

## مطالعه ژنتیکی نمره سلول‌های سوماتیک با مدل تابعیت تصادفی روزآزمون در گاوهای شیری ایران

محمد رزم کبیر<sup>۱\*</sup> و خبات خیرآبادی<sup>۲</sup>

۱. استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان، سنندج، ایران

۲. دانشجوی دوره دکتری ژنتیک و اصلاح دام، دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان، اهواز، ایران

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۳/۱۲/۱۵ - تاریخ تصویب: ۱۳۹۴/۷/۱۳)

### چکیده

پارامترهای ژنتیکی صفت نمره سلول‌های سوماتیک جمعیت گاوهای شیری، با استفاده از رکوردهای روزآزمون جمع‌آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد دام ایران در سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۹ برآورد شد. داده‌ها شامل ۲۲۲۹۲۳ رکورد روزآزمون دوره اول شیردهی، متعلق به ۲۹۶۶۸ حیوان در ۱۰۰ گله مختلف بود. برآوردها با روش نمونه‌گیری گیبس و بر اساس یک مدل روزآزمون با تابعیت تصادفی انجام گرفت. منحنی شیردهی براساس چندجمله‌ای‌های لژاندر از روز شیردهی در مدل منظور شد. به منظور تصحیح اثر ناهمگنی واریانس باقیمانده، دوره شیردهی (۵ تا ۳۶۵ روز شیردهی) به ۱۰ گروه با فواصل نامساوی دسته‌بندی شد. براساس نتایج، واریانس باقیمانده در ابتدای دوره بیشترین مقدار را داشت و از ماه دوم تا پایان دوره شیردهی روند کاهشی جزئی در این پارامتر مشاهده شد. کم‌بودن واریانس‌های باقیمانده و محیط دائمی و زیادبودن واریانس ژنتیکی، به افزایش وراثت‌پذیری در انتهای دوره انجامید. کمترین و بیشترین مقدار وراثت‌پذیری به ترتیب در روزهای ۶۸ (۰/۰۳۱) و ۳۶۵ (۰/۰۹۸) شیردهی مشاهده شد. همبستگی ژنتیکی بین رکوردهای روزآزمون با افزایش فاصله بین آن‌ها کاهش یافت. با استفاده از ضرایب تابعیت پیش‌بینی‌شده برای هر حیوان، ارزش اصلاحی روزانه و در نتیجه منحنی ژنتیکی در امتداد روزهای شیردهی ترسیم شد. روندهای ژنتیکی و فنوتیپی صفت نمره سلول‌های سوماتیک، به ترتیب ۰/۰۲۵- و ۱۰۷۵- برآورد شدند ( $P < 0/01$ ). این نتایج نشان‌دهنده بهبودی مطلوب برای صفت نمره سلول‌های سوماتیک در سطوح ژنتیکی و فنوتیپی است.

**واژه‌های کلیدی:** شمار سلول‌های سوماتیک، روند ژنتیکی، مدل تابعیت تصادفی، وراثت‌پذیری.

### مقدمه

ورم پستان از شایع‌ترین و پرهزینه‌ترین بیماری‌ها در گله‌های گاو شیری است (Reents *et al.*, 1995). ضرر و زیان اقتصادی ناشی از شیوع این بیماری عمدتاً از طریق کاهش تولید شیر، افزایش مقدار شیر حذفی،

کاهش قیمت شیر در نتیجه افزایش شمار سلول‌های سوماتیک (Somatic Cell Count)، هزینه‌های بهداشتی و درمانی، افزایش هزینه‌های کارگری، نرخ حذفیات غیراختیاری و کاهش ارزش گاوهای مبتلا بر گاودار تحمیل می‌شود (Halasa *et al.*, 2007).

به‌طور کلی، هدف برنامه‌های اصلاحی، افزایش شایستگی ژنتیکی صفات مهم اقتصادی است. برای ارزیابی اثر برنامه‌های اصلاحی لازم است روند ژنتیکی جمعیت مورد مطالعه برای صفات مهم اقتصادی هر چندسال یک‌بار ارزیابی شود ( Razmkabir *et al.*, 2009). شمار سلول‌های سوماتیک، به‌عنوان یک صفت همبسته ژنتیکی با بیماری ورم پستان، چندین سال است که در کشور رکوردبرداری می‌شود، اما در مقایسه با سایر صفات اقتصادی مطالعات محدودی در تجزیه و تحلیل این صفت انجام گرفته است ( Abedini *et al.*, 2011; Faraji Arough *et al.*, 2012; Pakdel *et al.*, 2010). بخش درخور توجهی از اسپرم‌های استفاده‌شده در صنعت گاو شیری کشور نیز، وارداتی و متعلق به کشورهای است که بهبود بیماری ورم پستان در راستای برنامه‌های اصلاحی آن‌ها قرار دارد؛ بنابراین، انتظار می‌رود تغییراتی در روند این صفت در کشور مشاهده شود. تحقیق حاضر به‌منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و نیز روند ژنتیکی نمره سلول‌های سوماتیک (SCS) گاوهای شیری ایران با استفاده از یک مدل روزآزمون با تابعیت تصادفی و با فرض ناهمگنی واریانس انجام گرفت.

