دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی و روند ژنتیکی امتیاز سلول‌های سوماتیک در گاوهای هلشتاین ایران

حسن خان‌زاده[۱] و نوید قوی حسین‌زاده[۲]

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، گروه علوم دامی دانشگاه گیلان
۲- دانشیار، گروه علوم دامی دانشگاه گیلان، (نویسنده مسوول: nhosseinzadeh@guilan.ac.ir)
تاریخ دریافت: ۹۳/۸/۲۰ تاریخ پذیرش: ۹۴/۳/۹

چکیده

هدف از مطالعه حاضر، برآورد مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی و محیطی دائمی و روند ژنتیکی و فنوتیپی رکوردهای روزآزمون امتیاز سلول‌های سوماتیک (SCS) دوره اول شیردهی گاوهای هلشتاین ایران بود. داده‌ها شامل ۱۰۸۹۹۵ رکورد روزآزمون بودند که طی سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۹ توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی جمع‌آوری شدند. برای تعیین اثرات ثابت برازش یافته در مدل آنالیز از رویه GLM نرم‌افزار SAS و آنالیز ژنتیکی با استفاده از الگوریتم AIREML نرم‌افزار WOMBAT انجام شد. ۱۶ مدل رگرسیون تصادفی متفاوت مطالعه و بر اساس معیار اطلاعات آکایک (AIC) با هم مقایسه شدند و مدل رگرسیون تصادفی با درجات برازش به ترتیب ٤، ٤ و ٥ برای رگرسیون ثابت، اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی به عنوان بهترین مدل در نظر گرفته شد. واریانس باقی‌مانده در چهار سطح ناهمگن در طول دوره شیردهی در نظر گرفته شد. وراثت‌پذیری برآورد شده بسیار پایین (۰/۰۲۲ تا ۰/۰۳۲) بود که نشان‌دهنده این است که این صفت بیشتر تحت تأثیر اثرات محیطی است. هم‌بستگی ژنتیکی و محیطی در روزهای نزدیک به هم بالا و بین روزهای اول و آخر دوره شیردهی پایین بود. هم‌چنین، هم‌بستگی محیطی برآورد شده در کلیه مراحل شیردهی کمتر از هم‌بستگی ژنتیکی بود. روند ژنتیکی و فنوتیپی سالانه برای SCS به ترتیب ۰/۱۰۳±۰/۵۹- و ۰/۰۰۲±۰/۰۸- برآورد شد. روند ژنتیکی و فنوتیپی معنی‌دار بودند (p<0.0001). روند ژنتیکی و فنوتیپی منفی نشان‌دهنده موفقیت برنامه‌های اصلاح نژادی در کاهش بروز ورم پستان در گاوهای هلشتاین ایران است.

واژه‌های کلیدی: گاوهای هلشتاین ایران، ورم پستان، پارامترهای ژنتیکی، روند ژنتیکی، مدل رگرسیون تصادفی

مقدمه

ورم پستان یا التهاب غدد پستانی، یکی از بیماری‌های بسیار پیچیده و هزینه‌بر گاوهای شیری است. هزینه‌های ورم پستان بالینی ناشی از تولید پایین شیر، کیفیت پایین شیر، دور ریختن شیر، هزینه‌های دامپزشکی و حذف زود هنگام گاوها می‌باشد (۲۱،۱۹).

انتخاب برای کاهش ورم پستان (در کشورهایی که وقوع بیماری رکوردگیری نمی‌شود) به طور غیرمستقیم به‌وسیله انتخاب علیه شمارش سلول‌های سوماتیک (SCC)[۱] انجام می‌شود (۲۸). نخستین پاسخ در مقابل حمله پاتوژن‌های مرتبط با آلودگی غدد پستانی، افزایش شمارش سلول‌های سوماتیک و تغییر در ترکیب سلول‌های سوماتیک است. هم‌بستگی ژنتیکی بین شمارش سلول‌های سوماتیک و ورم پستان بالینی بسیار بالا (۰/۳۰ تا ۰/۹۷) است و بیشتر برآوردها در دامنه ۰/۶۰ تا ۰/۸۰ قرار دارند (۳۹،۳۸،۳۳،۸،۴). انتخاب برای SCC پایین باعث کاهش هر دو ورم پستان بالینی و زیر بالینی به خاطر هم‌بستگی ژنتیکی بالا (۰/۷) بین دو صفت می‌شود (۳۸،۲۳).

بیشتر کشورها هر دو صفت تولید شیر و مقاومت در مقابل ورم پستان را در هدف اصلاح نژادی خود قرار داده‌اند (۱۳). هم‌بستگی ژنتیکی بین تولید شیر و SCC متغیر است، اما در دوره شیردهی اول گرایش به مثبت بودن دارد. این نکته نشان می‌دهد که انتخاب برای افزایش تولید شیر می‌تواند باعث افزایش SCC و وقوع ورم پستان شود (۲۸).

