دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

# مطالعه اثر تغییر اندازه گله، نوع اسپرم، هم‌پوشانی نسل‌ها و اهداف اصلاحی بر پیشرفت ژنتیکی گاوهای شیری هلشتاین با استفاده از شبیه‌سازی تصادفی

هادی فرجی آروق[۱]، علی‌اصغر اسلمی‌نژاد[۲]، مجتبی طهمورث‌پور[۳]، محمد رکوعی[۴] و محمدمهدی شریعتی[۵]

۱- دانشجوی دکتری، دانشگاه فردوسی مشهد، (نویسنده مسوول: hadifaraji.um@gmail.com)
۲، ۳ و ۵- دانشیار، استاد و استادیار، دانشگاه فردوسی مشهد
۴- استادیار، دانشگاه زابل

تاریخ دریافت: ۹۲/۱۲/۶ تاریخ پذیرش: ۹۳/۴/۸

**چکیده**

**با استفاده از شبیه‌سازی تصادفی، اثر تغییرات اندازه گله، نوع اسپرم، هم‌پوشانی نسل و اهداف اصلاحی بر پیشرفت ژنتیکی گاوهای شیری هلشتاین در سطح جمعیت بررسی شد. سه سطح اندازه گله (۱۰۰، ۲۰۰ و ۴۰۰ رأسی)، دو سطح نوع اسپرم (معمولی، تعیین جنس شده)، سه سطح هم‌پوشانی نسل (کم، متوسط و زیاد) و دو سطح اهداف اصلاحی (محدود و وسیع) باهم ترکیب شد و در کل ۳۶ راهبرد مورد مقایسه قرار گرفت. ۵۰۰۰ گاو ماده ثبت شده برای ۶ صفت (تولید شیر، پروتئین، چربی، سن در اولین گوساله‌زایی، فاصله گوساله‌زایی و نمره سلول‌های بدنی) برای ۳۰ سال شبیه‌سازی شد. هر سال ۵۰ رأس گاو نر جوان، ۱۰ رأس گاو نر فعال و ۲۰۰ رأس بهترین ماده‌ها بر اساس شاخص انتخاب اقتصادی در سطح جمعیت شبیه‌سازی شده انتخاب شدند. تغییرات پیشرفت ژنتیکی، تغییرات هم‌خونی و میانگین فاصله نسلی جمعیت برای میانگین تمامی راهبردها مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که تغییرات پیشرفت ژنتیکی اهداف اصلاحی وسیع، اسپرم‌های عادی، اندازه گله ۴۰۰ رأسی و هم‌پوشانی کم نسل‌ها نسبت به اهداف اصلاحی محدود، اسپرم‌های تعیین جنس شده، اندازه گله ۱۰۰ رأسی و هم‌پوشانی زیاد نسل‌ها به ترتیب ۰/۶، ۳/۶، ۰/۴ و ۰/۵ درصد بیش‌تر بود. اهداف اصلاحی وسیع، اسپرم‌های عادی، اندازه گله ۱۰۰ رأسی و هم‌پوشانی زیاد نسل‌ها، متوسط تغییرات هم‌خونی بالایی را برای ۳۰ سال نسبت به سطوح دیگر این فاکتورها نشان دادند. ارزش‌های اصلاحی برآورد شده برای مادر ماده‌ها در سناریوهایی که اسپرم تعیین جنس شده استفاده کرده بودند ۳۴/۳ درصد بیش‌تر بود. نتایج به دست آمده پیشنهاد می‌کند که در برنامه انتخابی گاوهای هلشتاین اهداف اصلاحی وسیع، اندازه بزرگ گله‌ها، اسپرم تعیین جنس شده و هم‌پوشانی کم نسل‌ها مورد توجه قرار گیرند.**

**واژه‌های کلیدی: شبیه‌سازی تصادفی، انتخاب گاو شیری، نوع اسپرم، اندازه گله**

## مقدمه

در برنامه‌های اصلاح نژادی، هدف شناسایی حیوانات دارای ظرفیت ژنتیکی بالاتر از میانگین جامعه به منظور افزایش راندومان اقتصادی و انتخاب آن‌ها به عنوان والدین نسل بعد برای دستیابی پیشرفت ژنتیکی است (۴). در عمل، برنامه‌های اصلاحی برای حیوانات شامل دو مرحله انتخاب و آمیزش است. انتخاب شامل گزینش حیوانات به عنوان والد نسل بعد می‌باشد. در این مرحله سهم ژنتیکی هر والد برای نسل بعد مشخص می‌شود. در مرحله بعد، والدین انتخاب شده برای تولید نسل با روش‌های مختلف آمیزش می‌یابند (۱۷،۳).

در انتخاب به دنبال پیشرفت ژنتیکی بوده و مؤثر بودن انتخاب با میزان پیشرفت ژنتیکی حاصل شده سنجیده می‌شود. چهار فاکتور اصلی مقدار تنوع ژنتیکی، سطوح شدت انتخابی، صحت انتخاب مرتبط با انتخاب والدین و فاصله نسلی بر پیشرفت ژنتیکی مؤثرند (۲۱).

تعیین برنامه‌های انتخابی مناسب برای گاوها و تعیین اثر عوامل مختلف بر پیشرفت ژنتیکی با استفاده از روش‌های عملی و آزمایشگاهی نیازمند زمان زیاد و هزینه بالا است لذا یکی از ابزار مناسب برای این کار استفاده از برنامه‌های شبیه‌سازی است که می‌تواند به دو صورت مدل‌های تصادفی (شبیه‌سازی تصادفی)[۱] یا مدل‌های قطعی (شبیه‌سازی قطعی)[۲] مورد استفاده قرار گیرد (۲۰). شبیه‌سازی رایانه‌ای به دلیل نداشتن هزینه اقتصادی برای تولید حیوان، قابل تکرار بودن و تصحیح تصمیم‌های نادرست دارای مزیت می‌باشد (۱۲).

