



دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گران

مجله پژوهش در نشخوارکنندگان

جلد اول، شماره اول، ۱۳۹۲

<http://ejrr.gau.ac.ir>

## تجزیه ژنتیکی صفت تولید شیر توسط مدل روزآزمون با تابعیت ثابت و تصادفی در گاوهای شیری هلشتاین استان یزد

\* محمد حسین خالقی<sup>۱</sup>، سعید زره داران<sup>۲</sup>، سعید حسنی<sup>۲</sup>، همایون فرهنگ‌فر<sup>۳</sup>  
و علیرضا اقبال<sup>۴</sup>

<sup>۱</sup>دانش آموخته کارشناسی ارشد، اعضای هیأت علمی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گران،

<sup>۲</sup>عضو هیأت علمی دانشگاه بیرجند، <sup>۳</sup>کارشناس مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور

تاریخ دریافت: ۹۱/۷/۲۹؛ تاریخ پذیرش: ۹۱/۱۲/۲۰

### چکیده

این مطالعه به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی گاوهای شیری هلشتاین در استان یزد برای صفت تولید شیر با استفاده از مدل‌های روزآزمون با تابعیت ثابت و تصادفی اجرا شد. داده‌های مورد استفاده ۳۵۱۷۸ رکورد روزآزمون شیر به صورت ۲ یا ۳ بار دوشش مربوط به ۵۱۰۱ رأس گاو هلشتاین در شکم اول بود. داده‌های یاد شده مربوط به ۴۲ گله بوده که طی سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۸ زایش داشتند. در این مدل‌ها، گروه‌های همزمان دفعات دوشش - گله - سال - فصل تولید و متغیرهای کمکی سن هنگام رکوردگیری به ماه و درصد ژن هلشتاین و همچنین اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی قرار داده شد. در مدل تابعیت تصادفی اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی گاوها برای شکل منحنی تولید شیر در طول دوره شیردهی توسط چند جمله‌ای‌های متعامد لژاندر با توان سوم برای محیط دائمی و چهارم برای ژنتیک افزایشی برآزش شد. وراثت‌پذیری برای صفت تولید شیر در مدل تابعیت ثابت ۰/۱۷ برآورد گردید. استفاده از تابعیت تصادفی در این پژوهش نشان داد پایین‌ترین و بالاترین مقادیر وراثت‌پذیری به ترتیب در ماه اول (۰/۰۸۸) و ماه دهم (۰/۲۹۲) می‌باشد. برآورد ارزش اصلاحی حیوانات (پدران و دختران) نشان داد، میانگین ارزش اصلاحی در مدل تابعیت

\*مسئول مکاتبه: [puzzle.3281@yahoo.com](mailto:puzzle.3281@yahoo.com)

تصادفی به طور معنی‌داری بیشتر از مدل تابعیت ثابت است. همبستگی رتبه‌ای بین مقادیر ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده در دو روش فوق برای گاوهای نر ۰/۹۵۸ و برای گاوهای ماده ۰/۹۶۴ برآورد شد. در نهایت با توجه به نتایج این پژوهش به دلیل دقت بیشتر و محاسبات دقیق‌تر، مدل تابعیت تصادفی نسبت به مدل تابعیت ثابت توصیه می‌گردد.

**واژه‌های کلیدی:** تابع لژاندر، تولید شیر، درجه برازش، وراثت‌پذیری، همبستگی ژنتیکی

#### مقدمه

برآورد مؤلفه‌های واریانس و کوواریانس در اجرای برنامه‌های بهبود نژادی یک گله از اهمیت زیادی برخوردارند و برای تخمین پارامترهای ژنتیکی مثل وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی لازم هستند. همچنین برای پیش‌بینی ارزش اصلاحی و محاسبه پیشرفت ژنتیکی به دست آمده از انجام برنامه‌های انتخاب نیز ضروری می‌باشند (سورنسن و کندی، ۱۹۸۶). با پیشرفت علم ژنتیک کمی و تکنولوژی رایانه به تدریج امکان استفاده از روش‌های جامع و پیش‌بینی دقیق ارزش اصلاحی حیوانات فراهم شده است (امام جمعه کاشان، ۱۹۹۷). تا مدت‌ها ارزیابی ژنتیکی صفات مرتبط با تولید شیر و همچنین انتخاب گاوهای شیری برتر بر اساس رکوردهای ۳۰۵ روز شیردهی انجام می‌شد. در مدل ۳۰۵ روز، رکوردهای ماهیانه صفات تولیدی (نظیر شیر، چربی و پروتئین) براساس عوامل محیطی مانند سن زایش، تعداد روزهای شیردهی، طول دوره خشکی و دفعات دوشش تصحیح می‌شوند. بنابراین، با این کار عوامل محیطی مؤثر بر تولید در نظر گرفته نمی‌شود (اسوالو، ۱۹۹۴؛ سورنسن و کندی، ۱۹۸۶؛ جنگلر و همکاران، ۲۰۰۱). اخیراً توجه پژوهش‌گران اصلاح نژاد دام به استفاده از مدل‌های روزآزمون به‌عنوان جایگزینی مناسب برای مدل‌های ۳۰۵ روز جلب شده است (استرابل و میسرتال، ۱۹۹۹)، که این امر ناشی از عدم نیاز به استفاده از ضرایب تصحیح پیش از تجزیه و تحلیل رکوردها، برآورد دقیق‌تر اثرات محیطی، کاهش فاصله نسل، کاهش هزینه‌های رکوردگیری، افزایش سرعت و دقت انتخاب گاو نر و انعطاف‌پذیری بالا در این روش می‌باشد (جامروزیک و همکاران، ۲۰۰۲؛ جاکوبسن و همکاران، ۲۰۰۲؛ جنگلر و همکاران، ۲۰۰۱؛ اسوالو، ۲۰۰۰؛ جامروزیک و شفر، ۱۹۹۷؛ شفر، ۲۰۰۴).