## مواد و روش‌ها

### داده‌ها و اطلاعات

در این پژوهش از اطلاعات جمع‌آوری‌شده برای شمار سلول‌های سوماتیک نخستین دوره شیردهی گاوهای هلشتاین کشور توسط مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور، استفاده شد. ویرایش و آماده‌سازی داده‌ها با استفاده از برنامه FoxPro 9.0 (2004) و تولید آمار توصیفی مشاهدات و تعیین مدل مناسب با نرم‌افزار آماری SAS 9.1 (2003) صورت پذیرفت. فایل شجره مرتب با حیوانات دارای رکورد، به کمک نرم‌افزار CFC بازنگری و برای خطاهای احتمالی کنترل شد (Sargolzaei *et al.*, 2006). با در نظر گرفتن کیفیت و ساختار داده‌ها، ویرایش‌هایی به‌صورت زیر اعمال شد. سن در زمان زایش اول به ماه ۱۸ تا ۳۶ محدود شد و دامنه روزهای شیردهی از روز ۵ تا ۳۶۵ در نظر گرفته شد. با هدف حذف رکوردهای

بنابراین اعمال برنامه‌های اصلاحی از طریق انتخاب ژنتیکی علیه این بیماری از نظر اقتصادی بسیار حائز اهمیت خواهد بود. این انتخاب می‌تواند از طریق استفاده از اطلاعات مستقیم بیماری یا از طریق اطلاعات مربوط به صفات دارای همبستگی ژنتیکی با بیماری ورم پستان یا ترکیبی از این دو انجام گیرد. امروزه رکوردبرداری برای SCC در بسیاری از کشورها امری رایج به شمار می‌آید و در تعداد محدودی از کشورها از جمله دانمارک، فنلاند، نروژ و سوئد برای ارزیابی‌های ژنتیکی به‌طور مستقیم از اطلاعات بیماری ورم پستان در سطح ملی استفاده می‌شود (Heringstad *et al.*, 2000). با وجود همبستگی ژنتیکی بالا (۰/۶ تا ۰/۸) میان شمار سلول‌های سوماتیک و ورم پستان (Wolf & Carlén *et al.*, 2004; Wolf *et al.*, 2010) و نیز بیشتر بودن وراثت‌پذیری شمار سلول‌های سوماتیک (Mrode & Carlén *et al.*, 2004; Swanson, 1996; Heringstad *et al.*, 2000) می‌توان از این صفت به‌عنوان پیش‌بینی‌کننده غیرمستقیم و مناسبی برای حالات بالینی و غیربالینی ورم پستان کمک گرفت (Pösö & Mäntysaari, 1996).

در گذشته نظام‌های ارزیابی ژنتیکی در بسیاری از کشورها بر مبنای متوسط SCC یا log SCC در کل دوره شیردهی صورت می‌گرفت (Mrode & Swanson, 1996). امروزه مطالعات مختلفی مبنی بر تأیید تغییرات و نوسان این صفت در دوره شیردهی گزارش شده است (Haile-Carlén *et al.*, 2004; Mariam *et al.*, 2001). در این راستا، استفاده از مدل‌های روزآزمون در برنامه‌های اصلاحی بسیاری از کشورها افزایش چشمگیری یافته است. مدل تابعیت تصادفی به‌عنوان یکی از مدل‌های روزآزمون، برای رکوردهای روزآزمون شمار سلول‌های سوماتیک استفاده می‌شود که مشاهدات برای صفت مورد نظر در طول زندگی حیوان و در چند زمان مختلف جمع‌آوری می‌گردد. این مدل به سبب در نظر گرفتن همبستگی ژنتیکی روزآزمون‌ها، افزایش صحت برآوردها به دلیل اعمال تأثیرات محیطی برای هر روزآزمون و نیازداشتن به تصحیح داده‌ها مورد توجه قرار گرفته است (Schaeffer, 2004).

این اساس به منظور اعمال ناهمگنی واریانس باقیمانده، دوره شیردهی به ۱۰ گروه (۳۱۵-۳۶۵، ۳۱۴-۲۸۰، ۲۷۹-۲۴۵، ...، ۱۰۴-۷۰، ۶۹-۳۵، ۳۴-۵) دسته‌بندی شد.

جدول ۱. شاخص‌ها و اطلاعات آماری داده‌ها

شاخص آماری	اطلاعات آماری داده و شجره
۲۲۲۹۲۳	تعداد رکوردهای روزآزمون
۱۳۸۰-۱۳۸۹	سال رکوردبرداری
۱۰۷/۳	متوسط SCC* (انحراف معیار)
(±۱۶۱/۱)	
۲۹۶۶۸	تعداد حیوانات دارای رکورد
۱۰۰	تعداد گله
۶۶۵	تعداد پدر
۴۴/۶۱	متوسط تعداد دختران به ازای هر پدر
۷/۵۱	متوسط تعداد رکوردهای روزآزمون به ازای حیوان
۸۸۹	تعداد گله-سال زایش
۸۴۲۳۷	تعداد حیوانات موجود در فایل شجره
	* (میلی‌لیتر شیر/۱۰۰۰ سلول)

### تجزیه و تحلیل آماری

تجزیه و تحلیل داده‌ها با استفاده از روش نمونه‌گیری گیبس، با نرم‌افزار GIBBS3F90 (Misztal, 2014) و با مدل تابعیت تصادفی زیر انجام گرفت (رابطه ۲). عوامل تصادفی مدل شامل تأثیرات ژنتیکی افزایشی، محیط دائمی حیوان و گله-سال زایش بود و منحنی شیردهی براساس چندجمله‌ای‌های لژاندر از روز شیردهی در مدل منظور شد.

