

برآورد فراسنجه‌ها و روند ژنتیکی صفت امتیاز یاخته‌های بدنی با استفاده از رکوردهای روز آزمون گاوهای هلشتاین ایران

سمیه پنجه شیری^۱، مرادپاشا اسکندری نسب^{۲*}، محمد باقر زندی باغچه مریم^۳ و محمدحسین مرادی^۴
 ۱، ۲ و ۳. دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشیار و استادیار، دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان
 ۴. استادیار، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه اراک
 (تاریخ دریافت: ۱۳۹۴/۳/۲۰ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۵/۴/۶)

چکیده

هدف از این تحقیق برآورد فراسنجه‌ها و روند ژنتیکی صفت امتیاز یاخته‌های بدنی^۱ با استفاده از رکوردهای روز آزمون تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران بود. داده‌های مورداستفاده شامل ۴۰۷۱۶۷ رکورد روز آزمون بین سالهای ۱۳۸۸ تا ۱۳۹۲ مربوط به دوره شیردهی اول بود که توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور گردآوری شده بود. شمار یاخته‌های بدنی^۲ با تبدیل لگاریتمی به امتیاز یاخته‌های بدنی تبدیل شد. برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی با استفاده از مدل تابعیت (رگرسیون) تصادفی با روش آماری بیزی مبتنی بر نمونه‌گیری گیبس انجام شد. روند مشاهده‌شده برای واریانس ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی همسان و در اوایل دوره شیردهی بالاتر از دیگر روزهای شیردهی برآورد شد. وراثت‌پذیری امتیاز یاخته‌های بدنی برای دوره شیردهی اول ۰/۰۲۳ تا ۰/۰۶۵ برآورد شد. تکرارپذیری در آغاز و پایان دوره شیردهی بیشترین میزان نسبت را داشت. همبستگی ژنتیکی افزایشی بین روزهای ۵ و ۳۰۵ دوره شیردهی برآورد شد. روند ژنتیکی امتیاز یاخته‌های بدنی در سالهای مختلف تغییر به نسبت زیادی داشت و تغییرپذیری ژنتیکی امتیاز یاخته‌های بدنی از روند مشخصی پیروی نمی‌کند.

واژه‌های کلیدی: رکوردهای روز آزمون، مدل تابعیت تصادفی، امتیاز یاخته‌های بدنی، نمونه‌گیری گیبس.

Estimation of genetic parameters and trend of somatic cell score trait using test day records in Iranian Holstein cows

Somaye Panje Shiri¹, Moradpasha Eskandari Nasab^{2*}, Mohammad Bagher Zandi Baghche Maryam³ and Mohammad Hossein Moradi⁴

1, 2, 3. M. Sc. Student, Associate Professor and Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Zanjan, Iran

4. Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture and Natural Science, Arak University, Iran

(Received: Jun. 10, 2015 - Accepted: Jun. 23, 2016)

ABSTRACT

The objective of this research was to estimate the genetic parameters and trend of somatic cell count in Holstein cows of Iran using test day records. The phenotypic the used data consisted of were consisting of 407167 first lactation test day records the which were collected by the center of Animal Breeding and Livestock Production Improvement center of Iran during 2009 to 2013. Somatic cell count was transformed to Somatic cell score using logarithm transformation method. The genetic parameters were estimated using random regression models with Bayesian statistical method based on Gibbs sampling. The results revealed that the observed trend for additive genetic variance and permanent environmental were similar high in early lactation compared to other days. The heritability was estimated between 0.023-0.065 for somatic cell score. Repeatability showed highest changes at the start and the end of lactation. Additive genetic correlations were estimated for days 5 and 305. The result showed high variation in genetic trend of somatic cell score in different years, without an specific trend.

Keywords: Gibbs sampling, random regression model, somatic cell score, teest day records.

* Corresponding author E-mail: eskandarinasab_m@znu.ac.ir

Tel: +98 912 3414306

1. Somatic cell, score (scs)

2. Somatic cell count (scc)

مقدمه

ورم پستان^۱ از پرهزینه‌ترین بیماری‌ها و عامل اصلی زیان اقتصادی برای پرورش‌دهندگان گاو شیری است. ورم پستان گاوهای شیری، التهاب غده پستانی و ناشی از ترکیب عامل‌های محیطی و ایمنی دام است (Chen *et al.*, 2014).

این بیماری سبب کاهش طول عمر گاوها، کاهش کمیت و کیفیت شیر تولیدی، کاهش لاکتوز، چربی، مواد جامد غیرچربی، کازئین و افزایش شمار یاخته‌های بدنی، پروتئین سرمی، کلرور سدیم، pH، اسیدهای چرب آزاد، آلبومین و ایمنوگلوبولین می‌شود (Henriches *et al.*, 2013). (Atasaver & Erdema, 2013). (2005) با بررسی داده‌های مربوط به گاوهای هلشتاین آلمان گزارش کردند که، ۹۸ درصد زمینه ناسلامتی پستان مربوط به ورم پستان است. بنابراین با توجه به اهمیت اقتصادی ورم پستان، انتخاب برای مقاومت به این بیماری باید در برنامه‌های اصلاح نژادی دام در نظر گرفته شود، با این وجود انتخاب مستقیم برای این بیماری به دلیل چالش‌های رکوردبرداری و وراثت‌پذیری پایین، امکان‌پذیر نیست لذا انتخاب غیرمستقیم برای کاهش این بیماری پیشنهاد شده است (Arvaq *et al.*, 2011; Atasaver & Erdema, 2013).