امتیاز سلول‌های سوماتیک (SCS) روزانه معمولاً به عنوان اندازه‌گیری‌های تکرار شده از یک صفت آنالیز می‌شود، در حالی که هم‌بستگی ژنتیکی بین SCS در مراحل مختلف شیردهی کمتر از یک می‌باشد، که این فرضیه، مدل تکرارپذیری را نقض می‌کند (۳۶،۳۱،۳۰،۱۲). مدل رگرسیون تصادفی (RRM)[۲] یک روش پیوسته از ساختار کوواریانس را در طول زمان تفسیر می‌کند و اجازه می دهد ارزش ارثی برای تمام یا بخشی از دوره شیردهی برآورد شود، در مقابل مدل‌های چند صفتی برآوردهای واحدی به دست می‌دهند (۳). به طور کلی، چند جمله‌ای‌های لژاندر به علت توانایی آنها در تفسیر تغییرات در طول دوره، به طور گسترده در برازش منحنی‌های تصادفی استفاده می‌شوند. آنها هم‌چنین از برآورد بیش از حد واریانس‌های ژنتیکی و وراثت‌پذیری در شروع و پایان منحنی‌ها اجتناب می‌کنند (۲۳،۲۲،۲۰،۶،۳). نتایج مطالعات قبلی نشان می‌دهد که برآورد پارامترها به طور گسترده‌ای به وسیله درجه برازش توابع کوواریانس مورد استفاده برای تفسیر روند اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی و به وسیله ساختار واریانس باقی‌مانده متأثر می‌شود (۲۴). برخی از پژوهش‌گران به اهمیت در نظر گرفتن واریانس باقی‌مانده در طول دوره شیردهی به صورت کلاس‌های ناهمگن پی بردند (۱۶،۱۵،۱۴،۶). تأثیر انتخاب بر صفات کمی در ساختار ژنتیکی جامعه همیشه مورد نظر کارشناسان اصلاح نژاد دام بوده است. یکی از روش ها برای این کار، مطالعه روند ژنتیکی جامعه در طی سال‌های گذشته است. روند ژنتیکی، واریانس ژنتیکی را در طول زمان ارزیابی می‌کند و هم‌چنین تغییرات ارزش ارثی را طی سال‌های متوالی تفسیر می‌کند. تعدادی از روش‌ها برای برآورد روند ژنتیکی در جمعیت گاوهای شیری در دسترس است، مانند

1- Somatic cell count
2- Random regression model

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]
[DOI: 10.29252/rap.8.15.201]

آزمایش‌های انتخاب برنامه‌ریزی شده یا استفاده از داده‌های گله‌های تجاری به عنوان گروه کنترل و هم‌چنین روش رگرسیونی و مدل حیوان (۴۳). هدف از مطالعه حاضر برآورد پارامترها و روند ژنتیکی برای داده‌های روزآزمون SCS دوره اول شیردهی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی است.

مواد و روش‌ها

در مطالعه حاضر از ۱۰۸۹۹۵ رکورد روزآزمون SCS دوره شیردهی اول گاوهای هلشتاین که طی سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۹ از ۳۸ گله توسط مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور جمع‌آوری شده بودند، استفاده شد. گله‌های استفاده شده در مطالعه اخیر از نژاد خالص هلشتاین بودند که در شرایطی مشابه با سایر کشورهای پیشرفته مدیریت می‌شوند. اکثریت گله‌ها از تلقیح مصنوعی استفاده می‌کنند و معمولاً ۶۰ تا ۸۰ درصد اسپرم‌ها از گاوهای نر ثبت شده ایالات متحده و کانادا تأمین می‌شوند (۱۱). ارزش SCS برای دام‌ها بر اساس رابطه (۱) محاسبه شد (۳۷):

$$SCS=\log_2(SCC/100)+3 \quad \text{رابطه (۱)}$$

ویرایش داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار Foxpro 8 و Acces 2007 انجام شد و داده‌های اشتباه و غیرمعمول حذف شدند. سن زایش اول ۲۰ تا ۳۶ ماه در نظر گرفته شد و رکورد حیوانات با پدر نامعلوم، گاوهای نر با کمتر از ده دختر و گله‌های با کمتر از ۱۵۰ رأس دام از فایل داده حذف شدند. تعداد رکورد روزآزمون برای هر دام هشت تا ۱۲ رکورد و دامنه روزهای شیردهی بین پنج تا ۳۰۵ روز در نظر گرفته شد. خلاصه اطلاعات شجره و داده‌های روزآزمون به ترتیب در جدول‌های ۱ و ۲ ارائه شده است. برای تعیین عوامل ثابت برازش شده در مدل تجزیه از رویه مدل خطی عمومی (GLM) نرم‌افزار SAS (۴۱) استفاده شد. تجزیه و تحلیل داده‌ها برای برآورد پارامترهای ژنتیکی با استفاده از نرم‌افزار WOMBAT (۲۵) انجام شد. از الگوریتم AIREML برای برآورد اجزای واریانس استفاده شد.

جدول ۱- خلاصه‌ای از اطلاعات شجره

Table 1. Summary of pedigree information

حیوان	تعداد
کل	۳۸۹۶۰
دارای رکورد	۱۲۵۱۵
پدر	۱۲۸۰
مادر	۲۶۵۲۴
دارای نتاج	۲۷۸۰۴
دارای نتاج و رکورد	۱۳۵۹
بدون نتاج	۱۱۱۵۶
هم‌خون	۶۰

مدل

داده‌ها با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی روزآزمون تک‌صفتی ذیل ارزیابی شدند. برای برازش اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی از توابع چند جمله‌ای لژاندر استفاده شد.

رابطه (۲)

$$Y_{ismnptv}=YS_s+HTD_m+\sum_{f=0}^{2} cf(age_n)^f+\sum_{r=0}^{k}\beta_r\emptyset_r(dim_t)+\sum_{r=0}^{k_{a-1}}\alpha_{pr}\emptyset_r(dim_t)+\sum_{r=0}^{k_{p-1}}\gamma_{pr}\emptyset_r(dim_t)+e_{ismnptv}$$

که در رابطه بالا، $Y_{ismnptv}$: هر یک از رکوردهای تولیدی برای صفت تولید شیر، YS_s: sامین اثر سال-فصل زایش، HTD_m: mامین اثر ثابت گله-تاریخ روزآزمون، C_f: fامین ضریب رگرسیون برای سن زایش، age_n: nامین اثر سن زایش (متغیر همراه)، k: درجه برازش برای رگرسیون ثابت، β_r: rامین ضریب رگرسیون ثابت، k_a و k_p: درجه برازش اثرات تصادفی حیوان و محیطی دائم، α_{pr}: rامین ضریب رگرسیون تصادفی ژنتیکی افزایشی حیوان p، γ_{pr}: rامین ضریب رگرسیون تصادفی محیطی دائمی حیوان p، $\Phi(dim_t)$: vامین چندجمله‌ای لژاندر از tامین روز شیردهی، dim_t: tامین روز شیردهی و $e_{ismnptv}$: اثر باقی‌مانده می‌باشد.

