



## Original Research Paper

## Genetic evaluation of Iranian Holstein population using Random Regression models and Cross validation

*Yasaman salami Yekta*<sup>1</sup>, *Rasoul Vaez Torshizi*<sup>\*2</sup>, *Mokhtar Ali Abasi*<sup>3</sup>, *Nasser Emmamjome Kashan*<sup>1</sup>, *Mehdi Amin Afshar*<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Department of Animal Science, Science and Research branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

<sup>2</sup> Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Engineering, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran

<sup>3</sup> Department of Animal Breeding and Genetics, Animal Science Research Institute of Iran, Karaj, Iran

### Key Words

Sire selection  
Legendre Polynomial functions  
Generation interval  
Test day record  
Breeding value

### Abstract

**Introduction:** The objective of this study was predicting breeding values for sires and cows at an early stage of cows' first lactation, to enable early selection of sires.

**Materials & Methods:** Accuracy of predicted breeding values were investigated using cross validation method. Data consisted of 2,166,925 test-day records from 456,712 cows calving between 1990 and 2015. (Co)-variance components and breeding values were estimated using a random regression test-day model and the average information Restricted Maximum Likelihood method. Legendre polynomial functions of order 3 were chosen to fit the additive genetic and permanent environmental effects and homogeneous residual variance was assumed throughout lactation.

**Results:** The lowest heritability of daily milk yield was estimated to be 0.14 in early lactation, and the highest heritability of daily milk yield was estimated to be 0.18 in mid lactation. Cross validation showed high positive correlation of predicted breeding values between consecutive yearly evaluations for both cows and sires. Correlation between predicted breeding values in early lactation (5-90 days) and late lactation (181-305 days) were 0.77-0.87 for cows and 0.81-0.94 for sires.

**Conclusion:** These results show that we can select sires according to their daughters' early lactation before they finish first lactation. This can be used to decline generation interval and increase genetic gain in Iranian Holstein population.

\* Corresponding Author's email: [rasoult@modares.ac.ir](mailto:rasoult@modares.ac.ir)

Received: 4 May 2021; Reviewed: 10 June 2021; Revised: 12 August 2021; Accepted: 18 September 2021

(DOI): [10.22034/AEJ.2021.296316.2596](https://doi.org/10.22034/AEJ.2021.296316.2596)

## مقاله پژوهشی

## ارزیابی ژنتیکی گاوهای نر هلشتاین با روش اعتبارسنجی متقاطع و مدل‌های رگرسیون تصادفی

یاسمین سلیمی یکتا<sup>۱</sup>، رسول واعظ‌ترشیزی\*<sup>۲</sup>، مختار علی عباسی<sup>۳</sup>، ناصر امام‌جمعه‌کاشان<sup>۱</sup>، مهدی امین‌افشار<sup>۱</sup>

<sup>۱</sup> گروه علوم دامی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

<sup>۲</sup> گروه علوم دامی، دانشکده مهندسی کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

<sup>۳</sup> مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور، کرج، ایران

## چکیده

## کلمات کلیدی

**مقدمه:** هدف از این پژوهش ارائه یک مدل برای پیش‌بینی ارزش ارثی گاوهای نر مولد و شناسایی مولدهای برتر از طریق رکوردهای اولیه دختران آن‌ها بود تا بتوان مولدهای برتر را توسط رکوردهای اولیه دختران آن‌ها انتخاب نمود.

**مواد و روش‌ها:** دقت ارزش ارثی پیش‌بینی شده با روش اعتبارسنجی متقاطع (Cross Validation) آزمون شد. برای این منظور داده‌ها در هر سال و جداگانه ارزیابی شدند. داده‌ها شامل ۲۱۶۶۹۲۵ رکورد روز آزمون از ۴۵۶۷۱۲ گاو ماده در طی سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۵ بود. مولفه‌های (کو)واریانس و ارزش ارثی حیوانات با روش رگرسیون تصادفی و حداکثر درست‌نمایی محدود شده Restricted Maximum Likelihood (REML) برآورد شد. چندجمله‌ای لژاندر با درجه ۳ برای اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی و اثر تصادفی محیطی دائمی انتخاب و اثر باقی‌مانده همگن برای این مدل فرض شد.

