

برآورد پارامترهای ژنتیکی نمره سلول‌های سوماتیک شیر در بزهای موریانا-گرانادینا با

مدل‌های تابعیت تصادفی بی‌اسپلین

^۱ دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جیرفت.

^۲ استاد گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان.

^۳ کارشناس مجتمع پرورش بز شیری موریانا-قلعه گنج، شرکت کشاورزی و دامپروری فجر اصفهان.

¹ Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Jiroft.

² Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman.

³ Ghale-Ganj dairy farm, Fajr Isfahan Agricultural and Livestock Company

نویسنده مسئول: Email: msmokhtari@ujiroft.ac.ir

چکیده

سابقه و هدف: در بزهای شیری شمار سلول‌های سوماتیک شیر به صورت رکوردهای روزآزمون جمع‌آوری می‌شوند و به عنوان یک شاخص قابل اعتماد برای تشخیص زودهنگام بیماری‌های پستان و وضعیت سلامت غدد پستانی در نظر گرفته می‌شوند. بهبود قابلیت ژنتیکی بزهای شیری نیازمند انتخاب مدل مناسب و روش کارآمد ارزیابی ژنتیکی تولید شیر و ترکیبات آن است. مدل‌های تابعیت تصادفی به دلیل داشتن مزایای زیاد از جمله امکان نظر گرفتن تغییرات مرتبط با اثرات محیطی تأثیرگذار بر رکوردهای روزآزمون، امکان در نظر گرفتن حجم زیادی از رکوردها و نیز برآوردهای صحیح‌تر پارامترهای ژنتیکی در تجزیه و تحلیل صفات تکرارپذیر طی زمان، مانند نمره سلول‌های سوماتیک شیر، بر دیگر مدل‌ها مانند مدل تکرارپذیری و مدل چند صفتی برتری دارند. بنابراین، هدف پژوهش حاضر برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی نمره سلول‌های سوماتیک شیر در اولین دوره شیردهی بزهای موریانا-گرانادینا در ایران با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی تحت تابع بی‌اسپلین بود.

مواد و روش‌ها: در این پژوهش، از ۷۰۸۹ رکورد روز آزمون شمار سلول‌های سوماتیک شیر در نخستین دوره شیردهی ۲۴۳۲ راس بز نژاد موریانا-گرانادینا استفاده شد که طی سال‌های ۱۳۹۶ تا ۱۴۰۳ در مجتمع پرورش بز شیری موریانا شهرستان قلعه گنج جمع‌آوری شده بودند. برای برآورد پارامترهای ژنتیکی از مدل‌های تابعیت تصادفی بی‌اسپلین استفاده شد و مدل‌ها در سه حالت خطی، درجه ۲ و درجه ۳ و نیز با در نظر گرفتن ۳ تا ۶ گره با فواصل مساوی، برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی برازش شدند. واریانس باقی‌مانده نیز به دو صورت همگن و ناهمگن در نظر گرفته شد. مدل‌های برازش شده با استفاده از معیار اطلاع آکائیک و معیار اطلاع بیزی با هم مقایسه شدند.

یافته‌ها: وراثت‌پذیری از ۰/۱۱ در روز ۵ دوره شیردهی با نوساناتی به ۰/۰۴ در روز ۱۸۵ دوره شیردهی کاهش یافت و سپس تا پایان دوره شیردهی با روند افزایشی و نوساناتی به ۰/۱۲ در روز ۲۶۵ دوره شیردهی رسید. مقادیر برآورد شده نسبت واریانس محیط دائمی به واریانس فنوتیپی نیز کم بودند و طی دوره شیردهی نوسانات نسبتاً بیشتری را در مقایسه با وراثت‌پذیری داشتند به گونه‌ای که از ۰/۰۹ در روز ۵ شیردهی به ۰/۱۴ در روز ۲۶۵ شیردهی رسید. مقادیر برآورد شده همبستگی‌های ژنتیکی بین روز آزمون‌های مختلف بیشتر از همبستگی‌های

فوتویی بودند. به علاوه، مقادیر همبستگی‌های ژنتیکی بین روزهای نزدیک به هم بیشتر و بین روزهای دور از هم کمتر برآورد شدند. همبستگی‌های ژنتیکی از ۰/۳۸ بین روز ۵ و روز ۲۶۵ دوره شیردهی تا ۰/۹۸ بین روز ۷۰ و روز ۱۳۷ دوره شیردهی متغیر بودند. درحالی که همبستگی‌های فوتویی از ۰/۰۴ بین روزهای ۵ و ۱۳۷ دوره شیردهی تا ۰/۰۷ بین روزهای ۷۰ و ۲۶۵ و روزهای ۱۳۷ تا ۲۶۵ دوره شیردهی متغیر بودند.