رابطه (۳)

$$AIC= -2\ \log(\text{maximum likelihood}) +2\ (\text{number of model paramers})$$

تفاوت بین AIC مدل‌های مختلف مهم است، نه اندازه محض AICها. مدل با کمترین AIC به عنوان بهترین مدل انتخاب می‌شود. آزمایشات متفاوتی کارایی AIC در انتخاب مدل‌ها را گزارش کردند (۴۲،۷).

واریانس باقی‌مانده به صورت ناهمگن با دو حالت متفاوت (چهار و یا ده سطح ناهمگن) در طول دوره شیردهی در نظر گرفته شد (جدول ۳).

مدل استفاده شده تحت چندجمله‌ای‌های لژاندر از نظر درجه برازش اعمال شده برای رگرسیون ثابت، پارامترهای تصادفی و هم‌چنین تعداد کلاس‌های واریانس باقی‌مانده با ۱۶ حالت متفاوت تجزیه و تحلیل شد (جدول ۳).

این ۱۶ حالت بر اساس معیار اطلاعات آکایک (AIC) با هم مقایسه شدند. آکایک (۱) یک معیار ساده و مفید برای انتخاب بهترین مدل از نظر برازش از میان مدل‌های مختلف پیشنهاد کرد که به صورت زیر است:

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]

[DOI: 10.29252/rap.8.15.201]

جدول ۲- خلاصه‌ای از اطلاعات رکوردهای روزآزمون

Table 2. Summary of test-day records information

روزآزمون	روزهای شیردهی	تعداد رکورد	SCC		SCS	
			میانگین	انحراف معیار	میانگین	انحراف معیار
۱	۵-۳۵	۱۰۰۵۹	۱۵۵/۲۹	۳۵۳/۰۵	۲/۲۹	۱/۷۲
۲	۳۶-۶۵	۱۱۴۰۸	۱۳۵/۳۱	۳۴۷/۹۴	۱/۹۰	۱/۷۸
۳	۶۶-۹۵	۱۱۳۲۳	۱۳۳/۵۵	۳۴۸/۲۰	۱/۸۹	۱/۷۷
۴	۹۶-۱۲۵	۱۱۷۰۵	۱۴۰/۴۵	۳۵۹/۱۰	۱/۹۶	۱/۷۷
۵	۱۲۶-۱۵۵	۱۱۳۸۳	۱۳۷/۹۹	۳۴۲/۰۹	۲/۰۰	۱/۷۶
۶	۱۵۶-۱۸۵	۱۱۷۵۵	۱۴۵/۱۳	۳۵۰/۵۸	۲/۰۶	۱/۷۸
۷	۱۸۶-۲۱۵	۱۱۳۲۸	۱۵۲/۷۵	۳۵۴/۱۰	۲/۱۳	۱/۸۰
۸	۲۱۶-۲۴۵	۱۱۶۱۳	۱۶۱/۷۳	۳۷۵/۳۹	۲/۲۳	۱/۸۱
۹	۲۴۶-۲۷۵	۱۰۶۰۵	۱۶۲/۲۷	۳۶۵/۲۲	۲/۳۱	۱/۷۷
۱۰	۲۷۶-۳۰۵	۷۸۱۶	۱۷۸/۲۱	۳۸۵/۳۱	۲/۴۵	۱/۷۹
کل	۵-۳۰۵	۱۰۸۹۵۵	۱۴۹/۱۹	۳۷۵/۶۷	۲/۱۱	۱/۷۸

جدول ۳- کلاس‌های ناهمگن برای واریانس باقی‌مانده

Table 3. Heterogeneous classes for residual variance

سطح	حالت اول		حالت دوم	
	روز آغاز	روز پایان	روز آغاز	روز پایان
۱	۵	۳۰	۵	۳۰
۲	۳۱	۱۲۰	۳۱	۳۰
۳	۱۲۱	۲۴۰	۶۱	۹۰
۴	۲۴۱	۳۰۵	۹۱	۱۲۰
۵			۱۲۱	۱۵۰
۶			۱۵۱	۱۸۰
۷			۱۸۱	۲۱۰
۸			۲۱۱	۲۴۰
۹			۲۴۱	۲۷۰
۱۰			۲۷۱	۳۰۵