$$y_{ijklm} = \mu + htd_i + \sum_{jn} as_{jn} \Phi_n + \sum_{kn} hy_{kn} \Phi_n \quad (2)$$

$$+ \sum_{ln} a_{ln} \Phi_n + \sum_{pn} pe_{pn} \Phi_n + e_{ijklm}$$

که  $y_{ijklm}$  مشاهده  $m$ ام متعلق به حیوان  $l$ ام در زیرگروه  $i$ ام گله- تاریخ رکوردبرداری  $(htd)$  ( $i=1, \dots, 5211$ )،  $\mu$  میانگین جمعیت،  $as_{jn}$   $n$ امین ضریب تابعیت ثابت برای  $n$ امین کلاس سن- فصل زایش ( $j=1, \dots, 76$ )،  $a_{ln}$  و  $hy_{kn}$  به ترتیب  $n$ امین ضریب تابعیت تصادفی گله-سال زایش، ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی حیوان  $l$ ام،  $\Phi_n$  چندجمله‌ای‌های لژاندر برای روز شیردهی ( $5$  تا  $365$  روز شیردهی) و  $e_{ijklm}$  تأثیرات تصادفی باقیمانده هستند

پرت و نامعمول، رکوردهایی که در دامنه  $10^3$  تا  $10^6$  (میلی‌لیتر شیر/سلول) بودند، در فایل داده باقی ماندند. در مرحله بعدی گاوهای دارای بیش از سه رکورد روزآزمون، با فاصله حداقل ۱۵ روز، انتخاب شدند. در نظر گرفتن حداقل سه رکورد روزآزمون به این سبب است که به اندازه کافی داده موجود باشد که بتوان منحنی شیردهی حیوان را توصیف کرد. طبق قواعد رسمی رکوردبرداری، حیواناتی برای تجزیه نهایی داده‌ها انتخاب شدند که اولین رکورد روزآزمون آن‌ها، تا قبل از روز ۹۰ دوره شیردهی ثبت شده بود. پس از بررسی اندازه و ساختار گله‌ها، تنها از اطلاعات گله‌هایی استفاده شد که برای هر یک از سال‌های مورد مطالعه در این تحقیق (۱۳۸۰-۱۳۸۹) دست کم ۱۰ رأس گاو زایش اول و برای کل سال‌های مورد مطالعه، دست کم ۱۰۰ رأس حیوان رکورددار داشتند. این نکته سبب می‌شود که گله‌های کوچک و گله‌هایی که نوسان شدید سالیانه در اندازه گله دارند، از آنالیز خارج شوند. این گله‌ها معمولاً از نظر شاخص تکامل شجره، به‌ویژه در خطوط مادری، وضعیت مناسبی ندارند. به منظور ارتباط مناسب بین داده‌ها و کاهش اشتباه برآوردها، تنها از رکورد دختران متعلق به پدرانی استفاده شد که در فایل نهایی دارای حداقل ۱۰ نتاج بودند (Razmkabir et al., 2011). خلاصه آماری داده‌های استفاده‌شده در جدول ۱ نشان داده شده است.

برای نرمال کردن توزیع رکوردهای روزآزمون، با استفاده از تبدیل لگاریتمی (Ali & Shook, 1980)، شمار سلول‌های سوماتیک (SCC) به نمره سلول‌های سوماتیک (SCS) تبدیل شدند (رابطه ۱).

$$SCS = \log_{\tau}(SCC / 10^5) + 3 \quad (1)$$

برای بررسی ساختار داده‌ها، تهیه آمار توصیفی و برآزش اثرات ثابت موجود در مدل، از نرم‌افزار آماری SAS 9.1 و رویه GLM استفاده شد. طبق تحقیقات قبلی، همگن فرض کردن واریانس باقیمانده در مدل، منجر به برآورد اریب این مؤلفه در اوایل دوره شیردهی و برآورد بیش از حد وراثت‌پذیری تا اواسط دوره شیردهی می‌شود (López-Romero et al., 2003). بر

استفاده شد. روند فنوتیپی نیز از تابعیت میانگین فنوتیپی نمره سلول‌های سوماتیک بر سال زایش برآورد شد. (Razmkabir et al., 2009).

### نتایج و بحث

ویژگی‌های آماری داده‌های استفاده‌شده در جدول ۲ ارائه شده است. با توجه به مقادیر این جدول، میانگین SCS براساس ماه رکوردبرداری در کل دوره شیردهی معادل ۲/۰۷ برآورد شد. کمترین و بیشترین مقدار میانگین SCS به ترتیب در ماه‌های هفتم (۱/۹۲) و یازدهم (۲/۱۸) مشاهده شد. این الگو، موافق گزارش‌های قبلی برای گاوهای شیری ایران (Pakdel et al., 2010; Kheirabadi & Alijani, 2014) و استرالیا (Haile-Mariam et al., 2001) بود؛ به طوری که مقدار نمره سلول‌های سوماتیک در زمان رسیدن به اوج شیردهی، کاهش و بعد از آن تا انتهای دوره شیردهی، به تدریج افزایش می‌یابد (شکل ۱).

بالابودن SCS برای دو انتهای دوره شیردهی به معنی نوسان بیشتر عوامل محیطی در این دوره است. این نوسان‌ها می‌تواند در ابتدای دوره به سبب بروز ناهنجاری‌های متابولیکی ناشی از استرس زایش (Bignardi et al., 2009) و در انتهای دوره ناشی از مشکلات مربوط به خشک‌کردن حیوانات و تغییرات دوره انتقال بوده باشد.

