

تخمین پارامترها و روند ژنتیکی برای صفت نمره سلول‌های بدنی در گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از یک مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی

عاطفه عابدینی^{*۱} - همایون فرهنگ فر^۲ - کمال شجاعیان^۳ - حسین نعیمی پور یونسی^۴ - مسلم باشتنی^۵ - بهروز محمد نظری^۶

تاریخ دریافت: ۸۹/۹/۲۱

تاریخ پذیرش: ۹۰/۵/۲۵

چکیده

داده‌های مورد استفاده در این تحقیق، شامل ۱۰۱۱۴۷ رکورد روز آزمون مربوط به شمارش سلول‌های بدنی متعلق به ۱۳۹۷۷ رأس گاو هلشتاین شکم اول در ۱۸۳ گله بود که طی سال‌های ۱۳۸۱ تا ۱۳۸۵ زایش داشتند. برای تحلیل ژنتیکی ارقام، از یک مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی استفاده شد. شمارش سلول‌های بدنی از طریق تبدیل لگاریتمی (در مبنای عدد نهی، ۲/۷۱۸۲۸) به نمره سلول‌های بدنی تبدیل گردید. در مدل روز آزمون، اثر ثابت گروه همزمان استان - گله - سال - فصل تولید، و متغیرهای کمکی سن گاو در هنگام رکوردگیری (خطی و درجه دوم) و درصد ژن هلشتاین (خطی و درجه دوم) گنجانده شدند. تابع چند جمله‌ای متعامد لژاندر با مرتبه برازش سوم برای در نظر گرفتن مرحله شیردهی و همچنین تنوع ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی رکوردهای نمره سلول‌های بدنی هر گاو در نظر گرفته شد. اجزای واریانس (کواریانس) ژنتیکی و محیطی، توسط روش حداکثر درستنمایی محدود شده برآورد شدند. وراثت پذیری نمره سلول‌های بدنی بطور کلی کمتر از ۱۰ درصد در کل ماه‌های شیردهی بود. پائین‌ترین و بالاترین مقادیر وراثت پذیری به ترتیب در ماه‌های دوم (۰/۰۳) و دهم (۰/۰۶۸) بدست آمد. هنگامی که فاصله بین ماه‌های شیردهی زیاد شد همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی کاهش یافت. روند ژنتیکی با استفاده از تابعیت خطی میانگین ارزش اصلاحی از سال زایش برآورد شد. روند ژنتیکی معنی دار آماری برای نمره سلول‌های بدنی وجود نداشت.

واژه‌های کلیدی: نمره سلول‌های بدنی، مدل روز آزمون، گاو هلشتاین

مقدمه

بالایی دارند شیر غیر طبیعی تولید می‌کنند (۱). هنگامی که شمارش سلول‌های بدنی بالاتر از سطح قابل قبول توسط کارخانجات فرآوری شیر باشد، کاهش دادن آن به پائین‌تر از سطح مزبور، برای دامدار به عنوان یک هدف تلقی خواهد شد (۱۱).

در عمل می‌توان از طریق انتخاب، برای کمتر بودن سلول‌های بدنی در شیر بهبود ژنتیکی ایجاد نمود (۱، ۱۰ و ۱۹). با این حال باید توجه نمود به دلیل پائین بودن وراثت پذیری صفت مزبور، میزان پیشرفت ژنتیکی حاصله از طریق انتخاب چندان قابل ملاحظه نخواهد بود. اما هزینه‌ای که صرف بهبود ژنتیکی مقاومت به بیماری ورم پستان می‌شود در مقایسه با هزینه‌های مرتبط با درمان دام و هدررفت تولید شیر بسیار کمتر می‌باشد. به طور کلی، وراثت پذیری صفت SCC حدود ۰/۱ است (۸)، که نشان می‌دهد ۹۰ درصد تنوع فنوتیپی مربوط به اثر سازه‌های محیطی است (۱).

در سطح گله‌های تحت پوشش رکوردگیری، تولید شیر و شمارش سلول‌های بدنی معمولاً به صورت روز آزمون و در فواصل

ورم پستان پر هزینه‌ترین بیماری شایع در گله‌های گاو شیری است (۶، ۱۸، ۱۹ و ۲۰). سلول‌های بدنی از گلبول‌های سفید خون و سلول‌های اپی‌لیال تشکیل شده است. تعداد سلول‌های بدنی بیانگر تعداد سلول‌های موجود در شیر است که از آن به عنوان یک شاخص برای مشخص کردن عفونت پستان گاو استفاده می‌شود. تعداد سلول‌های بدنی تحت تأثیر سازه‌های مختلف ژنتیکی و محیطی قرار می‌گیرد. معمولاً در ورم پستان‌های واگیردار، تعداد سلول‌های بدنی افزایش پیدا می‌کند. گاوهایی که شمارش سلول‌های بدنی (SCC)

۱، ۲، ۴، ۵- به ترتیب کارشناس ارشد آموزشی، دانشیار، کارشناس ارشد آموزشی و استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند
(*)- نویسنده مسئول: (Email: a_abedini1355@yahoo.com)
۳- استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل
۶- عضو هیات علمی مرکز اصلاح دام کرج

آزمون مربوط به شمارش سلول‌های بدنی جمع آوری شده از ۱۳۹۷۷ رأس گاو هلستاین ایران که در دوره شیردهی اول بودند، استفاده شد. رکوردهای مزبور متعلق به ۱۸۳ گله از استان‌های خراسان، تهران و اصفهان و مربوط به سال‌های زایش ۱۳۸۱ تا ۱۳۸۵ بود. تعداد کل پدرها، مادرها و حیوانات شجره در فایل ارقام به ترتیب ۸۷۱، ۱۲۸۸۲ و ۲۷۱۰۱ بود. داده‌ها پس از چندین مرحله، توسط نرم افزار بانک اطلاعاتی فاکس پرو (نسخه ۲/۶) ویرایش شدند. ویرایش ارقام بر اساس ملاک‌های زیر بود:

حذف گاوهایی که پدر یا مادر نامعلوم داشتند.

