دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی صفت لنگش و ارتباط آن با صفات تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران

شیدا ورکوهی[۱]، میثم شیلانان[۲]، صاحب فروتنی فر[۳] و علیرضا اقبال[٤]

۱- استادیار گروه علوم دامی، دانشگاه رازی، (نویسنده مسوول: s.varkoohi@gmail.com)
۲ و ۳- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد و استادیار گروه علوم دامی، دانشگاه رازی
۴- عضو هیئت علمی، مرکز اصلاح نژاد دام کشور
تاریخ دریافت: ۹۳/۱۲/۲۰ تاریخ پذیرش:۹۴/۷/۱۳

چکیده

در تحقیق حاضر برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی صفت لنگش و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی آن با صفات تولید شیر، چربی و پروتئین انجام شد. داده‌ها مشتمل بر ٦٣٤٠٣ رأس گاو هلشتاین حذف شده می‌باشد که ٤٦٢٩ رکود مربوط به حذف بدلیل لنگش است که بین سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۹۲ توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور ثبت شده بود. برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی لنگش با استفاده از مدل دام تک‌صفتی و آستانه‌ای انجام گرفت، همچنین، برآورد همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین لنگش و صفات تولیدی با استفاده از مدل دوصفته‌ی و با نرم‌افزار ASREML انجام شد. نتایج نشان داد که وراثت‌پذیری صفت لنگش با مدل دام ۰/۰۲ و با مدل آستانه‌ای ۰/۰۵۷ است. مقادیر وراثت‌پذیری برآورد شده با هر دو روش پایین بود، ولی با مدل آستانه‌ای وراثت‌پذیری بیشتر از مدل خطی برآورد شد، همچنین همبستگی‌های ژنتیکی لنگش با صفات تولید شیر، چربی و پروتئین به ترتیب ۰/۳۱، ۰/۲۳ و ۰/۲۷ و همبستگی‌های فنوتیپی این صفات به ترتیب ۰/۰٤۸، ۰/۰۳۷ و ۰/۰۳۹ برآورد شدند. همبستگی‌های ژنتیکی مثبت بین لنگش و صفات تولیدی، نشان می‌دهد که انتخاب طولانی‌مدت برای صفات تولیدی می‌تواند مهم‌ترین عامل حذف مرتبط با اختلالات پا باشد.

واژه‌های کلیدی: لنگش، وراثت‌پذیری، همبستگی، صفات تولیدی، گاو هلشتاین

مقدمه

لنگش یکی از مهم‌ترین تهدیدها در صنعت دامپروری است که از پرهزینه‌ترین مشکلات اقتصادی در گله‌های گاو شیری محسوب می‌شود. این اختلال حرکتی در اثر برخورد بافت سم با زمین بدنبال پیمودن مسافت طولانی ایجاد می‌شوند و باعث آسیب به بافت شاخی سم می‌شود. از اختلالات مهم پا و سم می‌توان به سم پیچیده[۱]، ساییدگی پاشنه[۲]، درماتیس بین انگشتی[۳]، جدایی خط سفید[۴]، زخم کف پا[۵]، اختلال دیواره سم[۶] و لامینیتیس[۷] اشاره نمود که درماتیس بین انگشتی، به عنوان یکی از بیماری‌های عفونی سم گاو، اصلی‌ترین دلیل لنگش در بسیاری از کشورها محسوب می‌شود (۱۲).