شمار یاخته‌های بدنی به علت وجود همبستگی ژنتیکی بالا (۷۰ درصد) با حساسیت دام به ورم پستان (Peykani, 2005)، در بیشتر مناطق جهان به‌عنوان یک روش غیرمستقیم برای کاهش احتمال ابتلا به این بیماری استفاده می‌شود (Ivkiv *et al.*, 2012). یاخته‌های بدنی با اثرگذاری‌های محیطی و ژنتیکی تحت تأثیر قرار می‌گیرند. از جمله مهم‌ترین عامل‌های محیطی اثرگذار بر یاخته‌های بدنی می‌توان به مرحله شیردهی، سن هنگام جفت‌گیری و زایش، مدیریت گله، شیردهی و وضعیت عفونت اشاره کرد (Patil *et al.*, 2012; Ivkiv *et al.*, 2015). عامل‌های مؤثر دیگر از جمله شمار بارهای شیردوشی در هر روز، فاصله شیردوشی، خوراک مصرفی و جایگاه پرورش است که

اهمیت کمتری داشته یا اینکه ثبت نشده‌اند (Ivkiv *et al.*, 2012). نژاد گاوها نیز روی شمار یاخته‌های بدنی مؤثر است اما به‌رحال عامل اصلی تأثیرگذار روی این صفت عفونت غده پستانی است (Patil *et al.*, 2005; Koeck *et al.*, 2015). میزان وراثت‌پذیری شمار یاخته‌های بدنی در بیشتر منابع پایین و در حدود ۱۰ درصد گزارش شده است (Arvaq *et al.*, 2011). در تجزیه‌های آماری شمار یاخته‌های بدنی با لگاریتم گرفتن به امتیاز یاخته‌های بدنی (SCS) تبدیل می‌شود که از آن به‌عنوان یک ابزار انتخاب غیرمستقیم برای کاهش ورم پستان استفاده می‌شود. همبستگی ژنتیکی بالا بین SCS و ورم پستان بالینی (از ۶۰ تا ۸۰ درصد) سبب توجه استفاده از آن به‌عنوان شاخص غیرمستقیم برای کنترل ورم پستان بالینی و تحت بالینی شده است (Shook & Schutz, 2012; Strable *et al.*, 1994; Ivkiv *et al.*, 2005).

با وجود بررسی‌های انجام‌شده برای برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی صفت امتیاز یاخته‌های بدنی با استفاده از روش بیشینه درست‌نمایی محدودشده مبنی بر مدل روز آزمون و مدل تابعیت (رگرسیون) تصادفی (Arvaq *et al.*, 2009; Bakhtiarzadeh *et al.*, 2011; Kheirabadi & Alijani, 2014)، بررسی برای برآورد این فراسنجه‌ها با استفاده از مدل تابعیت تصادفی با روش آماری بیزی مبتنی بر نمونه‌گیری گیبس گزارش نشده است، بنابراین هدف از این تحقیق برآورد فراسنجه‌ها و روند ژنتیکی امتیاز یاخته‌های بدنی رکوردهای روز آزمون دوره شیردهی اول گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل تابعیت تصادفی با روش آماری بیزی مبتنی بر نمونه‌گیری گیبس است.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از رکوردهای روز آزمون گردآوری‌شده نخستین دوره شیردهی گاوهای شیری توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور استفاده شد. برای ویرایش داده‌ها از نرم‌افزار FOXPro9 و Excell استفاده شد. معیارهای ویرایش و آماده‌سازی برای

به حیوان m در m سن - فصل زایش؛ AS_{mn} ، m آمین ضریب تابعیت ثابت برای m آمین سن - فصل زایش حیوان m ؛ am_n و pe_{mn} . به ترتیب m آمین ضریب مدل تابعیت تصادفی اثرگذاری ژنتیک افزایشی و اثرگذاری محیط دائمی حیوان m ؛ p ، درجه برازش مدل تابعیت ثابت ($p=5$)؛ r ، شمار درجه‌های برازش؛ Φ_n ، چندجمله‌ای‌های لژاندر m برای روز t مرتب با m آمین حیوان m ؛ e_{ijlm} ، تأثیر تصادفی باقی‌مانده هستند.

مدل اسکالر بالا به شکل ماتریسی به این صورت نوشته می‌شود:

$$y = Xb + Qa + Zpe + e$$

که y بردار مشاهده‌ها (رکوردهای روز-آزمون مربوط به صفات موردبررسی)، b بردار اثرگذاری ثابت در مدل، a و pe به ترتیب بردار اثرگذاری ژنتیک افزایشی و محیط دائمی حیوان، e بردار اثرگذاری باقی‌مانده و X ، Q ، Z و X ماتریس‌های متناظر با تأثیر ثابت ضریب‌های مدل تابعیت تصادفی هستند. ساختار ماتریس (کو)واریانس بین تأثیر تصادفی به این صورت تعریف می‌شود:

$$\text{var} \begin{bmatrix} a \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

که در اینجا، G ماتریس (کو)واریانس ژنتیکی ضریب‌های مدل تابعیت تصادفی، \otimes علامت ضرب کرونگر، A ماتریس ضریب‌های خویشاوندی بین حیوانات، σ_p^2 واریانس تأثیر محیط دائمی، I ماتریس واحد و R ماتریس قطری واریانس باقی‌مانده هستند. برای محاسبه روز شیردهی استاندارد شده (d_t^*)، از رابطه زیر استفاده شد (Jakobsen et al., 2002):

$$d_t^* = -1 + 2 \left(\frac{d_t - d_{\min}}{d_{\max} - d_{\min}} \right)$$

که d_{\max} و d_{\min} به ترتیب کمینه (5) و بیشینه (305) روز شیردهی و d_t ، t آمین روز شیردهی هستند. برای t آمین روز استاندارد شده شیردهی (d_t^*)، m آمین چندجمله‌ای لژاندر $\Phi(d_t^*)_i$ به این صورت تعریف شد:

$$\Phi_{(D_t^*)_i} = \frac{1}{2^i} \sqrt{\frac{2i+1}{2}} \sum_{m=0}^{i/2} (-1)^m \binom{i}{m} \binom{2i-2m}{i} (D_t^*)^{i-2m}$$

که $i/2=(i-1)/2$ که i درجه چندجمله‌ای لژاندر و m شمار شاخص مورچهانز برای تعیین m آمین چندجمله‌ای

افزایش صحت شامل: (۱) رکوردهای سال ۱۳۸۸ تا (۲، ۱۳۹۲) دوره شیردهی اول، (۳) سن هنگام نخستین زایش در دامنه سنی ۱۸ تا ۴۵ ماهگی (۴) رکوردهای روز آزمون در بازه ۵ تا ۳۰۵ روز از دوره شیردهی، (۵) تولید شیر روزانه در دامنه ۱/۵ تا ۷۵ کیلوگرم، (۶) دست کم ۵ رکورد برای هر حیوان (Odegard et al., 2002; Reents et al., 1995; Zhang et al., 1993).