حذف رکوردهای تکراردار مربوط به هر گاو در هر ماه شیردهی.

حذف گاوهایی که سن زایش آنها کمتر از ۱۸ یا بیشتر از ۳۶ ماه بود. حذف رکوردهایی که فاصله اولین رکوردگیری از تاریخ زایش گاو بیشتر از ۶۰ روز بود.

از نرم افزار DXMRR (زیر برنامه DFREML) برای برآورد اجزای واریانس - کواریانس و پارامترهای ژنتیکی (شامل وراثت پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی) و همچنین پیش بینی ارزش اصلاحی حیوانات استفاده گردید. روش آماری حداکثر درست‌نمایی محدود شده^۴ برای برآورد اجزای واریانس - کواریانس و روش بهترین پیش بینی ناریب خطی^۵ برای محاسبه ارزش اصلاحی استفاده گردید.

از طریق تبدیل لگاریتم در مبنای طبیعی، شمارش سلول‌های بدنی به نمرات سلول‌های بدنی (SCS) تغییر مقیاس داده شد. فرمول مورد استفاده در این خصوص، $SCS = Ln(SCC / 1000)$ (۱۶) که در آن Ln لگاریتم در مبنای عدد طبیعی (که برابر با 2.71828 است) می‌باشد. برای تبدیل لگاریتمی شمارش سلول‌های بدنی، می‌توان از مبنای عدد ۲ نیز استفاده نمود (۵ و ۹). در فایل داده‌ها، میانگین سن هنگام رکوردگیری، تولید شیر روزانه و نمره سلول‌های بدنی به ترتیب ۳۰ ماه، ۳۰/۱۶ کیلوگرم و ۴/۴۷۰ بود.

برای آنالیز ژنتیکی مشاهدات مربوط به نمرات سلول‌های بدنی، از یک مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی استفاده شد (۶ و ۱۱). در مدل، اثر ثابت گروه همزمان^۶ استان - گله - سال - فصل تولید، و متغیرهای کمکی سن گاو در هنگام زایش (خطی و درجه دوم) و درصد ژن هلستاین (خطی و درجه دوم) قرار داده شد. برای برآورد مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی، مرحله شیردهی و همچنین اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی گاوها توسط تابع لژاندر با مرتبه سوم^۷ در مدل وارد گردید. دلیل استفاده از مرتبه برآزش سوم، آن است که بخش عمده تنوع ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی صفت تحت

تقریباً ماهیانه جمع آوری می‌شوند که به آنها اصطلاحاً رکوردهای روز آزمون^۱ گفته می‌شود. رکوردهای مزبور در مدل روز آزمون^۲ برای آنالیز ژنتیکی به کار برده می‌شوند (۱۵).

استفاده از مدل روز آزمون با تابعیت ثابت، اولین بار توسط میر و همکاران در سال ۱۹۸۷ براساس مدل مولد نر در استرالیا پیشنهاد شد. مدل فوق بعدها توسط پتاک و شفر در سال ۱۹۹۳ براساس مدل تکرار پذیری^۳ بیشتر مورد توجه قرار گرفت. در مدل روز آزمون با تابعیت ثابت، مقادیر مورد بررسی (نظیر نمره سلول‌های بدنی) به عنوان صفت واحد در طول دوره شیردهی در نظر گرفته می‌شوند و از این رو رکوردهای روز آزمون متوالی مربوط به یک دوره شیردهی بعنوان رکوردهای تکرار شده یک صفت واحد تلقی می‌گردند. بدین ترتیب اثر محیطی دائمی موجود در مدل، شباهت‌های محیطی بین روز آزمون‌های مختلف مربوط به یک دوره شیردهی را در محاسبات منظور می‌کند (۲۱).

مفهوم کلی مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی، برای اولین بار در سال ۱۹۸۴ توسط هندرسون ارائه گردید. سپس شفر و دکرس در سال ۱۹۹۴ از رکوردهای روز آزمون در صفات اقتصادی جهت انجام آنالیز ژنتیکی استفاده کردند (۲). جامروزیک و شفر (۱۹۹۷)، اولین محققینی بودند که به استفاده عملی از مدل‌های مزبور جهت آنالیز رکوردهای روز آزمون صفات تولیدی در گاوهای هلستاین شکم اول پرداختند.

در حقیقت یک مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی برای تجزیه داده‌های تکرار شونده در طول زمان ایده آل است چون امکان پیش بینی ارزش اصلاحی حیوانات را در هر نقطه از مرحله شیردهی میسر می‌نماید. همچنین مدل مزبور، برای تصمیم‌گیری‌های انتخاب ژنتیکی بسیار مناسب است چون تفاوت‌های موجود در شکل منحنی شیردهی گاوها را در ژنتیکی و محیطی دائمی در بر می‌گیرد. جامروزیک و همکاران در سال ۱۹۹۷ نشان دادند که با استفاده از مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی می‌توان تنوع ژنتیکی افزایشی و ارزش اصلاحی را در طول دوره شیردهی محاسبه کرد (۳).

هدف از تحقیق حاضر، تخمین پارامترهای ژنتیکی (وراثت پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی) برای صفت نمره (امتیاز) سلول‌های بدنی در گاوهای هلستاین ایران با استفاده از یک مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی و برآورد روند ژنتیکی برای صفت مزبور بود.