اثر اهداف اصلاحی بر پیشرفت ژنتیکی با استفاده از شبیه‌سازی در گذشته بررسی شده است (۵،۱۰،۱۹،۲۲). در این مطالعات گزارش شده است که هدف اصلاحی چند متغیره نسبت به تک متغیره پیشرفت ژنتیکی زیادی داشته و بیش‌ترین پیشرفت ژنتیکی برای صفات با وراثت‌پذیری پایین در اهداف اصلاحی وسیع (تعداد صفات با اهمیت اقتصادی بالاتر از صفر در شاخص شایستگی کل بیش‌تر از حالت هدف اصلاحی محدود بود) حاصل می‌شود که بالا بودن پیشرفت ژنتیکی برای صفات با وراثت‌پذیری پایین به دلیل اضافه شدن اطلاعات و افزایش صحت برآورد ارزش‌های اصلاحی برای این صفات است (۱۰،۱۹).

1- Stochastic simulation
2- Deterministic simulation

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02 ]
[ DOI: 10.18869/acadpub.rap.7.13.107 ]

در مورد اثر گله بر پیشرفت ژنتیکی مطالعات کمتری انجام شده است. در بررسی هم‌بستگی بین صحتبرآورد ارزش اصلاحی و اندازه گله به روش شبیه‌سازیاز سوی گیرزویچ (۷)، گزارش شده که پیشرفت ژنتیکی با افزایش اندازه گله افزایش یافته ولی واریانس پیش بینی خطا کاهش می‌یابد.

افزایش پیشرفت ژنتیکی سالانه ۲/۱ و ۲/۷ درصد از سویسورنسون و همکارن (۱۸) در موقع استفاده کردن از اسپرم تعیین جنس شده برای بهترین مادران گاوها و تلیسه‌ها گزارش شده است. عبدالعظیم و اسچنل (۱) گزارش کردند که استفاده از اسپرم تعیین جنس شده بدون انتقال جنین، به پیشرفت ژنتیکی بالاتر در مادران گاوها منجر شده اما اثری بر روند ژنتیکی کل جمعیت مشاهده نشد. نتایج خلج زاده و همکاران (۹) نشان داد که استفاده از اسپرم تعیین جنس شده در تمام مسیرها به غیر از مسیرهای نر فعال به طور معنی‌داری باعث افزایش پیشرفت ژنتیکی می‌شود.

کلاس‌های سنی جوان در بیش‌تر جمعیت‌ها اطلاعات کمتری نسبت به کلاس‌های سنی پیر دارند. دقت در کلاس‌های سنی پیرتر، به واسطه داشتن اطلاعات زیادتربوده اما سطوح ارزش‌های اصلاحی برآورد شده در کلاس‌های سنی پیر به دلیل بهبود ژنتیکی متوالی در جمعیت، کمتر از کلاس‌های جوانتر هستند. انتخاب حذفی در بین کلاس‌های سنی می‌تواند به منظور به دست آوردن بالاترین پاسخ به انتخاب انجام شود (۸).افزایش جزئی در پیشرفت ژنتیکی و هم خونی در هم‌پوشانی زیاد نسل‌ها در تحقیق رکوعی (۱۵) گزارش شده است.هدف از این تحقیق،تعیین اثر تغییرات هم‌زمان هدف اصلاحی، نوع اسپرم، اندازه گله و هم‌پوشانی نسل‌ها بر پیشرفت ژنتیکی و هم‌خونی در گاوهای شیری هلشتاین می‌باشد.

## مواد و روش‌ها

شبیه‌سازی در این تحقیق بر اساس ساختار اصلاحی جمعیت گله های شیری ایران (مولفه‌های واریانس- کواریانس و میانگین صفات گاوهای هلشتاین ایران استفاده شد) طرح‌ریزی شد، اما اندازه جمعیت شبیه‌سازی شده به علت محدودیت در حافظه رایانه‌ای از اندازه واقعی جمعیت ایران کم‌تر بود. جمعیت با استفاده از برنامه کامپیوتری ADAM (۱۴) به مدت ۳۰ سال شبیه‌سازی شد. در طول این ۳۰ سال راهبردهای مختلف با ۵ تکرار اجرا شد. میانگین فاصله زایش برای گاوها ۱/۱۵ سال (میانگین فاصله زایش برای گاوهای هلشتاین ایران ۴۱۴ روز بود) در نظر گرفته شد (۶). پاسخ به انتخاب و تغییرات هم خونی برای گوساله‌های متولد شده در ۳۰ سال در سطح جمعیت محاسبه شد.

**ساختار جمعیت**

در شروع هر تکرار، یک جمعیت پایه بر اساس سن تولیدمثلی هر جنس ایجاد شد. جمعیتی به اندازه ۵۰۰۰ گاو ماده شبیه‌سازی شد. همه شبیه‌سازی‌ها متشکل از چهار گروه انتخابی نرهای جوان[1]، نرهای فعال[2]، مادر نرها[3]، مادر گاوها[4] بود. هر ساله ۵۰ گاو نر جوان تست نتاج می‌شدند و ارزش اصلاحی بر اساس اطلاعات شجره برآورد شد. بر اساس نتایج تست نتاج، هر ساله دهرأس از بهترین گاوهای نر جوان به عنوان گاو نر فعال انتخاب شد. مادرهای گاوهای نر شامل ۲۰۰رأس از بهترین ماده‌ها در جمعیت شبیه‌سازی شده در تمامی گروه‌های سنی و گله‌ها بر اساس انتخاب نقطه‌ای[5] بود که همراه با مادر گاوها، تلیسه‌های جایگرین را تولید می‌کنند. نسبت حذف سالانه برای هر چهار گروه انتخابی ۱۵ درصد طبق تحقیقات دیگر (۱۸،۱۵،۲) در نظر گرفته شد.

**صفات**

انتخاب به شکل انتخاب نقطه‌ای بر اساس شاخص شایستگی کل انجام شد. این شاخص شایستگی کل بر اساس اهداف اصلاحی، دارای صفات متفاوت بود. صفات تولید شیر، چربی، پروتئین، سن در اولین گوساله‌زایی، فاصله گوساله‌زایی و امتیاز سلول‌های بدنی در اهداف اصلاحی استفاده شد. مولفه‌های مورد استفاده برای شبیه‌سازیصفات از طریق داده‌های مرکز اصلاح نژاد دام به کمک روش نمونه‌گیری گیبس با نرم‌افزار DMU (۱۱) محاسبه شد و مورد استفاده قرار گرفت (۶) این مولفه‌ها در جدول ۱ آورده شد.