جدول ۴- درجات برازش مختلف برای مدل‌های مورد مطالعه

Table 4. Different orders of fit for under study models

مدل	درجه برازش رگرسیون ثابت	ka	kp	تعداد کلاس‌های واریانس باقی‌مانده	تعداد پارامتر	$\log_l$	AIC
۱	۳	۳	۳	۴	۱۶	۷۴/۱۰۱۶۶۵-	۲۰۳۳۶۳/۴۸
۲	۳	۳	۳	۱۰	۲۲	۶۸/۱۰۱۶۵۹-	۲۰۳۳۶۳/۳۶
۳	۳	۳	۴	۴	۲۰	۷۵/۱۰۱۵۸۲-	۲۰۳۲۰۵/۵۰
۴	۳	۳	۴	۱۰	۲۶	۰۹/۱۰۱۵۷۵-	۲۰۳۲۰۲/۱۸
۵	۳	۴	۴	۴	۲۴	۳۶/۱۰۱۵۸۱-	۲۰۳۲۱۰/۷۲
۶	۳	۴	۴	۱۰	۳۰	۶۴/۱۰۱۵۷۳-	۲۰۳۲۰۷/۲۸
۷	۳	۴	۵	۴	۲۹	۴۳۶/۱۰۱۵۴۱-	۲۰۳۱۴۰/۸۷
۸	۳	۴	۵	۱۰	۳۵	۵۶۷/۱۰۱۵۴۴-	۲۰۳۱۵۹/۱۳
۹	۴	۳	۳	۴	۱۶	۳۲/۱۰۱۵۸۳-	۲۰۳۱۹۸/۶۴
۱۰	۴	۳	۳	۱۰	۲۲	۷۵/۱۰۱۵۷۷-	۲۰۳۱۹۹/۵۰
۱۱	۴	۳	۴	۴	۲۰	۸۸/۱۰۱۵۰۱-	۲۰۳۰۴۳/۷۶
۱۲	۴	۳	۴	۱۰	۲۶	۳۶/۱۰۱۴۹۵-	۲۰۳۰۴۲/۷۲
۱۳	۴	۴	۴	۴	۲۴	۸۱/۱۰۱۵۰۰-	۲۰۳۰۴۹/۶۲
۱۴	۴	۴	۴	۱۰	۳۰	۲۴/۱۰۱۴۹۴-	۲۰۳۰۴۸/۴۸
۱۵	۴	۴	۵	۴	۲۹	۱۱۴/۱۰۱۴۶۶-	۲۰۲۹۹۰/۲۳
۱۶	۴	۴	۵	۱۰	۳۵	۰۴۲/۱۰۱۴۶۲-	۲۰۲۹۹۴/۰۸

Ka و kpe: به ترتیب درجات برازش اثر ژنتیکی افزایشی و اثر محیطی دائمی، $\log_l$: حداکثر تابع درست‌نمایی مطلق و AIC: معیار اطلاعات آکایک.

برآورد ارزش ارثی ۳۰۵ روز و روند ژنتیکی

ارزش اصلاحی حیوان iام در روز tام شیردهی به کمک رابطه زیر برآورد شد:

$$EBV_{pt} = \sum_{r=0}^{k_a-1} \sim_{pv} \varnothing_j(dim_t) \qquad \text{رابطه (۴)}$$

که EBV_{it}: ارزش حیوان iام در روز tام شیردهی، k_a: درجه برازش برای اثر ژنتیکی افزایشی، α_{ij}: ضرایب رگرسیون برای اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مربوط به حیوان iام و $\Phi(dim_t)$: vامین چندجمله‌ای لژاندر ازtامین روز شیردهی می‌باشد. بدین ترتیب ارزش اصلاحی حیوان iام برای کل ۳۰۵ روز شیردهی از طریق جمع ارزش اصلاحی تک‌تک روزهای شیردهی برآورد می‌شود. برای این منظور یک بردار تحت عنوان ZC

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]

[DOI: 10.29252/rap.8.15.201]

برآورد شده که مساوی مجموع چندجمله‌ای‌های لژاندر برای هر درجه برازش است. ZC برآورد شده در این به صورت زیر بود:

رابطه (۵) ZC_{305}= [212.83 $1.42*10^{-14}$ 1.59 $3.11*10^{-15}$]

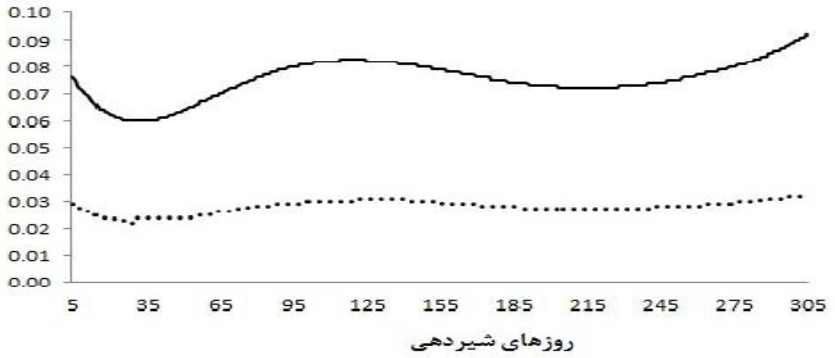
پس از برآورد ارزش ارثی حیوانات برای ۳۰۵ روز دوره شیردهی، روند ژنتیکی با استفاده از رگرسیون میانگین ارزش‌های ارثی بر سال محاسبه شد. برآورد روند ژنتیکی با استفاده از رویه رگرسیون نرم‌افزار SAS انجام شد (۴۱).

نتایج و بحث

همان طور که در جدول ۲ نشان داده، میانگین SCC و SCS در روزهای آغازین و پایانی دوره شیردهی دارای بیشترین مقدار است. این مقادیر در ماه‌های دوم و سوم شیردهی کاهش می‌یابند و دوباره در ماه‌های پایانی دوره شیردهی به بالاترین حد خود می‌رسند. آزمون اثرات ثابت، تأثیر معنی‌دار سال- فصل زایش، گله- تاریخ روزآزمون، روزهای شیردهی و سن زایش را روی رکوردهای روزآزمون SCS نشان داد (P<0.001). برای انتخاب بهترین مدل رگرسیون تصادفی جهت تجزیه داده‌های روزآزمون SCS، به گونه‌ای که دارای حداقل تعداد پارامتر برای برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی دائمی باشد، درجات برازش متفاوت برای ضرایب رگرسیون ثابت، رگرسیون تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی و هم‌چنین کلاس‌های متفاوت برای واریانس باقی‌مانده مورد بررسی قرار گرفت. لگاریتم حداکثر تابع درست نمایی مطلق، AIC و تعداد پارامترها برای مدل‌های استفاده شده در جدول ۴ نشان داده شد. مدل ۱۵ دارای کمترین AIC و مدل یک دارای بیشترین AIC بود. بنابراین مدل ۱۵ به عنوان بهترین مدل انتخاب شد.