مواد و روش‌ها

رکوردهای استفاده شده در این تحقیق توسط مرکز اصلاح دام وابسته به وزارت جهاد کشاورزی ارائه شد. تعداد ۱۰۱۱۴۷ رکورد روز

4- Restricted Maximum Likelihood (REML)

5- Best Linear Unbiased Prediction (BLUP)

6- Contemporary group (CG)

7- Third order

1- Test-day records

2- Test-day model

3- Repeatability test-day model

عمومی^۲ نرم افزار آماری SAS (نسخه ۹/۱) کنترل گردید. مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی به صورت زیر بود:

$$y_{ijkt} = \mu + (PHYS)_{it} + \sum_{m=1}^2 \beta_m (A_{ijkt} - \bar{A})^m + \sum_{m=1}^2 \alpha_m (HF_{ijkt} - \overline{HF})^m + \sum_{R=0}^{k-1} (\gamma_R * \varphi_R(t)) + \sum_{R=0}^{k-1} (a_{jRt} * \varphi_R(t)) + \sum_{R=0}^{k-1} (pe_{jRt} * \varphi_R(t)) + e_{ijkt}$$

در سال زایش i ام

β_0 پارامتر عرض از مبدأ

β_1 پارامتر ضریب تابعیت متوسط ارزش اصلاحی از سال زایش (روند ژنتیکی)

i (YEAR) سال زایش i ام

e_i خطای مدل برای پیش بینی ارزش اصلاحی در سال i ام

از نرم افزار آماری SPSS نسخه ۱۳ (بدلیل سهولت محاسبه) برای برآورد روند ژنتیکی با استفاده از محاسبه تابعیت میانگین ارزش اصلاحی از سال زایش استفاده شد. باید توجه نمود که اگر از میانگین ارزش اصلاحی گاو در هر سال زایش استفاده نشود، به هنگام استفاده از مدل تابعیت مزبور، مشکل عدم برازش^۴ وجود خواهد داشت.

نتایج و بحث

بر اساس نمودار ۱، بیشترین واریانس ژنتیکی در ماه هشتم شیردهی (۰/۰۶۴۲) و کمترین آن مربوط به ماه دوم شیردهی (۰/۰۴۰۹) بود. بیشترین کواریانس ژنتیکی بین ماه هفتم و هشتم (۰/۰۶۰۴) و کمترین آن بین ماه اول و هشتم شیردهی (۰/۰۱۲۲) بود. واریانس ژنتیکی نمره سلول های بدنی در بین ماه های مختلف متفاوت بود که نشان می دهد تنوع ژنتیکی افزایشی صفت مزبور بین حیوانات در طول یک دوره شیردهی استاندارد ۳۰۵ روز ثابت نیست. میانگین واریانس ژنتیکی افزایشی نمره سلول های بدنی در نیمه دوم شیر دهی (ماه پنجم تا دهم=۰/۰۵۴۵۶) از نیمه اول شیردهی (ماه اول تا پنجم=۰/۰۵۰۲) قدری بالاتر بود. برآورد واریانس محیط موقت (یا واریانس باقی مانده در مدل روز آزمون) برای نمره سلول های بدنی ۰/۹۵۵۷ بود.

نتایج نشان داد بیشترین وراثت پذیری نمره سلول های بدنی در ماه دهم (۰/۰۶۸) و کمترین آن در ماه دوم (۰/۰۳) شیردهی بود (جدول ۱). این امر نشان می دهد که سهم تنوع ژنتیکی افزایشی از تنوع کل، برای ماه دهم بیشترین مقدار است. با توجه به متفاوت بودن وراثت پذیری نمره سلول های بدنی در هر ماه شیردهی، نمی توان آن را یک صفت واحد تلقی نمود.

مطالعه، توسط ویژه مقادیر^۱ ماتریس های مربوط به اثرات تصادفی فوق در مدل روز آزمون، تبیین می گردد. معنی دار بودن اثرات ثابت و متغیرهای کمکی بر نمره سلول های بدنی، توسط رویه مدل خطی

که در آنها y_{ijkt} رکورد نمره سلول های بدنی در زمان t شیردهی در i امین گروه هم زمان استان - گله - سال - فصل تولید مربوط به زامین گاو، μ میانگین کل نمره سلول های بدنی، PHYS اثر ثابت استان - گله - سال - فصل تولید، A_{ijkt} اثر متغیر کمکی سن هنگام رکوردگیری (بر حسب ماه) به صورت خطی و درجه دوم، \bar{A} میانگین سن، HF_{ijkt} اثر متغیر کمکی خلوص ژنی به صورت خطی و درجه دوم، γ_R ضریب تابعیت ثابت برای جمله R ام (برای در نظر گرفتن مرحله شیردهی)، $\phi_R(t)$ جمله R ام از تابع لژاندر و t زمان شیردهی استاندارد شده، a_{jRt} اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی گاوها و pe_{jRt} اثر تصادفی محیطی دائمی و e_{ijkt} اثر تصادفی باقی مانده مدل است. K مرتبه تابع لژاندر و α_m ضریب تابعیت نمره سلول های بدنی بر حسب درصد ژن هلشتاین، β_m ضریب تابعیت نمره سلول های بدنی بر حسب سن در هنگام رکوردگیری حیوان بود. در این تحقیق، برای در نظر گرفتن تغییرات نمره سلول های بدنی در طول دوره شیردهی از تابع چند جمله ای متعامد لژاندر استفاده گردید. چند جمله ای لژاندر به هیچگونه پیش فرضی برای شکل تغییرات نمره سلول های بدنی در طول شیردهی گاو نیازی ندارد. از طرف دیگر، به لحاظ خواص محاسبات عددی، به منظور پیدا کردن ماکزیمم تابع درستنامایی، همگرایی^۳ سریع تر برای آن ایجاد می شود. با این وجود توابع دیگر نظیر تابع چند جمله ای علی و شفر (۴)، نیز وجود دارد که در سایر تحقیقات از آنها استفاده گردیده است (۹).

