده است. میانگین تولید شیر روزانه، ۲۲/۱۶ کیلوگرم با انحراف معیار ۷/۳۷ کیلوگرم بود که این حیوانات متعلق به ۲۱۷۸ گله بودند.

مدل آماری مورد استفاده برای تجزیه و تحلیل ژنتیکی داده‌ها، یک مدل روزآزمون به صورت تابعیت تصادفی بود. تابع چندجمله‌ای لزاندر با درجات برازش ۲ تا ۶ جهت در نظر گرفتن

در این مدل، y_{ijkt} مشاهده مربوط به صفت تولید شیر، HYS_{it} اثر ثابت گله - سال - فصل زایش، عبارت $\sum_{m=1}^n \beta_m (A - \bar{A})^m$ نشان دهنده اثر متغیر کمکی سن دام هنگام زایش، $(\delta_r(t))$ تابع تابعیت ثابت نسبت به روزهای شیردهی است که متوسط روند تولید همه حیوانات را نشان می‌دهد، $(\sum_{r=0}^{k-1} \alpha_{jrt} \varphi_r(t^*))$ تابع تابعیت تصادفی است که در آن α_{jrt} ضریب تابعیت تصادفی برای اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم است، $(\sum_{r=0}^{k-1} p e_{jrt} \varphi_r(t^*))$ تابع تابعیت تصادفی مرتبط با اثر محیطی دائم است، $(\varphi_r(t^*))$ چندجمله‌ای لزاندر برای روزهای شیردهی استاندارد شده t^* در فاصله‌ی ۱ - تا ۱+ و ε_{ijkt} اثر تصادفی خطای باقی‌مانده می‌باشد. روزهای شیردهی برای چندجمله‌ای‌های لزاندر با استفاده از فرمول زیر استاندارد شدند:

$$t^* = \frac{2(DIM_{\max} - DIM_{\min})}{(DIM_{\max} - DIM_{\min})} - 1$$

در این فرمول، DIM_{\max} کمترین روز شیردهی و DIM_{\min} بزرگ‌ترین روز شیردهی است. برای مقایسه مدل‌های مختلف تابعیت تصادفی از معیارهای اطلاعات آکائیک^۱ و اطلاعات بیزی^۲ استفاده شد. مدلی که کمترین مقدار معیارهای اطلاعات آکائیک و بیزی را داشت به عنوان بهترین مدل انتخاب شد.

$$AIC = -2\log L + 2p$$

$$BIC = -2\log L + p\log(N-r)$$

^۱ Akaike information criterion (AIC)
^۲ Bayesian information criterion (BIC)

جدول ۲- آمار توصیفی رکوردهای روزآزمون تولید شیر در ماههای مختلف

ماه شیردهی	میانگین (کیلوگرم)	انحراف معیار (کیلوگرم)	ماه شیردهی	میانگین (کیلوگرم)	انحراف معیار (کیلوگرم)
۱	۲۱/۸۶	۷/۳۲	۶	۲۲/۴۲	۷/۷۵
۲	۲۱/۳۶	۷/۴۸	۷	۲۳/۲۲	۷/۲۸
۳	۲۱/۳۶	۶/۹۱	۸	۲۲/۴۷	۷/۱۱
۴	۲۱/۳۹	۷/۳۷	۹	۲۳/۲۴	۷/۹۷
۵	۲۱/۲۳	۶/۶۲	۱۰	۲۳/۰۷	۷/۸۸
کل دوره	۲۲/۱۶	۷/۳۷			

پژوهش حاضر در جدول ۳ ارائه شده است. بررسی مقادیر معیارهای اطلاعات آکائیک (۴۲۳۱۹۴/۲۰) و اطلاعات بیزی (۴۲۳۶۹۳/۳۹) به دست آمده مشخص کرد که مدل تابعیت تصادفی شماره ۱۹ با درجهی برازش ۶ برای هر دو اثر ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم و ۵۲ پارامتر به عنوان بهترین مدل در این پژوهش انتخاب شد. نتایج به دست آمده نشان داد که با افزایش درجهی برازش اثرات محیطی دائم نسبت به اثرات ژنتیکی افزایشی، مقادیر معیارهای اطلاعات آکائیک و بیزی کاهش یافت. نتایج پژوهش حاضر در این زمینه با نتایج به دست آمده توسط پیاسوز و همکاران (۲۰۱۱)، تاکما و آکاس (۲۰۰۹)، محمدی و همکاران (۱۳۹۱)، ال فارو و همکاران (۲۰۰۸) و کاستا و همکاران (۲۰۰۸) مطابقت داشت. معمولاً توابع با درجات برازش بالاتر گرچه از قدرت انعطاف‌پذیری بیشتری نسبت به منحنی شیردهی حیوانات مختلف برخوردارند و سبب نمایش بهتر تغییرات شده و افزایش دقت را در پی دارند، ولی این چندجمله‌ای‌ها تأکید قابل توجهی بر نقاط انتهایی منحنی شیردهی دارند. به عبارت دیگر، زمانی که درجات برازش تابعیت چندجمله‌ای افزایش می‌یابد تعداد پارامترهایی که باید برآورد شوند افزایش یافته و این امر محاسبات را پیچیده نموده و معمولاً سبب برآوردهای غیر واقعی در نقاط انتهایی منحنی شیردهی می‌شوند (۳۳).