نتیجه‌گیری: نتایج حاصل از این پژوهش نشان می‌دهد که انتخاب مستقیم برای بهبود ژنتیکی این صفت کارآمد نیست و بهبود عملکرد بزهای مورسیانا-گرانادینا از حیث صفت شمار سلول‌های سوماتیک شیر نیازمند استفاده از انتخاب غیرمستقیم به کمک صفات همبسته با وراثت پذیری بالا و بهبود شرایط محیطی و مدیریتی به ویژه بهداشت آنها در مراحل مختلف دوره شیردهی است.

واژه‌های کلیدی: تابع بی‌اسپلین، رکورد روز آزمون، شمار سلول‌های سوماتیک، وراثت پذیری، همبستگی ژنتیکی

مقدمه

شمار سلول‌های سوماتیک شیر یک شاخص قابل اعتماد برای تشخیص زودهنگام بیماری ورم پستان و وضعیت سلامت غدد پستانی است (Olechnowicz و Jaskowski، ۲۰۱۲) که عمدتاً نشان‌دهنده تعداد نوتروفیل‌هایی است که در پاسخ به بروز عفونت، از خون به غده پستانی مهاجرت می‌کنند (Rupp و همکاران، ۲۰۱۱). از این رو، بالا بودن شمار سلول‌های سوماتیک شیر اغلب به معنای وجود ورم پستان (التهاب غده پستانی ناشی از عفونت) است. ورم پستان شایع‌ترین علت حذف دام‌های شیری به دلایل بهداشتی است (Marogna و همکاران، ۲۰۱۲). تشخیص زودهنگام ورم پستان، با استفاده از شمار سلول‌های سوماتیک شیر، می‌تواند در مدیریت و درمان این بیماری مؤثر باشد و با بهبود رفاه دام و کیفیت شیر تولیدی را نیز بهبود بدهد (Podhorecka و همکاران، ۲۰۲۱؛ Smistad و همکاران، ۲۰۲۴). مقدار بالای شمار سلول‌های سوماتیک شیر با تغییر در ترکیب شیر بر طعم و ویژگی‌های فرآوری آن تأثیر منفی می‌گذارد (Rychtarova و همکاران، ۲۰۲۳). به علاوه، پایین نگه داشتن شمار سلول‌های سوماتیک شیر از نظر اقتصادی نیز برای دامداران سودمند است زیرا مقدار بالای آن در شیر، سبب قیمت گذاری کمتر شیر خواهد شد (Rychtarova و همکاران، ۲۰۲۳). از این رو، پایش منظم شمار سلول‌های سوماتیک شیر، علاوه بر کمک به بهبود سلامت دام‌های شیری به تولید شیر با کیفیت و پایداری اقتصادی فعالیت‌های دامپروری نیز کمک خواهد کرد. در دام‌های اهلی مانند بزهای شیری صفات تولید شیر و ترکیبات آن مانند شمار سلول‌های سوماتیک شیر به صورت رکوردهای روز آزمون

جمع آوری می‌شوند. این رکوردها در فواصل زمانی مختلفی پس از زایش تا پایان دوره شیردهی، به صورت روزانه جمع آوری و ثبت می‌شوند.