برآورد روند ژنتیکی

روند ژنتیکی بر اساس تابعیت خطی میانگین ارزش اصلاحی گاوها از سال زایش آنها برآورد گردید. مدل مورد استفاده به صورت زیر بود:

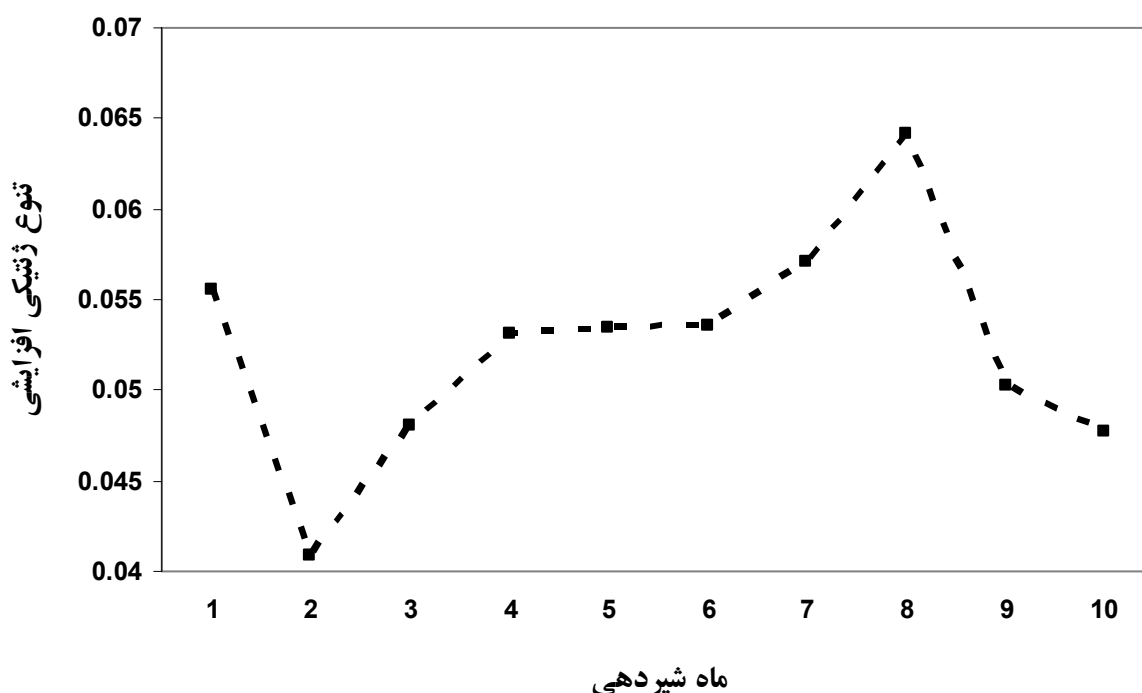
$$ABV_i = \beta_0 + \beta_1 * (Year)_i + e_i$$

که در آن:

ABV_i متوسط ارزش اصلاحی گاوها برای نمره سلول های بدنی

- 1- Eigen values
- 2- General Linear Model (GLM)
- 3- Convergence

4- Lack of fit



نمودار ۱- روند تغییرات تنوع ژنتیکی افزایشی نمره سلول‌های بدنی در ماه‌های مختلف شیردهی

نسل بعد نیست. با وجود وراثت پذیری اندک برای صفت مزبور، به لحاظ نظری امکان بهبود ژنتیکی در سطح گله‌ها وجود دارد که این امر از طریق استفاده از اسپرم گاوهای نر پروف شده‌ای^۱ که بر اساس تعداد دختران بسیار بالا ارزیابی شده‌اند، می‌تواند امکان‌پذیر باشد. صحت ارزیابی ژنتیکی گاوها را می‌توان از طریق وارد کردن اطلاعات مربوط به نشان‌گرهای مولکول دی‌اکسی‌ریبونوکلئیک اسید^۲ (چند شکلی تک نوکلئوتیدها^۳) افزایش داد (۱۲). بدین لحاظ، اخیراً ارزیابی ژنومیک^۴ در کشورهایی نظیر آمریکای شمالی و نیوزلند مورد استفاده قرار گرفته است و ارزش اصلاحی ژنومیک^۵ را برای گاوهای تازه متولد شده پیش‌بینی می‌نمایند (۱۲).

کواریانس ژنتیکی بین ماه‌های شیردهی با افزایش فاصله بین آنها کاهش پیدا نمود. به عنوان مثال، کواریانس ژنتیکی بین ماه دوم و سوم (۰/۰۴۰۸) از کواریانس بین ماه دوم و هفتم (۰/۲۸۹) بیشتر بود. این امر می‌تواند بیانگر این واقعیت است که همبستگی ژنتیکی نمره سلول‌های بدنی بین ماه‌های مختلف شیردهی در طول دوره شیردهی متفاوت است.