مدل تابعیت ثابت یکی از ساده‌ترین مدل‌های روزآزمون است که برای اولین بار توسط پتاک و شفر (۱۹۹۲)، معرفی شد و در آن از مدل پیشنهاد شده توسط علی و شفر (۱۹۸۷)، با چهار متغیر کمکی جهت در نظر گرفتن تغییرات شکل منحنی شیردهی گاوها استفاده گردید. در مطالعه یاد شده شکل منحنی شیردهی برای تمام گاوها یکسان در نظر گرفته شد. در حالی که در گاوهای شیری به دلیل متفاوت بودن ظرفیت ژنتیکی تولید و شرایط محیطی، شکل منحنی شیردهی متفاوت است (جامروزیک و شفر، ۱۹۹۷). در سال ۱۹۹۴ مدل رگرسیون تصادفی برای توسعه مدل تابعیت ثابت در آنالیز ژنتیکی گاوهای شیری توسط شفر و دکرز پیشنهاد شد (شفر و دکرز، ۱۹۹۴). مدل تابعیت تصادفی امکان استفاده مؤثرتر از داده‌های موجود برای هر حیوان را فراهم می‌آورد. در این مدل، منحنی شیردهی هر حیوان از طریق برازش ضریب رگرسیون تصادفی برای هر حیوان در مدل منظور می‌گردد (جامروزیک و شفر، ۱۹۹۷). در مدل‌های تابعیت تصادفی، توابع مختلفی نظیر تابع علی و شفر (جامروزیک و شفر، ۱۹۹۷؛ علی و شفر، ۱۹۸۷)، چند جمله‌ای‌های لژاندر (دروت و همکاران، ۲۰۰۳؛ برودستون و همکاران، ۲۰۰۰) و تابع ویلمینک (پتاک و شفر، ۱۹۹۲)، به‌منظور در نظر گرفتن تغییرات تولید شیر در دوره شیردهی مورد استفاده قرار گرفته‌اند. در صورت برآورد ضرایب رگرسیون تصادفی بر اساس چندجمله‌ای‌های لژاندر از روز شیردهی نیاز به پیش فرض برای شکل منحنی شیردهی وجود نخواهد داشت که این امر موجب افزایش دقت پیش‌بینی ارزش اصلاحی حیوانات می‌گردد (میر، ۱۹۹۸).

هدف از این پژوهش با توجه به محاسبات ساده‌تر تابعیت ثابت نسبت به تصادفی در برآورد پارامترهای ژنتیکی، مقایسه دو مدل جهت آنالیز رکوردهای روزآزمون تولید شیر گاوهای هلشتاین استان یزد بر اساس میانگین ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده گاوها و رتبه‌بندی پدران و دختران برتر بر اساس ارزش اصلاحی بود.

### مواد و روش‌ها

در این مطالعه از تعداد ۳۵۱۷۸ رکورد روزآزمون دو یا سه بار دوشش، متعلق به ۴۲ گله از گاوهای هلشتاین استان یزد طی سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۸ استفاده گردید. رکوردهای مزبور مربوط به دوره اول شیردهی گاوها بودند. برخی آماره‌های توصیفی رکوردهای مورد استفاده در جدول ۱ نشان داده شده است. متوسط تولید شیر روزانه در این پژوهش ۲۳/۹۷ کیلوگرم و میانگین سن اولین زایش این گاوها

۳۲/۴۱ ماه بود. داده‌های مزبور پس از چندین مرحله ویرایش شامل حذف گاوهایی که کمتر از ۳ رکورد داشتند، حذف گاوهایی که پدر و مادر نامشخص داشتند و سایر عوامل دخیل در افزایش خطای محاسباتی بر روی داده‌های خام توسط نرم‌افزار بانک اطلاعاتی فاکس پرو به دست آمد. معنی‌داری اثرات ثابت توسط نرم‌افزار آماری SAS (SAS, 1990) و با استفاده از رویه GLM بررسی شد. برآورد مؤلفه‌های واریانس به روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) و با استفاده از الگوریتم پاول توسط برنامه DXMRR از نرم‌افزار DFREML (میر، ۱۹۹۸) و با در نظر گرفتن معیار همگرایی  $10^{-6}$  صورت گرفت. به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش‌بینی ارزش اصلاحی گاوها از مدل روزآزمون با تابعیت ثابت و تصادفی استفاده گردید. همچنین به منظور بررسی همبستگی بین ارزش اصلاحی دو مدل از ضرایب همبستگی رتبه‌ای استفاده شد (مرود، ۱۹۹۶).

مدل دام با تابعیت ثابت مورد استفاده در این پژوهش به صورت ذیل بود:

$$y_{ijt} = \mu + MYSH_i + \sum_{m=1}^2 \beta_m (A_{ijt} - \bar{A})^m + \sum_{m=1}^2 \delta_m (HF_{ijt} - \overline{HF})^m + \sum_{R=0}^{k-1} (\gamma_R \sigma_R(t)) + a_j + pe_j + ME_{ijt}$$

که در این مدل:

$Y_{ijt}$  رکورد آزمون ماهیانه شیر در زمان  $t$  شیردهی در  $i$  امین گروه همزمان دفعات دوشش - گله - سال - فصل مربوط به  $j$  امین گاو،  $\mu$  میانگین کل تولید شیر روزانه،  $MYSH_i$  اثر ثابت دفعات دوشش - گله - سال - فصل،  $\sum_{m=1}^2 \beta_m (A_{ijt} - \bar{A})^m$  اثر متغیر کمکی سن حیوان در هنگام زایش (بر حسب ماه) با درجه برازش ۱ و ۲،  $\sum_{m=1}^2 \delta_m (HF_{ijt} - \overline{HF})^m$  اثر متغیر کمکی درصد خلوص ژن هلشتاین با درجه برازش ۱ و ۲،  $\sum_{R=0}^{k-1} \gamma_R \sigma_R(t)$  تابع چند جمله‌ای لژاندر برای اثرات روز شیردهی با درجه برازش  $k-1$ ،  $a_j$  اثر تصادفی حیوان،  $pe_j$  اثر تصادفی محیط دائمی،  $ME_{ijt}$  اثر خطای باقیمانده می‌باشد.

همچنین مدل دام با تابعیت تصادفی به صورت زیر می باشد:

$$y_{ijt} = \mu + MYSH_{it} + \sum_{m=1}^2 \beta_m (A_{ijt} - \bar{A})^m + \sum_{m=1}^2 \delta_m (HF_{ijt} - \overline{HF})^m + \sum_{R=0}^{k-1} (\gamma_R \phi_R(t)) + \sum_{R=0}^{k_a} (a_{jRt} \phi_R(t)) + \sum_{R=0}^{k_c} (pe_{jRt} \phi_R(t)) + ME_{ijt}$$

برخی اجزای این مدل مانند رگرسیون ثابت است و سایر اجزاء مدل عبارتند از:

$k_a$  تابع چند جمله‌ای لژاندر برای اثرات افزایشی حیوان با درجه برازش  $k_a$   $\sum_{R=0}^{k_a} (a_{jRt} \phi_R(t))$   
 $k_c$  اثر تصادفی محیطی موقت (خطای باقیمانده) می باشد.  $\sum_{R=0}^{k_c} (pe_{jRt} \phi_R(t))$  تابع چند جمله‌ای لژاندر برای اثرات محیطی دائمی با درجه برازش  $k_c$   $ME_{ijt}$   
 تابع چند جمله‌ای لژاندر از رابطه زیر به دست می آید (کیرک پاتریک و همکاران، ۱۹۹۰):

$$\phi_R(t) = \frac{1}{2^R} \sqrt{\frac{2R+1}{2}} \sum_{M=0}^{R/2} (-1)^M \binom{R}{M} \binom{2R-2M}{R} t^{R-2M}$$

در این رابطه  $\phi_R(t)$  جمله  $R$  ام از تابع لژاندر و  $t$  روز شیردهی استاندارد شده ( $DIM_{std}$ ) در فاصله ۱- تا +۱ می باشد. روزهای شیردهی بر اساس فرمول زیر استاندارد شده اند (کیرک پاتریک و همکاران، ۱۹۹۴).

$$DIM_{std} = -1 + \frac{2(DIM_i - DIM_{15})}{DIM_{285} - DIM_{15}}$$

که در آن  $DIM_{std}$  روز شیردهی استاندارد شده (در فاصله ۱- تا +۱)،  $DIM_i$  امین روز شیردهی،  $DIM_{15}$  میانگین روز شیردهی در ماه اول شیردهی و  $DIM_{285}$  میانگین روز شیردهی در ماه آخر دوره شیردهی می باشند.

جدول ۱- برخی آماره‌های توصیفی رکوردهای آزمون ماهیانه تولید شیر

ماه شیردهی	تعداد رکورد	تولید شیر (kg)		سن شیردهی (ماه)	
		انحراف معیار	میانگین	انحراف معیار	میانگین
۱	۳۳۶۷	۶/۵۵۰	۲۸/۲۵	۴/۳۶۲	
۲	۳۸۱۹	۷/۱۲۷	۲۹/۲۵۱	۴/۴۷۴	
۳	۳۸۰۱	۷/۰۰۰	۳۰/۱۹۳	۴/۳۴۹	
۴	۳۸۳۳	۶/۹۵۰	۳۱/۱۲۴	۴/۳۵۶	
۵	۳۷۴۰	۶/۹۹۶	۳۲/۱۱۲	۴/۳۸۹	
۶	۳۷۳۶	۶/۷۵۰	۳۳/۰۷۱	۴/۳۳۸	
۷	۳۵۱۴	۶/۶۵۵	۳۳/۹۶۴	۴/۲۰۵	
۸	۳۴۸۸	۶/۶۷۲	۳۴/۹۷۸	۴/۲۸۳	
۹	۳۱۶۰	۶/۴۷۹	۳۵/۹۶۵	۴/۲۵۸	
۱۰	۲۷۲۰	۶/۴۸۵	۳۷/۰۰۹	۴/۳۰۷	
میانگین	۳۸۱۷/۸	۶/۹۸۰	۳۲/۴۱۰	۴/۳۳۲	

مقایسه آماری بر اساس آزمون آماری t-student برای نمونه‌های جفت شده بین دو روش ارزیابی ژنتیکی انجام شد.

در تجزیه و تحلیل تابعیت تصادفی به منظور برازش اثرات تصادفی با بهترین درجه برازش، ۳ مدل مختلف مورد استفاده قرار گرفت. تمامی مدل‌ها دارای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی بودند ولی درجات برازش اثرات مذکور در مدل‌های مختلف متفاوت بود (جدول ۲). جهت مقایسه این مدل‌ها از معیار اطلاعاتی آکایک (Akaike's Information Criterion) استفاده شد (وولفینگر، ۱۹۹۶). شاخص AIC برای مدل i به صورت زیر محاسبه شد:

$$AIC_i = -2 \log L_i + (2p_i)$$

در رابطه فوق  $\log L_i$  و  $p_i$  به ترتیب لگاریتم تابع درست‌نمایی و تعداد پارامتر موجود در مدل مورد نظر می‌باشند. در زمان استفاده از این روش، مدلی که حداقل مقدار AIC را داشت به عنوان مدل مناسب انتخاب شد. این شاخص جهت مقایسه مدل‌های مختلف به ویژه در تجزیه و تحلیل‌های مدل رگرسیون تصادفی مورد استفاده قرار می‌گیرد (البوگارد و میر، ۲۰۰۱؛ فیشر و همکاران، ۲۰۰۴؛ میر، ۲۰۰۱؛ صفایی و همکاران، ۲۰۰۶).

جدول ۲- درجات برازش برای اثرات ژنتیکی افزایشی ( $k_a$ )، اثر محیط دائمی ( $k_e$ )، تعداد پارامتر و شاخص AIC

مدل	$k_a$	$k_e$	تعداد پارامترها	معیار اطلاعاتی آکایک (AIC)
۱	۳	۳	۲۲	۱۳۱۹۸۱
۲	۴	۳	۲۶	۱۳۱۹۲۵
۳	۴	۴	۳۰	۱۳۲۲۴۲

با توجه به شاخص AIC می‌توان گفت مدل ۲ با درجه برازش ۴ برای اثر ژنتیکی افزایشی و ۳ برای محیط دائمی از دقت بیشتری برخوردار بود.

### نتایج و بحث

در مدل تابعیت ثابت، تولید شیر به‌عنوان صفتی واحد در طول دوره شیردهی فرض شد و رکوردهای روزآزمون متوالی مربوط به دوره شیردهی اول به‌عنوان رکوردهای تکرار شده آن صفت در نظر گرفته شد. بنابراین، کلیه واریانس‌های ژنتیکی افزایشی، محیط دائمی، باقیمانده و فنوتیپی یکسان بوده و کوواریانس‌های محیطی بین مشاهدات نیز یکسان در نظر گرفته شد. همچنین همبستگی ژنتیکی و محیط دائمی بین کلیه مشاهدات یک فرض شد و در نتیجه هر حیوان دارای اثر ژنتیکی افزایشی ثابتی در طول دوره شیردهی بود (جنسن، ۲۰۰۱).

برآورد اجزای واریانس، وراثت‌پذیری و تکرارپذیری تولید شیر روزانه در مدل تابعیت ثابت در جدول ۳ ارائه شده است.