فاکتورهای مؤثر بر بروز لنگش شامل عوامل درونی (فصل، آبستنی، مرحله‌ی شیرواری، شکم زایش، میزان تولید شیر، تغذیه، ژنتیک، وزن بدن، وضعیت اسکور بدنی، سن و بیماری‌های قبلی) و عوامل بیرونی (محیط و مدیریت گله) هستند (۱۲). از جمله پیامدهای لنگش، کاهش مصرف غذا و کاهش بازده تولیدی، افزایش هزینه‌های تولید مثل متعاقب تکرار تلقیح مصنوعی و هزینه‌های دامپزشکی، افزایش فاصله گوساله‌زایی، افزایش نیاز به نیروی کارگری و صرف زمان بیشتر جهت درمان، حذف بالاتر در گله، کاهش ارزش لاشه در گاوهای حذفی، افزایش خطر ابتلا به سایر بیماری‌ها و دور ریخته شدن شیر حاصل از درمان آنتی بیوتیکی هستند (۱۳). تحقیقات نشان می‌دهد که وراثت‌پذیری صفات بیماری نسبتاً پایین بوده و در دامنه‌ی صفر تا ۰/۱۵ قرار دارند و وراثت‌پذیری اختلالات حرکتی ۰/۱۵ گزارش شده و همبستگی‌های ژنتیکی آن با تولید شیر، چربی و پروتئین مثبت و متوسط است (۱۶). در تحقیقی وراثت‌پذیری صفت لنگش با مدل‌های خطی و آستانه‌ای به ترتیب ۰/۱ و ۰/۲۲ گزارش شد (۱). همچنین، همبستگی‌های ژنتیکی بین تولید شیر و لنگش در طول دوره‌های شیرواری مختلف در دامنه ۰/۲ تا ۰/۲۵ گزارش شد (۳). طی تحقیق دیگری همبستگی‌های ژنتیکی بین مشکلات پا با تولید شیر، چربی و پروتئین مثبت و متوسط و به ترتیب ۰/۲۷، ۰/۲۰ و ۰/۲۱ گزارش شدند (۱۶). همچنین وراثت‌پذیری صفت لنگش در دامنه ۰/۰۴ تا ۰/۰۷ و همبستگی لنگش با صفات تولیدی، در دامنه ۰/۱۳ تا ۰/۴۶ گزارش شد (۸). در برخی تحقیقات رابطه‌ی معنی‌داری بین تولید شیر و لنگش مشاهده نشد (۶). هدف از مطالعه حاضر، ۱) برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت لنگش، ۲) برآورد همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی لنگش با صفات تولید شیر، چربی و پروتئین می‌باشد.

مواد و روش‌ها

الف) داده‌ها

در بررسی حاضر از داده‌های ثبت شده ۴۸۹ گله گاو شیری طی سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۹۲ استفاده شد. اطلاعات مورد نیاز شامل رکوردهای مربوط به گاوهای حذفی و صفات تولیدی آنها بود، که از مرکز اصلاح نژاد دام کشور، اخذ شده و مورد بررسی قرار گرفت. ویرایش و آماده‌سازی داده‌ها با استفاده از نرم‌افزارهای $JMP_{7.0.2}$ و $Excel_{2007}$ انجام گرفت.

در این تحقیق، از اطلاعات گله‌هایی استفاده شد که بیش از ۵۰ رأس جمعیت داشتند و دارای رکورد حذفی لنگش بوده

1- Corkscrew claw
2- Heel erosion
3- Interdigital dermatitis
4- White line separation
5- Sole ulceration
6- Wall disorder
7- Laminitis

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-02]
[DOI: 10.29252/rap.8.17.93]

و همچنین دارای هر سه رکورد تولید شیر، چربی و پروتئین بودند. بعد از حذف گله‌هایی که شرایط مورد نظر را نداشتند، ۶۳۴۰۳ رکورد دارای دلایل حذف مختلف بود که از بین این تعداد گاو حذفی، ۴۶۲۹ رأس به دلیل لنگش حذف شده بودند.