هایل ماریام و همکاران (۱۰)، وراثت‌پذیری نمره سلول‌های بدنی در نیمه اول را بین ۰/۰۵ - ۰/۰۴ و در نیمه دوم شیردهی بین ۰/۱۳ - ۰/۱۱ و میانگین وراثت‌پذیری در مدل حیوانی با تابعیت تصادفی را ۰/۰۹ گزارش کردند. همچنین همبستگی ژنتیکی بین SCC را در نیمه اول شیردهی بالا و نزدیک به ۱ و بین ماه اول و آخر شیردهی پائین و در حدود ۰/۳ گزارش کردند. وراثت‌پذیری نمره سلول‌های بدنی از ابتدای شیردهی به طرف انتهای آن روند تقریباً صعودی داشت که با نتایج سایر تحقیقات (۵)، مطابقت دارد. از آنجائیکه یکی از اجزای مهم اثر گذار بر صحت ارزیابی ژنتیکی حیوانات، وراثت‌پذیری صفت می‌باشد لذا می‌توان نتیجه‌گیری نمود انتخاب ژنتیکی گاوها بر اساس ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده نمره سلول‌های آنها در ماه دوم شیردهی، از صحت ارزیابی بالایی برخوردار نخواهد بود.

در عمده تحقیقات انجام شده (۵، ۶، ۷، ۱۰، ۱۴، ۱۷، ۱۸ و ۲۲) بر روی صفت نمره سلول‌های بدنی، وراثت‌پذیری صفت مزبور بسیار پائین است که با نتایج تحقیق حاضر در تطابق می‌باشد. از این رو می‌توان گفت بخش عمده‌ی تنوع فنوتیپی در بین حیوانات جمعیت تحت مطالعه به دلیل تنوع محیطی است. بنابراین به منظور کاهش نمره سلول‌های بدنی در شیر تولید شده توسط گاو، بهبود سطح بهداشت گله‌ها و تأمین جایگاه مناسب برای دام از اولویت برخوردار است. بهبود فوق، محیطی محسوب می‌گردد و لذا قابل انتقال به

- 1- Proven sire
- 2- DNA marker
- 3- Single nucleotide polymorphism (SNP)
- 4- Genomic evaluation
- 5- Genomic breeding value (GEBV)

جدول ۱ - برآورد وراثت پذیری (عناصر قطری)، همبستگی های ژنتیکی (عناصر زیر قطر) و همبستگی محیط دائمی (عناصر بالای قطر) بین ماه های مختلف شیردهی

ماه شیردهی	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰
۱	۰/۰۳۹	۰/۸۲۷	۰/۶۱۰	۰/۴۸۳	۰/۴۱۳	۰/۳۷۱	۰/۳۴۹	۰/۳۵۰	۰/۳۷۶	۰/۴۱۲
۲	۰/۷۸۸	۰/۰۳۰	۰/۹۴۵	۰/۸۶۵	۰/۷۷۳	۰/۶۶۲	۰/۵۵۱	۰/۴۷۷	۰/۴۷۵	۰/۵۵۴
۳	۰/۴۹۳	۰/۹۲۱	۰/۰۳۳	۰/۹۷۶	۰/۹۱۰	۰/۷۹۹	۰/۶۶۹	۰/۵۷۱	۰/۵۴۶	۰/۳۱۰
۴	۰/۳۳۳	۰/۸۲۶	۰/۹۷۷	۰/۰۳۵	۰/۹۷۵	۰/۸۹۶	۰/۷۸۴	۰/۶۸۸	۰/۶۴۸	۰/۶۶۹
۵	۰/۲۶۲	۰/۷۴۸	۰/۹۲۶	۰/۹۸۳	۰/۰۳۵	۰/۹۷۱	۰/۸۹۷	۰/۸۱۹	۰/۷۷۱	۰/۷۳۸
۶	۰/۲۳۴	۰/۶۷۱	۰/۸۵۰	۰/۹۲۹	۰/۹۸۱	۰/۰۳۵	۰/۹۷۶	۰/۹۲۷	۰/۸۷۹	۰/۷۹۷
۷	۰/۲۲۲	۰/۵۹۹	۰/۷۶۶	۰/۸۶۰	۰/۹۳۷	۰/۹۸۷	۰/۰۳۷	۰/۹۸۵	۰/۹۴۸	۰/۸۳۶
۸	۰/۲۰۶	۰/۵۵۸	۰/۷۲۳	۰/۸۲۳	۰/۹۱۱	۰/۹۷۴	۰/۹۹۸	۰/۰۴۱	۰/۹۸۴	۰/۸۷۵
۹	۰/۱۶۷	۰/۵۶۵	۰/۷۵۲	۰/۸۵۵	۰/۹۳۶	۰/۹۸۶	۰/۹۹۸	۰/۹۹۶	۰/۰۴۹	۰/۹۴۰
۱۰	۰/۰۹۴	۰/۵۹۵	۰/۸۲۵	۰/۹۲۴	۰/۹۷۷	۰/۹۸۸	۰/۹۶۵	۰/۹۵۰	۰/۹۷۳	۰/۰۶۸

کل ارزش اصلاحی پیش بینی شده در کل سال های زایش برابر با ۰/۰۰۲۰۲ - با انحراف معیار ۰/۰۸۸۷۹ بود. بیشترین و کمترین میانگین ارزش اصلاحی به ترتیب مربوط به سال های ۱۳۸۲ و ۱۳۸۱ بود.

در تحقیق حاضر نمره سلول های بدنی بر اساس یک مدل روز آزمون با تابعیت ثابت^۳ نیز آنالیز گردید که میانگین ارزش اصلاحی پیش بینی شده گاوها (بر اساس پارامتر عرض از مبدأ تابع لژاندر) برابر با ۰/۰۰۰۸۳ بود. براساس آزمون مقایسات جفت شده بین میانگین ارزش اصلاحی دو مدل تابعیت تصادفی و ثابت اختلاف معنی دار آماری وجود داشت ($P < 0.05$). با فرض اینکه مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی نسبت به مدل روز آزمون با تابعیت ثابت از دقت بیشتر برخوردار است، می توان نتیجه گرفت هنگامی که ارزیابی ژنتیکی گاوها برای صفت نمره سلول های بدنی انجام می شود لازم است از مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی استفاده نمود که این امر منجر به افزایش صحت ارزیابی ژنتیکی حیوانات نسبت به مدل روز آزمون با تابعیت ثابت خواهد شد.