وراثت‌پذیری و اجزای واریانس- کوواریانس

با توجه به شکل ۱ واریانس ژنتیکی افزایشی SCS در روزهای آخر دوره شیردهی دارای بیشترین مقدار است. تاک و همکاران (۳۴) گزارش کردند که واریانس ژنتیکی SCS در دوره اول شیردهی پایین است که مطابق با نتایج این مطالعه می‌باشد. واریانس محیطی دائمی SCS (شکل ۲) در آغاز دوره شیردهی پایین است بعد از آن با پیشرفت دوره شیردهی افزایش یافته و در اواخر دوره به بالاترین مقدار خود می‌رسد. نتایج حاصل از این مطالعه و هم‌چنین مطالعات مشابه (۳۰،۲۸،۲۱،۱۲) نشان داد که SCS به طور گسترده‌ای به وسیله عوامل محیطی موقت متأثر می‌شود و یک معیار ثابت برای یک گاو نیست.



شکل ۱- واریانس ژنتیکی افزایشی (خط پیوسته) و وراثت‌پذیری (نقطه‌چین) برآورد شده برای رکوردهای روزآزمون SCS در طول دوره شیردهی

Figure 1. Additive genetic variance (continuous line) and estimated heritability (dot) for test-day records of SCS over the lactation period

واریانس باقی‌مانده (جدول ۵) در روزهای آغازین دوره شیردهی دارای بیشترین مقدار بود و با نزدیک شدن به انتهای دوره کاهش می‌یافت. هایل- ماریام وهمکاران (۱۲) پیشنهاد کردند که تغییرات SCC در شروع دوره شیردهی احتمالاً به دلیل به حداکثر رسیدن SCC در نتیجه آلودگی است.

جدول ۵- برآورد واریانس باقی‌مانده برای کلاس‌های مختلف روزهای شیردهی

Table 5. Estimated residual variance for different classes of days in milk

روزهای شیردهی	واریانس باقی‌مانده
۵-۳۰	۱/۹۷
۳۱-۱۲۰	۱/۸۰
۱۲۱-۲۴۰	۱/۷۰
۲۴۱-۳۰۵	۱/۶۲

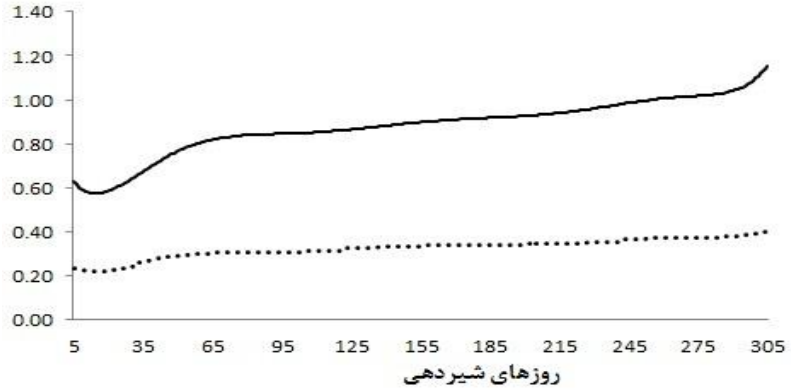
[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]

[DOI: 10.29252/rap.8.15.201]

میانگین وراثت‌پذیری SCS دوره شیردهی اول گاوهای هلشتاین ایران ۰/۰۳ بود. در مطالعات قبلی میانگین وراثت‌پذیری این صفت از ۰/۰۴ تا ۰/۰۸ متغیر بود (۴۰،۱۰،۲). در مطالعه کیوولا و همکاران (۲۰) بر روی گاوهای ایرشایر و مرود و اسوانسون (۲۹) و زوسک و همکاران (۳۹) در گاوهای هلشتاین- فریزین وراثت‌پذیری به ترتیب ۰/۱۲، ۰/۰۷ و ۰/۱۱ برآورد شد که بزرگ‌تر از مقدار برآورد شده در مطالعه حاضر است. دامنه وراثت‌پذیری SCS در سه دوره اول شیردهی برای داده‌های کشور کانادا ۰/۳۸-۰/۲۸ بود (۱۷) که بسیار بزرگ‌تر از مقدار مشاهده شده در این مطالعه و گزارشات پیشین حاصل از مدل رگرسیون تصادفی بود. تغیرات وراثت‌پذیری SCS در طی دوره شیردهی در شکل ۱ ارائه شده است. وراثت‌پذیری روزانه در اواسط روزهای انتهایی دوره شیردهی دارای بیشترین مقدار وراثت‌پذیری بالا در پایان دوره شیردهی عمدتا به علت افزایش واریانس افزایشی و کاهش واریانس باقی‌مانده است. وراثت‌پذیری پایین مشاهده شده در این مطالعه تا حدودی به علت تغییرات زیاد محیطی در طول دوره شیردهی اول و عمدتاً به دلیل پایین بودن واریانس ژنتیکی است (۲۷). چنان‌چه در شکل ۲ ارائه شده است، تکرارپذیری SCS با پیشرفت روزهای شیردهی افزایش می‌یابد. این افزایش تنها به علت افزایش واریانس محیطی دائمی نیست بلکه بخشی از آن به علت کاهش واریانس باقی‌مانده با پیشرفت روزهای شیردهی است.

هم‌بستگی ژنتیکی و محیطی

هم‌بستگی ژنتیکی و محیطی بین روزهای انتخاب شده از روزهای شیردهی در جدول ۶ نشان داده شد. به طورکلی، هم‌بستگی ژنتیکی بین روزهای نزدیک به هم بالا و بین روزهای آغازین و روزهای پایانی دوره شیردهی پایین است که این فرضیه را که هم‌بستگی ژنتیکی در کلیه مراحل دوره اول شیردهی نزدیک یک است نقض می‌کند. بالاترین هم‌بستگی ژنتیکی (نزدیک به یک) بین روزهای ۷۹ و ۱۵۴ و پایین‌ترین هم‌بستگی ژنتیکی بین روزهای آغازین (روز ۵) و روزهای پایانی (روز ۳۰۵) مشاهده شد. این مشاهده مطابق با نتایج مرود و اسوانسون (۲۹) و الساید و همکاران (۹) است که گزارش کردند هم‌بستگی ژنتیکی بین روزهای نزدیک به هم دارای بیشترین مقدار است و با افزایش فاصله روزهای شیردهی از هم کاهش می‌یابد. سایر برآوردها در دامنه ۰/۳۳ تا ۰/۷۱ بودند (۳۱،۲۱،۱۲) که پایین‌تر از مقدار برآورد شده در این مطالعه است.