جدول ۳- برآورد اجزای واریانس، وراثت‌پذیری و تکرارپذیری تولید شیر با استفاده از مدل تابعیت ثابت

مدل	$\sigma_a^2$	$\sigma_{pe}^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$	$C^2$	R
تابعیت ثابت	۴/۸۱	۱۰/۱۶	۱۳/۲۴	۲۸/۲۰	۰/۱۷	۰/۳۶	۰/۵۳

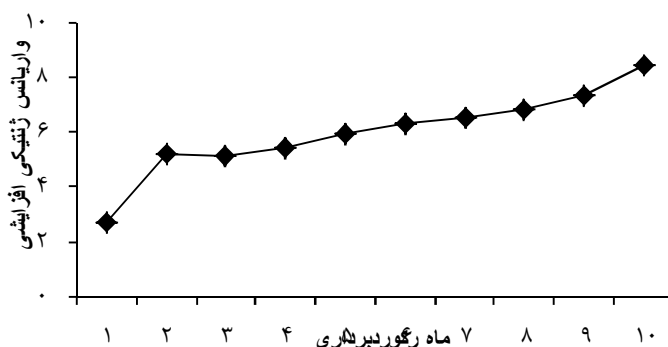
$\sigma_a^2$  = واریانس ژنتیکی افزایشی،  $\sigma_{pe}^2$  = واریانس محیط دائمی،  $\sigma_e^2$  = واریانس باقیمانده،  $\sigma_p^2$  = واریانس فنوتیپی،

$h^2$  = وراثت‌پذیری،  $C^2$  = نسبت واریانس محیطی دائم به واریانس فنوتیپی، R = تکرارپذیری

وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفت تولید شیر در این پژوهش از وراثت‌پذیری برآورد شده توسط سایر محققین (۰/۱۸۴ تا ۰/۴) کمتر بود (مسترت و همکاران، ۲۰۰۴؛ فرهنگ فر و همکاران،

۲۰۰۳)، که می‌تواند به دلیل تغییرات محیطی گسترده تولید شیر در استان یزد باشد. عواملی نظیر روش پرورش، تغذیه، نگهداری و سایر عوامل محیطی مؤثر بر عملکرد گاوهای شیری می‌توانند باعث افزایش واریانس محیطی شوند (ون ولک، ۱۹۷۰؛ گلدرمن و همکاران، ۱۹۸۶).

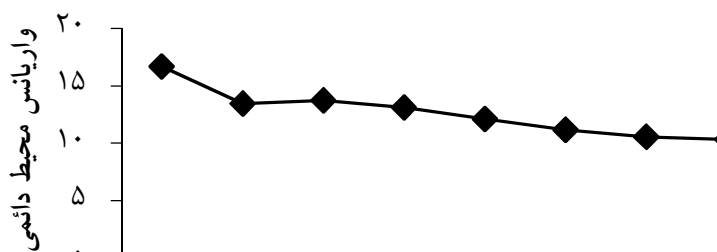
نتایج به‌دست آمده از مدل تابعیت تصادفی نشان داد که میزان واریانس ژنتیکی افزایشی برای صفت تولید شیر در ابتدای دوره شیردهی کم بوده و سپس به سمت انتهای دوره شیردهی افزایش می‌یابد (شکل ۱). به‌طور کلی واریانس ژنتیکی افزایشی در نیمه دوم دوره شیردهی بزرگ‌تر از واریانس ژنتیکی افزایشی نیمه اول شیردهی بود. به‌عبارت دیگر، گاوها در نیمه دوم شیردهی دارای تنوع و دقت ژنتیکی بیشتری بودند. همچنین بیشترین میزان واریانس ژنتیکی افزایشی در آخرین مرحله شیردهی به‌دست آمد که با نتایج به‌دست آمده در مطالعات مطابقت دارد (کباسی و همکاران، ۲۰۰۵ و مهربان، ۲۰۰۶). البته برخی پژوهش‌گران بیشترین میزان این پارامتر را در ابتدای شیردهی گزارش کرده‌اند (استرابل و میسرتال، ۱۹۹۹؛ بیگناردی و همکاران، ۲۰۰۹).



شکل ۱- واریانس ژنتیکی افزایشی برای صفت تولید شیر در مراحل مختلف شیردهی

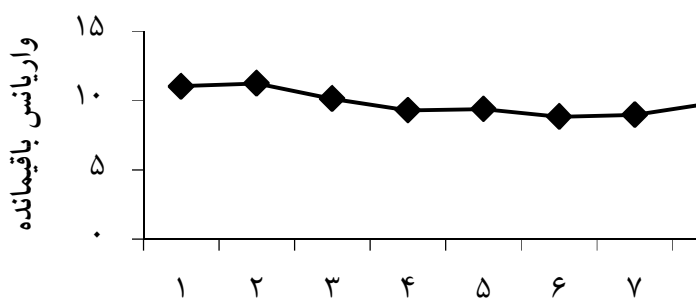
واریانس محیطی دائمی برای تولید شیر در ماه‌های اول و هشتم شیردهی به‌ترتیب بیشترین و کمترین مقدار بودند (شکل ۲). عده‌ای از پژوهش در مطالعات خود بیشترین مقدار واریانس محیطی دائمی را در ماه‌های آخر دوره شیردهی برآورد کردند و برخی از پژوهش‌گران مقدار واریانس محیطی دائمی را در طول دوره شیردهی ثابت فرض نمودند (استرابل و میسرتال، ۱۹۹۹؛ جامروزیک و شفر، ۱۹۹۷).





شکل ۲- واریانس محیط دائمی برای صفت تولید شیر در مراحل مختلف شیردهی

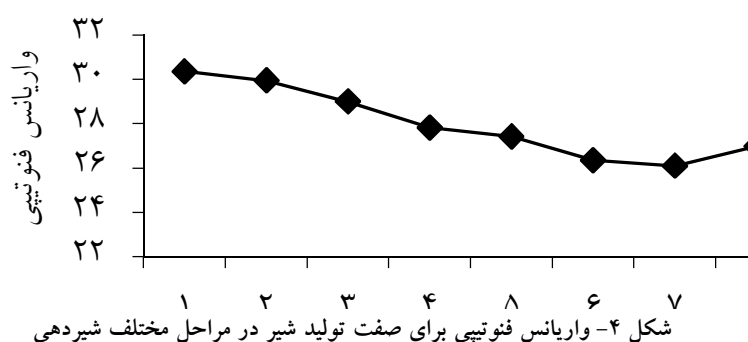
الگوی تغییرات واریانس باقیمانده صفت تولید شیر نیز بیانگر این مطلب است که واریانس باقیمانده در اوائل دوره شیردهی زیاد و به سمت انتهای دوره شیردهی کاهش می‌یابد (شکل ۳). بالا بودن واریانس باقیمانده (محیط موقت) در ماه‌های اول شیردهی می‌تواند به دلیل در نظر نگرفتن برخی اثرات محیطی مانند تنش گرمایی، تغییر در راندمان مصرف غذا، مدیریت دشوار گاوها پس از زایش و سایر موارد مؤثر بر تولید شیر در ابتدای شیردهی باشد. سایر پژوهش‌گران نیز حداکثر میزان واریانس باقیمانده صفت تولید شیر را در اوایل دوره شیردهی گزارش کرده‌اند (الوری و همکاران، ۱۹۹۹؛ جامروزیک و شفر، ۱۹۹۷؛ مقدس زاده اهرابی و همکاران، ۲۰۰۵ (الف)؛ مقدس زاده اهرابی و همکاران، ۲۰۰۵ (ب)).