ضریب تابعیت متوسط ارزش اصلاحی گاوها بر سال زایش (برآورد روند ژنتیکی) ۰/۰۰۱۲۵ - برآورد شد که از لحاظ آماری معنی دار نبود. معنی دار نبودن روند ژنتیکی نشان دهنده این واقعیت است که در طی سال های ۸۱ تا ۸۵ هیچگونه پیشرفت ژنتیکی قابل ملاحظه ای به منظور کاهش وقوع ورم پستان در گله های تحت پوشش رکوردگیری، وجود نداشت. این امر می تواند به دلیل آن باشد که در گله های تحت مطالعه، فشار انتخاب عمدتاً بر روی افزایش تولید شیر است و لذا صفت نمره سلول های بدنی در برنامه ارزیابی ژنتیکی گاوها مورد توجه قرار نگرفته باشد. لذا پیشنهاد می گردد صفت مزبور در برنامه ارزیابی ژنتیکی گاوهای هلستاین ایران با استفاده از مدل های حیوانی چند متغیره همراه با صفت تولید شیر مورد بررسی قرار گیرد.

بیشترین همبستگی ژنتیکی افزایشی بین ماه هفتم و هشتم و بین هفتم و نهم (۰/۹۹۸) و کمترین آن بین ماه اول و دهم شیردهی (۰/۰۹۴) بود. همبستگی ژنتیکی بین ماه های شیردهی با افزایش فاصله بین آنها به تدریج کاهش یافت بطوریکه همبستگی ژنتیکی بین ماه اول و دوم (۰/۷۷۸) از همبستگی بین ماه اول و دهم (۰/۰۹۴) بیشتر بود که نشان می دهد وقتی فاصله بین ماه های شیردهی افزایش می یابد کواریانس ژنتیکی بین آنها کاهش یافته و همبستگی ژنتیکی نیز کم می شود. همبستگی ژنتیکی بین ماه های شیردهی کمتر از یک بود که نشان می دهد تظاهر فنوتیپی نمره سلول های بدنی در ماه های مختلف شیردهی، تحت تأثیر بیان ژن های متفاوت قرار دارد.

بیشترین همبستگی بین ارزش های اصلاحی بین ماه هفتم و هشتم (۰/۹۹۹)، بین ماه هفتم و نهم (۰/۹۹۹) و بین ماه هشتم و نهم شیردهی (۰/۹۹۹) و کمترین همبستگی ها بین ماه های اول و دهم (۰/۲۰۲) بود (جدول ۲). روند تغییرات همبستگی ها از بالا به پایین و با افزایش فاصله بین دو ماه کاهش یافت و بین ماه های نزدیکتر به هم همبستگی ها بیشتر بود. می توان برای محاسبه ارزش اصلاحی حیوان در ماه های انتهایی شیردهی از مدل تابعیت^۱ استفاده نمود. با این وجود باید توجه داشت که با کاهش همبستگی بین ارزش های اصلاحی، مقدار ضریب تبیین^۲ مدل کاهش و در نتیجه آن دقت پیش بینی کمتر می گردد. نتایج این تحقیق نشان داد که ماه های نیمه دوم شیر دهی (ماه ۵ تا ۱۰) از میانگین ارزش اصلاحی بالاتری نسبت به ماه های نیمه اول شیر دهی (ماه ۱ تا ۵) برخوردار بودند.

میانگین ارزش اصلاحی پیش بینی شده برای نمره سلول های بدنی به ازای سال زایش در جدول ۳ ارائه گردیده است. بر اساس میانگین های مزبور در سال زایش روند ژنتیکی محاسبه شد. میانگین