**نتایج:** کم‌ترین وراثت‌پذیری تولید شیر ۰/۱۴ در اوایل دوره شیردهی و بیش‌ترین مقدار آن در اواسط دوره شیردهی و معادل ۰/۱۸ برآورد شد. نتایج حاصل از روش اعتبارسنجی متقاطع نشان داد که همبستگی ارزش ارثی گروه پدران و دختران در ارزیابی‌های سالانه مثبت و زیاد است. همبستگی ارزش ارثی در اوایل دوره شیردهی (روزهای ۵ تا ۹۰) و اواخر دوره شیردهی (روزهای ۱۸۱ تا ۳۰۵) برای گروه دختران ۰/۸۷-۰/۷۷ و برای گروه پدران ۰/۹۴-۰/۸۱ برآورد شد.

**بحث و نتیجه‌گیری:** نتایج نشان داد که می‌توان مولدهای نر را بر اساس رکورد تولید ماه‌های اول پس از زایش دختران آن‌ها انتخاب نمود. با انتخاب زود هنگام مولدهای نر فاصله نسل کاهش یافته و پیشرفت ژنتیکی بیش‌تر می‌شود.

## مقدمه

(۱۰) انجام شد. گاوهایی که تولید شیر روزانه آنها بین ۵ تا ۶۰ کیلوگرم بود انتخاب شدند. روز آزمون‌های قبل از ۵ روز و بعد از ۳۰۵ روز از فایل داده‌ها حذف گردید. از داده‌های گاوهایی با سه بار دوشش در روز و با سن زایش اول ۲۰ تا ۵۰ ماه استفاده شد. گله‌ها و سال‌هایی که به ترتیب کم‌تر از ۵۰۰ و ۱۰۰۰ مشاهده داشتند نیز حذف گردیدند. هم‌چنین فایل شجره با استفاده از نرم‌افزار DMU-trace بررسی و کیفیت آن ارزیابی شد (۱۱). فایل شجره شامل ۵۹۶۷۰۳ حیوان و فایل ارقام پس از ویرایش داده‌ها دارای ۲۱۶۶۹۲۵ رکورد مربوط به ۴۵۶۷۱۲ حیوان بود.

**مدل آماری:** از روش رگرسیون تصادفی با توابع چندجمله‌ای لژاندر برای برآورد مولفه‌های واریانس استفاده شد. ضرایب چندجمله‌ای لژاندر با استفاده از نرم‌افزار R و بسته Orthopolynom محاسبه شد. درجه‌های متفاوتی برای چندجمله‌های لژاندر آزمون شد که نتایج درجه سوم آن بهتر بود و انتخاب شد. مدل مورد استفاده به شرح زیر است:

$$y_{ijklmn} = hy_i + dim_j + age_k + htd_t + \sum_{t=0}^3 \phi_t (DIM_j) a_{mt} + \sum_{t=0}^3 \phi_t (DIM_j) pe_{mt} + e_{ijklmn}$$

در این مدل  $y_{ijklmn}$  رکورد روز آزمون  $n$  ام از گاو  $m$  ام در روز شیردهی  $z$  ام در گروه گله-روز آزمون  $l$  ام در گروه گله-سال  $i$  ام و سن زایش  $k$  ام می‌باشد. هم‌چنین  $hy_i$  اثر ثابت گله-سال،  $dim_j$  اثر ثابت روز شیردهی،  $age_k$  اثر ثابت سن زایش،  $htd_t$  اثر تصادفی گله-روز آزمون،  $a_{mt}$  اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی حیوان  $m$  ام،  $\phi_t$  ضریب چندجمله‌ای لژاندر  $t$  ام که برای روز شیردهی  $z$  ام بین  $-1$  و  $+1$  استاندارد شده است،  $pe_{mt}$  اثر تصادفی محیطی دائمی و  $e_{ijklmn}$  اثر تصادفی باقی‌مانده می‌باشند. توزیع اثرات تصادفی نرمال فرض گردید.

$$a \sim N(0, A \otimes G_0)$$

$$pe \sim N(0, I_q \otimes P_0)$$

$$e \sim N(0, I_n \sigma_e^2)$$

$$htd \sim N(0, I_p \sigma_{htd}^2)$$

در این فرمول‌ها  $A$  ماتریس روابط خویشاوندی با ابعاد تعداد حیوانات،  $G_0$  و  $P_0$  ماتریس (کو)واریانس اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی با ابعاد تعداد درجه چندجمله‌ای لژاندر،  $I_q$  ماتریس واحد با ابعاد مرتبط با اثر تصادفی محیطی دائمی،  $I_n$  ماتریس واحد با ابعاد تعداد رکورها،  $\sigma_e^2$  واریانس باقی‌مانده،  $I_p$  ماتریس واحد با ابعاد مرتبط با اثر تصادفی گله-روز آزمون،  $\sigma_{htd}^2$  واریانس گله-روز آزمون و  $\otimes$  ضرب کرونیگر می‌باشند.