ب) تجزیه و تحلیل آماری

جهت محاسبه‌ی اجزاء واریانس و وراثت‌پذیری لنگش از آنالیز تک‌صفتی و همچنین جهت محاسبه همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین لنگش با صفات تولید شیر، چربی و پروتئین ۳۰۵ روز از آنالیز دوصفتی استفاده شد. صفت لنگش هرچند که توزیع فنوتیپی گسسته دارد ولی در آنالیز این گونه صفات فرض بر این است که این صفات دارای توزیع نرمال پشت صحنه هستند و همبستگی محاسبه شده همبستگی بین صفت پشت صحنه با صفات مورد نظر است. آنالیزها با مدل حیوانی و به کمک نرم‌افزار ASREML انجام گرفت و همچنین وراثت‌پذیری لنگش با مدل آستانه‌ای و با روش لجستیک، با استفاده از نرم‌افزار ASREML نیز برآورد شد.

۱) تجزیه و تحلیل تک صفتی

برای ورود اثرات ثابت به مدل دو عامل معنی‌دار بودن و Log likelihood در نظر گرفته شد، یعنی عواملی که اثر معنی‌دار داشتند و Log likelihood کمتری داشتند، به عنوان عوامل تاثیرگذار مدل در نظر گرفته شدند. تجزیه و تحلیل تک صفتی لنگش، با استفاده از مدل آماری زیر انجام شد:

$$Y_{ijklmn} = \mu + P_i + L_j + Age_k + HYS_l + A_m + e_{ijklmn}$$

در مدل فوق: Y_{ijklm}، صفت لنگش، μ_i، میانگین جمعیت، P_i، اثر ثابت شکم زایش iاُم، L_j، طول دوره‌ی شیردهی jاُم؛ Age_k، سن گاو kاُم در زمان حذف؛ HYS_l، اثر تصادفی گله– سال– فصل lام و A_m، اثر تصادفی ژنتیک افزایشی حیوان m اُم و e_{ijklmn}، اثر باقیمانده می‌باشد. ضریب وراثت‌پذیری با استفاده از فرمول زیر برآورد شد:

$$h^2 = \frac{\sigma^2 a}{\sigma^2 a + \sigma^2 HYS + \sigma^2 e}$$

که در آن $\sigma^2 a$، $\sigma^2 e$ و $\sigma^2 HYS$ به ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی و واریانس خطا و واریانس گله – سال– فصل می‌باشند.

۲) تجزیه و تحلیل دو صفتی

جهت برآورد همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین لنگش و صفات تولیدی از مدل حیوانی دوصفته به صورت زیر استفاده شد:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x_1 & 0 \\ 0 & x_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} z_1 & 0 \\ 0 & z_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

در این مدل: y_i، بردار مشاهدات برای صفت iاُم، X_i، ماتریس ضرایب که ارتباط‌دهنده‌ی رکوردها با هر یک از سطوح اثرات ثابت است، b_i، بردار دربرگیرنده‌ی سطوح مختلف اثرات ثابت (شامل شکم زایش، طول دوره‌ی شیردهی و سن) است، Z_i، ماتریس ضرایب که ارتباط‌دهنده‌ی مشاهدات با اثرات تصادفی است، a_i، بردار دربرگیرنده‌ی اثرات تصادفی شامل اثر تصادفی ژنتیک حیوان و اثر HYS می‌باشد.

مقدار همبستگی فنوتیپی از طریق فرمول زیر محاسبه شد:

$$r_p = \frac{\text{cov } p(t_1, t_2)}{\pm_p t_1 \times \pm_p t_2}$$

که در آن $cov\ p\ (t_1,t_2)$ کواریانس فنوتیپی بین دوصفت (لنگش و صفات تولیدی)، $\sigma_p t_1$ انحراف معیار فنوتیپی صفت اول و $\sigma_p t_2$ انحراف معیار فنوتیپی صفت دوم می‌باشد، همچنین مقدار همبستگی ژنتیکی بین لنگش با صفات تولیدی از طریق فرمول زیر محاسبه شد:

$$r_g = \frac{\text{cov } g(t_1, t_2)}{\pm_g t_1 + \pm_g t_2}$$

که در آن $cov\ g\ (t_1,t_2)$ کواریانس ژنتیکی بین دو صفت، $\sigma_g t_1$ انحراف معیار ژنتیکی صفت اول و $\sigma_g t_2$ انحراف معیار ژنتیکی صفت دوم می‌باشد.