جدول ۱- مولفه‌های واریانس‌های ژنتیکی (روی قطر) و کواریانس‌های ژنتیکی (بالای قطر) و کواریانس‌های باقی‌مانده (پایین قطر) مورد استفاده برای شبیه‌سازی صفات

| | تولید شیر | تولید چربی | تولید پروتئین | سن در اولین گوساله‌زایی | فاصله گوساله‌زایی | امتیاز سلول‌های بدنی |
|---|---|---|---|---|---|---|
| تولید شیر | ۳۸۷۳۱۰/۳۰ | ۷۲۸۶/۵۰ | ۹۲۰۳/۱۴ | -۷۳/۱۹ | ۶۰۶۷/۸۳ | ۱۸/۴۴ |
| تولید چربی | ۲۶۹۸۲/۷۴ | ۲۹۰/۹۵ | ۱۹۹/۲۰ | -۲/۶۵ | ۳۹۱/۹۴ | ۰/۳۲ |
| تولید پروتئین | ۲۹۴۶۴/۷۰ | ۷۴۳/۹۱ | ۲۴۹/۱۳ | -۱/۶۵ | ۱۶۷/۹۶ | ۰/۶۴ |
| سن در اولین گوساله‌زایی | ۱۴۳/۴۷ | ۰/۲۱ | ۳/۵۵ | ۱/۷۲ | ۰/۰۳ | -۰/۰۱ |
| فاصله گوساله‌زایی | ۱۳۱۳۶/۲ | ۷۸/۵۰ | ۴۲۲/۳ | ۰/۰۱ | ۴۷۱/۲۳ | ۶/۲۳ |
| امتیاز سلول‌های بدنی | -۱۱۷/۸۹ | -۲/۰۲ | -۲/۵۰ | -۰/۰۵ | ۰/۹۴ | ۰/۰۶ |

1- Young Bull
2- Active Sire
3- Bull Dam
4- Cow Dam
5- Truncation Selection

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02 ]
[ DOI: 10.18869/acadpub.rap.7.13.107 ]

**پیش‌بینی ارزش اصلاحی**

همه ارزش‌های اصلاحی برآورد شده با استفاده از بهترین پیش‌بینی نااریب خطی مدل‌های چند صفتی توسط مدل زیر برآورد شد.

$$Y = Xb + Za + e$$

در این رابطه، y بردار فنوتیپ‌ها، b بردار اثرات ثابت (گله- فصل- سال)، a بردار اثرات افزایشی حیوان، X و Z به ترتیب ماتریس‌های طرح برای اثرات ثابت و افزایشی و e اثرات باقیمانده است. ارزش‌های اصلاحی توسط آنالیز چند صفته با برنامه DMU (۱۱) برآورده شده و پس از این شاخص شایستگی کل برأساس وزن اقتصادی صفات به دست آمد.

**راهبردها**

عواملی که اثرات آن‌ها در این تحقیق بررسی شد شامل اهداف اصلاحی مختلف، اندازه مختلف گله، نوع اسپرم مورد استفاده و هم‌پوشانی نسل‌ها بود.

در اهداف اصلاحی، دو هدف اصلاحی محدود و وسیع بررسی شد. ارزش‌های اقتصادی مورد استفاده برای این صفات با توجه به ارزش‌های اقتصادی تعیین شده از سوی صادقی سفید مزگی و همکاران (۱۶) بود (جدول ۲). در هدف اصلاحی محدود فقط صفات تولیدی مد نظر قرار گرفت ولی در هدف اصلاحی وسیع صفات امتیاز سلول‌های بدنی و صفات تولید مثلی علاوه بر صفات تولیدی در شاخص قرار داده شدند.

جدول ۲- ضرایب اقتصادی و اهمیت نسبی صفات در دو هدف اصلاحی محدود و وسیع

| صفات | هدف اصلاحی محدود | هدف اصلاحی وسیع | اهمیت نسبی صفات (درصد) |
|---|---|---|---|
| تولیدش شیر | ۰/۱۵ | ۰/۱۵ | ۳۶ |
| تولید چربی | ۱/۳۶ | ۱/۳۶ | ۸ |
| تولید پروتئین | ۰ | ۰ | ۰ |
| امتیاز سلول‌های بدنی | - | -۱۰۵/۶۷ | -۱۰ |
| سن در اولین گوساله‌زایی | - | -۰/۷۶ | -۸ |
| فاصله گوساله‌زایی | - | -۰/۷۲ | -۵ |

**اندازه گله**

برای بررسی اندازه گله، سه سطح اندازه گله ۱۰۰ رأسی (کوچک)، ۲۰۰ رأسی (متوسط) و ۴۰۰ رأسی (بزرگ) در نظر گرفته شد. جمعیت حیوانات شبیه‌سازی شده ۵۰۰۰ حیوان است. تعداد گله‌ها در جمعیت شبیه‌سازی شده به ترتیب شامل ۵۰، ۲۵ و ۱۳ گله بود. انتخاب نرها در بین گله‌ها بوده و اسپرم گاوهای نر ارزش‌های اصلاحی برآورد شده توسط بهترین پیش‌بینی نااریب خطی انتخاب شده و در گله‌ها استفاده شد بنابراین ارتباط ژنتیکی بین گله‌ها برقرار بود.

**نوع اسپرم**

اسپرم‌های به دو صورت تعیین جنس شده و تعیین جنس نشده در شبیه‌سازی‌ها استفاده شدند. نسبت جنسی در دو حالت به این صورت بود:

اسپرم معمولی (نسبت جنس۵۰ درصد ماده و ۵۰ درصد نر) اسپرم تعیین جنس شده برای کل ماده‌ها (نسبت جنس ۹۰ درصد ماده و ۱۰ درصد نر)

**هم‌پوشانی نسلی**

در این تحقیق هم‌پوشانی کم، متوسط و زیاد برای نسل‌ها در نظر گرفته شد. دو محدوه سنی برای ماده‌ها (۱ تا ۵ سال) و (۱ تا ۷ سال) و برای حیوانات نر دو محدوده سنی ۵ تا ۹ و۵ تا ۱۴ سال در نظر گرفته شد، بنابراین از ترکیب حالات سنی فوق سه هم‌پوشانی نسل به دست آمد (ماده ۱تا ۵ و نر ۵ تا ۹ سال برای هم‌پوشانی نسل کم، ۱ تا ۵ و ۵ تا ۱۴ و ۱ تا ۷ و ۵ تا ۹ هم‌پوشانی متوسط و ۱ تا ۷ و ۵ تا ۱۴ هم‌پوشانی بالا تولید خواهد کرد) که برای حالت متوسط یک تا پنج برای ماده‌ها و ۵ تا ۱۴ برای نرها به دلیل مطابق بودن با شرایط ایران (نرها به مدت زیاد در گله‌ها و ماده‌ها به مدت کم استفاده می‌شوند) در نظر گرفته شد. علاوه بر این حالت دیگر متوسط (یک تا هفت برای ماده‌ها و پنج تا نه برای نرها) نیز نتیجه مشابه با این حالت داشت.