میزان پیشرفت ژنتیکی در بخش پرورش گاو شیری به نحوه انتخاب گاوهای نر مولد بستگی دارد. بنابراین انتخاب مولد نر یک تصمیم مهم در بخش پرورش گاو شیری می‌باشد که بر سلامت، میزان تولید و باروری حیوانات تاثیر دارد (۱). عموماً انتخاب گاوهای نر براساس نتایج حاصل از آزمون نتاج انجام می‌گیرد. در آزمون نتاج ارزیابی ژنتیکی گاوهای نر بر مبنای عملکرد دختران آنها می‌باشد (۲، ۳). صحت گاوهای نر برتر شناسایی شده تحت تاثیر عواملی نظیر شجره، تعداد رکورد، مدل آماری مورد استفاده، دقت ارزش ارثی پیش‌بینی شده، سرعت آزمون نتاج و شدت انتخاب می‌باشد (۴، ۵). اگرچه افزایش تعداد رکورد دختران در زایش‌های دوم و سوم می‌تواند سبب افزایش دقت انتخاب مولدهای نر شود، ولی به دلیل اریبی ناشی از حذف دختران به دلیل کم شدن تولید ناشی از مشکلات سلامتی یا سقط جنین دقت ارزیابی می‌تواند کاهش یابد (۶). هم‌چنین انتخاب گاوهای نر بر مبنای چند رکورد اول دختران آنها می‌تواند سبب کاهش فاصله نسل شود که برای بخش دامپروری سودآور است (۱). روش رگرسیون تصادفی برای ارزیابی صفات قابل رکوردگیری در طول زندگی یا یک دوره فیزیولوژیک حیوان استفاده می‌شود. با این روش می‌توان نحوه تغییرات صفت را در طول زمان مطالعه نمود. معمولاً در این مدل‌ها برای برآورد (کو)واریانس‌های ژنتیکی و محیطی دائمی از توابعی مانند چندجمله‌ای‌های لژاندر و اسپلین استفاده می‌شود (۷). با روش اعتبارسنجی متقاطع می‌توان تغییرات دقت پیش‌بینی ارزش ارثی حیوانات در طول زمان از داده‌های قدیمی و داده‌های جدید را مطالعه نمود. دقت ارزش ارثی عبارت از همبستگی ارزش ارثی حقیقی و پیش‌بینی شده برای هر حیوان می‌باشد (۸). با روش اعتبارسنجی متقاطع دقت پیش‌بینی ارزش ارثی در جمعیت و میزان اریبی آنها بررسی می‌شود و یک روش مناسب برای ارزیابی مدل‌های رگرسیون تصادفی می‌باشد چون در این روش داده‌ها در طول زمان از قدیم به جدید بررسی می‌شوند (۹). هدف از انجام این تحقیق، استفاده از مدل رگرسیون تصادفی برای ارزیابی ژنتیکی گاوهای هلشتاین ایران و هم‌چنین پیش‌بینی و ارزیابی ارزش ارثی و انتخاب مولدهای نر بر مبنای رکورهای اولیه دختران آنها است.

## مواد و روش‌ها

داده‌های روز آزمون زایش اول گاوهای هلشتاین ایران بین سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۵ مورد استفاده در این تحقیق توسط مرکز اصلاح نژاد کشور تامین شد. ویرایش داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار R

نظر قرار گرفته شد و در هر ارزیابی سالانه ارزش ارثی پیش‌بینی شده در اوایل و اواخر دوره شیردهی مقایسه شدند. در واقع ارزش ارثی در اوایل دوره شیردهی در فایل قدیمی ( $i-1$ ) با ارزش ارثی در اواخر دوره شیردهی در فایل جدید ( $i$ ) مقایسه گردید. برای مقایسه ارزیابی‌های ژنتیکی، از روابط زیر برای هر دو گروه از داده‌های متوالی از اولین ( $i-1=1, i=2$ ) تا آخرین داده‌ها ( $i-1=20, i=21$ ) استفاده شد (۹).