میانگین تولید شیر به دست آمده در پژوهش حاضر کمتر از گزارش‌های موجود در گاوها های هلشتاین ایران (۲۳/۹۷ تا ۳۰/۰۸ کیلوگرم) بود (۱، ۲، ۴، ۵ و ۷). در مطالعه‌ی بهلولی و همکاران (۱۳۹۲)، میانگین تولید شیر در سه سطح تولیدی پایین، متوسط و بالا به ترتیب ۱۹/۹، ۲۶/۲۷ و ۳۱/۲ کیلوگرم گزارش شده است. میانگین شیر تولیدی مربوط به ۲۸۲۹۲ رأس گاو هلشتاین شکم اول متعلق به ۱۶۵ گله در مناطق مختلف استان تهران برابر با ۲۸/۲۸ کیلوگرم با انحراف معیار ۶/۶۳ کیلوگرم محاسبه شد. فرهنگ فر و همکاران (۱۳۸۷) میانگین تولید شیر دوره اول شیردهی ۳۸۴۲ رأس گاو شیری نژاد هلشتاین متعلق به ۱۲۵ گله واقع در استان خراسان را ۲۸/۱۸ کیلوگرم گزارش کردند. میانگین تولید شیر دوره اول شیردهی در گزارش‌های بهلولی و همکاران (۱۳۹۱) و خالقی و همکاران (۱۳۹۲) به ترتیب ۳۰/۰۸ و ۲۳/۹۷ کیلوگرم گزارش شده است. تفاوت میانگین تولید شیر مشاهده شده در گزارش‌های متعدد مربوط به گاوها های هلشتاین ایران می‌تواند به علت استفاده از سری داده متفاوت در پژوهش‌های مختلف باشد.

استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی در برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی به عنوان مدل مناسب در پژوهش‌های متعدد پیشنهاد شده است (۱۷). مقایسه مدل‌های تابعیت تصادفی با درجات برازش مختلف چندجمله‌ای لثاندر مورد استفاده در

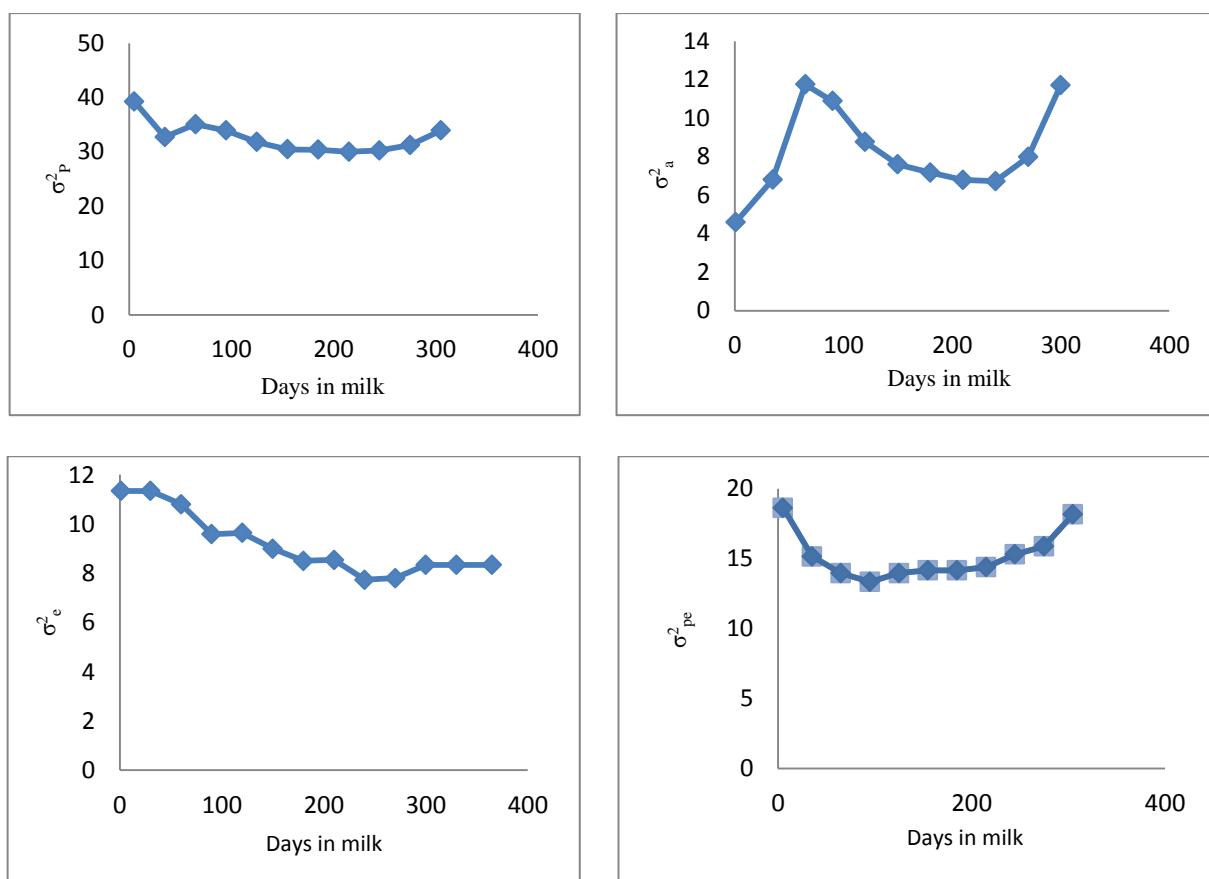
جدول ۳- مقایسه مدل‌های تابعیت تصادفی توسط معیارهای مختلف