با استفاده از معادله‌های مختلف امتیاز یاخته‌های بدنی محاسبه می‌شود که امتیاز محاسبه شده با معادله Ali & Shock, 1980 نزدیک‌ترین حالت به توزیع نرمال را دارد. پس برای نرمال کردن توزیع رکوردهای روز آزمون شمار یاخته‌های بدنی با استفاده از فرمول $SCS = \log_2(\text{sc}/100) + 3$ تبدیل لگاریتمی شده و به امتیاز یاخته‌های بدنی تبدیل شد (Ali & Shock, 1980). پس از اعمال محدودیت‌های بالا شمار ۴۰۷۱۶۷ رکورد در فایل داده باقی ماند.

برای آماده‌سازی فایل شجره از نرم‌افزارهای FOXPro9 و CFC استفاده شد، در نهایت بر این پایه شمار حیوانات موجود در فایل شجره ۱۰۵۸۴۳ راس شد (جدول ۱).

جدول ۱. اطلاعات مربوط به فایل شجره داده امتیاز یاخته‌های بدنی شیر

Table 1. Information about pedigree file of data file of somatic cell score in milk

The total number of animals	105843
The number of bulls (number)	270
The number of cows (number)	51095
The number of animals have offspring (number)	51365
The number of animals have record (number)	58270
Record number (number)	407167
Record number per animal (number)	6/99
The number of Herd-Year-Mo	8710
The number of age calving year	129
The number of herd	1607

مدل مورد استفاده در این تحقیق به صورت زیر بود:

$$y_{ijlm} = HTD_i + Yc_j + \sum_{n=1}^p AS_{mnl} \Phi_n + \sum_{n=0}^r a_{mn} + \sum_{n=0}^r pe_{mn} + e_{ijlm}$$

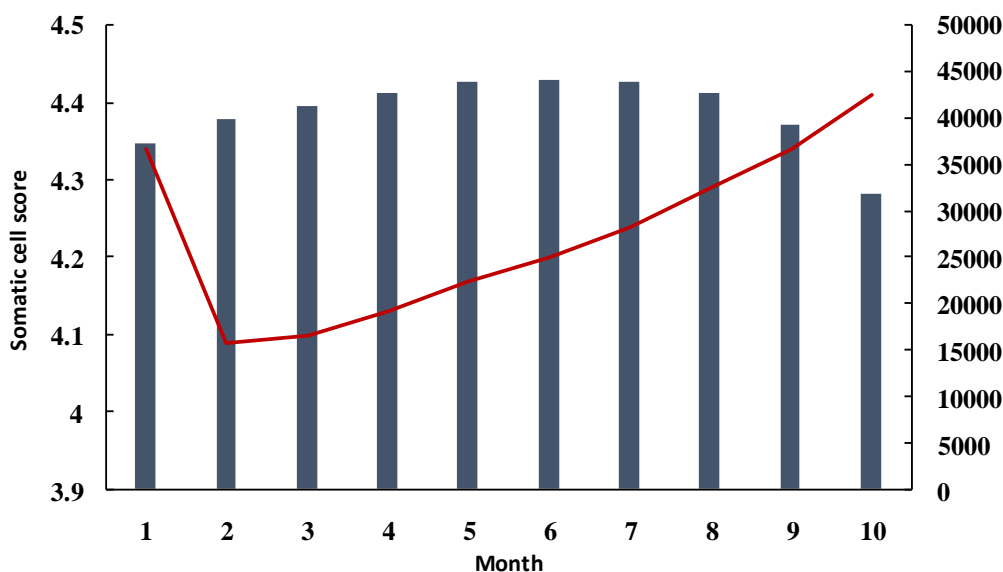
که در این مدل، y_{ijlm} ، t آمین رکورد روز-آزمون در زیرگروه‌های گله-سال-ماه رکورد روز-آزمون (HTD) t آمین، در سال گوساله‌زایی (Yc) t آمین (۱ تا ۵) مربوط

استفاده از ارزش‌های اصلاحی که بدین ترتیب برای روزهای مختلف شیردهی محاسبه شد ارزش‌های اصلاحی ۳۰۵ روز هم از روش جمع ارزش‌های اصلاحی روزانه محاسبه شد. تجزیه‌های مربوط به این بخش با نرم‌افزار SAS 9.1 انجام شد و روند ژنتیکی با استفاده از تابعیت خطی ارزش اصلاحی بر سال تولد (شروع از سال ۸۵)، محاسبه و ترسیم شد.

نتایج و بحث

شمار رکوردها به ازای ماه‌های رکوردگیری مختلف (روز-آزمون‌های مختلف) در شکل ۱ نشان داده شده است. شمار رکورد تا حدودی در اوایل و اواخر دوره شیردهی کمتر از دیگر ماه‌های دوره شیردهی بود و از سوی دیگر میانگین امتیاز یاخته‌های بدنی در اوایل دوره شیردهی و به‌ویژه در اواخر دوره شیردهی بالاتر اواسط دوره شیردهی است.