در مجموع ۳۶ راهبرد از ترکیب چهار عامل توسط برنامه رایانه‌ای ADAM (۱۴) اجرا شدند. تغییرات پیشرفت ژنتیکی، تغییرات پیشرفت ژنتیکی صفات، تغییرات هم‌خونی، میانگین فاصله نسلی برای سطوح مختلف فاکتورها مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت.

## نتایج و بحث

تغییرات پیشرفت ژنتیکی کل و میزان تغییرات هم‌خونی برای میانگین تمامی راهبردها در دو هدف اصلاحی محدود و وسیع در جدول ۳ نشان داده شد. نتایج نشان داد که میزان پیشرفت ژنتیکی برای زمانی که تمامی صفات به عنوان هدف اصلاحی قرار گرفتند (راهبرد وسیع) بیش‌تر از زمانی است که تنها صفات تولیدی در اهداف اصلاحی در نظر گرفته می‌شوند. میزان افزایش پیشرفت ژنتیکی در هر سال برای هدف اصلاحی وسیع ۰/۶ درصد بیش از هدف اصلاحی محدود بود. میزان تغییرات هم‌خونی برای هدف اصلاحی وسیع نسبت به هدف اصلاحی محدود به اندازه ۲/۰۲ بیش‌تر است، اما تفاوت بین سطوح معنی‌دار نبود ($P< ۰/۰۵$). با وجود تغییرات پیشرفت ژنتیکی و هم‌خونی در دو هدف

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02 ]

[ DOI: 10.18869/acadpub.rap.7.13.107 ]

اصلاحی، تغییرات میانگین فاصله نسلی در هر دو هدف اصلاحی یکسان بود. نتایج مشابه این تحقیق برای افزایش پیشرفت ژنتیکی در هدف اصلاحی چند متغیره نسبت به تک متغیره گزارش شده است (۲۲،۱۹،۵). لیزین و همکاران (۱۰) گزارش کردند که پیشرفت ژنتیکی ناشی از هدف اصلاحی وسیع بیش‌تر بوده و بیش‌ترین پیشرفت ژنتیکی در هدف اصلاحی وسیع، برای صفات با وراثت‌پذیری پایین دیده شد.

دلیل بالا بودن پیشرفت ژنتیکی در هدف اصلاحی وسیع می‌تواند ناشی از ترکیب اطلاعات صفات مختلف و افزایش صحت برآورد ارزش‌های اصلاحی برای صفات باشد. جنبه دیگر این ترکیب اطلاعات، می‌تواند باعث افزایش خطا به صورت تجمعی باشد. البته نتایج حاکی از آن است که میزان افزایش صحت تجمعی بیش‌تر از افزایش خطای تجمعی بوده است؛ بنابراین پیشرفت ژنتیکی بیش‌تری را به دنبال دارد. بالا بودن تغییرات هم‌خونی برای اهداف وسیع با نتایج لیزین و همکاران (۱۰) و سورنسون و همکارن (۱۹) مطابقت دارد. لیزین و همکاران (۱۰) گزارش کردند که افزوده شدن صفات در هدف اصلاحی محدود و به دنبال آن، انتخاب برای صفات زیاد در هدف اصلاحی وسیع باعث افزایش اطلاعات شجره و حیوانات خویشاوند شده، بنابراین احتمال افزایش هم‌خونی وجود دارد.

جدول ۳- میانگین و خطای معیار تغییرات پیشرفت ژنتیکی، تغییرات هم‌خونی و میانگین فاصله نسلی برای سطوح هدف اصلاحی

| فاکتورها | | تغییرات پیشرفت ژنتیکی | تغییرات هم خونی | میانگین فاصله نسلی |
|---|---|---|---|---|
| هدف اصلاحی | محدود | ۱۴۷/۷±۲/۸[a] | ۰/۰۰۳۹۷±۰/۰۰۰۴[a] | ۴/۴۴±۰/۰۱[a] |
| | وسیع | ۱۴۸/۶±۲/۶[a] | ۰/۰۰۴۰۵±۰/۰۰۰۴[a] | ۴/۴۴±۰/۰۱[a] |

حروف متفاوت در بین سطوح نشان‌دهنده، معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۵ است.

با بالا رفتن اندازه گله میزان پیشرفت ژنتیکی و میانگین فاصله نسلی بالا رفته اما میزان تغییرات هم‌خونی کم می‌شود (جدول ۴). تفاوت بین اندازه گله ۱۰۰ و ۲۰۰ رأسی برای میزان پیشرفت ژنتیکی و میانگین فاصله نسلی نسبت به تفاوت بین اندازه گله ۴۰۰ و ۱۰۰ رأسی بیش‌تر بود. اندازه گله ۲۰۰ رأسی نسبت به ۱۰۰ رأسی به ترتیب ۰/۶۸ و ۱/۵۹ درصد پیشرفت ژنتیکی و فاصله نسلی بیشتری دارد. میزان هم‌خونی برای اندازه گله ۱۰۰ رأسی نسبت به ۲۰۰ و ۴۰۰ رأسی به‌ترتیب ۰/۷۳ و ۵/۴۱ درصد بیشتر بود. تفاوت بین پیشرفت ژنتیکی و هم‌خونی معنی‌دار نبوده ولی برای فاصله نسلی، تفاوت معنی‌دار است (P< ۰/۰۵). این نتایج با نتایج گیرزویچ (۷) مطابقت دارند. با افزایش اندازه گله صحت انتخاب در چهار گروه انتخابی بالا رفته و شدت انتخاب برای این گروه‌ها کم شده است. بنابراین تعداد نرهای آزمون نتاج شده برای انتخاب آنها و تعداد گاو نر فعال کم بوده و برای تولید افراد جایگزین نسل بعد باید مدت بیش‌تری در گله بمانند، بنابراین این امر باعث افزایش فاصله نسلی شده است.