نتایج و بحث

الف) نتایج تجزیه و تحلیل تک صفتی

نتایج مربوط به برآورد مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری صفت لنگش با استفاده از آنالیز تک‌صفتی با مدل خطی و مدل آستانه‌ای در جدول ۱ گزارش شده است. وراثت‌پذیری صفت لنگش با مدل خطی ۰/۰۲ برآورد شد که دلیل پایین بودن آن را می‌توان به اهمیت اثر عوامل محیطی بر تغییرپذیری صفت، کم بودن واریانس ژنتیکی افزایشی و ظهور ناپیوسته صفت نسبت داد (۱۳). نتایج نشان می‌دهد که وراثت‌پذیری صفت لنگش با مدل آستانه‌ای ۰/۰۵۷ برآورد شد. مؤلفه‌های واریانس حاصل از تجزیه آستانه‌ای با مقادیر مشابه حاصل از تجزیه خطی کاملاً متفاوت بوده و بیشتر می‌باشند.

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

[DOI: 10.29252/rap.8.17.93]

جدول ۱- مؤلفه های واریانس و وراثت‌پذیری لنگش با استفاده از مدل خطی و آستانه‌ای

Table 1. Variance component and heritability estimate for Lameness using Threshold and linear model

مدل	σ^2a	σ^2_{HYS}	σ^2e	σ^2_p	h^2
خطی	۰/۰۰۱۲۵	۰/۰۰۸۱	۰/۰۵۸	۰/۰۶۷۶	۰/۰۲ (۰/۰۰۲)
آستانه‌ای	۰/۱۲۷۳	۱/۰۵۴	۱	۲/۱۸۲	۰/۰۵۷ (۰/۰۰۳)

σ^2a: واریانس ژنتیکی افزایشی، σ^2_{HYS} واریانس گله- سال-فصل، σ^2e واریانس باقیمانده و h^2 وراثت‌پذیری

دلیل تفاوت‌ها این است که وراثت‌پذیری و مؤلفه‌های واریانس مدل‌های خطی بر اساس مقیاس مشاهده شده بیان می‌شوند، درحالیکه وراثت‌پذیری مدل‌های آستانه‌ای بر اساس مقیاس واقعی می‌باشد (۱۸). صفات چنددسته‌ای دارای توزیع چند جمله‌ای بوده و واریانس آنها وابسته به میانگین می‌باشد، زیرا در این نوع توزیع، مقدار واریانس به فراوانی مشاهده‌ها در هر یک از دسته‌ها بستگی دارد و با تغییر میانگین، این فراوانی‌ها نیز تغییر می‌کند (۱۴). مقادیر وراثت‌پذیری برآورد شده با هر دو روش پایین بود، ولی با مدل آستانه‌ای وراثت‌پذیری بیشتر از مدل خطی و حدوداً دو برابر برآورد شد که نتایج این تحقیق با نتایج برخی مطالعات دیگر مطابقت داشت (۱،۷،۸). از طرفی مقادیر وراثت‌پذیری برآورد شده در برخی مطالعات دیگر، بالاتر از نتایج تحقیق حاضر بود (۱۶،۱۷) . طی تحقیقی مقادیر وراثت‌پذیری صفت لنگش با مدل خطی در دامنه ۰/۰۷۳- ۰/۰۱۹ گزارش شد که بیانگر پایین بودن مقدار وراثت‌پذیری این صفت است (۱۵). در تحقیق دیگری وراثت‌پذیری لنگش با مدل‌های خطی و آستانه‌ای به ترتیب ۰/۰۱۹ (۰/۰۰۷) و ۰/۰۷۹ (۰/۰۳۶) گزارش شد که بیانگر بالاتر بودن مقادیر وراثت‌پذیری برآورد شده با مدل آستانه‌ای می‌باشد (۱۱).