شکل ۳- واریانس باقیمانده برای صفت تولید شیر در مراحل مختلف شیردهی

مدل‌های تابعیت تصادفی با فرض واریانس باقیمانده متغیر در طول دوره شیردهی، در مقایسه با مدل‌هایی با همان درجات برازش برای تابع کوواریانس افزایشی و محیط دائمی ولی با فرض واریانس

باقیمانده ثابت در طول دوره شیردهی، به دلیل افزایش دقت برآورد مؤلفه واریانس باقیمانده در مراحل مختلف دوره شیردهی دارای عملکرد بهتری بوده و ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده هر گاو با دقت بیشتری به دست می‌آید (الوری و همکاران، ۱۹۹۹؛ جنسن، ۲۰۰۱؛ بروستون و همکاران، ۲۰۰۰؛ بیگناردی و همکاران، ۲۰۰۹). دلیل این امر آن است که واریانس باقیمانده در طول دوره شیردهی به دلیل عوامل محیطی متعدد از قبیل منطقه پرورش، مدیریت گله، وضعیت آب و هوایی، سن زایش، ماه زایش، روز شیردهی، وضعیت آبستنی و دفعات دوشش متغیر است (اسوالو، ۲۰۰۰). در بسیاری از مطالعات به دلیل محدودیت‌های محاسباتی این پارامتر در طول دوره شیردهی ثابت فرض می‌شود (استرابل و میسرتال، ۱۹۹۹). واریانس فنوتیپی برای هر مرحله شیردهی از جمع مؤلفه‌های ژنتیکی افزایشی، محیط دائمی و باقیمانده برآورد شده برای آن مرحله شیردهی برآورد گردید. این پژوهش نشان داد که میزان واریانس فنوتیپی برای تولید شیر در اوایل و اواخر شیردهی حداکثر و در اواسط شیردهی حداقل است (شکل ۴)، که با نتایج به دست آمده از سایر پژوهش‌گران مطابقت دارد (بیگناردی و همکاران، ۲۰۰۹ و زواندیلوا و همکاران، ۲۰۰۵).



نتایج مربوط به برآورد وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی حاصل از مدل تابعیت تصادفی در جدول ۴ نشان داده شده است. در این مطالعه، حداقل میزان وراثت‌پذیری تولید شیر در اوایل دوره شیردهی به میزان ۰/۰۸۸ برآورد گردید. این مقدار در ماه‌های بعدی افزایش یافته و در ماه دهم به حداکثر میزان خود (۰/۲۹۲) رسید.

به‌طور کلی میانگین مقادیر وراثت‌پذیری تولید شیر روزانه در نیمه دوم دوره شیردهی بزرگ‌تر از میانگین مقادیر وراثت‌پذیری در نیمه اول دوره شیردهی بود، که مطابق با الگوی مشاهده شده توسط

سایر محققین است (سید شریفی و همکاران، ۲۰۰۸؛ فرهنگ فر و همکاران، ۲۰۰۳؛ مقدس زاده اهرابی و همکاران، ۲۰۰۵؛ فرهنگ فر و همکاران، ۲۰۰۷). در برخی از مطالعات حداکثر وراثت‌پذیری در اوایل و اواخر شیردهی گزارش شده است (زوادیلوا و همکاران، ۲۰۰۵؛ جامروزیک و شفر، ۱۹۹۷؛ بیگناردی و همکاران، ۲۰۰۹).

پائین بودن میزان وراثت‌پذیری تولید شیر در ماه‌های اول نشان می‌دهد که تنوع محیطی سهم عمده‌ای از تنوع فنوتیپی تولید شیر را در ابتدای دوره شیردهی تشکیل می‌دهد. همچنین افزایش میزان وراثت‌پذیری در اواسط دوره شیردهی تابع افزایش واریانس ژنتیکی افزایشی و کاهش واریانس باقیمانده است. به این ترتیب، صفت مزبور در نیمه دوم شیردهی دارای توارث‌پذیری بالاتری است. بنابراین، بهتر است از رکوردهای نیمه دوم شیردهی برای ارزیابی حیوانات استفاده گردد. در مورد همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین ماه‌های مختلف شیردهی برای صفت تولید شیر، مشاهده گردید که همبستگی بین ماه‌های نزدیک به هم بالا و هر چه فاصله بین ماه‌های رکوردگیری بیشتر می‌شود از همبستگی آن‌ها کاسته می‌گردد (جدول ۴)، روند تغییرات مذکور با نتایج به‌دست آمده توسط سایر پژوهش‌گران مطابقت دارد (جنگلر و همکاران، ۲۰۰۱ و استرابل و میسرتال، ۱۹۹۹).

جدول ۴- وراثت‌پذیری (روی قطر) و همبستگی‌های ژنتیکی (بالای قطر) و فنوتیپی (پایین قطر) صفت تولید شیر در مراحل مختلف شیردهی با استفاده از مدل تابعیت تصادفی