مدل	K_a	K_c	تعداد پارامتر	معیار اطلاعات بیزی	معیار اطلاعات آکائیک
۱	۲	۲	۱۶	۴۳۶۰۱۷/۰۴	۴۳۵۸۶۳/۸۰
۲	۲	۳	۱۹	۴۳۱۲۹۸/۸۱	۴۳۱۱۱۶/۴۲
۳	۳	۲	۱۹	۴۲۹۵۶۵/۹۴	۴۲۹۳۸۳/۵۵
۴	۳	۳	۲۲	۴۲۹۵۶۶/۸۴	۴۲۹۳۵۵/۶۴
۵	۳	۴	۲۶	۴۲۷۶۲۲/۲۵	۴۲۷۳۷۲/۹۵
۶	۴	۲	۲۳	۴۲۶۸۸۱/۹۲	۴۲۶۶۶۱/۱۶
۷	۴	۳	۲۶	۴۲۶۸۶۰/۶۹	۴۲۶۶۱۱/۱۰
۸	۴	۴	۳۰	۴۲۶۷۶۲/۸۷	۴۲۶۴۷۴/۸۷
۹	۴	۵	۳۵	۴۲۵۹۷۵/۵۷	۴۲۵۶۳۹/۵۷
۱۰	۵	۲	۲۸	۴۲۵۳۸۴/۸۹	۴۲۵۱۱۶/۱۰
۱۱	۵	۳	۳۱	۴۲۵۳۵۵/۰۱	۴۲۵۰۵۷/۴۲
۱۲	۵	۴	۳۵	۴۲۵۲۵۳/۰۲	۴۲۴۹۱۷/۰۳
۱۳	۵	۵	۴۰	۴۲۵۰۹۷/۳۹	۴۲۴۷۱۳/۴۰
۱۴	۵	۶	۴۶	۴۲۴۵۲۵/۹۵	۴۲۴۰۸۴/۰۴
۱۵	۶	۲	۳۴	۴۲۴۱۲۵/۶۹	۴۲۳۷۹۹/۳۰
۱۶	۶	۳	۳۷	۴۲۴۰۶۵/۹۶	۴۲۳۷۱۰/۷۷
۱۷	۶	۴	۴۱	۴۲۳۹۷۲/۹۰	۴۲۳۵۷۹/۳۱
۱۸	۶	۵	۴۶	۴۲۳۸۲۱/۱۷	۴۲۳۳۷۹/۵۹
۱۹	۶	۶	۵۲	۴۲۳۶۹۳/۳۹	۴۲۳۱۹۴/۲۰

K_a = درجه برآذش اثر ژنتیکی مستقیم، K_c = درجه برآذش اثر محیطی دائم

روند تغیرات واریانس ژنتیکی افزایشی (σ_a^2)، واریانس فتوتیپی (σ_a^2)، واریانس محیطی دائم (σ_a^2) و واریانس باقیمانده (σ_a^2) تولید شیر روزانه در روزهای مختلف شیردهی در شکل ۱ نشان داده شده است. میزان واریانس ژنتیکی در ابتدای دوره شیردهی کم بوده و سپس به سمت انتهای دوره افزایش می‌یابد. به طور کلی واریانس ژنتیکی افزایشی شیر روزآزمون در نیمه اول دوره شیردهی، بزرگتر از واریانس ژنتیکی افزایشی برآورد شده برای نیمه دوم شیردهی می‌باشد که نشان دهنده این واقعیت

است که گاوها در نیمه اول دوری شیردهی برای صفت تولید شیر دارای تنوع ژنتیکی بیشتری هستند. بزرگتر بودن واریانس ژنتیکی افزایشی در نیمه اول دوره شیردهی در پژوهش حاضر با نتایج به دست آمده توسط بیگاردنی و همکاران (۲۰۰۹) و استرابل و میزتال (۱۹۹۹) مطابقت داشت. برخی از پژوهش‌ها حداً کثر میزان واریانس ژنتیکی افزایشی را در اواسط شیردهی گزارش کردند (۲۲ و ۴۰).



شکل ۱- تغییرات واریانس ژنتیکی افزایشی (σ_p^2)، واریانس فنوتیپی (σ_a^2)، واریانس محیطی دائم (σ_{pe}^2) و واریانس باقیمانده (σ_e^2) در روزهای شیردهی مختلف

دوره شیردهی زیاد بوده و سپس تا نیمه دوره شیردهی کاهش و دوباره از هفته بیستم تا پایان دوره شیردهی دارای روندی افزایشی بود. کتون و همکاران (۲۰۰۰) و مقدس زاده اهرابی و همکاران (۲۰۰۴) نیز حداکثر مقدار واریانس فنوتیپی را در ابتدا و انتهای دوره شیردهی گزارش کردند.

واریانس محیطی دائم نیز همانند واریانس فنوتیپی در ابتدا و انتهای دوره شیردهی پیشتر و در اواسط دوره شیردهی تمایل به کاهش داشت. این روند افزایش واریانس محیطی دائم در ابتدا و انتهای دوره شیردهی می‌تواند به ترتیب بازتابی از اثرات فشار متابولیکی واردہ بر حیوان برای افزایش تولید شیر و آبستنی باشد. کتون و همکاران (۲۰۰۰) میزان واریانس محیطی دائم را در ابتدا