شکل ۲- واریانس محیطی دائمی (خط پیوسته) و تکرارپذیری (نقطه‌چین) برآورد شده برای رکوردهای روزآزمون SCS در طول دوره شیردهی
Figure 2. Permanent environmental variance (continuous line) and estimated repeatability (dot) for test-day records of SCS over the lactation period

هم‌چنین، هم‌بستگی محیطی بین روزهای نزدیک به هم بالا و بین روزهای اول و آخر دوره پایین بود. حداکثر مقدار هم‌بستگی محیطی برآورد شده ۰/۸۵ و بین روزهای ۱۵۴ و ۲۲۹ بود. پایین‌ترین مقدار هم‌بستگی محیطی ۰/۰۸ و بین روزهای ۵ و ۳۰۵ بود. میانگین هم‌بستگی محیطی SCS در کلیه مراحل شیردهی پایین‌تر از هم‌بستگی ژنتیکی بود که این مطابق با مطالعات پیشین است (۳۹،۳۵).

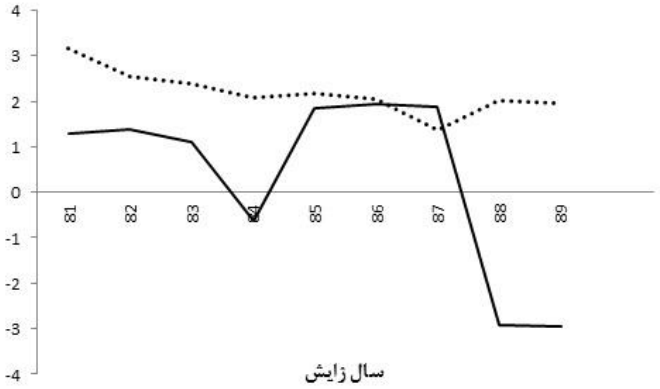
روند ژنتیکی و فنوتیپی

روند ژنتیکی (خطای استاندارد) و فنوتیپی (خطای استاندارد) برای رکوردهای SCS دوره شیردهی اول گاوهای هلشتاین ایران به ترتیب ۰/۵۹- (۰/۱۰۳) و ۰/۰۸- (۰/۰۰۲) برآورد شد. هردو روند ژنتیکی و فنوتیپی منفی و معنی‌دار بودند (P<0.0001). تغییرات میانگین ارزش‌های ارثی ۳۰۵ روز گاوها برای SCS در طی سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۹ در شکل ۳ ارائه شده است. چنان‌چه در شکل ۳ مشاهده می‌شود، میانگین ارزش ژنتیکی در سال ۸۴ به کمتر از صفر کاهش یافته و سپس طی سال‌های ۸۵ تا ۸۷ به حدود دو افزایش می‌یابد. روند ژنتیکی مثبت SCS در این دوره احتمالا نتیجه توجه زیاد بر صفات تولید شیر و صفات ماندگاری دیگر و نادیده گرفتن SCS در انتخاب پدران در سطح مزارع است.

میانگین ارزش ارثی برای SCS در سال‌های ۸۸ و ۸۹ به حدود ۳- کاهش می‌یابد. این روند کارایی انتخاب برای کاهش SCS با هدف بهبود تولید شیر را نشان می‌دهد.

میانگین رکوردهای SCS برحسب سال زایش برای دوره اول شیردهی در شکل ۳ ارائه شده است. میانگین رکوردهای SCS طی سال‌های ۲۰۰۲ تا ۲۰۱۰ به وضوح کاهش یافته است.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]
[DOI: 10.29252/rap.8.15.201]



شکل۳- میانگین ارزش ارثی برآورد شده (خط پیوسته) و میانگین فنوتیپی رکوردهای روزآزمون (نقطه چین) SCS در طی سال‌های زایش
Figure 3. Average estimated breeding value (continuous line) and phenotypic average of test-day records of SCS (dot) at calving years

اودگارد و همکاران (۳۱) روند ژنتیکی SCS را برای گاوهای نروژ ۰/۰۲۶- گزارش کردند. بویچارد و راپ (۵) در گاوهای Montbeliard یک روند ژنتیکی کاهشی مفید در طی پنج سال گزارش کردند و پاگناسو و همکاران (۳۲) در گاوهای هلشتاین ایالات متحده یک روند کاهشی مفید، هرچند کوچک در طی ده سال گزارش کردند. جوگا و همکاران (۱۸) روند ژنتیکی کاهشی برای هر دو صفت SCC و ورم پستان بالینی در گاوهای هلشتاین فنلاند گزارش کردند. نتایج حاصل از تحقیق حاضر نشان داد که وراثت‌پذیری SCS در گاوهای هلشتاین ایران پایین است. وراثت‌پذیری پایین به پاسخ آهسته به انتخاب برای مقاومت در مقابل ورم پستان منجر خواهد شد. وراثت‌پذیری پایین بیانگر این نکته است که برای بهبود این صفت در گاوهای هلشتاین ایران، شرایط محیطی باید بهبود یابد. برآورد روند ژنتیکی و فنوتیپی منفی SCS نشان می‌دهد که برنامه‌های اصلاح نژادی برای کاهش ورم پستان در گاوهای هلشتاین ایران در سال‌های اخیر موفق بوده است.