جدول ۴- میانگین و خطای معیار تغییرات پیشرفت ژنتیکی، تغییرات هم‌خونی و میانگین فاصله نسلی برای سطوح اندازه گله

| فاکتورها | | تغییرات پیشرفت ژنتیکی | تغییرات هم خونی | میانگین فاصله نسلی |
|---|---|---|---|---|
| اندازه گله | ۱۰۰ | ۱۴۷/۶±۲/۴[a] | ۰/۰۰۴۰۹±۰/۰۰۰۴[a] | ۴/۴۰±۰/۰۱[c] |
| | ۲۰۰ | ۱۴۸/۶±۲/۵[a] | ۰/۰۰۴۰۶±۰/۰۰۰۵[a] | ۴/۴۷±۰/۰۱[a] |
| | ۴۰۰ | ۱۴۸/۲ ±۳/۱[a] | ۰/۰۰۳۸۸ ±۰/۰۰۰۴[a] | ۴/۴۵ ± ۰/۰۱[b] |

حروف متفاوت در بین سطوح نشان‌دهنده، معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۵ است.

استفاده از اسپرم معمولی باعث افزایش در تغییرات پیشرفت ژنتیکی کل، هم‌خونی و میانگین فاصله نسلی شد (جدول ۵). تفاوت پیشرفت ژنتیکی کل و فاصله نسلی بین دو نوع اسپرم معنی‌دار است (P< ۰/۰۵). میزان پیشرفت ژنتیکی کل، تغییرات هم‌خونی و فاصله نسلی به ترتیب ۳/۵۷، ۳/۵۵، ۲/۰۵ درصد در هنگام استفاده از اسپرم معمولی نسبت به اسپرم تعیین جنس شده بیشتر است این می‌تواند به دلیل کاهش در شدت انتخاب گروه‌های نرهای جوان از ۲/۳۶ در هنگام استفاده از اسپرم معمولی به ۱/۶۹ در هنگام استفاده از اسپرم تعیین جنس شده و نیز تأثیر اثرات متقابل عوامل بررسی بر پارامترهای مورد نظر باشد. ارزش‌های اصلاحی برآورده شده برای چهار مسیر انتخابی در سطوح مختلف نوع اسپرم در جدول ۶ نشان داده شد. نتایج نشان می‌دهد که استفاده از اسپرم تعیین جنس شده در کنار سایر پارامترها به جز مسیر مادر ماده‌ها نسل بعد مؤثر نیست. استفاده از اسپرم تعیین جنس شده ۳۴/۲۷ درصد ارزش اصلاحی برآورد شده بیشتری در مقایسه با اسپرم معمولی در مادر ماده‌های نسل بعد

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02 ]

[ DOI: 10.18869/acadpub.rap.7.13.107 ]

دارد. بنابراین افزایش پیشرفت ژنتیکی در جمعیت در انتخاب بلند مدت برای اسپرم تعیین جنس شده قابل انتظار است. افزایش پیشرفت ژنتیکی سالانه ۲/۱ و ۲/۷ درصد در موقع استفاده کردن از اسپرم تعیین جنس شده برای بهترین مادران گاوها و تلیسه‌ها در گزارشات سورنسون و همکاران (۱۸) آمده است. نتایج عبدالعظیم و اسچنل (۱) نشان داد که استفاده اسپرم تعیین جنس شده بدون انتقال جنین به سطح ژنتیکی بالاتر در مادران گاوها منجر می‌شود و اثر بر روند ژنتیکی کل جمعیت مشاهده نشد که با نتایج این تحقیق مطابقت دارد. استفاده از اسپرم تعیین جنس شده شدت انتخاب برای مادرها را در جمعیت افزایش داده و بر پیشرفت ژنتیکی کل جمعیت تأثیر می‌گذارد (۱۳). در این تحقیق، افزایش ۳۴/۲۷ درصدی در ارزش‌های اصلاحی برآورد شده برای مادر گاوها در هنگام استفاده از اسپرم تعیین جنس شده دیده شد که با نتایج پدرسون و همکاران (۱۳) مطابقت دارد.

در تحقیق خلج‌زاده و همکاران (۹)، درصد برتری ژنتیکی استراتژی استفاده از اسپرم تعیین جنس شده برای گاوهای شیرده و تلیسه‌ها در گاوهای نر فعال، گاوهای نر جوان، مادران گاوهای نر جوان و گاوهای شیرده به ترتیب ۰/۱، ۰/۹، ۱/۸ و ۱۲/۱ درصد گزارش شده است. نتایج نشان داد که استفاده از اسپرم تعیین جنس شده در تمام مسیرها به غیر از مسیرهای نر فعال به طور معنی‌داری باعث افزایش پیشرفت ژنتیکی می‌گردد. تفاوت نتایج می‌تواند به این دلیل باشد که استفاده از اسپرم تعیین جنس شده به همراه سایر فاکتورها تأثیرگذار بر پیشرفت ژنتیکی و اثر متقابل این فاکتورها مانع از نشان دادن اثر اسپرم تعیین جنس شده بر پیشرفت ژنتیکی کل شده است. اما با توجه به نتایج جدول ۶ افزایش ارزش‌های اصلاحی در مادر ماده‌های آینده در هنگام استفاده از اسپرم تعیین جنس شده به خوبی دیده می‌شود.