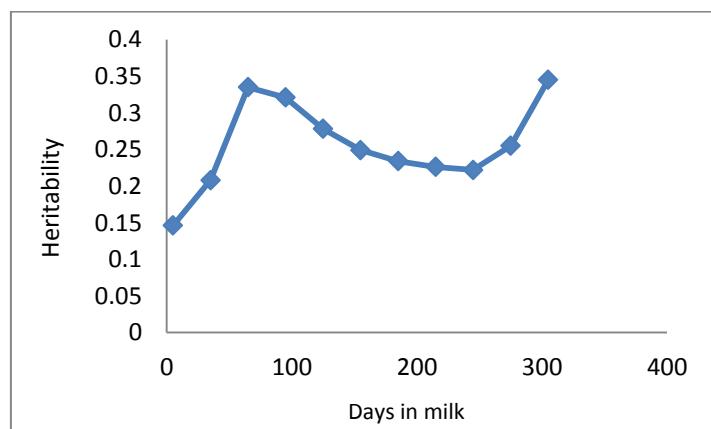
رونده تغییرات واریانس فنوتیپی نشان دهنده این واقعیت است که حداقل مقدار آن مربوط به اواسط دوره شیردهی است و میزان این پارامتر در اوایل و اواخر دوره شیردهی تمایل به افزایش دارد. چنین روند تغییرات واریانس فنوتیپی در پژوهش برخی از محققین نیز گزارش شده است. دوروس و همکاران (۲۰۰۴) نیز حداقل مقدار واریانس فنوتیپی را در اواسط دوره شیردهی گزارش کردند. بیگناری و همکاران (۲۰۰۹) به منظور مقایسه چند جمله‌ای‌های لژاندر با درجات برآش مختلف جهت برآش داده‌های روزآزمون تولید شیر در گاوها هشتاین جنوب شرقی بروزیل از مدل‌های تابعیت تصادفی مختلف استفاده نمودند. این محققین گزارش کردند که مقدار واریانس فنوتیپی در دو هفته ابتدایی

محیطی دائم ولی با فرض واریانس باقیمانده ثابت در طول دوره شیردهی، به دلیل افزایش دقت برآورد مؤلفهی واریانس باقیمانده در مراحل مختلف دوره شیردهی دارای عملکرد بهتری هستند (۲۸ و ۱۹). حداکثر مقدار واریانس باقیمانده در اوایل دورهی شیردهی در برخی از پژوهش‌های سایر محققین نیز گزارش شده است (۴۴، ۳۶، ۲۶ و ۲۹). همچنین در برخی از پژوهش‌ها نیز بیشترین مقدار واریانس باقیمانده در ابتدا و انتهای دورهی شیردهی گزارش شده است (۴۰).

مقادیر وراثت پذیری تولید شیر روزانه در ماه‌های مختلف شیردهی در شکل ۲ ارائه شده است. مقدار وراثت پذیری از ماه اول تا ماه سوم شیردهی روندی افزایشی داشت و بعد از آن کاهش می‌یابد ولی به حداقل مقدار خود در ماه اول دورهی شیردهی نمی‌رسد و سپس از ماه نهم تا انتهای دورهی شیردهی روند افزایشی داشت. همانطورکه در شکل ۲ نشان داده شده است، حداکثر مقدار وراثت پذیری در ماه آخر شیردهی به دست آمد و حداقل آن مربوط به اولین ماه شیردهی می‌باشد. نتایج به دست آمده در پژوهش حاضر نشان داد که به طور کلی میانگین وراثت پذیری صفت تولید شیر در نیمه‌ی دوم دورهی شیردهی کوچکتر از میانگین وراثت پذیری به دست آمده برای نیمه‌ی اول آن بود که دلالت بر توارث پذیرتر بودن صفت تولید شیر در نیمه اول دورهی شیردهی دارد.

و انتهای دوره شیردهی زیاد و بیشترین میزان آن را مربوط به روزهای ابتدایی دوره شیردهی گزارش کردند. میگلیور و همکاران (۲۰۰۹) روند تغییرات مشابهی در گاوهای هلشتاین چین برای دوره‌های اول تا سوم شیردهی گزارش نمودند. آلبوکوئرک و همکاران (۱۹۹۵) نیز واریانس محیطی دائم را در اوایل و اواخر دوره حداکثر گزارش کردند.

الگوی تغییرات واریانس باقیماندهی صفت تولید شیر بیانگر این مطلب است که واریانس باقیمانده در اوایل دورهی شیردهی زیاد و به سمت انتهای دوره کاهش یافت. بالا بودن مقدار واریانس باقیمانده در اوایل دوره شیردهی به معنی نوسانات بیشتر عوامل محیطی در این دوره است. این نوسانات می‌تواند به دلایلی از جمله تغییرات مربوط به دوره انتقال، احتمال بروز بیشتر ناهنجاری‌های متابولیکی و همچنین تاثیر تعادل منفی انرژی بر تولید، حاصل شده باشد. میزان واریانس باقیمانده تقریباً تا هشتمنی ماه از دورهی شیردهی به سرعت کاهش یافته و سپس به سمت انتهای دورهی شیردهی اندکی افزایش می‌یابد ولی به مقدار اولیه خود در ابتدای دورهی شیردهی نمی‌رسد. عبدالله‌پور و همکاران (۲۰۱۳) نتایج مشابهی را در زمینه تغییرات واریانس باقیمانده در گاوهای هلشتاین ایران گزارش نمودند. مدل‌های تابعیت تصادفی با فرض واریانس باقیماندهی متغیر در طول دوره شیردهی، در مقایسه با مدل‌هایی با همان درجات برازش برای تابع کواریانس افزایشی و



شکل ۲- تغییرات وراثت پذیری در روزهای شیردهی مختلف

شده است. همبستگی های ژنتیکی و فتوتیپی بین روزهای شیردهی نزدیک به هم اغلب بیشترین مقدار را داشت و میزان این پارامترها به موازات افزایش فاصله بین روزهای آزمون اغلب کاهش یافت. چنین روندی توسط اکثر مطالعات انجام شده بر اساس مدل‌های مختلف روزآزمون گزارش شده است (۲۶، ۳۰، ۳۲، ۳۶ و ۴۱). همچنین همبستگی های ژنتیکی برآورد شده بین برخی از روزهای شیردهی در پژوهش حاضر منفی بودند. چنین برآوردهای منفی بین بعضی از مراحل شیردهی توسط پژوهشگران متعدد دیگری نیز گزارش شده است (۱۵، ۳۲، ۴۰ و ۴۴).