(Ødegård et al., 2003; Razmkabir et al., 2011). طول توالی زنجیره گیبس ۱۲۰۰۰۰ نمونه بود که ۲۰۰۰۰ نمونه ابتدایی به‌عنوان دوره قل‌گیری (Burn-in) حذف شدند. به‌منظور مستقل کردن نمونه‌های گرفته‌شده، فاصله نمونه‌برداری ۱۰۰ در نظر گرفته شد؛ به طوری که در نهایت اجزای مذکور از میانگین ۱۰۰۰ نمونه باقیمانده برآورد شدند. وراثت‌پذیری در تابعی از روزهای شیردهی با استفاده از معادله زیر محاسبه شد:

$$h_{(d)}^2 = \frac{\sigma_{a(d)}^2}{\sigma_{a(d)}^2 + \sigma_{pe(d)}^2 + \sigma_{hy(d)}^2 + \sigma_{e(d)}^2} \quad (3)$$

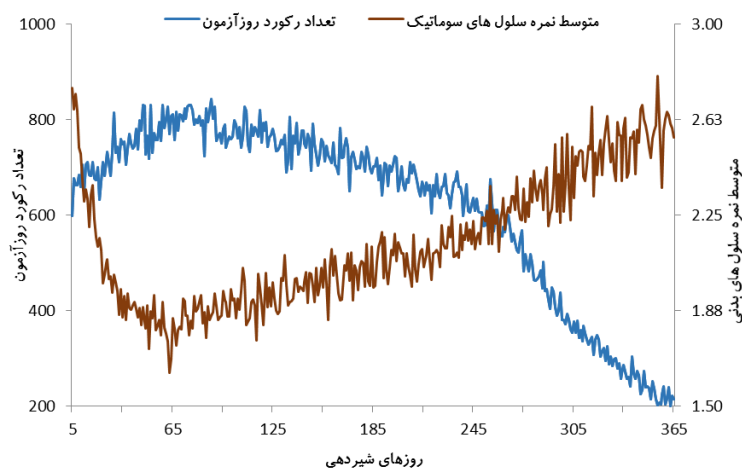
که  $\sigma_{a(d)}^2$ ،  $\sigma_{pe(d)}^2$ ،  $\sigma_{hy(d)}^2$  و  $\sigma_{e(d)}^2$  به ترتیب واریانس‌های ژنتیکی افزایشی، محیط دائمی، گله-سال زایش و واریانس باقیمانده در  $d$  امین روز شیردهی هستند. ارزش اصلاحی برای هرروز از دوره شیردهی حیوان  $\lambda_m$  نیز با استفاده از فرمول زیر برآورد شد (Jamrozik et al., 1997).

$$EBV_{DIM} = \hat{\alpha}_l \Phi_n \quad (4)$$

که  $\alpha_l$  بردار  $1 \times 4$  ضرایب ارزش اصلاحی برآوردشده برای حیوان  $\lambda_m$  و  $\Phi_n$  بردار  $(4 \times 361)$  ضرایب چندجمله‌ای‌های لژاندر برای روزهای مختلف دوره شیردهی است. پس از پیش‌بینی ارزش اصلاحی برای تمام حیوانات موجود در ماتریس خویشاوندی، به‌منظور برآورد روند ژنتیکی، از تابعیت میانگین ارزش‌های اصلاحی کل دوره شیردهی بر سال تولد

جدول ۲. آمار توصیفی رکوردهای روزآزمون نمره سلول‌های سوماتیک بر اساس ماه شیردهی

ماه رکوردبرداری	تعداد رکورد	میانگین	انحراف معیار	حداقل	حداکثر
۱	۱۷۹۱۲	۲/۱۲	۱/۶۴	-۳/۶۴	۶/۳۲
۲	۱۷۷۶۵	۲/۱۱	۱/۶۷	-۳/۶۴	۶/۳۲
۳	۱۷۷۲۹	۲/۰۷	۱/۶۸	-۳/۶۴	۶/۳۲
۴	۱۸۲۵۴	۲/۰۵	۱/۶۵	-۳/۶۴	۶/۳۲
۵	۱۹۰۴۸	۲/۰۶	۱/۶۶	-۳/۶۴	۶/۳۲
۶	۱۸۰۳۹	۱/۹۸	۱/۶۷	-۳/۶۴	۶/۳۲
۷	۱۹۱۳۸	۱/۹۲	۱/۶۵	-۳/۶۴	۶/۳۲
۸	۱۹۰۴۲	۲/۰۳	۱/۶۱	-۳/۶۴	۶/۳۲
۹	۱۹۳۴۱	۲/۰۸	۱/۶۰	-۳/۶۴	۶/۳۲
۱۰	۱۸۸۰۳	۲/۱۱	۱/۵۷	-۳/۶۴	۶/۳۲
۱۱	۱۸۸۴۰	۲/۱۸	۱/۶۰	-۳/۶۴	۶/۳۲
۱۲	۱۹۰۱۲	۲/۱۶	۱/۶۱	-۲/۶۴	۶/۳۲
کل	۲۲۲۹۲۳	۲/۰۷	۱/۶۳	-۳/۶۴	۶/۳۲