تفاوتی که در برآورد وراثت‌پذیری صفت لنگش (چه با مدل خطی و چه با مدل آستانه‌ای) با نتایج مطالعات دیگر وجود داشت، می‌تواند بدلیل تفاوت در اندازه‌ی جمعیت مورد مطالعه، میزان صحت داده‌ها، تعداد و نوع عوامل به‌کار رفته در مدل، صحت شجره و همچنین نرم‌افزارهای به‌کار رفته جهت آنالیز باشد. وراثت‌پذیری مربوط به جمعیت است، نه فرد، وراثت‌پذیری ثابت نیست و از جمعیتی به جمعیت دیگر و از محیطی به محیط دیگر و حتی در یک جمعیت در زمان‌های مختلف تغییر می‌کند، اما اغلب در مورد صفات مختلف، در دامنه‌ی خاصی قرار دارد. علت تفاوت مقادیر وراثت‌پذیری آن است که واریانس‌های ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی در جمعیت‌های مختلف بسیار متفاوتند و در یک جمعیت نیز با گذشت زمان تغییر می‌کنند، همچنین دلیل تفاوت‌های موجود در محاسبه‌ی وراثت‌پذیری می‌تواند در تفاوت‌های موجود در جامعه‌ی آماری باشد (۴).

مدل‌های خطی همیشه وراثت‌پذیری را کمتر از مقدار واقعی برآورد می‌نمایند ولی مدل‌های آستانه‌ای روند ثابت و پیوسته‌ای را نشان نمی‌دهند. اگر چه مدل‌های آستانه‌ای ممکن است در مقادیر بالاتر وراثت‌پذیری واقعی قابل اعتمادتر باشد ولی در مقادیر پایین تر نمی‌توان به برآوردهای آنها اعتماد نمود (۹). آنالیز صفات آستانه‌ای با استفاده از مدل آستانه‌ای در مقایسه با مدل خطی، منجر به افزایش نسبی دقت و صحت ارزیابی‌ها شده، در نتیجه باعث افزایش سرعت پیشرفت ژنتیکی خواهد شد، زیرا برآورد حاصل از این روش، حدودا دو برابر برآورد حاصل از مدل خطی می‌باشد (۱۴). نتایج تحقیقات نشان می‌دهد که مدل‌های آستانه‌ای جهت برآورد اجزاء واریانس صفات باینری مناسبترند، اما جهت محاسبات به زمان بیشتری نیاز می‌باشد. از آنجا که مقادیر وراثت‌پذیری برآورد شده با مدل آستانه‌ای بالاتر از مدل‌های خطی است، این امر باعث بهبود ژنتیکی می‌شود و لازم به ذکر است که این بهبود ژنتیکی به دقت انتخاب بستگی دارد (۱۱). نتایج این پژوهش نیز نشان می‌دهد که گرچه وراثت‌پذیری صفت لنگش حاصل از استفاده از مدل‌های خطی و آستانه‌ای کم می‌باشد و پاسخ به انتخاب برای این صفت آهسته خواهد بود، ولی تجزیه این صفات با استفاده از مدل آستانه‌ای در مقایسه با مدل خطی، منجر به افزایش صحت ارزیابی‌ها و در نتیجه سرعت پاسخ به انتخاب خواهد شد، زیرا برآورد وراثت‌پذیری حاصل از این روش حدوداً دو تا سه برابر برآوردهای حاصل از تجزیه خطی بود.

ب) نتایج تجزیه و تحلیل دو صفتی

نتایج برآورد کواریانس‌های حاصل از آنالیزهای دوصفتی لنگش با صفات تولید (شیر، چربی و پروتئین ۳۰۵ روز) و همچنین همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفت لنگش با صفات تولیدی، در جداول ۲ و ۳ گزارش شده است.