1- Regression model

2- Coefficient of determination

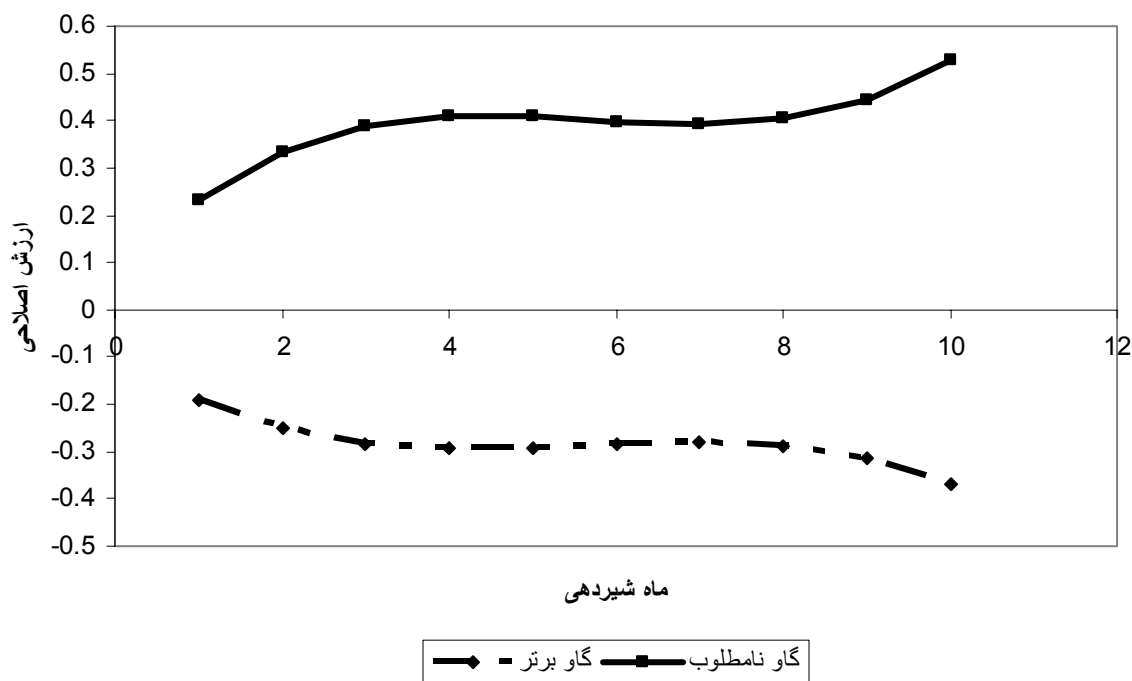
3- Fixed regression test day model

جدول ۲ - همبستگی بین ارزش اصلاحی پیش بینی شده بین ماه های مختلف شیردهی

ماه شیردهی	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰
۱	۱									
۲	۰/۷۸۷	۱								
۳	۰/۵۴۰	۰/۹۴۳	۱							
۴	۰/۴۰۵	۰/۸۷۶	۰/۹۸۵	۱						
۵	۰/۳۳۴	۰/۸۲۵	۰/۹۵۹	۰/۹۹۲	۱					
۶	۰/۲۹۷	۰/۷۸۱	۰/۹۲۶	۰/۹۷۲	۰/۹۳۳	۱				
۷	۰/۲۷۵	۰/۷۴۵	۰/۸۹۳	۰/۹۴۷	۰/۹۷۸	۰/۹۹۶	۱			
۸	۰/۲۵۷	۰/۷۲۲	۰/۸۷۴	۰/۹۳۳	۰/۹۶۹	۰/۹۹۱	۰/۹۹۹	۱		
۹	۰/۲۳۵	۰/۷۲۱	۰/۸۸۲	۰/۹۴۲	۰/۹۷۶	۰/۹۹۴	۰/۹۹۹	۰/۹۹۹	۱	
۱۰	۰/۲۰۲	۰/۷۲۹	۰/۹۰۳	۰/۹۶۲	۰/۹۸۸	۰/۹۹۵	۰/۹۸۹	۰/۹۸۴	۰/۹۹۲	۱

جدول ۳ - میانگین ارزش اصلاحی پیش بینی شده برای نمره سلول های بدنی به ازای سال زایش

سال زایش	تعداد گاو	حداقل	حداکثر	میانگین	انحراف معیار
۱۳۸۱	۳۴۵	-۰/۲۶۴۶۲	-۰/۲۳۸۶۶	-۰/۰۰۵۹۳	۰/۰۹۵۹۲
۱۳۸۲	۲۲۷۶	-۰/۲۶۹۲۷	-۰/۳۰۶۴۴	۰/۰۰۵۵۳	۰/۰۷۹۶۶
۱۳۸۳	۴۱۲۲	-۰/۲۸۲۴۴	-۰/۳۹۴۴۴	۰/۰۰۳۱۴	۰/۰۹۶۴۰
۱۳۸۴	۵۷۸۴	-۰/۲۸۴۶۴	-۰/۳۸۰۰۱	۰/۰۰۲۰۱	۰/۰۸۸۸۶
۱۳۸۵	۱۴۵۰	-۰/۲۵۲۰۹	-۰/۲۷۳۶۳	-۰/۰۰۴۷۹	۰/۰۷۶۶۱
کل	۱۳۹۷۷	-۰/۲۸۴۶۴	-۰/۳۹۴۴۴	-۰/۰۰۲۰۲	۰/۰۸۸۷۹



نمودار ۲ - مقایسه شکل منحنی ژنتیکی برای نمره سلول های بدنی دو گاو برتر و نامطلوب

در تحقیقات آینده بر روی سلول های بدنی اثر متقابل فوق نیز مورد بررسی قرار داده شود. گرچه در تحقیق حاضر، از رکوردهای گاوهای هلشتاین شکم اول استفاده گردید اما با توجه به پائین بودن وراثت پذیری صفت نمره سلول های بدنی در صورتی که از رکورد نوبت های دیگر شیردهی گاوها نیز در ارزیابی ژنتیکی آنها استفاده شود صحت انتخاب گاوهای نر را می توان بدلیل افزایش اطلاعات مورد استفاده برای آنها افزایش داد. بدین منظور لازم است سایر سازه های محیطی نظیر راهبردهای مدیریتی اعمال شده در دوره خشکی گاو را که ثابت شده است اثر معنی داری بر شمارش سلول های بدنی در ابتدای دوره شیردهی بعدی حیوان دارند (۸)، را نیز در مدل آماری (به صورت متغیر کمکی یا گروه بندی شده) وارد کرد.

تشکر و قدردانی

داده های مورد استفاده در این تحقیق، توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور وابسته به وزارت جهاد کشاورزی تأمین گردید. بدین وسیله از مسئولین محترم مرکز فوق، صمیمانه تشکر و قدردانی می شود.

در نمودار ۲ تغییرات ارزش اصلاحی پیش بینی شده نمره سلول های بدنی در ماه های مختلف شیردهی دو گاو را که متوسط ارزش اصلاحی ۱۰ ماه شیر دهی آنها بالاتر و پایین تر از صفر بود، نشان می دهد. در حقیقت نمودار مزبور نشان دهنده شکل منحنی ژنتیکی دو گاو مورد نظر است. از آنجائی که هر چه تعداد سلول های بدنی در میلی لیتر شیر تولیدی بیشتر باشد، گاو مربوطه مستعدتر به بیماری ورم پستان می باشد بهتر است که در موقع انتخاب ژنتیکی گاو انتخاب گردد که ارزش اصلاحی پائین تری برای صفت مزبور داشته باشد. بر اساس نمودار مزبور، مشاهده می گردد که تا چه اندازه بین ارزش اصلاحی گاوهای ممتاز و گاوهایی که به لحاظ صفت نمره سلول های بدنی در حد مطلوب نیستند، می تواند تفاوت وجود داشته باشد. تغییرات ارزش اصلاحی هر یک از گاوهای مزبور، گذشته از سازه های محیطی مؤثر بر صفت، تابع تغییرات وراثت پذیری نمره سلول های بدنی در طول دوره شیردهی نیز می باشد.