در این فرمول‌ها  $\hat{u}_i$  و  $\hat{u}_{i-1}$  ارزش ارثی در داده‌های جدید ( $i$ ) و قدیم ( $i-1$ ) می‌باشند.

$$b_{i,i-1} = cov(\hat{u}_i, \hat{u}_{i-1}) / var(\hat{u}_{i-1})$$

در این فرمول  $b_{i,i-1}$  رگرسیون ارزش ارثی می‌باشد و میزان پراکندگی را نشان می‌دهد. اگر مقدار  $b_{i,i-1}$  برابر با یک باشد، به معنای عدم انحراف از خط رگرسیون می‌باشد.

$$P_{i,i-1} = cov(\hat{u}_i, \hat{u}_{i-1}) / \sqrt{var(\hat{u}_i), var(\hat{u}_{i-1})}$$

در این فرمول  $P_{i,i-1}$  همبستگی ارزش ارثی در داده‌های قدیم ( $i-1$ ) و جدید ( $i$ ) می‌باشد و میزان دقت برآورد را نشان می‌دهد. دقت برآورد عبارت از همبستگی ارزش ارثی پیش‌بینی شده و حقیقی می‌باشد.

$$M_{i,i-1} = \overline{\hat{u}_{i-1}} - \overline{\hat{u}_i}$$

در این فرمول  $M_{i,i-1}$  تفاوت در میانگین ارزش ارثی پیش‌بینی شده در داده‌های قدیم ( $i-1$ ) و جدید ( $i$ ) بوده و مقدار اریبی را نشان می‌دهد. در مواردی که مقدار  $M_{i,i-1}$  صفر است، استنباط می‌شود که برآوردها اریب نیست.

## نتایج

**برآورد پارامترهای ژنتیکی:** میانگین تولید شیر روزانه ( $8 \pm 1$ ) برآورد شد. کم‌ترین مقدار وراثت پذیری تولید شیر ( $0.14 \pm 0.02$ ) در اوایل دوره شیردهی و بیش‌ترین مقدار آن در اواسط دوره شیردهی ( $0.18 \pm 0.02$ ) برآورد شد. هم‌چنین تکرارپذیری تولید شیر در روز پنجم ( $0.75 \pm 0.05$ ) و سپس تا روز ۶۲ کاهش یافت و سپس تا آخرین روز شیردهی افزایش یافت (شکل ۱).

**اعتبارسنجی متقاطع:** همبستگی ارزش ارثی در اوایل و اواخر دوره شیردهی در ارزیابی‌های سالانه برای گروه پدران و دختران در شکل ۲ ارائه شده است. در واقع همبستگی ارزش ارثی حیوانات در اوایل شیردهی (روزهای ۹۰-۵) در فایل داده‌های قدیم با ارزش ارثی حیوانات در اواخر شیردهی (روزهای ۳۰۵-۱۸۱) در فایل داده‌های جدید محاسبه گردید. میزان همبستگی برای گروه دختران و پدران به‌ترتیب  $0.87-0.77$  و  $0.94-0.81$  بود.

آنالیزها با مدل رگرسیون تصادفی و روش REML و با استفاده از نرم افزار DMU انجام شد (۱۲).

**برآورد پارامترهای ژنتیکی:** از روابط زیر برای برآورد واریانس‌های

ژنتیکی، محیطی دائمی، وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفت تولید شیر استفاده شد.

$$\sigma_a^2 = Z_{305MY}' G_0 Z_{305MY}$$

$$\sigma_{pe}^2 = Z_{305MY}' P_0 Z_{305MY}$$

$$h_{305MY}^2 = \sigma_a^2 / \sigma_{ph\ 305MY}^2$$

$$r_{MY} = (\sigma_a^2 / \sigma_{ph\ 305MY}^2 + \sigma_{pe}^2) / \sigma_{ph\ 305MY}^2$$

در این فرمول‌ها  $\sigma_a^2$  و  $\sigma_{pe}^2$  واریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی

دائمی،  $Z_{305MY}$  بردار جمع ضرایب چندجمله‌ای لژاندر مرتبط با تولید شیر کل،  $h_{305MY}^2$  وراثت‌پذیری صفت تولید شیر،  $\sigma_{ph\ 305MY}^2$  واریانس فنوتیپی صفت تولید شیر که مجموع واریانس‌های ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی و باقی‌مانده می‌باشد و  $r_{MY}$  تکرارپذیری صفت تولید شیر می‌باشد.