متوسط هم خونی برای اسپرم‌های تعیین جنس شده کم‌تر از اسپرم‌های معمولی است اما این تفاوت معنی‌دار نبود. پایین بودن هم‌خونی برای اسپرم‌های تعیین جنس شده در زمان استفاده از اسپرم‌های تعیین جنس شده برای ۲۰ درصد بهترین مادران گاوها در نتایج سورنسون و همکاران (۱۸) مشاهده شد. همچنین استفاده اسپرم‌های تعیین جنس شده به همراه انتقال جنین برای ۲۰ درصد مادر نرها باعث کاهش هم‌خونی نیز شده است. این نتایج با نتایج این تحقیق مطابقت دارد. استفاده از اسپرم تعیین جنس شده باعث کاهش ۲/۰۵ درصد فاصله نسلی می‌شود. کاهش فاصله نسلی در نتیجه استفاده از اسپرم تعیین جنس شده در نتایج توسط سورنسون و همکاران (۱۸) نیز گزارش شده است (۶/۸ درصد کاهش). دلیل تفاوت در مقدار عددی نتایج این تحقیق با نتایج سورنسون و همکاران (۱۸) می‌تواند به دلیل دامنه سالی مورد نظر برای بررسی هم‌خونی باشد. در تحقیق سورنسون و همکاران (۱۸)، بررسی هم‌خونی برای دهه دوم و سوم انجام شده ولی در این تحقیق تغییرات برای سه دهه است. در ضمن در این تحقیق، استفاده از اسپرم تعیین جنس شده هم برای مادر گاوها و مادر نرها بود، ولی در تحقیق سورنسون و همکاران (۱۸)، فقط برای مادر گاوها بررسی شده است. استفاده از اسپرم تعیین جنس شده باعث می‌شود بسیاری از نتاج تولید شده ماده بوده و این امر باعث تأثیر در شدت انتخاب گاوها نر جوان شده و شدت انتخاب برای این گروه از ۲/۳۶ در هنگام عدم استفاده از اسپرم معمولی به ۱/۶۸ تغییر کند و این می‌تواند دلیلی برای کاهش هم‌خونی در هنگام استفاده از اسپرم تعیین جنس شده باشد.

جدول ۵- میانگین و خطای معیار تغییرات پیشرفت ژنتیکی، تغییرات هم‌خونی و میانگین فاصله نسلی برای سطوح نوع اسپرم

| فاکتورها | | تغییرات پیشرفت ژنتیکی | تغییرات هم خونی | میانگین فاصله نسلی |
|---|---|---|---|---|
| نوع اسپرم | معمولی | ۱۵۰/۷ ± ۲/۶[a] | ۰/۰۰۴۰۸ ±۰/۰۰۰۴[a] | ۴/۴۸ ±۰/۰۱[a] |
| | تعیین جنس شده | ۱۴۵/۵ ±۲/۷[b] | ۰/۰۰۳۹۴±۰/۰۰۰۴[a] | ۴/۳۹±۰/۰۱[b] |

حروف متفاوت در بین سطوح نشان‌دهنده، معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۵ است.

جدول ۶- ارزش‌های اصلاحی برآورده شده برای چهار مسیر انتخابی در سطوح مختلف نوع اسپرم

| فاکتورها | | نرهای جوان | نرهای فعال | مادر نرهای آینده | مادر ماده های آینده |
|---|---|---|---|---|---|
| نوع اسپرم | معمولی | ۴۵۲/۳[a] | ۱۱۷۳/۳[a] | ۵۳۹/۶[a] | ۸۱/۴[a] |
| | تعیین جنس شده | ۳۰۶/۴[a] | ۱۱۴۴/۶[a] | ۵۰۴/۴[b] | ۱۰۸/۸[b] |

حروف متفاوت در بین سطوح نشان‌دهنده، معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۵ است.

بالاترین پیشرفت ژنتیکی و کم‌ترین میزان هم‌خونی و فاصله نسلی برای رویه هم‌پوشانی کم نسل‌ها دیده شد (جدول ۷). در هم‌پوشانی زیاد نسل‌ها، کاهش ۰/۴۷ درصدی در پیشرفت ژنتیکی و به ترتیب افزایش ۲/۵۴ و ۷ درصدی برای هم‌خونی و فاصله نسلی نسبت به هم‌پوشانی کم نسل‌ها دیده شد. از آن‌جایی که متوسط

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02 ]

[ DOI: 10.18869/acadpub.rap.7.13.107 ]

سطوح ارزش‌های اصلاحی برآورد شده در کلاس‌های سنی پیر به واسطه بهبود ژنتیکی متوالی در جمعیت کمتر از کلاس‌های جوان‌تر هستند، بنابراین افزایش در هم‌پوشانی نسل باعث افزایش کلاس‌های سنی پیرتر شده و پیشرفت کم‌تر به وجود می‌آورد و زیاد ماندن حیوان در گله به خصوص برای نرها باعث افزایش هم‌خونی می‌شود. در تحقیق رکوعی (۱۵) افزایش جزئی در پیشرفت ژنتیکی در هم‌پوشانی زیاد نسل‌ها گزارش شده است. دلیل اختلاف نتایج این بود که تفاوت سنی در نظر گرفته شده برای تحقیق رکوعی (۱۵) کمتر از این تحقیق است. افزایش هم‌خونی در هم‌پوشانی زیاد نسل‌ها نسبت به هم‌پوشانی کم نسلی در تحقیق رکوعی (۱۵) گزارش شده است که با نتایج این تحقیق مطابقت دارد.

جدول ۷- میانگین و خطای معیار تغییرات پیشرفت ژنتیکی، تغییرات هم‌خونی و میانگین فاصله نسلی برای سطوح هم‌پوشانی نسل‌ها

| فاکتورها | | تغییرات پیشرفت ژنتیکی | تغییرات هم خونی | میانگین فاصله نسلی |
|---|---|---|---|---|
| هم‌پوشانی نسل | کم | ۱۴۸/۶ ±۲/۵[a] | ۰/۰۰۳۹۳±۰/۰۰۰۴[a] | ۴/۲۸±۰/۰۱[c] |
| | متوسط | ۱۴۷/۸ ±۲/۶[a] | ۰/۰۰۴۰۷±۰/۰۰۰۴[a] | ۴/۴۶±۰/۰۱[b] |
| | زیاد | ۱۴۷/۹±۲/۶[a] | ۰/۰۰۴۰۳± ۰/۰۰۰۴[a] | ۴/۵۸±۰/۰۲[a] |

حروف متفاوت در بین سطوح نشان‌دهنده، معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۵ است.