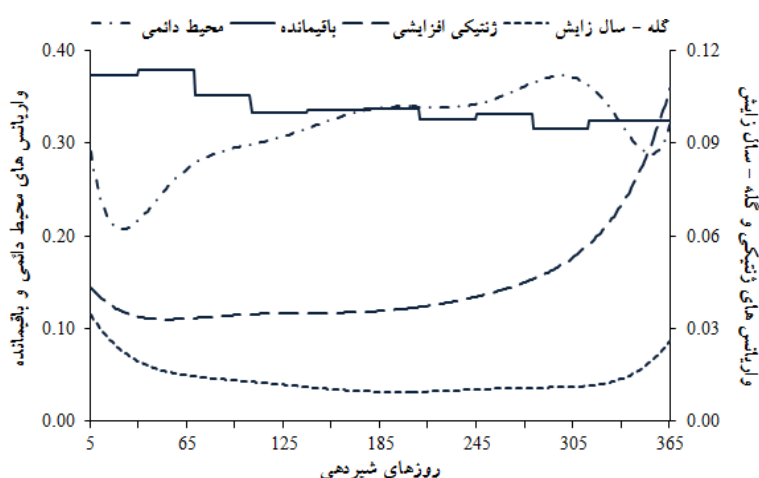
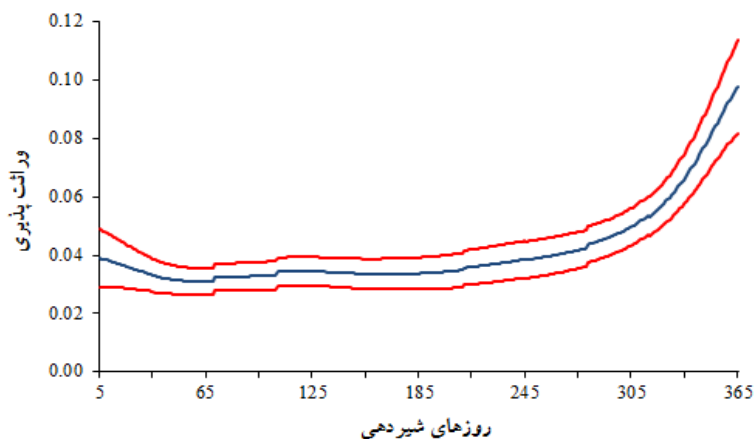
شکل ۱. روند تغییرات نمره سلول‌های سوماتیک و تعداد رکوردهای روزآزمون طی دوره شیردهی

و انتهای دوره شیردهی خواهد شد (de Roos *et al.*, 2004). در مورد واریانس ژنتیکی افزایشی، کمترین مقدار به اواخر ماه دوم (۰/۳۳) و بیشترین مقدار به انتهای دوره شیردهی (۰/۱۰۸) مربوط بود. الگوی مشاهده شده برای این مؤلفه با نتایج به دست آمده برای داده‌های ایران (Kheirabadi & Alijani, 2014) و دیگر کشورها (de Roos *et al.*, 2003; Mrode & Swanson, 2003; Zavdilová *et al.*, 2011) مطابقت دارد.

روند تغییرات وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفت SCS در روزهای ۵ تا ۳۶۵ شیردهی، با روند مشاهده شده برای الگوی واریانس ژنتیکی افزایشی مشابه بود (شکل ۲). به طوری که کمترین مقدار وراثت‌پذیری برابر با ۰/۳۱ در روز ۶۸ شیردهی و بیشترین مقدار برابر ۰/۹۸ در روز ۳۶۵ شیردهی مشاهده شد. اگرچه واریانس ژنتیکی افزایشی مؤلفه اصلی تأثیرگذار بر روند وراثت‌پذیری بوده است، اما سیر نزولی سایر تأثیرات تصادفی در انتهای دوره شیردهی نیز، سبب افزایش وراثت‌پذیری در پایان دوره شده است. دامنه مقادیر وراثت‌پذیری برای صفت نمره سلول‌های سوماتیک در گاوهای شیری ایران (Kheirabadi & Alijani, 2014)، انگلیس (Mrode & Swanson, 2003) و استرالیا (Haile-Mariam *et al.*, 2001) به ترتیب ۰/۰۳ تا ۰/۰۷، ۰/۰۴ تا ۰/۰۹، و ۰/۰۵ تا ۰/۱۴ گزارش شده است.

برآورد اجزای واریانس SCS برای روزهای شیردهی در شکل ۲ ارائه شده است. الگوی تغییرات نشان داد که واریانس باقیمانده در ابتدای دوره شیردهی بیشترین مقدار را داشته و از ماه سوم تا پایان دوره شیردهی به تدریج رو به کاهش بوده است. روند تغییرات واریانس باقیمانده در این تحقیق با دیگر پژوهش‌ها هم‌خوانی دارد (Haile-Mariam *et al.*, 2001; Mrode & Swanson, 2003; Zavdilová *et al.*, 2011). واریانس محیط دائمی در روز ۲۴ دوره شیردهی کمترین مقدار (۰/۲۱) را داشت و از روز ۲۵ تا ۳۰۰ به تدریج رو به افزایش بود و بعد از آن دوباره تا انتهای دوره شیردهی کاهش یافت (شکل ۲). مقادیر بالای این جزء واریانس، به کاهش وراثت‌پذیری در مراحل آغازین و بخش بیشتر اواسط دوره شیردهی انجامید. الگوی مشاهده شده برای واریانس محیط دائمی با نتایج به دست آمده برای کشور جمهوری چک مطابقت دارد (Zavdilová *et al.*, 2011).

بر اساس نتایج این تحقیق، روند تغییرات مشابهی برای اجزای واریانس‌های ژنتیکی و گله-سال زایش مشاهده شد (شکل ۲). تفاوت اصلی بین دو مؤلفه مذکور به انتهای دوره شیردهی مربوط است؛ به طوری که در این دوره زمانی روند و تمایل افزایشی بیشتری برای واریانس ژنتیکی مشاهده شد. سهم بالای اثر تصادفی گله-سال زایش در مقایسه با واریانس فنوتیپی در اوایل و اواخر شیردهی، منجر به بهبود دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی، به ویژه در ابتدا



شکل ۲. اجزای واریانس و وراثت پذیری (SCS  $\pm$ SD) طی دوره شیردهی (واریانس باقیمانده در ۰/۵ ضرب شده است).