**پیش‌بینی ارزش ارثی:** از روابط زیر برای پیش‌بینی ارزش ارثی

حیوانات استفاده شد.

$$EBV_{mj} = z_j' \hat{a}_m$$

$$z_j = \begin{bmatrix} 0_{0j} \\ 0_{1j} \\ 0_{2j} \\ 0_{3j} \end{bmatrix}, (11) \quad \hat{a}_m = \begin{bmatrix} \hat{a}_{m0} \\ \hat{a}_{m1} \\ \hat{a}_{m2} \\ \hat{a}_{m3} \end{bmatrix}$$

در این فرمول‌ها  $EBV_{mj}$  پیش‌بینی ارزش ارثی حیوان  $m$  در روز  $j$  ام،  $z_j$  بردار ضرایب چندجمله‌ای لژاندر در روز آزمون  $z$  ام و  $\hat{a}_m$  بردار ضرایب ژنتیکی افزایشی حیوان  $m$  ام می‌باشند.

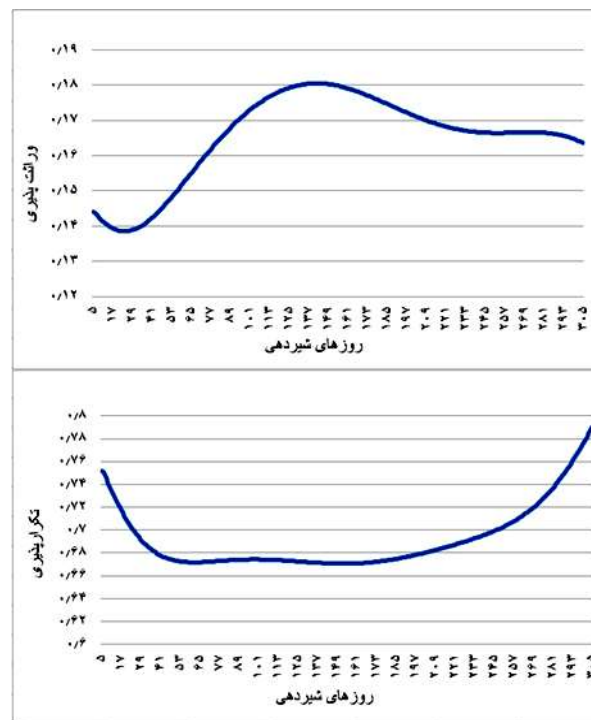
**اعتبارسنجی متقاطع:** روش اعتبارسنجی متقاطع بر مبنای

مقایسه پیش‌بینی‌ها در طول زمان از قدیم به جدید می‌باشد. بنابراین فایل داده‌ها به چندین بخش تقسیم شده و مشاهدات از سال ۱۳۷۰ تا ۱۳۷۵ به‌عنوان اولین فایل داده جدا شدند. سپس مشاهدات سال بعد به آن‌ها اضافه شد و به‌عنوان دومین فایل داده‌ها شامل مشاهدات از سال ۱۳۷۰ تا ۱۳۷۶ بود. این روند تا آخرین سال مشاهدات ادامه یافت و آخرین فایل داده‌ها شامل مشاهدات سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۵ بود. در مجموع ۲۱ فایل داده حاصل شد و هر کدام جداگانه با مدل توضیح داده شده ارزیابی و پارامترهای ژنتیکی برای آن‌ها محاسبه گردید. برای مقایسه ارزیابی‌های ژنتیکی، هر دو فایل داده متوالی به‌عنوان داده‌های قدیم ( $i-1$ ) و داده‌های جدید ( $i$ ) با هم مقایسه شدند. چون که هدف تحقیق انتخاب گاوهای نر بر مبنای چند رکورد اول پس از زایش دختران بود، دوره شیردهی در سه دوره اوایل (روزهای ۹۰-۵)، اواسط (روزهای ۱۸۰-۹۱) و اواخر (روزهای ۳۰۵-۱۸۱) در

نتایج  $M_{ii-1}$  برای گروه پدران و دختران در شکل ۳ ارائه شده است. مقدار  $M_{ii-1}$  برای گروه پدران ۸۱/۷۴ - تا ۱۵۵/۸۴ و گروه دختران ۷۲/۷۱ - تا ۴۹۸/۷۰ بود. تفاوت این آماره با صفر معنی‌دار نبود ( $P > 0.05$ ). نتایج  $b_{ii-1}$  برای پدران و دختران در شکل ۴ ارائه شده است. این آماره برای دختران ۱/۰۹ - ۰/۸۰ و برای پدران ۱/۰۱ - ۰/۸۰ برآورد شد.