	۱۰	۹	۸	۷	۶	۵	۴	۳	۲	۱
۱	۰/۳۹۸	۰/۴۳۷	۰/۴۷۶	۰/۵۰۹	۰/۵۴۴	۰/۵۸۹	۰/۶۴۵	۰/۶۹۶	۰/۷۱۲	۰/۰۸۸
۲	۰/۵۰۸	۰/۵۱۳	۰/۵۱۷	۰/۵۳۱	۰/۵۷۰	۰/۶۴۸	۰/۷۷۶	۰/۹۲۹	۰/۱۷۶	۰/۴۶۸
۳	۰/۶۰۹	۰/۶۷۱	۰/۷۳۳	۰/۷۶۶	۰/۸۱۴	۰/۸۷۶	۰/۹۵۳	۰/۱۱۷۷	۰/۶۱۲	۰/۳۹۶
۴	۰/۶۷۲	۰/۷۷۰	۰/۸۴۷	۰/۹۰۲	۰/۹۴۴	۰/۹۸۰	۰/۱۹۶	۰/۶۴۵	۰/۵۷۴	۰/۳۵۶
۵	۰/۷۳۴	۰/۸۳۱	۰/۹۱۱	۰/۹۶۱	۰/۹۸۹	۰/۲۱۷	۰/۶۵۳	۰/۶۱۳	۰/۵۲۶	۰/۳۲۷
۶	۰/۷۸۶	۰/۸۸۶	۰/۹۵۴	۰/۹۹۰	۰/۲۴۱	۰/۶۵۴	۰/۶۳۶	۰/۵۸۳	۰/۴۸۹	۰/۳۱۱
۷	۰/۸۵۹	۰/۹۴۰	۰/۹۸۷	۰/۲۵۲	۰/۶۵۳	۰/۶۳۰	۰/۶۰۱	۰/۵۴۱	۰/۴۴۸	۰/۲۹۶
۸	۰/۹۳۰	۰/۹۸۳	۰/۲۵۴	۰/۶۳۸	۰/۶۲۰	۰/۵۸۶	۰/۵۴۹	۰/۴۸۸	۰/۴۰۵	۰/۲۷۹
۹	۰/۹۸۲	۰/۲۷۹	۰/۶۴۷	۰/۶۳۲	۰/۵۹۹	۰/۵۵۳	۰/۵۰۹	۰/۴۵۰	۰/۳۷۷	۰/۲۷۳
۱۰	۰/۲۹۲	۰/۶۶۷	۰/۶۲۰	۰/۵۸۸	۰/۵۴۳	۰/۴۸۹	۰/۴۴۳	۰/۳۹۰	۰/۳۳۵	۰/۲۵۴

نتایج مربوط به تکرارپذیری تولید شیر در ماه‌های مختلف شیردهی و همبستگی محیطی بین ماه‌های مختلف در جدول ۵ ارائه شده است.

جدول ۵- تکرارپذیری (روی قطر) و همبستگی محیطی (پایین قطر) صفت تولید شیر در مراحل مختلف شیردهی با استفاده از مدل تابعیت تصادفی

	۱۰	۹	۸	۷	۶	۵	۴	۳	۲	۱
۱										۰/۶۳۶
۲									۰/۷۶۶	۰/۶۲۵
۳								۰/۶۵۰	۰/۹۷۲	۰/۶۰۶
۴						۰/۶۶۶	۰/۹۹۱	۰/۹۳۷	۰/۵۳۴	۰/۶۶۶
۵					۰/۶۵۷	۰/۹۹۲	۰/۹۶۷	۰/۸۹۹	۰/۵۰۰	۰/۶۶۶
۶				۰/۶۶۴	۰/۹۹۱	۰/۹۶۶	۰/۹۲۷	۰/۸۵۲	۰/۴۸۱	۰/۶۶۴
۷			۰/۶۵۶	۰/۹۸۹	۰/۹۶۰	۰/۹۱۸	۰/۸۶۸	۰/۷۹۱	۰/۴۶۷	۰/۶۵۶
۸		۰/۶۳۶	۰/۹۸۸	۰/۹۵۵	۰/۹۰۶	۰/۸۴۹	۰/۷۸۸	۰/۷۱۴	۰/۴۵۴	۰/۶۳۶
۹	۰/۶۷۶	۰/۹۸۹	۰/۹۵۴	۰/۹۰۰	۰/۸۳۳	۰/۷۶۲	۰/۶۹۳	۰/۶۲۵	۰/۴۳۷	۰/۶۷۶
۱۰	۰/۶۶۲	۰/۹۹۰	۰/۹۵۷	۰/۹۰۱	۰/۸۲۸	۰/۷۴۶	۰/۶۶۴	۰/۵۸۹	۰/۴۱۷	۰/۶۶۲

در این پژوهش تکرارپذیری شیر در نیمه دوم دوره شیردهی بالاتر از نیمه اول شیردهی بود، بنابراین انتخاب ژنتیکی گاوها در نیمه اول شیردهی می‌تواند با افزایش صحت ارزیابی همراه باشد. حداکثر مقدار تکرارپذیری در این پژوهش مربوط به ماه نهم شیردهی بود. در این مطالعه، همبستگی محیطی بین ماه‌های نزدیک به هم نیز بالا بوده و هرچه فاصله بین ماه‌های شیردهی بیشتر می‌شود این همبستگی کاهش می‌یافت.

مقایسه آماری بر اساس آزمون آماری t-student برای نمونه‌های جفت شده بین دو روش ارزیابی ژنتیکی نشان داد ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده برای صفت تولید شیر به روش تابعیت تصادفی (با میانگین ۰/۳۱۶۲) به‌طور معنی‌داری بالاتر از میانگین پیش‌بینی شده توسط روش تابعیت ثابت (با میانگین ۰/۰۰۶۹) بود ( $P < 0/01$ ). این به این معنی است که با توجه به مزایای مدل تابعیت تصادفی نظیر دقت برآورد بالاتر، بهتر است ارزش‌های اصلاحی برآورد شده توسط این مدل، معیار انتخاب حیوانات قرار گیرد.

همبستگی رتبه‌ای بین ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده پدران و دختران دارای رکورد با استفاده از دو مدل تابعیت ثابت و تصادفی به ترتیب ۰/۹۵۸ و ۰/۹۶۴ به دست آمد. بر اساس نتایج به دست آمده در جدول ۷، همبستگی رتبه‌ای بین ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده در دو مدل برای دختران بالاتر از مقدار همبستگی رتبه‌ای به دست آمده برای پدران است. این امر نشان می‌دهد هنگام استفاده از مدل تابعیت تصادفی، تغییر حاصل از رتبه دختران کمتر از گاوهای نر خواهد بود.

در جدول‌های ۶ و ۷ رتبه‌بندی ۱۰ پدر و ۱۰ ماده گاو برتر از لحاظ ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده بر اساس دو مدل مزبور برای صفت تولید شیر ارائه شده است. رتبه‌های به دست آمده از مدل تابعیت تصادفی با آنچه از مدل تابعیت ثابت حاصل شده بود در بعضی موارد تفاوت دارد. این اختلاف مخصوصاً در رتبه‌بندی دختران دارای رکورد نسبت به پدرانشان بیشتر است. از عوامل مؤثر بر صحت پیش‌بینی ارزش اصلاحی حیوانات می‌توان وراثت‌پذیری، تعداد رکوردهای موجود به ازای هر رأس دام، مدل مورد استفاده و تعداد هم‌گله‌ای‌ها را بر شمرد. از آنجا که تعداد رکوردهای موجود برای ارزیابی ژنتیکی پدران به مراتب بیشتر از تعداد رکوردهای موجود برای دخترانشان می‌باشد و با توجه به این که تعداد رکوردهای موجود برای هر حیوان یکی از مؤلفه‌های اصلی افزایش صحت ارزیابی ژنتیکی است از این رو تغییر رتبه‌بندی پدران برتر که معمولاً با تعداد زیادی از دختران همراه می‌باشد بین دو مدل روزآزمون با تابعیت ثابت و تصادفی چشمگیر نیست.