2003; Abedini *et al.*, 2011; Zavadlia *et al.*, 2011)، حداکثر همبستگی‌های ژنتیکی و محیط دائمی بین روزهای شیردهی مجاور برآورد شد. اگرچه مقدار این پارامترها به موازات افزایش فاصله زمانی بین روزهای شیردهی کاهش یافت، اما همچنان مثبت و بیشتر از ۰/۱۰ بود. بیشتر بودن همبستگی ژنتیکی بین روزآزمون‌های مجاور، در نتیجه اشتراک بیشتر ژن‌های مؤثر بر شمار سلول‌های سوماتیک در آن دوره زمانی است. از آنجا که همبستگی‌های ژنتیکی بین روزهای مختلف کمتر از یک برآورد شده است، برای آنالیز داده‌های روزآزمون SCS لازم است از مدل‌های چندصفتی یا تابعیت تصادفی استفاده شود.

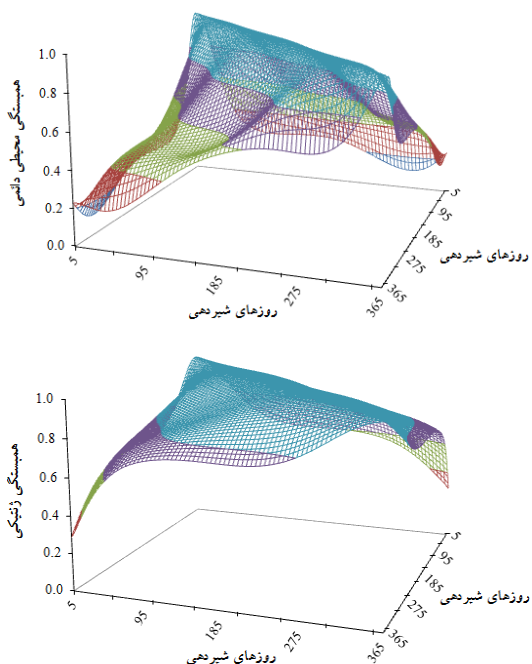
#### روند ژنتیکی و فنوتیپی

روند تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی SCS در شکل ۴ ارائه

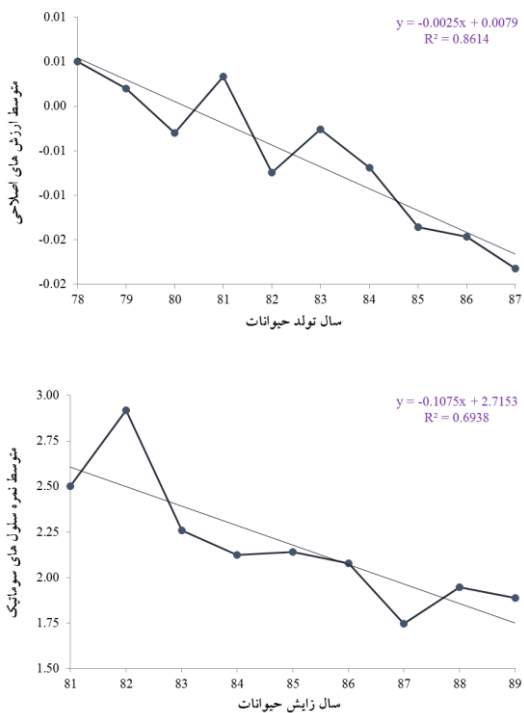
در تحقیقی روی داده‌های گاو شیری ایران، کمترین مقدار وراثت‌پذیری برای ماه دوم (۰/۰۳) و بیشترین مقدار برای انتهای دوره موردبررسی (ماه دهم، ۰/۰۶۸) گزارش شد (Abedini *et al.*, 2011). سهم کم عوامل ژنتیکی افزایشی از تنوع فنوتیپی این صفت، نشان می‌دهد که امکان استفاده بهینه از پتانسیل‌های ژنتیکی موجود، بدون کنترل و بهبود شرایط محیطی وجود نخواهد داشت. با وجود این، توجه به پتانسیل ژنتیکی حیوان در انتهای دوره شیردهی (به دلیل بالابودن تنوع ژنتیکی)، پاسخ به انتخاب بیشتری را تضمین خواهد کرد.

همبستگی‌های ژنتیکی و محیط دائمی برآوردشده برای صفت SCS طی روزهای شیردهی ۵ تا ۳۶۵ در شکل ۳ ارائه شده است. در راستای سایر تحقیقات (Haile-Mariam *et al.*, 2001; Mrode & Swanson, )

بوده است و منجر به تولید روند محیطی و در نتیجه روند فنوتیپی مطلوبی برای این صفت شده است.



شکل ۳. همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی میان روزهای مختلف شیردهی



شکل ۴. روند ژنتیکی و فنوتیپی نمره سلول‌های سوماتیک در گاوهای شیری ایران

شده است. بررسی نمودارها نشان‌دهنده روند نزولی و مطلوب این صفت در سال‌های مورد مطالعه در این تحقیق است. روند ژنتیکی و فنوتیپی صفت نمره سلول‌های سوماتیک در تحقیق حاضر، به ترتیب  $-0.0025 \pm 0.0003$  و  $-0.0075 \pm 0.0017$  برآورد شد. این ضرایب در سطح احتمال  $0.0001$  متفاوت از صفر بودند که نشان‌دهنده روند مناسب و کاهش برای این صفت طی دوره بررسی شده است. این عدد نشان می‌دهد که به طور متوسط ارزش ژنتیکی گاوهای شیری کشور برای صفت نمره سلول‌های سوماتیک در هر سال،  $0.0025$  بهبود یافته است؛ البته این مقدار تنها حدود  $0.12$  درصد میانگین این صفت را به خود اختصاص می‌دهد، در حالی که پیشرفت ژنتیکی سالیانه مورد انتظار برای یک صفت، تقریباً  $1$  درصد میانگین فنوتیپی است (Rendel & Robertson, 1950). به عبارت دیگر، پیشرفت ژنتیکی حاصل‌شده هنوز با پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار فاصله چشمگیری دارد. توارث‌پذیری پایین نمره سلول‌های سوماتیک، همبستگی ژنتیکی نامطلوب این صفت با صفات تولیدی (Dadpasand *et al.*, 2013) و پایین بودن شدت انتخاب در حیوانات ماده (Razmkabir *et al.*, 2009) برخی از دلایل پایین بودن و نوسان‌های تغییرات ژنتیکی را تشریح می‌کنند. در تحقیقات قبلی مربوط به گاوهای شیری ایران، برای روند ژنتیکی نمره سلول‌های سوماتیک، نتایجی نایکسان گزارش شده است (Faraji Arough *et al.*, 2012; Abedini *et al.*, 2011; Kheirabadi & Alijani, 2014).