جدول ۲- کواریانس‌های حاصل از آنالیزهای دوصفتی لنگش با صفات تولیدی

Table 2. Covariance estimates of Lameness with production traits by two variate analysis

صفات	$\pm_G$	$\pm_P$	$\pm_e$
لنگش با تولید شیر ۳۰۵ روز	۱۲/۹۵۶	۲۲/۴۹۳	۹/۵۳۷
لنگش با تولید چربی ۳۰۵ روز	۰/۳۹۱۸	۰/۶۶۴۱	۰/۲۷۲۳
لنگش با تولید پروتئین ۳۰۵ روز	۰/۳۴۳۷	۰/۵۶۲۸	۰/۲۱۹۱

$\pm_G$: کواریانس ژنتیکی، $\pm_P$: کواریانس فنوتیپی و $\pm_e$: کواریانس خطا

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

[DOI: 10.29252/rap.8.17.93]

جدول ۳- وراثت‌پذیری‌ها و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفت لنگش با صفات تولیدی
Table 3. Heritability and genetic and phenotypic correlations of Lameness with production traits

	لنگش	تولید شیر	تولید چربی	تولید پروتئین
لنگش	۰/۰۲	۰/۳۱	۰/۲۳	۰/۲۷
تولید شیر	۰/۰۴۸	۰/۳۳		
تولید چربی	۰/۰۳۷		۰/۳۹	
تولید پروتئین	۰/۰۳۹			۰/۳۴

وراثت‌پذیری‌ها (روی قطر) و همبستگی‌های ژنتیکی (بالای قطر) و همبستگی‌های فنوتیپی (پایین قطر)

نتایج نشان می‌دهد که مقادیر همبستگی‌های ژنتیکی بین لنگش با صفات تولید شیر، چربی و پروتئین به ترتیب ۰/۳۱، ۰/۲۳ و ۰/۲۷ می‌باشد، همچنین همبستگی‌های فنوتیپی به ترتیب ۰/۰۴۸، ۰/۰۳۷۴، ۰/۰۳۹ برآورد گردید. بر اساس نتایج بدست آمده، بالاترین همبستگی ژنتیکی مربوط به تولید شیر با لنگش می‌باشد. حذف به دلیل اختلالات پا معمولاً نزدیک به اواخر دوره شیردهی اتفاق می‌افتد و انتظار همبستگی منفی وجود دارد، مگر این که اختلالات پا خیلی شدید باشند که منجر به حذف گاوها بدون توجه به تولید شیر شوند. همبستگی‌های ژنتیکی مثبت بین اختلالات پا و صفات تولیدی، می‌تواند بیانگر این موضوع باشد که انتخاب طولانی مدت برای صفات تولیدی، ممکن است حذف به دلیل اختلالات پا را افزایش دهد (۱۶). به نظر می‌رسد که در اواخر پیک تولید بدلیل بالانس منفی انرژی، امکان بروز لنگش افزایش می‌یابد، به‌عبارت دیگر بالانس منفی انرژی باعث بروز بیشتر بیماری‌ها از جمله لنگش می‌شود (۸). برخی محققین همبستگی‌های ژنتیکی برآورد شده بین ابتلا به بیماری‌های مختلف و تولید شیر را در دامنه‌ی ۰/۴۰ تا ۰/۵۲ گزارش کردند، که نشان‌دهنده‌ی این موضوع است که پیک تولید، همبستگی ژنتیکی بالایی با بروز بیماری‌ها دارد (۵،۱۰). نتایج نشان می‌دهد که استراتژی‌های اصلاحی متمرکز بر افزایش تولید شیر، بروز اختلالات پا را با یک پاسخ همبسته افزایش می‌دهد (۸). طی مطالعه دیگری همبستگی ژنتیکی بین مشکلات پا و تولید شیر ۰/۲۹ و همبستگی فنوتیپی بین آنها ۰/۰۲ گزارش شد، که بیانگر بالاتر بودن همبستگی‌های ژنتیکی نسبت به همبستگی‌های فنوتیپی است (۱۵). طی تحقیق دیگری همبستگی‌های ژنتیکی بین لنگش با تولید شیر، چربی و پروتئین به ترتیب ۰/۲۷، ۰/۳۲ و ۰/۳۷ و همبستگی‌های فنوتیپی به ترتیب ۰/۰۲، ۰/۰۲ و ۰/۰۱ برآورد گردید که بیشترین همبستگی ژنتیکی مربوط به لنگش و تولید پروتئین بوده است (۱۱).