جدول ۶- رتبه‌بندی ده پدر برتر با استفاده از روش پیش‌بینی ارزش اصلاحی برای تولید شیر.

شماره پدران	رتبه گاو با مدل تابعیت تصادفی	رتبه گاو با مدل تابعیت ثابت
۵۰۰۰۱۴	۱	۱
۸۰۰۲۲۲	۲	۳
۶۰۱۳۷۴	۳	۷
۸۰۰۷۹۱	۴	۴
۱۲۸۰۱۲	۵	۵
۵۴۰۰۱۲	۶	۳۳
۶۰۱۴۳۷	۷	۶
۸۰۰۶۲۷	۸	۹
۸۰۰۱۳۷	۹	۲
۸۰۰۵۱۲	۱۰	۱۲

جدول ۷- رتبه‌بندی ده دختر برتر با استفاده از روش پیش‌بینی ارزش اصلاحی برای تولید شیر.

رتبه گاو با مدل تابعیت ثابت	رتبه گاو با مدل تابعیت تصادفی	شماره گاو
۱	۱	۸۳۱۱۲۸۸
۶	۲	۸۳۰۸۴۸۰
۲۵	۳	۸۳۰۸۴۷۵
۵	۴	۸۳۱۰۵۲۶
۵۳	۵	۸۳۰۹۱۰۱
۲۰	۶	۸۳۰۶۸۲۱
۹	۷	۸۳۰۷۳۶۵
۱۹	۸	۸۳۱۰۵۲۳
۲۷	۹	۸۳۰۷۸۶۹
۱۴	۱۰	۸۳۰۴۳۰۷

### نتیجه‌گیری کلی

با توجه به دقت برآورد مناسب‌تر مدل تابعیت تصادفی نسبت به مدل تابعیت ثابت و معنی‌دار بودن اختلاف ارزش‌های اصلاحی برآورد شده توسط این دو مدل بهتر است انتخاب حیوانات بر اساس مدل تابعیت تصادفی انجام گیرد. البته به دلیل همبستگی بالای برآورد شده برای پدران و دختران بر اساس دو مدل تابعیت ثابت و تصادفی، اگر امکانات لازم مانند کامپیوترهای پیشرفته به جهت انجام محاسبات زیاد و مدت زمان طولانی این محاسبات برای انجام آنالیز تابعیت تصادفی موجود نباشد می‌توان از تابعیت ثابت برای برآورد پارامترهای ژنتیکی استفاده کرد. البته لازم به ذکر است که در انتخاب گاوهای ممتاز به دلیل اختلاف در رتبه‌بندی گاوها براساس دو مدل بهتر است از تابعیت تصادفی به خاطر دقت بیشتر استفاده گردد.

### سپاسگزاری

داده‌های خام مورد استفاده در این پژوهش توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور تهیه گردیده است. به این وسیله مؤلفان مراتب تشکر خود را از مسئولین محترم این مرکز اعلام می‌نمایند. همچنین به این وسیله از مهندس حسین نعیمی‌پور برای کمک ایشان در تجزیه و تحلیل داده‌ها سپاسگزاری می‌شود.

منابع

1. Albuquerque, L.G., and Meyer, K. 2001. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. *J. Anim. Sci.* 79: 2776-2789.
2. Ali, T.E. and Schaeffer, L.R. 1987. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy-cows. *Can. J. Anim. Sci.* 67: 637-644.
3. Bignardi, A.B., El-Faro, L., Cardoso, V.L., Machado, P.F. and Albuquerque, L.G.D. 2009. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. *Livest. Sci.* 123: 1-7.
4. Brotherstone, S., White, I.M.S. and Meyer, K. 2000. Genetic modeling of daily milk yield using orthogonal polynomials parametric curves. *J. Anim. Sci.* 70: 407- 415.
5. Cobuci, J.A., Euclides, R.F., Lopes, P.S., Costa, C.N., Torres, R.D. and Pereira, C.S. 2005. Estimation of genetic parameters for test-day milk yield in Holstein cows using a random regression model. *Genet. Mol. Biol.* 28: 75-83.
6. Druet, T., Jaffrezic, 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. *J. Dairy Sci.* 86: 2480-2490.
7. Emam Jomeh Kashan, N. 1997. GENETIC EVALUATION IN ANIMAL HUSBANDRY. First edition. Nas publication. 34-132. (In Persian)
8. Farhangfar, H., Rowlinson, P. and Willis, M.B. 2003. Multivariate REML estimates of genetic parameters of monthly test day milk production traits in the first parity of Iranian Holstein cows with the use of a repeatability test day model. *Proceeding of the British Society of Animal Science.* Pp: 139.
9. Farhangfar, H., and Rezaie, H. 2007. Estimation of genetic parameters for test day records of milk in Iranian Holstein cows. *J.A. Sci.* 30: 101-108. (In Persian)
10. Fischer, T.M., Vander Werf, J.H.J., Banks, R.G. and Ball, A.J. 2004. Description of lamb growth using random regression on field data. *Livest. Prod. Sci.* 89: 175-185.
11. Geldermann, H., Pieper, U. and Weber, W.E. 1986. Effect of misidentification on the estimation of breeding value and heritability in cattle. *J. Anim. Sci.* 63(6): 1759-1768.
12. Gengler, N., Tijani, A., Wiggans, G.R. and Philpot, J.C. 2001. Estimation of (co)variance functions for test-day yields during first and second lactations in the United States. *J. Dairy Sci.* 84: 542-560.
13. Jakobsen, J.H., Madsen, P., Jensen, J., Pedersen, J., Christensen, L.G. and Sorensen, D.A. 2002. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimated in random regression models using REML. *J. Dairy Sci.* 85: 1607-1616.