بهبود قابلیت ژنتیکی بزهای شیری نیازمند انتخاب مدل مناسب و روش کارآمد ارزیابی ژنتیکی صفات تولید شیر و ترکیبات آن است (Upadhyay و همکاران، ۲۰۲۴). مدل تابعیت تصادفی به دلیل داشتن مزایای متعدد از جمله امکان در نظر گرفتن تغییرات مرتبط با اثرات محیطی تاثیرگذار بر رکوردهای روزآزمون (Upadhyay و همکاران، ۲۰۲۴)، امکان در نظر گرفتن حجم زیادی از رکوردها و نیز برآوردهای صحیح‌تر پارامترهای ژنتیکی (Silva و همکاران، ۲۰۱۳) در ارزیابی ژنتیکی صفات تکرارپذیر طی زمان بر دیگر مدل‌ها مانند تکرارپذیری و چندصفه‌ای برتری دارند. این ویژگی‌ها، مدل‌های تابعیت تصادفی را به ابزاری قدرتمند در ارزیابی و انتخاب ژنتیکی دام برای صفات دارای داده‌های تکرار شونده در طی زمان مانند شمار سلول‌های سوماتیک شیر تبدیل می‌کند و در نهایت به توسعه برنامه‌های اصلاح نژادی کارآمدتر و مؤثرتر برای بهبود این صفات کمک خواهد کرد. برای توصیف کواریانس بین رکوردهای اندازه‌گیری شده در زمان‌های مختلف تحت مدل‌های تابعیت تصادفی، به توابع کواریانس نیاز است (Meyer و Hill، ۱۹۹۷). تابع کواریانس، تابع پیوسته‌ای است که واریانس و کواریانس صفات اندازه‌گیری شده را در نقاط مختلف زمانی پیش‌بینی می‌کند. هرچند از این تابع برای توصیف ساختار کواریانس فنوتیپی نیز استفاده می‌شود اما اصولاً برای هر نوع اثر تصادفی مؤثر بر تنوع مشاهدات، به کار می‌رود. در اصلاح دام از تابع کواریانس عمدتاً برای در نظر گرفتن ساختار کواریانس ژنتیکی استفاده می‌شود. در این روش، ساختار واریانس-کواریانس بین دو اندازه تکرار شده براساس تابعی تعریف می‌شود که به زمان بین دو اندازه‌گیری بستگی دارد (Van der Werf و همکاران، ۱۹۹۸). از جمله معروفترین توابع کواریانس مورد استفاده در مدل‌های تابعیت تصادفی، توابع بی‌اسپلین (Meyer، ۲۰۰۵) هستند.

نژاد بز مورسیانا-گرانادینا یکی از مهم‌ترین نژادهای بز شیری در اسپانیا است و به‌طور گسترده در کشورهای مختلف دنیا پراکنده شده است (Miranda-Alejo و همکاران، ۲۰۱۹). در سال ۱۳۹۵، بخش خصوصی این نژاد را از اسپانیا به منطقه جنوبی ایران، استان کرمان، شهرستان قلعه گنج، وارد کرد. این اقدام با هدف بهبود کارایی پرورش بز در گله‌های بومی منطقه از طریق توزیع مولدهای نر و ماده به این گله‌ها، تولید شیر در سامانه پرورش صنعتی و ایجاد صنایع شیری مرتبط در منطقه انجام شد.

آگاهی از پارامترهای ژنتیکی صفات مهم و اقتصادی مانند شمار سلول‌های سوماتیک شیر، به‌عنوان شاخصی از سلامت پستان و کیفیت شیر، در بزهای مورسیانا-گرانادینا برای تدوین یک برنامه پرورشی کارآمد در این نژاد ضروری است. در پژوهشی پارامترهای ژنتیکی نمره سلول‌های سوماتیک شیر در بزهای مورسیانا-گرانادینا با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی و توابع چندجمله‌ای‌های لژاندر گزارش شد (Mokhtari و همکاران، ۲۰۲۵). این پژوهشگران وراثت پذیری نمره سلول‌های سوماتیک شیر در بز مورسیانا-گرانادینا را از ۰/۰۳ در روز ۱۵۵ شیردهی تا ۰/۱۱ در روز ۳۵ شیردهی و نیز همبستگی‌های ژنتیکی را از ۰/۳۶ بین روزآزمون‌های ۱۳۷ و ۲۷۵ تا ۰/۹۷ بین روزآزمون‌های ۷۰ و ۱۳۷ برآورد کردند. Arnal و همکاران (۲۰۲۰) با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی تحت تابع لژاندر، میانگین وراثت پذیری نمره سلول‌های سوماتیک شیر در بزهای آلپاین فرانسوی را ۰/۱۵ گزارش کردند. Jimenez-Granado و همکاران (۲۰۲۲) میانگین وراثت پذیری رکوردهای روز آزمون نمره سلول‌های سوماتیک شیر بزهای فلوریدا را در دوره شیردهی نخست ۰/۲۴۵ و در دوره شیردهی دوم ۰/۳۶۵ گزارش کردند که مقادیر نسبتاً بالایی هستند. بنابراین، پژوهش کنونی با هدف برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی شمار سلول‌های سوماتیک شیر در اولین دوره شیردهی بزهای مورسیانا-گرانادینا در ایران با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی و تحت توابع بی‌اسپلین انجام شد.