جدول ۶- هم‌بستگی‌های ژنتیکی (بالای قطر) و محیطی دائمی (پایین قطر) بین روزهای انتخاب شده از دوره شیردهی
Table 6. Genetic correlations (above diagonal) and permanent environmental correlations (below diagonal) among selected days of lactation period

روز شیرهی	۵	۷۹	۱۵۴	۲۲۹	۳۰۵
۵	۱	۰/۵۹	۰/۶۰	۰/۸۱	۰/۵۷
۷۹	۰/۴۳	۱	۱	۰/۹۴	۰/۸۸
۱۵۴	۰/۳۰	۰/۷۹	۱	۰/۹۵	۰/۸۸
۲۲۹	۰/۲۶	۰/۶۰	۰/۸۵	۱	۰/۹۶
۳۰۵	۰/۰۸	۰/۴۵	۰/۵۸	۰/۷۳	۱

منابع

1. Akaike, H. 1973. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. Proceeding of 2nd international symposium of information theory, Budapest, Hungary, 267-281.
2. Bakhtiarizadeh, M.R., M. Moradi Shahr Babak and A. Pakdel. 2010. Estimation of udder composite in the holstein population of Iran. Journal of Dairy Science, 93 (E-Suppl. 1): 597.
3. Bignardi, A.B., L. EL Faro, V.L. Cardoso, P.F. Machado and L.G. de Albuquerque. 2009. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters holstein cows in southeastern Brazil. Livestock Science, 123: 1-7.
4. Bloemhof, S., G. de Jong and Y. de Haas. 2009. Genetic parameters for clinical mastitis in the first three lactations of dutch holstein cattle. Veterinary Microbiology, 134: 165-171.
5. Boichard, D. and R. Rupp. 1997. Genetic analysis and genetic evaluation for somatic cell score in french dairy cattle. proceedings of the international workshop on genetic improvement of functional traits in cattle, uppsala, Sweden, June, Interbull Bulletin no, 15: 54-60.
6. Brotherstone, S., I.M.S. White and K. Meyer. 2000. Genetic modeling of daily yields using orthogonal polynomials and parametric curves. Journal of Animal Science, 70: 407-415.
7. Burnham, K.P. and D.R. Anderson. 1998. Model selection and inference: a practical information-theoretic approach, springer-verlag, New York, USA, 488 pp.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]

[DOI: 10.29252/rap.8.15.201]

8. Carlen, E., E. Strandberg and A. Roth. 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.
9. Elsaid, R., A. Sabry, M.S. Lund and P. Madsen. 2011. Genetic analysis of somatic cell score in danish dairy cattle using random regression test-day model. Livestock Science, 140: 95-102.
10. Ghavi Hossein-Zadeh, N. and M. Ardalan. 2011. Estimation of genetic parameters for milk urea nitrogen and its relationship with milk constituents in Iranian Holsteins. Livestock Science, 135: 274-281.
11. Ghavi Hossein-Zadeh, N., A. Nejati-Javaremi, S.R. Miraei-Ashtiani and H. Kohram. 2008. An observational analysis of twin births, calf stillbirth, calf sex ratio, and abortion in Iranian Holsteins. Journal of Dairy Science, 91: 4198-4205.
12. Haile Mariam, M., M.E. Goddard and P.J. Bowman. 2001a. Estimates of genetic parameters for daily somatic cell count of australian dairy cattle. Journal of Dairy Science, 84: 1255-1264.
13. Haile-Mariam, M., P.J. Bowman and M.E. Goddard. 2001b. Genetic and environmental correlations between test-day somatic cell count and milk yield traits. Livestock Production Science, 73: 1-13.
14. Jaffrézic, F., I.M.S. White, R. Thompon and W.G. Hill. 2000. A Link function approach to model heterogeneity of residual variances over time in lactation curve analyses. Journal of Dairy Science, 83: 1089-1093.
15. Jamrozik, J. and L.R. Schaeffer. 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation holsteins. Journal of Dairy Science, 80: 762-770.
16. Jamrozik, J., L.R. Schaeffer and F. Grignola. 1998. Genetic parameters for production traits and somatic cell score of canadian holsteins with multiple trait random regression model, Proceedings of 6th WCGALP, 303-306 pp.
17. Jamrozik, J., L.R. Schaeffer, Z. Liu and G. Jansen. 1997. Multiple traits random regression test day model for production traits. proceedings of 1997 interbull meeting, Vienna, Austria, 43-47.
18. Juga, J., E.A. Mäntysaari and J. Pösö. 1999. Economic response to total merit selection in finnish ayrshire breeding. proceedings of the international workshop on EU concerted action on genetic improvement of functional traits in cattle (gift); breeding goals and selection schemes, wageningen, the netherlands, Interbull Bulletin, 23: 79- 87.
19. Kadarmideen, H.N. and J.E. Pryce. 2001. Genetic and economic relationships between somatic cell count and clinical mastitis and their use in selection for mastitis resistance in dairy cattle. Journal of Animal Science, 73: 229-240.
20. Kheirabadi, K. and S. Alijani. 2014. Comparison of two singles- and multiple trait random regression models in estimation of genetic parameters of production traits in holstein dairy cattle. Research on Animal Production, 5: 179-189.
21. Koivula, M., E. Negussie and E.A. Mäntysaari. 2004. Genetic parameters for test-day somatic cell count at different lactation stages of finnish dairy cattle. Livestock Production Science, 90: 145-157.
22. Lopez-Romero, P. and M.J. Carabano. 2003. Comparing alternative random regression models to analyse first lactation daily milk yield data in holstein friesian cattle. Livestock Production Science, 82: 81-96.
23. Lund, T., F. Miglior, J.C.M. Dekkers and E.B. Burnside. 1994. Genetic relationships between clinical mastitis, somatic cell count, and udder conformation in Danish Holsteins. Livestock Production Science, 39: 243-255.
24. Meyer, K. 1998. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. Genetics Selection Evolution, 30: 221-240.
25. Meyer, K. 2011. Wombat a program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. univesity of New England, http://didgeridoo.une.edu.au/km/WOMBAT/WWW/manual.html.
26. Miller, R.H., M.J. Paape and L.A. Fulton. 1991. Variation in milk somatic cells of heifers at first calving. Journal of Dairy Science, 74: 3782-3790.
27. Mohammadpanah, M., H. Farhangfar and M. Bashtani. 2016. Genetic analysis of raw and energy-corrected test day milk traits in iranian first lactation Holstein Cows. Research on Animal Production, 7: 153-162.
28. Mrode, R.A. and G.J.T. Swanson. 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.
29. Mrode, R.A. and G.J.T. Swanson. 2003. Estimation of genetic parameters for somatic cell count in the first three lactations using random regression. Livestock Production Science, 79: 239-247.
30. Mrode, R.A., G.J.T. Swanson and M.S. Winters. 1998. Genetic parameters and evaluation for somatic cell count and its relationship with production and type traits in some dairy breeds in the United Kingdom. Journal of Animal Science, 66: 569-576.
31. Ødegard, J., J. Jensen, G. Klemetsdal, P. Madsen and B. Heringstad. 2003. Genetic analysis of somatic cell score in norwegian cattle using random regression test-day models. Journal of Dairy Science, 86: 4103-4114.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]