جنگلر و همکاران (۲۰۰۵) حداقل میزان وراثت پذیری صفت تولید شیر را در ابتدای دوره‌ی شیردهی گزارش کردند. بهمانووا و همکاران (۲۰۰۸) حداقل و حداقل برآورد وراثت پذیری صفت تولید شیر روزآزمون را در دو حالت استفاده از چندجمله‌ای‌های لزاندر و توابع اسپلاین به ترتیب در ابتدا و انتهای دوره‌ی شیردهی گزارش نمودند که با نتایج پژوهش حاضر مطابقت داشت. در پژوهشی دیگر گزارش شده است که مقدار وراثت پذیری تولید شیر روزآزمون در ابتدا و انتهای دوره‌ی شیردهی تمایل به افزایش و در اواسط دوره‌ی شیردهی تمایل به کاهش داشت (۱۵).

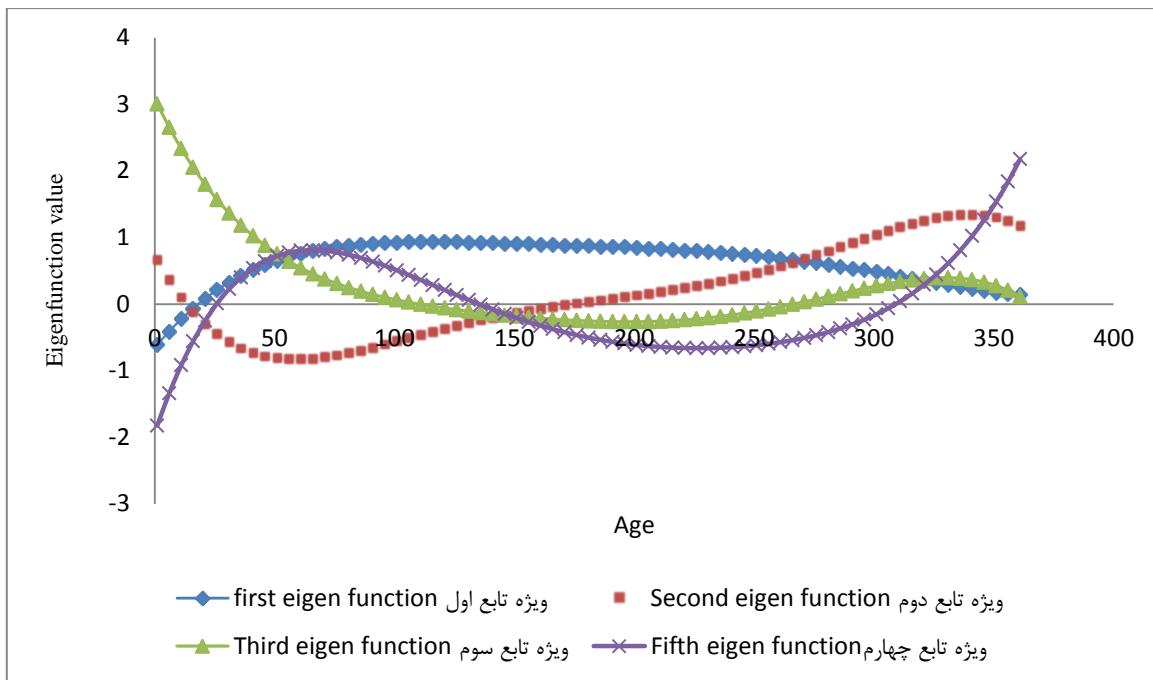
همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی و فتوتیپی بین روزهای مختلف شیردهی با استفاده از بهترین مدل برآذش یافته در جدول ۴ ارائه شد.

جدول ۴- همبستگی ژنتیکی افزایشی (عناصر بالای قطر) و همبستگی فتوتیپی (عناصر پایین قطر) بین روزهای مختلف شیردهی

روز شیردهی	۱	۹۱	۱۸۲	۲۷۳	۳۶۵
۱	۰/۰۸۴	-۰/۱۳۷	۰/۱۷۲	-۰/۱۹۷	-۰/۱۳۳
۹۱	-۰/۵۸	-۰/۷۴۶	۰/۵۶۲	۰/۳۱۸	۰/۰۷۴
۱۸۲	-۰/۴۰۲	۰/۱۴۴	۰/۷۱۱	۰/۵۸۰	۰/۵۸۰
۲۷۳	۰/۰۷۱	-۰/۳۰۶	۰/۰۷۴	-۰/۵۸۰	-۰/۱۹۷
۳۶۵	۰/۱۶۲	-	-	-	-

واریانس ژنتیکی را شامل شد که از روز اول تا ۱۶ دوره شیردهی مشبت بود و از روز ۱۶ تا ۱۷۱ تا ۱۷۱ مقداری منفی داشت و از روز ۱۷۱ تا انتهای دوره مقدار آن مشبت بود. روند تغییرات تابع ویژه دوم نشان دهنده ارتباطی متقابل بین شیر تولیدی در نیمه اول و دوم دوره شیردهی است که با پژوهش‌های برخی از محققین دارای مطابقت می‌باشد (۱۶). سومین تابع ویژه ۶/۳۷ درصد از کل واریانس ژنتیکی را توجیه نمود که از روز اول تا روز ۱۱۱ و از روز ۲۶۶ تا انتهای دوره شیردهی روند منفی تغییرات سومین تابع ویژه مشاهده شد. دوره شیردهی روند منفی تغییرات سومین تابع ویژه متوالی مشاهده شد. چهارمین تابع ویژه کمترین مقدار و فقط ۳/۲۱ درصد از کل واریانس ژنتیکی را شامل گردید. به هر حال انتظار بر این است که در پژوهش حاضر میزان تغییر ژنتیکی به واسطه انتخاب مربوط به توابع ویژه سوم و چهارم کم باشد زیرا این بخش فقط مسئول تقریباً ۹ درصد از واریانس ژنتیکی افزایشی بود.