مطلوبیت روند ژنتیکی برآوردشده برای سلول‌های سوماتیک در تحقیق حاضر احتمالاً به سبب واردات اسپرم‌های خارجی است که در سال‌های اخیر استفاده شده است، زیرا در بسیاری از کشورهای تولیدکننده اسپرم، برنامه انتخاب برای کاهش نمره سلول‌های سوماتیک، به‌عنوان یک پیش‌بینی‌کننده غیرمستقیم بیماری ورم پستان وجود دارد. همچنین بهبود عوامل محیطی و مدیریتی در گاو‌داری‌های شیری، از جمله مدیریت سالن‌های شیردوشی و اعمال شمارش سلول‌های سوماتیک در سیستم قیمت‌گذاری شیر، در کاهش صفت شمار سلول‌های سوماتیک مؤثر

## نتیجه‌گیری کلی

عوامل محیطی ضرورت پیدا می‌کند. روندهای ژنتیکی و فنوتیپی برآورد شده در این مطالعه نشان داد در سال‌های اخیر بهبود معناداری در صفت نمره سلول‌های سوماتیک در سطوح ژنتیکی و فنوتیپی حاصل شده است.

در پژوهش حاضر اجزای واریانس صفت نمره سلول‌های سوماتیک گاوهای شیری ایران با استفاده از مدل تابعیت تصادفی برآورد شد. با توجه به بالابودن وراثت‌پذیری صفت در انتهای دوره شیردهی، انتخاب بر مبنای عملکرد حیوانات در این دوره می‌تواند به‌عنوان راهکاری اصلاحی برای بهبود این صفت اثرگذار باشد. با وجود این، پایین‌بودن وراثت‌پذیری نشان داد که سهم عمده تنوع مشاهده شده برای نمره سلول‌های سوماتیک تحت اثر عوامل غیرژنتیکی است؛ بنابراین در راستای بهبود وضعیت گاوهای شیری کشور، نظارت و کنترل مداوم

## سیاسگزاری

از مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور به خاطر فراهم کردن اطلاعات مورد نیاز صمیمانه تشکر می‌گردد. از پروفسور Ignacy Misztal (استاد دانشگاه جورجیا) نیز برای کمک در تهیه و اجرای نرم‌افزار GIBBS3F90 تشکر و قدردانی می‌گردد.

## REFERENCES

1. Ali, A.K.A. & Shook, G.E. (1980). An Optimum transformation for somatic cell concentration in milk. *Journal of Dairy Science*, 63, 487-490.
2. Abedini, A., Farhangfar, H., Shojaeian, K., Naeemipour, H., Bashtani, M. & Mohammad Nazari, B. (2011). Estimation of genetic parameters and trend for somatic cell score trait in Iranian Holsteins using a random regression test day model. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 3, 193-200. (in Farsi)
3. Bignardi, A.B., El Faro, L., Cardoso, V.L., Machado, P.F. & de Albuquerque, L.G. (2009). Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. *Livestock Science*, 123, 1-7.
4. Carlén, E., Strandberg, E. & Roth, A. (2004). Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, and production in the first three lactations of Swedish Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, 87, 3062-3070.
5. Dadpasand, M., Zamiri, M. & Atashi, H. (2013). Genetic correlation of average somatic cell score at different stages of lactation with milk yield and composition in Holstein cows. *Iranian Journal of Veterinary Research*, 14, 190-196.
6. de Roos, A. P. W., Harbers, A. G. F. & De Jong, G. (2003). Genetic parameters of test-day somatic cell score estimated with a random regression model. *Interbull Bulletin*, 31, 97-101.
7. de Roos, A. P. W., Harbers, A. G. F. & De Jong, G. (2004). Random herd curves in a test-day model for milk, fat, and protein production of dairy cattle in the Netherlands. *Journal of Dairy Science*, 87, 2693-2701.
8. Faraji Arough, H., Aslaminejad, A. A. & Rokouei, M. (2012). Genetic and phenotypic trends for somatic cell score and determination of effective environmental factors on this trait in Iranian Holstein cows. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 3, 459-464. (in Farsi)
9. FoxPro. (2004). Microsoft Visual FoxPro v9. Microsoft Corporation, Redmond, WA, USA: Available from: <http://msdn.microsoft.com/vfoxpro>.
10. Halasa, T., Huijps, J., Osteras, O. & Hogeveen, H. (2007). Economic effects of bovine mastitis and mastitis management: A review. *Veterinary Quarterly*, 29, 18-31.
11. Haile-Mariam, M., Goddard, M. & Bowman, P. (2001). Estimates of genetic parameters for daily somatic cell count of Australian dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 84, 1255-1264.
12. Heringstad, B., Klemetsdal, G. & Ruane, J. (2000). Selection for mastitis resistance in dairy cattle-a review with focus on the situation in the Nordic countries. *Livestock Production Science*, 64, 95-106.
13. Jamrozik, J., Schaeffer, L. R. & Dekkers, J. C. M. (1997). Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. *Journal of Dairy Science*, 80, 1217-1226.
14. Kheirabadi, K. & Alijani, S. (2014). Estimation of genetic parameters and genetic trends of somatic cell score in Iranian Holstein cows using test-day records. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 4, 707-716.
15. López-Romero, P., Rekaya, R. & Carabaño, M.J. (2003). Assessment of homogeneity vs. heterogeneity of residual variance in random regression test-day models in a Bayesian analysis. *Journal of Dairy Science*, 86, 3374-3385.