جدول ۸ ضرایب رگرسیونی تغییرات صفات تولید و تولیدمثلی و امتیاز سلول‌های بدنی را برای ۳۰ سال شبیه‌سازی نشان می‌دهد. تغییرات صفات تولیدی و فاصله گوساله‌زایی برای هدف اصلاحی وسیع بیش‌تر بود. تفاوتی بین دو هدف اصلاحی برای سن در اولین گوساله‌زایی در دو هدف اصلاحی دیده نشد. تغییرات امتیاز سلول‌های بدنی برای اهداف اصلاحی محدود بیشتر از اهداف اصلاحی وسیع است. چنانچه دیده می‌شود تغییرات برای صفات با وراثت‌پذیری پایین (فاصله گوساله‌زایی و امتیاز سلول‌های بدنی) در هدف اصلاحی وسیع نسبت به هدف اصلاحی محدود بیش‌تر بود. تغییرات برای فاصله گوساله‌زایی و امتیاز سلول‌های بدنی در هدف اصلاحی وسیع نسبت به محدود به ترتیب ۲/۷۵ و ۱۶/۷ درصد اما برای صفات تولیدی تغییرات زیر دو درصد بود. بیشترین پیشرفت ژنتیکی برای صفات با وراثت‌پذیری پایین در اهداف اصلاحی وسیع در تحقیق لیزین و همکاران (۱۰) گزارش شد. پیشرفت ژنتیکی بیشتر برای صفات با وراثت‌پذیری پایین در هدف اصلاحی وسیع به این دلیل است که در هدف اصلاحی وسیع هم‌بستگی بین صفات در نظر گرفته شده، بنابراین اطلاعات مورد استفاده برای آنالیز صفات با وراثت‌پذیری کم افزایش می‌یابد. این افزایش اطلاعات باعث افزایش صحت برآوردها شده و می‌تواند در افزایش پیشرفت ژنتیکی صفات مؤثر باشد. تغییرات برای تمامی صفات به استثنای امتیاز سلول‌های بدنی در هنگام استفاده از اسپرم معمولی بیش‌تر است اما تفاوت بین دو نوع اسپرم در تمامی صفات به جز تولید شیر معنی‌دار نبود. تغییرات صفات در سطوح مختلف هم‌پوشانی نسل‌ها به استثنای صفت فاصله گوساله‌زایی معنی‌دار نیست. بالاترین تغییرات برای فاصله گوساله‌زایی در هم‌پوشانی زیاد نسل‌ها است که در این حالت فاصله گوساله‌زایی بیش‌تر افزایش یافته و از لحاظ بهبود صفات ایده ال نیست و باعث کاهش سودآوری گاوداری‌ها می‌شود.

جدول ۸- ضرایب رگرسیونی تغییرات صفات برای سطوح مختلف پارامترها

| فاکتورها | | شیر | چربی | پروتئین | سن در اولین گوساله‌زایی | فاصله گوساله‌زایی | امتیاز سلول‌های بدنی |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| اهداف اصلاحی | محدود | ۱۴۵/۵[a] | ۲/۶۷[a] | ۳/۴۴[a] | -۰/۰۳۰[a] | ۲/۱۸[a] | ۰/۰۱۲[a] |
| | وسیع | ۱۴۶/۷[a] | ۲/۷۲[a] | ۳/۴۸[a] | -۰/۰۳۰[a] | ۲/۲۴[a] | ۰/۰۱۰[a] |
| اندازه گله | ۱۰۰ | ۱۴۵/۵[a] | ۲/۷۴[a] | ۳/۴۶[a] | -۰/۰۳۰[a] | ۲/۲۹[a] | ۰/۰۱۲[a] |
| | ۲۰۰ | ۱۴۶/۷[a] | ۲/۷۱[a] | ۳/۴۸[a] | -۰/۰۳۱[a] | ۲/۲۳[a] | ۰/۰۱۲[a] |
| | ۴۰۰ | ۱۴۶/۴[a] | ۲/۶۳[b] | ۳/۴۶[a] | -۰/۰۳۱[a] | ۲/۱۱[b] | ۰/۰۱۱[a] |
| نوع اسپرم | معمولی | ۱۴۸/۶[a] | ۲/۷۲[a] | ۳/۵۲[a] | -۰/۰۳۱[a] | ۲/۲۲[a] | ۰/۰۱۱[a] |
| | تعیین جنس شده | ۱۴۳/۷[b] | ۲/۶۶[a] | ۳/۴۱[a] | -۰/۰۲۹[a] | ۲/۲۰[a] | ۰/۰۱۲[a] |
| هم‌پوشانی نسل | پایین | ۱۴۶/۷[a] | ۲/۶۶[a] | ۳/۴۷[a] | -۰/۰۳۰[a] | ۲/۱۵[b] | ۰/۰۱۴[a] |
| | متوسط | ۱۴۵/۶[a] | ۲/۷۰[a] | ۳/۴۵[a] | -۰/۰۳۰[a] | ۲/۲۲[ab] | ۰/۰۱۰[a] |
| | بالا | ۱۴۶/۲[a] | ۲/۷۳[a] | ۳/۴۷[a] | -۰/۰۳۱[a] | ۲/۲۶[a] | ۰/۰۱۰[a] |

حروف متفاوت در بین سطوح نشان‌دهنده، معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۵ است.

در کل نتایج حاصل از این تحقیق نشان می‌دهد که اهداف اصلاحی وسیع، اندازه بزرگ گله، اسپرم تعیین جنس شده و هم‌پوشانی کم نسل‌ها باعث افزایش پیشرفت ژنتیکی شده و در برنامه‌های انتخابی گاوهای هلشتاین می‌تواند مد نظر قرار گیرد. اما باید به میزان هم‌خونی که هم‌پوشانی کم نسل‌ها و هدف اصلاحی

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02 ]

[ DOI: 10.18869/acadpub.rap.7.13.107 ]

وسیع ایجاد می‌کند دقت کرد. با توجه به این‌که هدف اصلاحی وسیع روی صفات با وراثت‌پذیری پایین مؤثر است می‌توان در چنین اهداف اصلاحی، بیشتر این صفات را وارد کرد.

**تشکر و قدررانی**

نویسندگان این تحقیق، از نویسندگان برنامه رایانه‌ای ADAM، به پاس همکاری آن‌ها نهایت تشکر را دارند.