شکل ۴: رگرسیون ارزش ارثی و خطای استاندارد آن‌ها در ارزیابی‌های سالانه برای گروه پدران و دختران

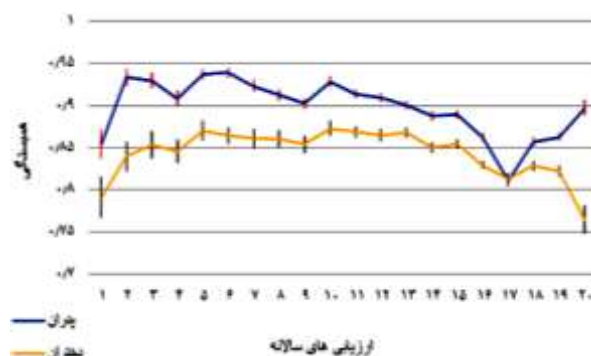


شکل ۱: وراثت پذیری و تکرارپذیری تولید شیر در روزهای مختلف شیردهی

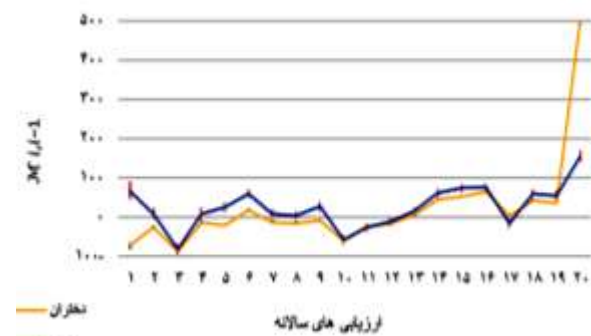
### بحث

در این پژوهش داده‌ها شامل رکوردهای روز آزمون زایش اول گاوهای هلشتاین ایران از سال ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۵ بود. مدل رگرسیون تصادفی برای برآورد مولفه‌های واریانس استفاده شد زیرا که مدل رگرسیون تصادفی مناسب برای مطالعه تغییرات صفت در طول زمان می‌باشد (۷). توابع چندجمله‌ای لژاندر با درجه سه برای برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی استفاده گردید. مطالعات مختلف نشان می‌دهد که توابع چندجمله‌ای لژاندر با درجه سه برای برآورد واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی مناسب می‌باشد و تغییرات در طول زمان را می‌توان با دقت بررسی نمود (۱۳، ۱۴). واریانس باقی‌مانده می‌تواند در طول دوره شیردهی متفاوت باشد (۱۵). ولی با این وجود واریانس باقی‌مانده تاثیر زیادی بر تغییرات واریانس ژنتیکی افزایشی ندارد (۱۶). لذا واریانس باقی‌مانده همگن فرض شد.

**پارامترهای ژنتیکی:** میانگین تولید شیر روزانه در این تحقیق بیش‌تر از مقدار برآورد شده در پژوهشی بر روی گاوهای هلشتاین استان تهران و البرز (۱۷) و کم‌تر از برآوردی دیگر در پژوهشی بر روی گاوهای هلشتاین استان اصفهان بود (۱۸). مقدار وراثت‌پذیری در این پژوهش کم‌تر از مقدار برآورد شده در پژوهش‌هایی به‌روشن رگرسیون تصادفی بر روی گاوهای هلشتاین دانمارک، ایران، ژاپن و



شکل ۲: همبستگی ارزش ارثی در اوایل و اواخر دوره شیردهی در ارزیابی‌های سالانه برای گروه پدران و دختران



شکل ۳: انحراف ارزش ارثی و خطای استاندارد آن‌ها در ارزیابی‌های سالانه برای گروه پدران و دختران