توابع ویژه اول تا چهارم مربوط به اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم در شکل ۳ نشان داده شده است. میر (۲۰۰۵) گزارش نمود که اولین سه تابع ویژه معمولاً اکثربت تنوع مستقل از چندجمله‌ای مورد استفاده را توجیه می‌کنند. در پژوهش حاضر، سه تابع ویژه اول ماتریس (کو) واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم تقریباً ۹۶ درصد از کل واریانس ژنتیکی را توجیه نمود. اولین تابع ویژه بیشترین مقدار ۴۷/۲ درصد از واریانس ژنتیکی را به خود اختصاص داد. برآوردهای اولین تابع ویژه از روز ۱ تا ۱۶ دوره شیردهی منفی بود و پس از آن تا انتهای دوره مقداری مشبت داشت. روند تغییرات تابع ویژه اول نشان داد که انجام انتخاب برای افزایش تولید شیر در هر قسمت از مرحله شیردهی باعث افزایش تولید خواهد شد. نتیجه حاصل در پژوهش حاضر با نتایج بیگانداری و همکاران (۲۰۰۹) مطابقت دارد. برخی از پژوهشگران مانند الوری و همکاران (۱۹۹۹) و آراجو و همکاران (۲۰۰۶) اولین تابع ویژه را در کل دوره مشبت گزارش نمودند. دومین تابع ویژه ۴۲/۶۴ درصد از کل



شکل ۳- توابع ویژه مرتبط با مقادیر ویژه اول تا چهارم مربوط به اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی گاو شیری مناسب و توصیه می‌شوند (۳۱).

توصیه ترویجی

برآورد پارامترهای ژنتیکی دقیق دارای بیشترین اهمیت در طراحی استراتژی‌های کارآمد جهت انتخاب دام‌ها است. گزارش‌های موجود نیز نشان دهنده این نکته است که مدل‌های تابعیت تصادفی برآوردهای ارزش ارثی را با صحتی بالاتر از روش‌های متداول ارزیابی ژنتیکی مانند مدل دام چند صفتی فراهم می‌کنند. لذا توصیه می‌شود که ارزیابی ژنتیکی دام‌ها در گاوداری‌های کشور با استفاده از روش تابعیت تصادفی انجام شود.

با توجه به مزایای روش تابعیت تصادفی و گزارش سایر پژوهشگران مبنی بر اینکه مدل‌های روزآزمون، مدل‌های دقیق‌تری نسبت به مدل ۳۰۵ روز هستند، استفاده از مدل تابعیت تصادفی مورد استفاده در این پژوهش در مقایسه با مدل‌های ۳۰۵ روز می‌تواند سبب به دست آوردن نتایج دقیق‌تری جهت محاسبه پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر شود. به طور کلی مدل تابعیت تصادفی به دلیل اعمال منحنی شیردهی حیوانات در دو سطح ژنتیکی افزایشی و محيطی دائم و در نظر گرفتن همبستگی ژنتیکی میان رکوردهای روزآزمون، می‌تواند برای ارزیابی دقیق‌تر حیوانات مورد استفاده قرار گیرد. همچنین چندجمله‌ای‌های لزاندر، عموماً برای برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس به دلیل سهولت اجرا، خصوصیات همگرایی خوب و همچنین به دلیل اینکه هیچ فرضی در مورد شکل منحنی شیردهی ندارند، برای

منابع

فرهنگفر، ه. نعیمی‌پور، ح. و لطفی، ر. (۱۳۸۷). ارزیابی ژنتیکی تولید شیر در گاوهاش شیری نژاد هلشتاین استان خراسان با استفاده از مدل تابعیت تصادفی تکه‌ای. مجله علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی، جلد ۱۲، شماره ۴۳، صفحات ۵۳۳ تا ۵۴۳.

لاریمی، س.م. و نجاتی‌جوارمی، ا. (۱۳۸۰). مقایسه اقتصادی افزایش تولید شیر از دو طریق بهبود ژنتیکی عملکرد هر دام و افزایش تعداد مولد. اولین سمینار ژنتیک و اصلاح نژاد گاو-دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران، کرج، صفحات ۶۰ تا ۶۵. محمدی، ع. علیجانی، ص. رافت، س.ع. تقی‌زاده، ا. و بهلوی، م. (۱۳۹۱). مقایسه برازش عملکرد توابع چند جمله‌ای در مدل رگرسیون تصادفی برای رکوردهای روزآزمون تولید شیر گاو-های هلشتاین ایران. پژوهش‌های تولیدات دامی، جلد ۳، شماره ۶، صفحات ۴۶ تا ۶۳.

قدس‌زاده اهربایی، س. اسکندری نسب، م. علیجانی، ص. و عباسی، م.ع. (۱۳۸۴). برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولید شیر و چربی در گاوهاش هلشتاین با استفاده از رکوردهای روز آزمون. مجله علوم کشاورزی و منابع طبیعی، ویژه‌نامه علوم دامی، جلد ۱۲، شماره ۳، صفحات ۷ تا ۱۶.