برای کاهش نمره سلول های بدنی در سطح یک گله، سازه های مدیریتی و انتخاب ژنتیکی را می توان مورد استفاده قرار داد بطوریکه وجود هر گونه اثر احتمالی متقابل بین ژنوتیپ و محیط نشان خواهد داد که هر دو سازه مزبور را باید برای بررسی اهمیت نسبی هر کدام از آنها به طور همزمان مورد ارزیابی قرار داد (۵). لذا پیشنهاد می گردد

منابع

- ۱- قراگوزلو، ف. و م. وجگانی. ۱۳۸۳. پیروزی در مبارزه علیه ورم پستان. انتشارات شرکت گسترش صنایع خدمات کشاورزی.
- ۲- مقدس زاده اهرابی، س. ۱۳۸۱. بررسی پتانسیل ژنتیکی یک گله گاو هلشتاین با استفاده از رکوردهای روز آزمون و مدل رگرسیون تصادفی. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه زنجان.
- ۳- مهربان، ح. ۱۳۸۵. کاربرد مدل تابعیت تصادفی در پیش بینی ارزش اصلاحی و برآورد روند ژنتیکی تولید شیر در گاوهای نژاد هلشتاین مزرعه نمونه آستان قدس رضوی مشهد. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه زابل.
- 4- Ali, T. E., and L. R. Schaeffer. 1987. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. *Canadian J. Anim. Sci.* 67: 637-644.
- 5- Calus, M. P. L., L. L. G. Janss, and R. F. Veerkamp. 2006. Genotype by environment interaction for somatic cell score across bulk milk somatic cell count and days in milk. *J. Dairy Sci.* 89: 4846-4857.
- 6- Carlen, E., E. Estrandberg, and A. Roth. 2004. Genetic parameters for clinical mastitis somatic cell score and production in the first three lactations of Swedish Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 87: 3062-3070.
- 7- Chrystal, M. A., A. J. Seykora, L. B. Honsen, A. E. Freeman, D. H. Kelley, and M. H. Healey. 2001. Heritability of teat-end shape and the relationship of teat-end shape with somatic cell score for an experimental herd of cows. *J. Dairy Sci.* 84: 2549-2554.
- 8- Green, M. J., A. J. Bradleg, G. F. Medleg, and W. J. Browne. 2008. Cow, farm, and herd management factors in the dry period associated with raised somatic cell count in early lactation. *J. Dairy Sci.* 91: 1403-1415.
- 9- Hagnestam-Nielsen, C., U. Emanuelson, B. Berglund, and E. Standberg. 2009. Relationship between somatic cell count and milk yield in different stages of lactation. *J. Dairy Sci.* 92: 3124-3133.
- 10- Haile-Mariam, M., M. E. Goddard, and P. J. Bowman. 2001. Estimates of genetic parameters for dairy somatic cell count of Australian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 84: 1255-1264.
- 11- Haskell, M. J., F. M. Longford, M. C. Jack, L. Sherwood, A. B. Lawrence, and K. M. D. Rutherford. 2009. The effect of organic status and management practices on somatic cell counts on UK dairy farms. *J. Dairy Sci.* 92: 3775-3780.
- 12- Hayes, B. J., P. J. Bowman, A. J. Chamberlain, and M. E. Goddard. 2009. Invited review: Genomic selection in

- dairy cattle: Progress and challenges. *J. Dairy Sci.* 92: 433-443.
- 13-Jamrozik, J., and L. R. Schaeffer. 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for production of traits of first location Holstein. *J. Dairy Sci.* 80: 762-770.
- 14-Kadarmideen, H. N. 2004. Genetic correlations among body condition score, somatic cell score, milk production fertility conformation traits in Dairy cows. *J. Anim Sci.* 79: 191-201.
- 15-Kettunen, A., E. A. Mantysaari, and J. Poso. 2000. Estimation of genetic parameters for daily milk yield of primiparous Ayrshire cows by random regression test-day. *Livest. Prod. Sci.* 66: 251-261.
- 16-Odegard, J., B. Heringstad, and G. Kelemetsdal. 2004. Short communication: Bivariate genetic analysis of clinical mastitis and somatic cell count in Norwegian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 87: 3515-3517.
- 17-Pander, B. L., R. Thompson, and W. G. Hill. 1993. The effect of increasing the interval between recordings on genetic parameters of test day yield of British Holstein – Friesian heifers. *Anim. Prod.* 56: 156-164.
- 18-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. *J. Dairy Sci.* 78: 2847-2857.
- 19-Schutz, M. M. 1994. Genetic of evaluation of somatic cell score for United States dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 77: 2113-2129.
- 20-Sewalen, A., F. Miglior, G. J. Kistemaker, and B. J. Van Doormaal. 2006. Analysis of the relationship between somatic cell score and functional longevity in Canadian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 89: 3602-3614.
- 21-Vargas, B., E. Perez, and J. A. M. Van Arendonk. 1998. Analysis of test day yield data of Casta Rican dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 81: 255-263.
- 22-Zhang, W. C., J. C. M. Dekkers, G. Banos, and E. B. Burnside. 1994. Adjustment factors and genetic evaluation for somatic cell score and relationships with other traits of Canadian Holstein. *J. Dairy Sci.* 77: 659-665.