نتایج نشان می‌دهد که وراثت‌پذیری صفات سلامت اغلب پایین است و پاسخ به انتخاب برای این صفات پایین خواهد بود، اما وراثت‌پذیری پایین صفاتی همچون لنگش و بیشتر اختلالات سلامتی بدین معنی نیست که اصلاح صفات مربوطه غیرممکن یا بی‌فایده است، بلکه با طراحی سیستم‌های آمیزشی نظیر آمیخته‌گری، می‌توان از اثر غیرافزایشی ژن‌ها بهره‌برداری لازم را به عمل آورد. با توجه به اینکه بروز بیماری‌ها بیشتر حاصل عوامل محیطی نامناسب است، لذا برای بهبود صفات با توارث‌پذیری کم، باید تاثیرات عوامل محیطی را بیشتر مورد توجه قرار داد تا بتوان با استفاده از تکنولوژی‌های پیشرفته و درایت در امر مدیریت فارم به بهبود این گونه صفات نائل گشت. در این تحقیق، همبستگی‌های فنوتیپی پایین و مثبت بدست آمد و همبستگی‌های ژنتیکی مثبت و متوسط برآورد شد که یک تضاد فیزیولوژیکی را بین لنگش و صفات تولیدی نشان می‌دهد. روابط نامطلوب بین لنگش و صفات تولیدی نشان می‌دهد که باید صفات سلامت و تولیدی به طور همزمان در انتخاب ژنتیکی در نظر گرفته شوند.

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

[DOI: 10.29252/rap.8.17.93]