Abdullahpour, R., Moradi Shahrbabak, M., Nejati-Javaremi, A., Torshizi, R.V. and Mrode, R. (2013). Genetic analysis of milk yield, fat and protein content in Holstein dairy cows in Iran: Legendre polynomials random regression model applied. Archiv Tierzucht. 56(48): 497-508.

Albuquerque, L.G., Dimov, G. and Keown, J.F. (1995). Estimates using an Animal Model of (Co) variances for yields of milk, fat and protein for the first lactation of Holstein cows in California and New York. Journal of Dairy Science. 78: 1591-1596.

بهلوی، م. علیجانی، ص. شجاع، ج. اقبال، ع.ر. و پیرانی، ن. (۱۳۹۱). کاربرد مدل رگرسیون تصادفی چند صفتی جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی و اثر متقابل ژنتیک و محیط در گاوهاش شیری هلشتاین ایران. پژوهش‌های علوم دامی ایران، جلد ۲۲، شماره ۳، صفحات ۱۴۹ تا ۱۵۹.

بهلوی، م. شجاع، ع. و علیجانی، ص. (۱۳۹۲). بررسی اثر متقابل بین ژنتیک و سطح تولید در گاوهاش هلشتاین ایران با استفاده از رکوردهای روز آزمون. پژوهش در نشخوارکنندگان، جلد ۱، شماره ۲، صفحات ۹۳ تا ۱۰۸.

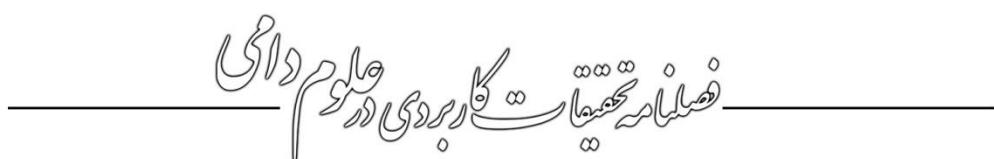
بیطرف ثانی، م. اسلامی‌نژاد، ع.ا. و سیدخت، ع. (۱۳۹۲). ارزیابی ژنتیکی سن اولین زایش، روزهای باز و تولید شیر گاوهاش هلشتاین ایران. پژوهش‌های علوم دامی ایران، جلد ۵، شماره ۱، صفحات ۶۲ تا ۶۸.

خالقی، م.ح. زرهداران، س. حسنی، س. فرنگفر، ه. و اقبال، ع.ر. (۱۳۹۲). تجزیه ژنتیکی صفت تولید شیر توسط مدل روز آزمون با تابعیت ثابت و تصادفی در گاوهاش شیری هلشتاین استان یزد. پژوهش در نشخوارکنندگان، جلد ۱، شماره ۱، صفحات ۱۳ تا ۳۰.

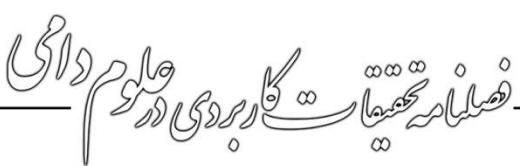
سیدخت، ع. اسلامی‌نژاد، ع.ا. طهمورث‌پور، م. و فرنگفر، ه. (۱۳۹۰). برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر گاوهاش هلشتاین ایران با استفاده از یک مدل روزآزمون با تابعیت تصادفی. پژوهش‌های علوم دامی ایران، جلد ۳، شماره ۳، صفحات ۲۸۷ تا ۲۹۱.

شعبانی، ر. (۱۳۸۸). تخمین پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روزآزمون گاوهاش هلشتاین خراسان رضوی با مدل تابعیت تصادفی اسپلاین. پایان‌نامه کارشناسی ارشد. گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل.

- Araújo, C.V.d., Torres, R.d.A., Costa, C.N.E.G.d.L., Torres Filho, R.d.A., Araújo, S.I., Lopes, P.S., Regazzi, A.J., Pereira C.S. and Sarmento, J.L.R. (2006). Random regressions models to describe the genetic variation of milk yield in Holstein breed. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 35(3): 975-981.
- Biassus, I.d.O., Cobuci, J.A., Costa, C.N., Rorato, P.R.N., Braccini Neto, J. and Cardoso, L.L. (2011). Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 40(1): 85-94.
- Bignardi, A.B., El Faro, L., Cardoso, V.L., Machado, P.F. and Albuquerque, L.G. (2009). Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. *Livestock Science*. 123(1): 1-7.
- Bignardi, A., El Faro, L., Torres Júnior, R., Cardoso, V., Machado, P. and Albuquerque, L.G. (2011). Random regression models using different functions to model test-day milk yield of Brazilian Holstein cows. *Genetics and Molecular Research*, 10(4): 3565-3575.
- Bilal, G. and Khan, M. (2009). Use of test-day milk yield for genetic evaluation in dairy cattle: a review. *Pakistan Veterinary Journal*. 29: 35-41.
- Bohmanova, J., Miglior, F., Jamrozik, J., Misztal, I. and Sullivan, P. (2008). Comparison of random regression models with Legendre polynomials and linear splines for production traits and somatic cell score of Canadian Holstein cows. *Journal of Dairy Science*. 91(9): 3627-3638.
- Brotherstone, S., White, I. and Meyer, K. (2000). Genetic modelling of daily milk yield using orthogonal polynomials and parametric curves. *Animal Science*. 70(03): 407-415.
- Costa, N.C., Melo, C.M.R.D., Pakcer, L.U.A.F.D., Teixeira, N.M. and Cobuci, J.A. (2008). Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. *Journal Revist Brasileira de Zootecnia*. 37: 602-608.
- De Roos, A., Harbers, A. and De Jong, G. (2004). Random regression test-day model in The Netherlands. *Interbull Bulletin*. 27: 155-158.
- Druet, T., Jaffrézic, F., Boichard, D. and Ducrocq, V. (2003). Modeling lactation curves and estimation of genetic parameters for first lactation test-day records of French Holstein cows. *Journal of Dairy Science*. 86(7): 2480-2490.
- El Faro, L., Albuquerque, L.G. and Cardoso, V. (2008). Variance component estimates for test-day milk yield applying random regression models. *Genetics and Molecular Biology*. 33(3): 665-673.
- Gadini, C.H., Keown, J.F. and Van Vleck, L.D. (1998). Genetic parameters of test day milk, fat and protein yields. Proc. the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, Australia 23: 311-314.
- Gengler, N., Wiggans, G.R. and Gillon, A. (2005). Adjustment for heterogeneous covariance due to herd milk yield by transformation of test-day random regressions. *Journal of Dairy Science*. 88: 2981-2990.
- Jamrozik, J. and Schaeffer, L. (1997). Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. *Journal of Dairy Science*. 80(4): 762-770.