لژاندر است. فراسنجه‌های ژنتیکی با استفاده از مدل تابعیت تصادفی در نرم‌افزار (GIBBSS3F90, Mis et al., 2014) برآورد شد. به نرم‌افزار دستور داده شد ۱۰۰۰۰۰ دور نمونه‌گیری گیبس انجام دهد و 20000 دور اول را به‌عنوان دور قلق‌گیری در نظر گرفته و درواقع این ۲۰۰۰۰ دور را در محاسبات نهایی استفاده نکند و حذف کند. در مرحله بعدی به نرم‌افزار دستور داده شد تا از هر ۵۰ دور یک دور را بردارد. در نتیجه از ۸۰۰۰۰ دوری که قرار بود استفاده کند از ۱۶۰۰ دور آن برای محاسبه ضریب‌های تابعیتی استفاده کرد و میانگین این ۱۶۰۰ دور را به‌عنوان نتایج نهایی در نظر گرفت. همچنین برای محاسبه ارزش‌های اصلاحی حیوانات برای روز-آزمون‌آم، از فرمول $q_i(\hat{a})$ استفاده شد که بردار پاسخ‌های مربوط به ضریب‌های تابعیت تصادفی ژنتیک افزایشی محاسبه‌شده برای حیوان مدنظر $(\hat{a}_0, \hat{a}_1, \hat{a}_2, \hat{a}_3, \hat{a}_4)$ و q_i بردار چندجمله‌ای‌های لژاندر روز آم است. با



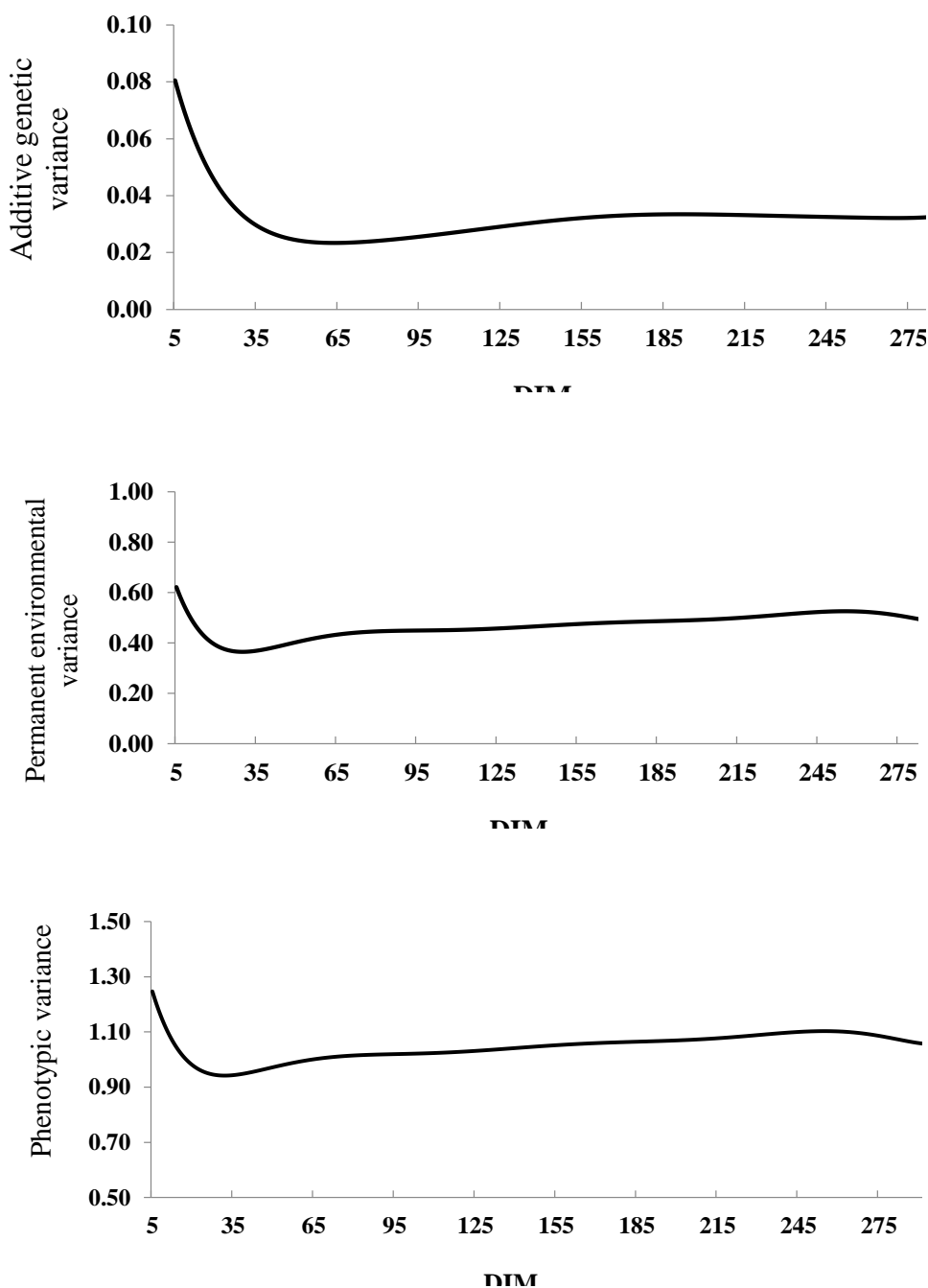
شکل ۱. شمار رکورد و میانگین امتیاز یاخته‌های بدنی در ماه‌های رکوردگیری مختلف
Figure 1. The number of record and average somatic cell score in different recording months
* Record number
* SCS

ژنتیکی بین حیوانات مختلف در این بخش از دوره شیردهی بالاتر است. روند واریانس محیط دائمی تا حدودی همسان با روند واریانس ژنتیک افزایشی بود (شکل ۱). واریانس باقی‌مانده در این تحقیق برای همه روزهای شیردهی به‌صورت همگن و یکسان در نظر گرفته

واریانس ژنتیک افزایشی در اوایل دوره شیردهی بالاتر از دیگر روزهای شیردهی برآورد شد و تا حدودی از روز ۳۵ دوره شیردهی به بعد روندی ثابت را تا آخر دوره شیردهی نشان داد. بالا بودن واریانس ژنتیکی افزایشی در اوایل دوره نشان می‌دهد که تغییرپذیری و تفاوت‌های

لذا وراثت‌پذیری صفت امتیاز یاخته‌های بدنی در این مرحله بیشترین میزان بود که با نتایج Abdollahpour (2010) همخوانی دارد. شکل ۱ به ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی، محیطی دائمی و فنوتیپی صفت امتیاز یاخته‌های بدنی در روزهای مختلف شیردهی (DIM) نشان داده شده است.