## منابع

1. **Andrabi, S.M.H. and Moran, C., 2007.** Selection of dairy cow bulls for artificial insemination. *Int J Agric Biol.* 8530: 1-9.
2. **Norman, H.D., Powell, R.L., Wright, J.R. and Sattler, C.G., 2003.** Timeliness and effectiveness of progeny testing through artificial insemination. *J. Dairy Sci.* 86(4): 1513-1525.
3. **König, S., Simianer, H. and Willam, A., 2009.** Economic evaluation of genomic breeding programs. *J Dairy Sci.* 92: 382-391.
4. **Luan, T.U., Woolliams, A., Sigbjørn, L., Matthew, K., Morten, S. and Meuwissen, T., 2009.** The Accuracy of Genomic Selection in Norwegian Red Cattle Assessed by Cross-Validation. *GSA.* 109: 107391.
5. **Powell, R.L., Norman, H.D. and Sanders, A.H., 2003.** Progeny testing and selection intensity for Holstein bulls in different countries. *J Dairy Sci.* 86(10): 3386-3393.
6. **Abdallah, J. and McDaniel, B.J.J.O.D.S., 2002.** Prediction of most recent evaluations of Holstein bulls from first available pedigree information. *J. Dairy Sci.* 85(3): 670-676.
7. **Schaeffer, L., 2016.** Random regression models. <http://animalbiosciences>. 43-53.
8. **Bijma, P., 2012.** Accuracies of estimated breeding values from ordinary genetic evaluations do not reflect the correlation between true and estimated breeding values in selected populations. *J. Anim. Breed. Genet.* 129(5): 345-358.
9. **Legarra, A. and Reverter, A., 2018.** Semi-parametric estimates of population accuracy and bias of predictions of breeding values and future phenotypes using the LR method. *Genet Sel Evol.* 50(1): 53.
10. **Team, R.C., 2014.** R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical computing.
11. **Madsen, P., 2012.** DMU trace, A program to trace the pedigree for a sub set of animals from a larger pedigree file. Faculty Agricultural Sciences, University of Aarhus, Dept. of Genetics and Biotechnology, Research Centre Foulum, Denmark.
12. **Jensen, J. and Madsen, P., 1994.** A package for the analysis of multivariate mixed models. 45-46.
13. **Bignardi, L., El Faro, R.A.A., Torres Júnior, V.L., Cardoso, P.F. and Ibuquerque, L.G., 2011.** Random regression models using different functions to model test-day milk yield of Brazilian Holstein cows. *GMR.* 10(4): 3565-3575.
14. **Pool, M.H., Janss, L.L. and Meuwissen, T.H., 2000.** Genetic parameters of Legendre polynomials for first parity lactation curves. *J Dairy Sci.* 83(11): 2640-2649.
15. **Bohlouli, M., Shodja, J., Alijani, S. and Pirany, N., 2014.** Interaction between genotype and geographical region for milk production traits of Iranian Holstein dairy cattle. *Livest Sci.* 169: 1-9.
16. **López-Romero, P., Rekaya, R. and Carabaño, M.J., 2003.** Assessment of homogeneity vs. heterogeneity of residual variance in random regression test-day models in a Bayesian analysis. *J Dairy Sci.* 86(10): 3374-3385.
17. **Dashtbin, F., Zare Shahneh, A., Jahanbakhshi, A. and Mirtorabi, S.M., 2015.** Study of Some Effective Factors on Reproductive Performance of Holstein Cows in Tehran and Alborz Provinces. *Journal of Animal Environment.* 7(3): 29-32. (In Persian)

روش مدل حیوانی بر روی گاوهای هلستاین اصفهان بود (۱۸، ۱۹، ۲۰، ۲۱). ولی در مطالعات دیگری بر روی گاوهای هلستاین آمریکا با استفاده از مدل پدران و بر روی گاوهای هلستاین ایتالیا با استفاده از مدل دو صفت، مقدار وراثت‌پذیری تولید شیر کم‌تر از پژوهش حاضر برآورد گردید (۲۲، ۲۳). به‌طور کلی بیش‌ترین مقدار وراثت‌پذیری در اواسط دوره شیردهی و کم‌ترین مقدار آن در اوایل و اواخر دوره شیردهی برآورد شد که این روند با نتایج دیگر تحقیقات مطابقت دارد (۲۴، ۱۹). مقدار تکرارپذیری صفت تولید شیر در اوایل و اواخر دوره شیردهی بیش‌تر بود که با نتیجه تحقیق دیگری بر روی گاوهای هلستاین ایران به‌روش رگرسیون تصادفی مطابقت دارد (۲۵). در تحقیقی بر روی گاوهای هلستاین- فریزین با استفاده از مدل دام، تکرارپذیری تولید شیر بیش‌تر از مقدار آن در تحقیق حاضر برآورد گردید (۲۶). به‌طور کلی مقدار تکرارپذیری تولید شیر در این پژوهش بیش‌تر از مقدار برآورد شده در تعدادی از تحقیقات بود (۲۷، ۲۸).