- Jamrozik, J., Schaeffer, L.R. and Dekkers, J.C.M. (1997). Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. *Journal of Genetics and Breeding*. 80: 1217-1226.
- Jensen, J. (2001). Genetic Evaluation of Dairy Cattle Using Test-Day Models. *Journal of Dairy Science*. 84(12): 2803-2812.
- Kettunen, A., Mäntysaari, E.A. and Pösö, J. (2000). Estimation of genetic parameters for daily milk yield of primiparous Ayrshire cows by random regression test-day models. *Livestock Production Science*. 66(3): 251-261.
- Kettunen, A., E. A. Mäntysaari, I. Strandén, J. Pösö, and M. Lidauer. (1998). Estimation of genetic parameters for first lactation test day milk production using random regression models. Proc. 6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale, Australia XXIII: 307–310.
- Kirkpatrick, M., Lofsvold, D. and Bulmer, M. (1990). Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. *Genetics*. 124(4): 979-993.
- López-Romero, P. and Carabaño, M. (2003). Comparing alternative random regression models to analyse first lactation daily milk yield data in Holstein–Friesian cattle. *Livestock Production Science*. 82(1): 81-96.
- Meyer, K. (2005). Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. *Genetics Selection Evolution*. 37(5): 473-500.
- Meyer, K. 2007. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. *Journal of Zhejiang University Science B*. 8: 815–821.
- Miglior, F., Gong, W., Wang, Y., Kistemaker, G., Sewalem, A. and Jamrozik, J. (2009). Short communication: Genetic parameters of production traits in Chinese Holsteins using a random regression test-day model. *Journal of Dairy Science*. 92(9): 4697-4706.
- Olori, V., Hill, W., McGuirk, B. and Brotherstone, S. (1999). Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. *Livestock Production Science*. 61(1): 53-63.
- Pander, B.L., Hill, W.G. and Thompson, R. (1992). Genetic parameters of test day records of British Holstein-Friesian heifers. *Animal Production Science*. 55(1): 11-21.
- Pander, B., Thompson, R. and Hill, W. (1993). The effect of increasing the interval between recordings on genetic parameters of test day yields of British Holstein-Friesian heifers. *Animal Production*. 56(2): 159-164.
- Park, B. and Lee, D. 2006. Prediction of future milk yield with random regression model using test-day records in Holstein cows. *Asian Australasian Journal of Animal Sciences*. 19(7): 915-921.
- Pool, M.H., Janss, L.L. and Meuwissen, T.H. 2000. Genetic parameters of Legendre polynomials for first parity lactation curves. *Journal of Dairy Science*. 83: 2640–2649.
- Santellano-Estrada, E., Becerril-Pérez, C., De Alba, J., Chang, Y., Gianola, D., Torres-Hernández, G. and Ramírez-Valverde, R. (2008). Inferring genetic parameters of lactation in Tropical Milking Criollo cattle with random regression test-day models. *Journal of Dairy Science*. 91(11): 4393-4400.
- Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. and Colleau, J.J. (2006). CFC: a tool for monitoring genetic diversity. Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD-ROM Communication no. 27–28, Belo Horizonte, Brazil, August, 13–18.



- Strabel, T. and Misztal, I. (1999). Genetic parameters for first and second lactation milk yields of Polish Black and White cattle with random regression test-day models. *Journal of Dairy Science*. 82(12): 2805-2810.
- Strabel, T., Szyda, J., Ptak, E. and Jamrozik, J. (2005). Comparison of random regression test-day models for Polish Black and White cattle. *Journal of Dairy Science*. 88(10): 3688-3699.
- Swalve, H.H. (1998). Use of test day records for genetic evaluation. *Stočarstvo*. 52(5): 367-377.
- Swalve, H.H. (2000). Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. *Journal of Dairy Science*. 83(5): 1115-1124.
- Takma, C. and Akbas, Y. (2009). Comparison of fitting performance of random regression models to test day milk yields in Holstein Friesians. *Journal of Kafkas University Veterinary Faculty Dergisi*. 15(2): 261-266.
- Van der Werf, J., Goddard, M. and Meyer, K. (1998). The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test day records. *Journal of Dairy Science*. 81(12): 3300-3308.

مجله تحقیقات کاربردی
فصلنامه تحقیقات کاربردی