شد و میزان عددی آن ۰/۵۴۵ برآورد شد. با توجه به اینکه واریانس فنوتیپی در اوایل دوره شیردهی بالا است، بدین معنی است که تغییرپذیری زیادی در امتیاز یاخته‌های بدنی شیر حیوانات در این بخش از دوره شیردهی وجود دارد و به دلیل اینکه سهم قابل‌توجهی از این واریانس به واریانس ژنتیکی افزایشی مربوط می‌شود،



شکل ۱. اجزای واریانس صفت امتیاز یاخته‌های بدنی در روزهای مختلف شیردهی (DIM)
Figure 1. The components variance of somatic cell score trait on different days in milk

وراثت‌پذیری

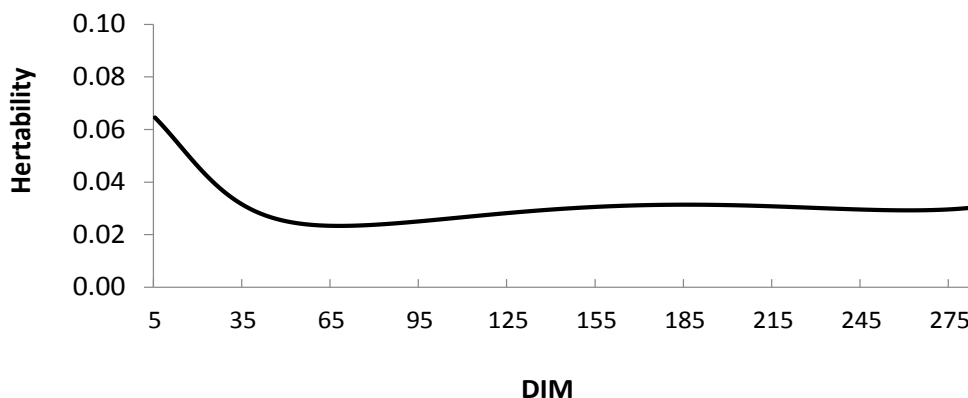
تنوع مشاهده‌شده در فنوتیپ، در اثر تنوع ژنتیکی و تنوع محیطی است. وراثت‌پذیری نمره یاخته‌های بدنی برای دوره شیردهی اول ۰/۰۲۳ تا ۰/۰۶۵ برآورد شد (شکل ۲). این میزان وراثت‌پذیری نشان می‌دهد که این صفت بیشتر تحت تأثیر اثر ژنتیکی غیر افزایشی و عامل‌های محیطی است. شرایط محیطی و نحوه مدیریت گله‌های متفاوت هستند که بیشترین تغییر را به خود اختصاص می‌دهند. وراثت‌پذیری این صفت در اوایل دوره شیردهی بالاتر از دیگر مراحل شیردهی برآورد شد و پس از کاهش وراثت‌پذیری تا حدود روز ۶۰ام از دوره شیردهی، سیر صعودی خفیفی در میزان وراثت‌پذیری مشاهده شد (Taghi zade *et al.*, 2011). وراثت‌پذیری یاخته‌های بدنی را در کل ماه‌های شیردهی کمتر از ۰/۱ گزارش کردند. Boettcher *et al.* (1998)، وراثت‌پذیری نمره یاخته‌های بدنی را در دامنه‌ای از ۰/۰۸ تا ۰/۱۶ برآورد کردند.

Cheraqi *et al.* (2011) وراثت‌پذیری این صفت را بین ۰/۰۳ تا ۰/۰۶ گزارش کردند. Haile-Mariam *et al.* (1990) وراثت‌پذیری امتیاز یاخته‌های بدنی را در نیمه اول بین ۰/۰۴-۰/۰۵ و Ivkiv *et al.* (2012) وراثت‌پذیری این صفت را ۰/۰۸-۰/۰۱۱ گزارش کردند. وراثت‌پذیری این صفت توسط محققانی چون Liu *et al.* (1994)، Reent *et al.* (1995)، Shock *et al.* (2003) و Rupp *et al.* (1999)، به ترتیب ۰/۱۱، ۰/۱۶، ۰/۱۲ گزارش شد. این تفاوت در

برآوردها به علت تفاوت در جمعیت و شمار داده‌ها، شرایط محیطی و مدیریتی، مدل‌های آماری و روش‌های برآورد است.