14. Jamrozik, J. and Schaeffer, L.R. 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. *J. Dairy Sci.* 80: 762-770.
15. Jamrozik, J., Schaeffer, L.R. and Weigel, K.A. 2002. Estimates of genetic parameters for single and multiple-country test-day models. *J. Dairy Sci.* 85: 3131-3141.
16. Jensen, J. 2001. Genetic evaluation of dairy cattle using test-day models. *J. Dairy Sci.* 84: 2803-2812.
17. Kirkpatrick, M., Lofsvold, D. and Bulmer, M. 1990. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. *Genetics* 124: 979-993.
18. Kirkpatrick, M., Hill, W.G., and Thompson, R. 1994. Estimating the covariance structure of traits during growth and aging, illustrated with lactation in dairy-cattle. *Genet. Res.* 64: 57-69.
19. Mehraban, H. 2006. Application of random regression model on prediction of breeding value and genetic trend for milk production in Holstein dairy cows of Mashhad farm of Astane Godse Razavi. M.Sc. Thesis, Zabol University, Zabol, Iran. (In Persian)
20. Meyer, K. 1998. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. *Genet. Sel. Evol.* 30: 221-240.
21. Meyer, K. 2001. Estimates of direct and maternal covariance functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. *Genet. Sel. Evol.* 33: 487-514.
22. Moghadaszade Ahrabi, S., Eskandari Nasab, M.P., Alijani, S. and Abasi, M.A. 2005. (a). Estimation of genetic parameters for milk and fat yield traits of Holstein dairy cattle using test day records. *J. Agric. Sci. Natur. Resour.*, Vol. 12 (3): 7-16. (In Persian)
23. Moghadaszade Ahrabi, S., Eskandari Nasab, M.P., Alijani, S. and Abasi, M.A. 2005. (b). the structure of residual variance of milk yield trait based on the analysis of test day records in random regression models. *J. Agric. Sci. Natur. Resour.*, Vol. 12(3): 27-34. (In Persian)
24. Mostert, B.E., Groeneveld, E. and Kaanfer, F.H.J. 2004. Testday models for production traits in dairy cattle. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 34: 35-37.
25. Mrode, R.A. 1996. *LINEAR MODELS FOR PREDICTION OF ANIMAL BREEDING VALUES*. CABI publishing, 200 Pp.
26. Olori, V.E., Hill, W.G. and Brotherstone, S. 1999. The structure of the residual error variance of test day milk yield in random regression models. *Proceeding of the Computational Cattle Breeding Workshop 1999*. Tuusula, Finland, March 18-20.
27. Ptak, E. and Schaeffer, L.R. 1992. Test day yields as an alternative to 305-day yields. *J. Dairy Sci.* 75: 251.



28. Safaiy, M., Eskandari Nasab, M.P. and Sharbaf Toosi, A. 2006. Estimation of genetic parameters of growth traits in Baluchi sheep using random regression models. *J. Agric. Sci. and Technology*. 20(2): 93-102. (In Persian)
29. SAS user guide: Statistics, Version 6.0. Edition. 1990. SAS Inst., Inc., Cary, NC.
30. Schaeffer, L.R. and Dekkers, J.C.M. 1994. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. *Proceeding. 5th World Congress. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Guelph, Canada, 18: 442-446.
31. Scharffer, L.R. 2004. Application of random regression models in animal breeding. *Livest. Prod. Sci.* 86: 35-45.
32. Seyedsharifi, R., Eskandari Nasab, M.P., and Sobhani, A. 2008. Estimation of Genetic Parameters and Breeding Values for Test-Day and 305-Days Milk Yields in Some Iranian Holstein Herd. *J. Anim. Vet. Adv.* 7: 1422-1425.
33. Sorensen, D.A., and Kennedy, B.W. 1986. Analysis of selection experiments using mixed model methodology. *J. Anim. Sci.* 63: 245.
34. 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. *J. Dairy Sci.* 82: 2805-2810.
35. Swalve, H.H. 1994. The effect of test day models of the estimation of genetic parameters and breeding values for dairy yield traits. *J. Dairy Sci.* 78: 929-938.
36. Swalve, H.H. 2000. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. *J. Dairy Sci.* 83: 1115-1124.
37. Van Vleck, L.D. 1970. Misidentification in estimating the paternal sib correlation. *J. Dairy Sci.* 53: 1469-1474.
38. Wolfinger, R.D. 1996. Covariance structure in general mixed models. *Common. Stat.* 22(B): 1079-1106.
39. Zavadilova, L., Jamrozik, J., and Schaeffer, L.R. 2005. Genetic parameters for test-day model with random regressions for production traits of Czech Holstein cattle. *Czech. J. Anim. Sci.* 50: 142-15



Gorgan University of Agricultural  
Sciences and Natural Resources

*J. of Ruminant Researches, Vol. 1 (1), 2013*

<http://ejrr.gau.ac.ir>

## **Genetic analysis of milk production trait using test day model with fixed and random regressions in Holstein dairy cows of Yazd province**

**\*M.H. Khaleghi<sup>1</sup>, S. Zerehdaran<sup>2</sup>, S. Hassani<sup>2</sup>, H. Farhangfar<sup>3</sup>  
and A.R Eghbal<sup>4</sup>**

<sup>1</sup>Former M.Sc. Student and <sup>2</sup>Faculty Member, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, <sup>3</sup>Faculty Member of Birjand University, <sup>4</sup>Expert in Improvement and Animal Breeding Center

Received: 10/20/2012; Accepted: 03/10/2013

### **Abstract**

This study was conducted to estimate genetic parameters of milk production in Yazd Holstein dairy cows using fixed and random regression model. The dataset consisted of 35178 test day records belonging to 5101 first calving Holstein cows with two or three times of milking was used. Data were collected from 42 herds during 1991 to 2009. A combination of herd, year, season and times of milking were included in the models. Age at calving along with Holstein percentage of each cow were considered as covariates. Direct genetic and permanent environmental effects were included in the models as random effects. Random direct genetic and permanent environmental effects were fitted on milk production curve using Legendre orthogonal polynomial with power three for permanent environment effect and power four for direct genetic effect in random regression model. Estimated heritability for milk production in fixed regression model was 0.17. In random regression model, heritability of milk production was higher in second than first mid of lactation period. The highest and the lowest heritability were estimated at first (0.088) and tenth (0.292) months, respectively. Estimated breeding values for sires and daughters were evaluated in both models. The mean of estimated breeding values in random regression model was significantly higher than fixed regression model. Rank correlations between breeding values of two models were 0.958 and 0.964 for sires and daughters, respectively. In conclusion, random regression model can be recommended for genetic parameter estimation, because of its higher accuracy compared to fixed regression model.

**Keywords:** Legendre function, Milk production, Degree of fitness, Heritability, Genetic correlation

---

\*Corresponding Author; Email: [puzzle.3281@yahoo.com](mailto:puzzle.3281@yahoo.com)