16. Misztal, I. (2014). BLUPF90 Family of Programs. A collection of programs in Fortran 90/95 for mixed model computations in animal breeding. University of Georgia. Available at: <http://nce.ads.uga.edu/>.
17. Mrode, R. A. & Swanson, G. J. T. (1996). Genetic and statistical properties of somatic cell count and its suitability as an indirect means of reducing the incidence of mastitis in dairy cattle. *Animal Breeding Abstracts*, 64, 847-857.
18. Mrode, R. A. & Swanson, G. J. T. (2003). Estimation of genetic parameters for somatic cell count in the first three lactations using random regression. *Livestock Production Science*, 79, 239-247.
19. Ødegård, J., Klemetsdal, G. & Heringstad, B. (2003). Variance components and genetic trend for somatic cell count in Norwegian Cattle. *Livestock Production Science*, 79, 135-144.
20. Pakdel, A., Heydaritabar, M. & Nejati Javaremi, A. (2010). The feasibility of nonlinear models to describe the milk somatic cell score of Iranian Holstein cows throughout different lactation periods. *Iranian Journal of Animal Science*, 41(2), 185-192. (in Farsi)
21. Pösö, J. & Mäntysaari, E.A. (1996) Relationships between clinical mastitis, somatic cell score, and production for the first three lactations of Finnish Ayrshire. *Journal of Dairy Science*, 79, 1284-1291.
22. Razmkabir, M., Nejati Javaremi, A., Moradi Shahrabak, M., Rashidi, A. & Sayadnejad, M. B. (2009). Estimation of genetic trend for production traits of Holstein cattle in Iran. *Iranian Journal of Animal Science*, 40, 7-11. (in Farsi)
23. Razmkabir, M., Moradi Shahrabak, M., Pakdel, A. & Nejati Javaremi, A. (2011). Estimation of genetic parameters for test day records of milk yield in Holstein dairy cattle of Iran. *Iranian Journal of Animal Science*, 42(2), 171-178. (in Farsi)
24. Reents, R., Jamrozik, J., Schaeffer, L.R. & Dekkers, J.C.M. (1995). Estimation of genetic parameters for test day records of somatic cell score. *Journal of Animal Science*, 78, 2847-2857.
25. Rendel, J.M. & Robertson, A. (1950). Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle. *Journal of Genetics*, 50, 1.
26. Schaeffer, L.R. (2004). Application of random regression models in animal breeding. *Livestock Production Science*, 86, 35-45.
27. Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. & Colleau, J. (2006). CFC: A tool for monitoring genetic diversity. In: *Proceeding the 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., CD-ROM Communication, 2006 (27-28)*, 13-18.
28. SAS Institute Inc. (2003). SAS 9.1.3 Help and documentation, Cary, NC, USA: *SAS Institute Inc.*
29. Wolf, J., Wolfová, M. & Štípková, M. (2010). A model for the genetic evaluation of number of clinical mastitis cases per lactation in Czech Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, 93, 1193-1204.
30. Zavadilová, L., Wolf, J., Štípková, M., Němcová, E. & Jamrozik, J. (2011). Genetic parameters for somatic cell score in the first three lactations of Czech Holstein and Fleckvieh breeds using a random regression model. *Czech Journal of Animal Science*, 56, 251-260.

## Genetic analysis of somatic cell score using random regression test day model in dairy cattle of Iran

Mohammad Razmkabir<sup>1\*</sup> and Khabat Kheirabadi<sup>2</sup>

1. Assistant Professor, Department of Animal Science, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

2. Ph.D. Student, Ramin University of Agriculture and Natural Resources of Khuzestan, Ahvaz, Iran

(Received: Mar. 6, 2015 - Accepted: Oct. 5, 2015)

### ABSTRACT

Genetic parameters were estimated for somatic cell score (SCS) in dairy cattle of Iran using test day records. The records of first lactation were extracted from the database of National Animal Breeding Center for cows calved between 2001 and 2010. Data included 222923 test-day records, obtained from 29668 animals distributed in 100 different herds. Estimates were carried out through Gibbs sampling procedures and using a random regression test-day model. Lactation curve were described in the model with orthogonal Legendre polynomials on days in milk. In order to correct for heterogeneity effect of residual variance, lactation period (5 to 365 days in milk) was classified into 10 groups with unequal distances. According to the results, residual variance was highest at the beginning and it was steady and decreased slowly from the second months to the end of lactation. Low residual and permanent environment variances and high genetic variance were lead to increase of heritability at the end of lactation. The lowest and the highest of heritability were at days 68 (0.031) and 365 (0.098), respectively. Genetic correlations between individual test-day records were high for adjacent tests and decreased as the interval between tests increased. Daily breeding values and genetic curve across lactation were produced for all animals using predicted regression coefficients. Estimation of genetic and phenotypic trends for SCS were -0.0025 and -0.1075, respectively ( $P < 0.01$ ). The results show a desirable improvement for somatic cell score at genetic and phenotypic levels.

**Keywords:** genetic trend, heritability, random regression model, somatic cell count.

---

\* Corresponding author E-mail: m.razmkabir@uok.ac.ir

Tel: +98 918 8758565