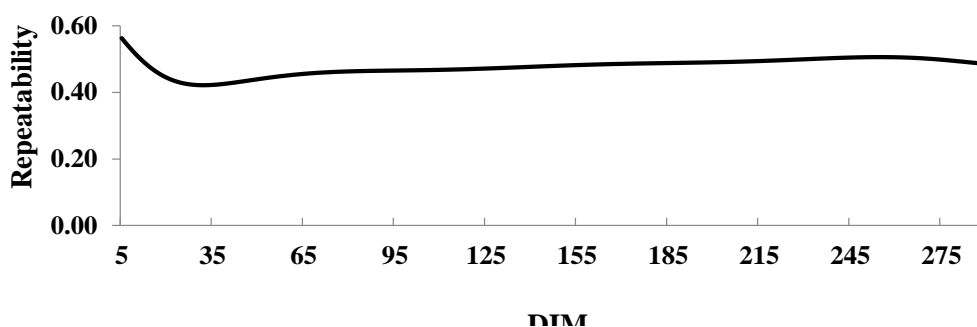
تکرارپذیری

شکل ۳ میزان تکرارپذیری در هر روز از دوره شیردهی را برای صفت امتیاز یاخته‌های بدنی شیر نشان می‌دهد. همان‌طور که مشاهده می‌شود، تکرارپذیری صفت موردبررسی بنابر انتظار از وراثت‌پذیری آن‌ها بالاتر به‌دست آمده است (به دلیل اینکه تکرارپذیری حد بالایی از وراثت‌پذیری هست). تغییرپذیری واریانس افزایشی و محیطی بر تکرارپذیری تأثیرگذار است. از آنجایی‌که واریانس‌های افزایشی، محیطی دائمی و فنوتیپی در اوایل دوره شیردهی بالا است و پس‌از آن در اوج تولید به علت همبستگی منفی تولید شیر و شمار یاخته‌های بدنی، کاهش پیدا می‌کنند و تا حدودی از روز ۳۵ دوره شیردهی روند ثابتی داشته و در پایان دوره شیردهی به علت همزمانی با روزهای باز و به علت آغاز دوره خشکی، روند دوباره افزایش می‌یابد. برابر تغییر واریانس‌ها، تکرارپذیری نیز تغییر می‌کند. تغییر تکرارپذیری در آغاز و تا حدودی در پایان دوره شیردهی بیشترین میزان بود، که با نتایج Moqadaszadeh ahrabi (2003) برای صفت تولید شیر همخوانی دارد. در یک تحقیق تکرارپذیری شاخص یاخته‌های بدنی ۰/۳۸ گزارش شده است. Zhang *et al.* (1993) نیز تکرارپذیری شاخص یاخته‌های بدنی را ۰/۲۷ گزارش کردند (Wood, 1967).



شکل ۲. وراثت‌پذیری برآوردشده برای صفت امتیاز یاخته‌های بدنی در روزهای مختلف شیردهی (DIM)

Figure 2. Estimated heritability for somatic cell score trait on different days in milk



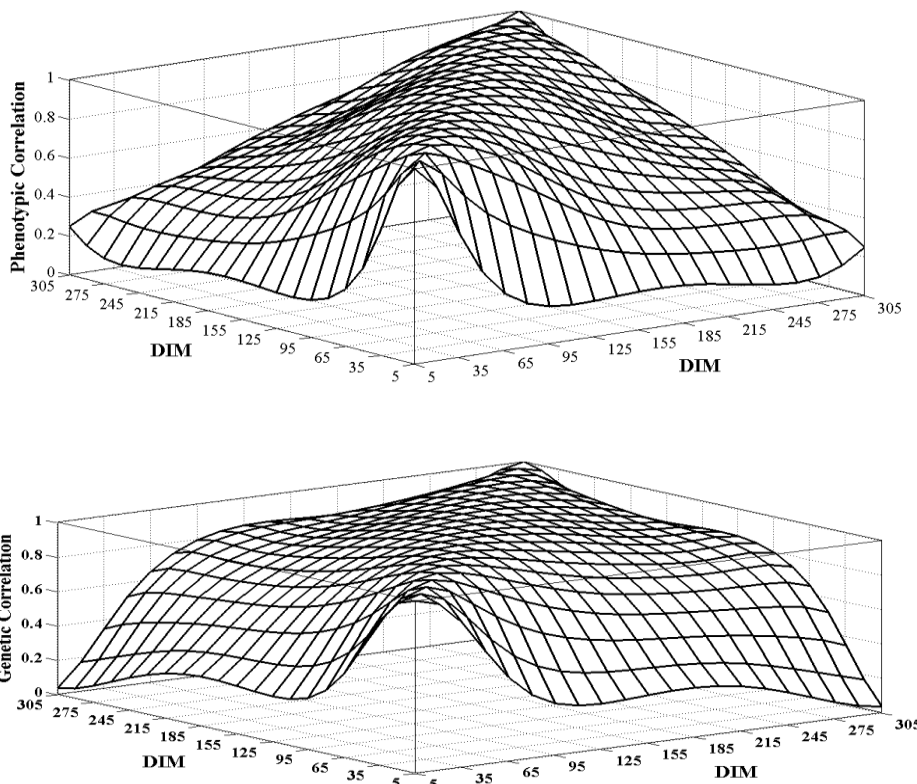
شکل ۳. تکرارپذیری برآوردشده برای صفت امتیاز یاخته‌های بدنی در روزهای مختلف شیردهی (DIM)

Figure 3. Estimated Repeatability for somatic cell score trait on different days in milk

که تفاوت در رتبه‌بندی گاوها بر پایه اثر محیط دائمی و به‌ویژه بر پایه فنوتیپ حیوانات در بخش‌های مختلف دوره شیردهی زیاد است. تغییر در همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی توسط بیشتر بررسی‌های انجام‌گرفته بر پایه مدل تابعیت تصادفی که به بررسی همبستگی بین روزهای شیردهی برای صفاتی مانند میزان تولید شیر، درصد چربی و درصد پروتئین پرداخته‌اند، گزارش شده است (Abdollahpour *et al.*, 2010; Hammami *et al.*, 2008;) (Jakobsen *et al.*, 2002).

همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی

بیشترین میزان همبستگی ژنتیکی افزایشی در مورد صفت امتیاز یاخته‌های بدنی بین روزهای شیردهی مجاور بود و میزان آن با افزایش فاصله بین روزهای شیردهی کاهش یافت. به‌طوری‌که کمترین میزان همبستگی ژنتیکی افزایشی بین روزهای ۵ و ۳۰۵ دوره شیردهی برآورد شد. به‌طورکلی، همبستگی محیط دائمی پایین‌تر از همبستگی ژنتیکی برآورد شد. این نتیجه نشان می‌دهد



شکل ۴. همبستگی‌های فنوتیپی و ژنتیکی بین روزهای مختلف شیردهی (DIM) صفت امتیاز یاخته‌های بدنی

Figure 4. Phenotypic and genetic correlation between different days in milk for somatic cell score trait

در این سال تأکید بیشتری بر تولید شیر و درصد چربی و درصد پروتئین برنامه‌های اصلاحی تدوین و انتخاب انجام شده است. لذا در این سال امتیاز یاخته‌های بدنی به طرز نامطلوبی بالاتر رفته است و حیواناتی که تولید شیر بالایی داشته و به نوعی مستعد ورم پستان بودند، برای تشکیل نسل بعد انتخاب می‌شوند.