**منابع**

1. Abdel-Azim, G. and S. Schnell. 2007. Genetic impacts of using female-sorted semen in commercial and nucleus herds. Journal of Dairy Science, 90: 1554-1563.
2. Bodmer, M., F. Janett, M. Hassig, N. Den Daas, P. Reichert and R. Thun. 2005. Fertility in heifers and cows after low dose insemination with sex-sorted and non-sorted sperm under field conditions. Theriogenology, 64: 1647-1655.
3. Caballero, A., E. Santiago and M.A. Toro. 1996. Systems of mating to reduce inbreeding in selected populations. Animal Science, 62: 431-442.
4. Cameron, N.D. 1997. Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding. CAB international.
5. Christensen, L.G. 1998. Possibilities for genetic improvement of disease resistance, functional traits and animal welfare. Acta Agriculturae Scandinavica Section A, Animal Science, 29: 77-99.
6. Faraji-Arough, H., A.A. Aslaminejad, M. Tahmoorespur, M. Rokouei and M.M. Shariati. 2015. Bayesian Inference of (Co) Variance Components and Genetic Parameters for Economic Traits in Iranian Holsteins via Gibbs Sampling. Iranian Journal of Applied Animal Science, (Accepted).
7. Gierdziewicz, M. 1993. Effect of herd size on estimating cattle breeding value. Animal Science Paper and Reports, 11: 5-11.
8. James, J.W. 1987. Determination of optimal selection policies. Journal of Animal Breeding and Genetic, 104: 23-27.
9. Khalajzadeh, S., A. Nejati-Javaremi and H. Mehrabani-Yeganeh. 2010. Effect of sexed semen on dairy cattle genetic progress in progeny test program. Animal Science and Research Journal, 5: 10-24 (In Persian).
10. Lassen, J., M.K. Sørensen, P. Madsen and V. Ducrocq. 2007. A stochastic simulation study on using different models for prediction of breeding values while changing the breeding goal. Animal, 1: 631-636.
11. Madsen, P. and J. Jensen. 2008. A user's guide to DMU. a package for analyzing multivariate mixed models. Version 6, release 4.5. http://dmu.agrsci.dk.
12. Medrano, J.F., A. Ahmadi and J. Casellas. 2010. Dairy cattle breeding simulation program: a simulation program to teach animal breeding principles and practices. Journal of Dairy Science, 93: 2816-2826.
13. Pedersen, L.D., M. Kargo, P. Berg, J. Voergaard, L.H. Buch and A.C. Sorensen. 2011. Genomic selection strategies in dairy cattle breeding programmes: Sexed semen cannot replace multiple ovulation and embryo transfer as superior reproductive technology. Journal of Animal Breeding and Genetic, 129: 152-163.
14. Pedersen, L.D., A.C. Sørensen, M. Henryon, S. Ansari-Mahyari and P. Berg. 2009. ADAM: a computer program to simulate selective-breeding schemes for animals. Livestock Science, 121: 343-344.
15. Rokouei, M. 2010. Analysis of inbreeding and its relationship with production, reproduvtion and longevity traits in Iranian dairy cattle. Ph.D. Thesis, Tarbiat Modares university, Tehran, Iran. 136 pp (In Persian).
16. Sadeghi-Sefidmazgi, A., M. Moradi-Shahrebabak, A. Nejati-Javaremi, S.R. MiraeiAshtiani and P.R. Amer. 2012. Breeding objectives for Holstein dairy cattle in Iran. Journal of Dairy Science, 95: 3406-3418.
17. Sonesson, A.K. and T.H.E. Meuwissen. 2000. Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. Genetc Selection Evolution, 32: 231-248.
18. Sørensen, M.K., J. Voergaard, L.D. Pedersen, L.H. Buch, P. Berg and A.C. Sørensen. 2011. Genetic gain in dairy cattle populations is increased using sexed semen in commercial herds. Journal of Animal Breeding and Genetic, 128: 267-275.
19. Sørensen, M.K., P. Berg, J. Jensen and L.G. Christensen. 1999. Stochastic simulation of breeding schemes for total merit in dairy cattle. GIFT seminar on genetic improvement of functional traits in cattle, Wageningen, The Netherlands, 7-9. November. Interbull Bulletin, 23: 183-192.
20. Van Der Werf, J. 2006. Optimizing design of breeding programs. Armidale Animal Breeding Summer Course.
21. Van Doormaal, B.J., F. Miglior, G. Kistemaker and P. Brand. 2005. Genetic diversification of the Holstein breed in Canada and internationally. Interbull Bull, 33: 93-97.
22. Willam, A., C. Egger Danner, J. So lkner and E. Gierzinger. 2002. Optimization of progeny testing schemes when functional traits play an important role in the total merit index. Livestock Production Science, 77: 217-225.

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02 ]

[ DOI: 10.18869/acadpub.rap.7.13.107 ]

# A Stochastic Simulation Study on Effect of Herd Size, Semen Type, Overlapping Generation and Breeding Goal on Genetic Gain in Holstein Dairy Cows

**Hadi Faraji Arough[1], Ali Asghar Aslaminejad[2], Mojtaba Tahmoorespur[3], Mohammad Rokouei[4] and Mohammad Mehdi Shariati[5]**

1- P.hD. Student, Ferdowsi University of Mashhad (Corresponding author: hadifaraji.um@gmail.com)
2, 3 and 5- Associate Professor, Professor and Assistant Professor, Ferdowsi University of Mashhad
4- Assistant Professor, University of Zabol
Received: February 25, 2014 Accepted: June 29, 2014

**Abstract**

The effects of herd size, semen type, generation overlapping and breeding goal on genetic gain in Holstein cows were studied through stochastic simulation. Three levels of herd size (100, 200, and 400), two levels of semen type (unsexed and sexed), three levels of generation overlapping (low, average and high) and two levels of breeding goal (narrow and broad) were combined together to make 36 scenarios. A base population of 5000 cows recorded for 6 traits (milk, fat and protein production, age at first calving, calving interval and somatic cell score) were simulated for 30 years. Each year 50 young bulls, 10 active sires and 200 bull dams were selected from the population based on economical selection index. The genetic gain changes, inbreeding rate and generation interval were examined for all scenarios. The results showed that genetic gain for broad breeding goal, unsexed semen, herd size 400 and low generation overlapping were higher by 0.6, 3.6, 0.4, 0.5 percent compared with narrow breeding goal, sexed semen, herd size 100 and high generation overlapping, respectively. Inbreeding changes for broad breeding goal, unsexed semen, herd size 100 and average generation overlapping were more than the other levels of these factors. Estimated breeding value for cow dams (CD) were 34.3 % higher when sexed semen was used compared with the unsexed semen. These results were suggested that broad breeding goal, large herd size, sexed semen and high generation overlapping should be noticed in Holstein selection programs.

**Keywords:** Dairy cattle selection, Herd size, Semen type, Stochastic simulation

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02 ]

[ DOI: 10.18869/acadpub.rap.7.13.107 ]