[DOI: 10.29252/rap.8.15.201]

32. Pagnacco, G., F. Miglior, W.C. Zhang, J.C.M. Dekkers and E.B. Burnside.1994. Genetic evaluation for somatic cell count and relationship with inbreeding in Canadian Holsteins. Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Guelph, Canada, 93-96 pp
33. Pösö, J. and E.A. Mäntysaari. 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.
34. Ptak, E., P. Brzozowski, W. Jagusiak and K. Zdziarski. 2007. Genetic parameters for somatic cell score for polish black-and-white cattle estimated with a random regression model. Journal of Animal and Feed Sciences, 16: 357-369.
35. Reents, R., J. Jamrozik, L.R. Schaeffer and J.C.M. Dekkers. 1995. Estimation of genetic parameters for test day records of somatic cell score. Journal of Dairy Science, 78: 2847-2857.
36. Reents, R., J.C.M. Dekkers and L.R. Schaeffer. 1994. Genetic Parameters of Test Day Somatic Cell Counts and Production Traits. Proceedings of The 5th World Congress on Genetics Applied To Livestock Production, Guelph, Canada, 120-123.
37. Rodriguez-Zas, S.L., D. Gianola and G.E. Shook. 200. Evaluation of models for somatic cell score lactation patterns in Holsteins. Livestock Production Science, 67: 19-30.
38. Rupp, R. and D. Boichard. 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.
39. Rzewuska, K., J. Jamrozik, A. Żarnecki and T. Strabel. 2011. Genetic parameters of test-day somatic cell scores for the first three lactations of polish Holstein-Friesian Cattle. Czech Journal of Animal Science, 56: 381-389.
40. Sanjabi, M.R., A. Gholibaigi Fard, R. Vaez Torshizi, A. Lavaf and A.H. Ahadi. 2010. Genetic relationships between somatic cell counts, milk production and udder conformation traits in Iranian Holsteins. Journal of Dairy Science, 93 (E-Suppl. 1): 598.
41. SAS. 2002. SAS users Guide v.9.1: Statistics SAS institute inc., Cary, NC.
42. Wada, Y. and N. Kashiwagi. 1990. Selecting statistical models with information statistics. Journal of Dairy Science, 73: 3575-3582.
43. Yousefi-Golverdi, A., H. Hafezian, Y. Chashnidel and A. Farhadi. 2012. Genetic parameters and trends of production traits in Iranian Holstein population. African Journal of Biotechnology, 11: 2429-2435.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]

[DOI: 10.29252/rap.8.15.201]

Estimation of Genetic Parameters and Genetic Trends of Somatic Cell Score in Iranian Holsteins

Hassan Khanzadeh[1] and Navid Ghavi Hossein-Zadeh[2]

1- Graduated M.Sc. Student, Department of Animal Science, University of Guilan
2-Associate Professor, Department of Animal Science, (Corresponding author: nhosseinzadeh@guilan.ac.ir)
Received: November 11, 2014 Accepted: May 30, 2015

Abstract

The objectives of present study were to estimate the genetic and permanent environmental covariance components and genetic and phenotypic trends of test-day records of somatic cell score (SCS) of the first lactation Iranian Holstein cows. Dataset included the 108995 test day records were collected by the Animal Breeding Center of Iran from 2001 to 2010. The GLM procedure of SAS software was used for fitting the fixed effects in the statistical models of analysis. All analyses were performed using the AIREML algorithm of WOMBAT software. 16 different random regression models were studied and compared based on Akaike's information criterion. Random regression model with Legendre polynomial functions of orders of 4, 4, 5 were chosen to fit fixed regression, additive genetic and permanent environmental effects, respectively, and residual variance was assumed in 4 heterogeneous levels during the lactation. Estimation of heritability was low (0.022 to 0.032) that indicated this trait mostly affected by environmental factors. Genetic and environmental correlations between daily SCS were high for adjacent tests and low between the beginning and the end of lactation. The estimated environmental correlations were lower than the genetic correlations in all stages of lactation. Annual genetic and phenotypic trends were -0.59±0.103 and -0.08±0.002, respectively, for SCS trait. Both genetic and phenotypic trends for SCS were significant (P<0.0001). Negative genetic and phenotypic trends for SCS indicated that genetic programs for declining the incidence of mastitis in Iranian Holsteins were successful at recent years.

Keywords: Dairy Cow, Genetic Parameters, Genetic Progress, Mastitis, Random Regression Model

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-13]

[DOI: 10.29252/rap.8.15.201]