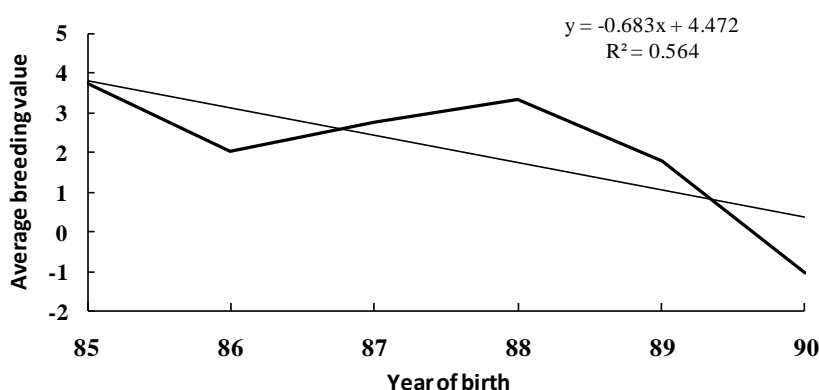
افزایش ورم پستان در جمعیت‌های گاوهای شیری ایران باعث شده است که در سال‌های اخیر برنامه‌های مناسبی برای کاهش سطح یاخته‌های بدنی شیر به اجرا درآید که در شکل ۵ قابل مشاهده است. کاهش ورم پستان بر پایه انتخاب حیواناتی بوده است که احتمال بروز ورم پستان در نتیجه افزایش شمار یاخته‌های بدنی آن‌ها کم بوده است.

در رابطه با روند ژنتیکی رو به افزایش در چند سال و در پی آن روند کاهش آن در طی چند سال اخیر تحقیقاتی گزارش شده است (Kheir Abadi *et al.*, 2014). *Abedini et al.* (2011) روند ژنتیکی معنی‌داری را برای امتیاز یاخته‌های بدنی شیر گزارش نکردند که با نتایج این تحقیق همخوانی دارد. *Abedini et al.* (2011)، روند ژنتیکی امتیاز یاخته‌های بدنی را به نحوی گزارش کردند که از هیچ روند خاصی پیروی نمی‌کرد.

در تحقیق انجام گرفته توسط *Abedini et al.* (2011)، بیشترین همبستگی ژنتیکی افزایشی بین ماه هفتم و هشتم و بین هفتم و نهم و کمترین آن بین ماه اول و دهم شیردهی بود. در این تحقیق نیز همبستگی ژنتیکی بین ماه‌های شیردهی با افزایش فاصله بین آن‌ها کاهش تدریجی را نشان داد.

روند ژنتیکی

روند ژنتیکی ارزش اصلاحی ۳۰۵ روز امتیاز یاخته‌های بدنی در سال‌های تولد مختلف در شکل ۵ ارائه شده است. همان‌طور که در شکل مشخص شده است، روند ژنتیکی امتیاز یاخته‌های بدنی در سال‌های مختلف تغییر به نسبت زیادی دارد، به طوری که ضریب تبیین این صفت ($R^2=0.564$) به دست آمد. در سال ۸۵ میانگین ارزش‌های اصلاحی بالا برآورد شد و از سال ۸۶ تا ۸۸ روندی تا حدودی رو به افزایش را نشان داد و در نهایت از سال ۸۸ تا ۹۰ میانگین ارزش‌های اصلاحی امتیاز یاخته‌های بدنی سیر کاهش را نشان داد. روند ژنتیکی همسانی نیز برای گاوهای هلشتاین ایران توسط *Arvaq et al.* (2011) گزارش شده است. در این تحقیق روند ژنتیکی بالا برای امتیاز یاخته‌های بدنی شیر در سال ۸۵ نشان می‌دهد که



شکل ۵. تغییرپذیری میانگین ارزش‌های اصلاحی ۳۰۵ روز امتیاز یاخته‌های بدنی در سال‌های مختلف تولد
Figure 5. Variations breeding values of 305-day somatic cell score in the different years of birth

بود و برای روزهای شیردهی که نزدیک به هم بودند، نزدیک به یک بود. یعنی امتیاز یاخته‌های بدنی حیوانات به لحاظ ژنتیکی در روزهای مختلف تا حدودی همسان به هم است. بررسی روند ژنتیکی این صفت بیانگر این است که تغییرپذیری ژنتیکی امتیاز

نتیجه‌گیری

وراثت‌پذیری صفت امتیاز یاخته‌های بدنی پایین برآورد شد که نشان می‌دهد این صفت بیشتر تحت تأثیر عامل‌های ژنتیکی غیرافزایشی و محیطی است. همبستگی ژنتیکی بین روزهای مختلف شیردهی بالا

به‌نظر می‌رسد بهبود ژنتیکی این بیماری نیاز به فعالیت‌های علمی و اجرایی بیشتری دارد.

سیاسگزاری

از مسئولان مرکز اصلاح‌نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور به دلیل در اختیار دادن داده‌های موردنیاز برای انجام این تحقیق، تشکر و قدردانی می‌گردد.

یاخته‌های بدنی گاوهای هلشتاین ایران در سال‌های مختلف، تغییرپذیری زیادی داشته است. هرچند نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که در سال‌های اخیر روند رو به کاهشی در شمار یاخته‌های بدنی مشاهده می‌شود اما در مجموع با توجه به پیوسته نبودن روند کاهشی در طی همه سال‌ها و همچنین آسیب بسیار بیماری ورم پستان بر صنعت گاو‌داری کشور در سال‌های اخیر