#### اعتبارسنجی متقاطع: اعتبارسنجی متقاطع روشی برای بررسی

دقت پیش‌بینی ارزش ارثی می‌باشد که در واقع همبستگی ارزش ارثی حقیقی و پیش‌بینی شده می‌باشد. تعریف کلاسیک دقت، عبارت از همبستگی بین رکوردهای تکرار شده یک فرد در طول زمان است که در واقع بررسی تغییرات و افزایش داده‌های یک حیوان در طول زمان می‌باشد (۲۹). هم‌چنین با برآورد دقت ارزیابی‌هایی می‌توان پیشرفت ژنتیکی در جوامع را برآورد نمود (۹). همبستگی ارزش ارثی در اوایل شیردهی (روزهای ۵ تا ۹۰) در داده‌های قدیم (i-1) و ارزش ارثی در اواخر شیردهی (روزهای ۱۸۱-۳۰۵) در داده‌های جدید (i) در کلیه مقایسات برای گروه پدران و دختران زیاد بود. در واقع همبستگی ارزش ارثی در اوایل شیردهی با ارزش ارثی در اواخر شیردهی زیاد بود و نشان می‌دهد که می‌توان مولدهای نر را بر اساس مشاهدات اوایل شیردهی دختران آن‌ها انجام داد. هم‌چنین تفاوت مقدار  $M_{i,i-1}$  با صفر معنی‌دار نبود ( $P > 0.05$ ) که نشان می‌دهد برآوردها نارایب می‌باشند. مقدار  $b_{i,i-1}$  بسیار به یک نزدیک بود و به این مفهوم است که پراکندگی در خط رگرسیون کم است یعنی همبستگی ارزش ارثی در اوایل دوره شیردهی با مقدار آن در اواخر دوره شیردهی همبستگی مثبت و زیاد است و انتخاب مولدهای نر بر اساس رکوردهای اولیه دختران آن‌ها می‌تواند قابل اطمینان باشد. این انتخاب زود هنگام سبب کاهش فاصله نسل، پیشرفت ژنتیکی بیش‌تر و سودآوری بیش‌تر برای بخش دامپروری می‌شود.

18. **Seyedsharifi, R., Karrari niri, Q., Hedayat Evrigh, N., Seifdavati, J. and Bohlouli, M., 2017.** Genetic analysis of some type, production, reproduction and longevity traits in Isfahan province Holsteins. *Journal of Animal Environment*. 9(3): 17-26. (In Persian)
19. **Jakobsen, J.H., Madsen, P., Jensen, J., Pedersen, J., Christensen, L. and Sorensen, D.A., 2001.** Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimated in random regression models using REML. *J. Dairy Sci.* 85(6): 1607-1616.
20. **Khorshidie, R., Shadparvar, A., Hossein-Zadeh, N.G. and Shakalgurabi, S.J., 2011.** Genetic trends for 305-day milk yield and persistency in Iranian Holsteins. *Livest Sci.* 144(3): 211-217.
21. **Yamazaki, T., Hagiya, K., Takeda, H., Yamaguchi, S., Osawa, T. and Nagamine, Y.,** Genetic correlations among female fertility, 305-day milk yield and persistency during the first three lactations of Japanese Holstein cows. *Livest Sci.* 168: 26-31.
22. **Dhawal, K., Tiezzi, F., Clay, J.S. and Maltecca, C., 2016.** Causal relationships between clinical mastitis events, milk yields and lactation persistency in US Holsteins. *Livest Sci.* 189: 8-16.
23. **Benedet, A., Costa, A., De Marchi, M. and Penasa, M., 2020 Feb.** Heritability estimates of predicted blood beta-hydroxybutyrate and nonesterified fatty acids and relationships with milk traits in early-lactation Holstein cows. *J Dairy Sci.* 103(7): 6354-6363.
24. **Rekaya, R., Carabano, M.J. and Toro, M.A., 2000.** Bayesian analysis of lactation curves of Holstein-Friesian cattle using a nonlinear model. *J Dairy Sci.* 83(11): 2691-2701.
25. **Naderi, Y., 2016.** Estimation of genetic parameters for milk yield, somatic cell score, and fertility traits in Iranian Holstein dairy cattle. *IJOABJ.* 7(8): 122-129.
26. **Prendiville, R., Pierce, K.M., Delaby, L. and Buckley, F., 2011.** Animal performance and production efficiencies of Holstein-Friesian, Jersey and Jersey× Holstein-Friesian cows throughout lactation. *J. Dairy Sci.* 138(1-3): 25-33.
27. **Cilek, S. and Sahin, E., 2009.** Estimation of some genetic parameters (heritability and repeatability) for milk yield in the Anatolian population of Holstein cows. *Archiva Zootechnica.* 12(1): 57-64.
28. **Erfani-Asl, Z., Hashemi, A. and Farhadian, M., 2015.** Estimates of repeatability and heritability of productive trait in Holstein dairy cattle. *I J A S.* 5(4):827-832.
29. **Legarra, A. and Reverter, A., 2017.** Can we frame and understand cross-validation results in animal breeding? *Proceedings of the 22nd conference association for the advancement of animal breeding and genetics.* 2-5.