منابع

1. Boettcher, P.J., J.C. Dekkers, M. Warnick, L.D and S.J. Wells. 1998. Genetic analysis of clinical Lameness in dairy cattle. Journal of Dairy Science, 81(4): 1148-1156.
2. Christensen, A. and J. Pedersen. 2003. Bayesian estimates of covariance components between lactation curve parameters and disease liability in Danish Holstein cows. Journal of Dairy Science, 86: 3000–3007.
3. Cook, N.B., K.V. Nordlund and G. Oetzel. 2004. Environmental influences on Claw Horn Lesions associated with Laminitis and sub acute ruminal acidosis in dairy cows. Journal of Dairy Science, 87: 36-46.
4. Dadpasand, M. 2009. Animal Breeding principles, First edition, 547 pp (In Persian).
5. Ferris, T.A., I.L. Mao and C.R. Anderson. 1985. Selecting for lactation curve and milk yield in dairy cattle. Journal of Dairy Science, 68(6): 1438-1448.
6. Gallo, L., P. Carnier, M. Cassandro and F. Cesarini. 2002. Health disorders and their association with production and functional traits in Holstein Friesian cows. Italian Journal of Animal Science, 1: 97-210.
7. Gianola, D. 1982. Theory and analysis of threshold characters. Journal of Animal Science, 54: 1079-1096.
8. Harder, B., J. Bennewitz, D. Hinrichs and E. Kalm. 2006. Genetic parameters for health traits and their relationship to different persistency traits in German Holstein dairy cattle. Journal of Dairy Science, 89(8): 3202-3212.
9. Hossein-Zadeh, N. and M. Ardalan. 2011. Bayesian estimates of genetic parameters for cystic ovarian disease, displaced abomasum and foot and leg diseases in Iranian Holsteins via Gibbs sampling. Journal of Agricultural Science, 149(1): 119-124.
10. Jakobsen, J.H.R., J. Rekaya-Jensen, D.A. Sorensen, P. Madsen, D. Gianola, LG. Konig, S.X.L. Wu, D. Gianola, B. Heringstad and H. Simianer. 2008. Exploration of relationships between claw disorders and milk yield in Holstein cows via recursive linear and threshold models. Journal of Dairy Science, 91(1): 395-406.
11. Kadarmideen, H.N., R. Thompson and G. Simm. 2000. Linear and threshold model genetic parameters for disease, fertility and milk production in dairy cattle. British Society of Animal Acience, 71: 411-419.
12. Mohamadnia, A.R., S. Kheiri, H. Aliabadi, M. Mohamaddoust and J. Kabiri. 2007. Study on prevalence of dairy cattle Lameness in Shahrekord district, IRAN. Iranian Journal of Veterinary Surgery, 2(2): 22-30.
13. Mohammadnia, A.R. and F. Naderi. 2011. Evaluation the effects of hoof trimming on bovine leg score improvement and its distribution. Iranian journal of veterinary surgery, 6(1): 23-9.
14. Poortahmasb, A., M. Vatankhah and H.R. Mirzaei. 2007. Study of performance and estimation of genetic parameters of reproductive traits in Lori-Bakhtiari sheep of Sholi station using linear and threshold models. Journal of Pazhohesh & Sazandegi, 76: 126-131 (In Persian).
15. Pryce, J.E., R.F. Veerkamp, R. Thompson, W.G. Hill and G. Simm. 1997. Genetic aspects of common health disorders and measures of fertility in Holstein Friesian dairy cattle. British Society of Animal Science, 65: 353-360.
16. Uribe, H.A., B.W. Kennedy, S. Martin and D.F. Kelton. 1995. Genetic parameters for common health disorders of Holstein cows. Journal of Dairy Science, 78(2): 421-430.
17. Weber, A., E. Stamer, W. Junge and G. Thaller. 2013. Genetic parameters for lameness and claw and leg diseases in dairy cows. Journal of Dairy Science, 96(5): 3310-3318.
18. Weller, J.I., I. Misztal and D. Gianola. 1988. Genetic analysis of dystocia and calf mortality in Israeli-Holsteins by threshold and linear models. Journal of Dairy Science, 71: 2491-2501.

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

[DOI: 10.29252/rap.8.17.93]

Estimation of Genetic Parameters for Lameness Trait and Its Relationship with Milk Production Traits in Iranian Holstein Cows

Sheida Varkoohi[1], Meisam Shilanan[2], Saheb Forotanifar[3] and Alireza Eghbal[4]

1- Assistant Professor Department of Animal Science, Razi University,
(Corresponding author: S.Varkoohi@gmail.com)
2 and 3- Graduated M.Sc. Student and Assistant Professor Department of Animal Science, Razi University
4- Member of Scientific Board, Animal Breeding center of Iran
Received: 11 March 2014 Accepted: 5 October 2015

Abstract

In this study, estimation of genetic parameters of Lameness and genetic and phenotypic correlations between Lameness and milk, fat and protein yield were performed. The data obtained from 63403 Holstein cows were collected from the Animal Breeding Center of Iran between 2001 to 2013 Estimation of genetic parameters for lameness was performed by univariate animal and Threshold models. Also, estimation of genetic and phenotypic correlations between Lameness and production traits was performed by bivariate animal model by using the ASREML Software. Results showed that heritability of Lameness with Animal and Threshold models were 0.02 and 0.057, respectively. Estimated heritabilities with two methods were low, but with Threshold model were more than linear model, also genetic correlations between Lameness and persistency of milk, fat and protein yield were 0.31, 0.23 and 0.27, respectively and phenotypic correlations between Lameness and persistency of milk, fat and protein yield were 0.048, 0.037 and 0.029, respectively. Positive correlations between Lameness and production traits show that long term selection for production traits could be the most important factor for culling by Lameness disorders.

Keywords: Correlation, Heritability, Holstein cattle, Lameness, Production traits

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

[DOI: 10.29252/rap.8.17.93]