REFERENCES

1. Abdollahpour, R., Moradi Shahrabak, M., Nejati-Javaremi, A. & Vaez Torshizi, R. (2010). Genetic analysis of daily milk, fat percentage and protein percentage of Iranian first lactation Holstein cattle. *World Applied Science*, 10, 1040-1046.
2. Abedini, A., Farhangfar, H., Shojaian, K., Naemipour, H., Bashtani M. & 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*, 2, 193-200. (in Farsi)
3. Ali, A. K. A. & Shock, G. E. (1980). An Optimum transformation for somatic cell concentration in milk. *Journal of Dairy Science*, 63, 487-490.
4. Arvaq, H., Aslami nejad, A. & Rokoei, M. (2011). The trend of phenotypic, genetic of somatic cell scores a and environmental factors effect of its. *Research of Journal Animal Science*, 4, 459-464. (in Farsi)
5. Atasever, S. & Erdema, H. (2013). Relationships between Somatic cell count and udder Type Scores in Holstein cows. *Journal of Agriculture & Biology*, 15, 153-156.
6. Bakhtiarzadeh, M., Moradi Shahr Babak, M. & Moghimi, A. (2009). Estimate genetic parameters Brigade, milk production and open day's traits in Holstein cows of Iran. *Journal of Animal Science Iran*, 40, 13-19.
7. Boettcher, P., Dekkers, J. C. M. & Klostad, B. W. (1998). Development of an udder health index for sire selection based on Somatic cell count, udder conformation, and milking speed. *Journal of Dairy Science*, 81, 1157-1168
8. Chen, L., Liu, x., Li, Zh., Wang, H., Liu, Y., He, H., Yang, J., Niu, F., Wang, L. & Guo, J. (2014). Expression difference of miRNAs and genes on NF-KB pathway between the healthy and the mastitis Chinese Holstein Cows. *Gene*, 545, 117-125.
9. Cheraqi, S., Kheirabadi K., Alijani, S., Moghadam, Gh. & Rafat, A. (2011). Estimation of genetic parameters for somatic cell counts of Holstein cows, *the Fifth Congress of Animal Science of Iran, University of Esfahan*. (in Farsi)
10. Haile-Mariam, M., Goddard, M. E. & Bowmant, P. J. (1990). Estimation of Genetic Parameters for daily somatic cell count of Australian Dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 84, 1255-1264
11. Hammami, H., Rekik, B., Soyeurt, H., Bastin, C. & Gengler, N. (2008). Genotype \times environment interaction for milk yield in Holsteins using Luxembourg and Tunisian populations. *Journal of Dairy Science*, 91, 3661-3671.
12. Hinrichs, D., Stamer, E., Junge, W. & Kalm, E. (2005). Genetic analyses of mastitis data using animal threshold models and genetic correlation with production traits. *Journal of Dairy Science*, 88, 2260-226.
13. Ivkiv, Z., Spehar, M., Balic, V., Mijic, P., Ivankovic, A. & Solic, D. (2012). Estimation of genetic parameters and environmental effects on somatic cell count in Simmental and Holstein breeds. *Mljekarstvo*, 62, 143-150.
14. Jakobsen, J.H., Madsen, P., Jansen, J., Pedersen J., Christensen, L.G. & Sorensen, D.A. (2002). Genetic Parameters for Milk Production and Persistency for Danish Holsteins Estimated in Random Regression Models using REML. *Journal of Dairy Science*, 85, 1607-1616.
15. Jamali Emam Qeis, N., Sadeghi sefid mazgi, A. & Moeini, M.M. (2013). Astudy of Somatic Cell Count in milk in industrial and traditional farms of Tehran province. *Journal of Animal Production*, 15, 21-29. (in Farsi)
16. 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.
17. Jansen, J. (2001). Genetic evaluation of dairy cattle using testday model. *Journal of Dairy Science*, 84, 2803-2812.
18. Jimenez-Granado, R., Sanchez-Rodriguez, M., Arce, C., Rodriguez-Estevez, V. (2014). Factors affecting somatic cell count in dairy goats: a review. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 12, 130-150.

19. 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. (in Farsi)
20. Koeck, A., Miglior, F., Kelton, D.F. & Schenke, F.S. (2005). Multiple-trait model for mastitis resistance in Canadian Holsteins Apreliminary investigation. University of Gulf, from <http://cgil.uoguelph.ca/>
21. Liu, Z., Reinhardt, F., Biinger, A., Jaitner, J. & Reents, R. (2014). Genetic evaluation of somatic cell scores using a random regression test day model for a very large dairy cattle population. *VIT, Heideweyl*, D-27283, Verden, Germany.
22. Moqadaszadeh ahrabi, S. (2003). Study the genetic potential of a herd of Holstein cattle using test day records and random regression models. MS Thesis, University of Zanjan. (in Farsi)
23. Odegard, J., Klemetsdal, G. & Heringstad, B. (2002). Variance components and genetic trend for somatic cell count in Norwegian cattle. *Livest Production Science*, 79, 135-144.
24. Patil, M.P., Nagvekar, A.S., Ingole, S.D., Bharucha, S.V. & Palve, V.T. (2015). Somatic cell count and alkaline phosphatase activity in milk for evaluation of mastitis in buffalo. Available at www.veterinaryworld.org/Vol.8/March-2015/18.pdf
25. Paykani, M. (2005). Estimation of genetic parameters of somatic cell milk in Tehran Holstein Cows. MS Thesis, Faculty of Agriculture, University of Zanjan. (in Farsi)
26. 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 Dairy Science*, 78, 2847-2857
27. Rogers, G. W., Hargrove, G. L., Lawler, JR. & Ebersole, J. L. (1991). Correlations among linear type traits and somatic cellcounts. *Journal of Dairy Science*, 74, 1087-1091.
28. Rupp, R. & Boichard, D. (1999). Genetic Parameters for Clinical mastitis, somatic cell score, production, udder type traits, and milking Ease in First Lactation Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 82, 2198-2204.
29. Shook, G.E. & Schutz, M.M. (1994). Selection on somatic cell score to improve resistance to mastitis in the United States. *Journal of Dairy Science*, 77, 648-658.
30. Strable, T., Szyda, J., Ptack, E. & Jamrozik, J. (2005). Comparison of random regression test-day models for polish black and white cattle. *Journal of Dairy Science*, 88, 3688-3699.
31. Taghi zade, A., Hasani, S., Farhang far, H., Azari, M., Samadi, F. & Esfand Abadi, A. (2011). Genetic analysis of the somatic cell in milk using Test Day records with random regression model of Holstein cows Iran. First Congress of Agricultural Sciences and new technologies in university of Zanjan. (in Farsi)
32. Wood, P.D.P. (1967). Algebraic model of the lactation curve in cattle. *Nature*, London. 216, 164-165.
33. Zhang, W. C., Dekkers, J.C.M., Banos, G. & Burnside, E. B. (1993). Adjustment factor and genetic evaluation for somatic cell score and relationships with other traits in Canadian Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 77, 659-665.