مواد و روشها

اطلاعات شجره‌ای

از اطلاعات شجره‌ای ۳۳۸۵۸ رأس بز مورسیانا-گرانادینا مربوط به ۹۲۰ رأس نر و ۱۰۷۶۹ رأس ماده استفاده شد. بررسی شجره، شناسایی خطاهای آن و نیز آماده کردن فایل شجره با نرم افزار CFC (Sargolzaei و همکاران، ۲۰۰۶) انجام شد. ساختار شجره جمعیت مورد بررسی بز مورسیانا-گرانادینا در جدول ۱ ارائه شده است. افراد با هر دو والد شناخته شده، هر دو والد ناشناخته و یک والد ناشناخته به ترتیب ۸۹/۸۱، ۹/۵۶ و ۰/۶۳ درصد کل شجره را تشکیل دادند. به علاوه، ۶۷/۹۳ درصد افراد بدون فرزند و مابقی، ۳۲/۰۷ درصد، دارای فرزند بودند.

جدول ۱- ساختار شجره‌ای جمعیت بز مورسیانا-گرانادینا

Table 1- Pedigree structure of the population of the Murciano-Granadina goat

تعداد	مورد
Numbers	Item
35121	کل افراد Total individuals
2484	افراد همخون Inbred individuals
937	نرها Sires
11328	ماده ها Dams
11265	افراد دارای فرزند Individuals with progeny
22856	افراد بدون فرزند Individuals without progeny
3358	پایه گذاران Founders
31543	افراد با دو والد شناخته شده Individuals with both known parents
220	افراد با یک والد ناشناخته Individuals with one known parent
0.29	میانگین ضریب همخونی در همه افراد (درصد) Average inbreeding coefficient in all individuals (%)
4.07	میانگین ضریب همخونی در افراد همخون (درصد) Average inbreeding coefficient in inbred individuals (%)
31.25	بیشینه ضریب همخونی (درصد) Maximum inbreeding coefficient (%)
0.09	کمینه ضریب همخونی (درصد) Minimum inbreeding coefficient (%)

رکوردهای روز آزمون و ویرایش آنها

از ۷۰۸۹ رکورد روز آزمون شمار سلول‌های سوماتیک شیر نخستین دوره شیردهی ۲۴۳۲ راس بز نژاد موریانا-گرانادینا استفاده شد که طی سال‌های ۱۳۹۶ تا ۱۴۰۳ در مجتمع پرورش بز شیری موریانا شهرستان قلعه گنج، استان کرمان، وابسته به شرکت کشاورزی و دامپروری فجر اصفهان، زیر مجموعه هولدینگ کشاورزی و دامپروری فردوس پارس، جمع آوری شده بودند. برای ویرایش داده‌ها روزهای شیردهی بین ۵ تا ۲۶۵ روز، فاصله بین دو رکورد متوالی حدود ۳۰ روز، حداقل و حداکثر تعداد رکوردهای روز آزمون هر بز به ترتیب ۳ و ۹ در نظر گرفته شدند. از نرم افزار FoxPro برای ویرایش داده‌ها استفاده شد. رکوردهای روز آزمون شمار سلول‌های سوماتیک شیر (SCC) چولگی به راست دارند. بنابراین، برای به دست آوردن رکوردهایی با توزیع نرمال، رکوردهای روز آزمون شمار سلول‌های سوماتیک با استفاده از رابطه زیر به نمره سلول‌های سوماتیک (SCS) تبدیل شدند (Valencia-Posadas و همکاران، ۲۰۲۲):

$$SCS = \log_2 \left(\frac{SCC}{100000} \right) + 3$$

رکوردهای روز آزمون نمره سلول‌های سوماتیک شیر توزیع نرمال دارند. اطلاعات بیشتر در مورد آمار توصیفی نمره سلول‌های سوماتیک شیر، با استفاده از رکوردهای روز آزمون ویرایش شده این صفات، توسط Mokhtari و همکاران (۲۰۲۵) ارائه شده است.

برآورد پارامترهای ژنتیکی

برای برآورد پارامترهای ژنتیکی از یک مدل تک صفتی تابعیت تصادفی استفاده شد. آرایش ماتریسی مدل استفاده شده به صورت زیر است:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X} \mathbf{b} + \mathbf{Z} \mathbf{a} + \mathbf{W} \mathbf{c} + \mathbf{e}$$

در مدل فوق، $\mathbf{y}$ بردار رکوردهای روز آزمون نمره سلول‌های سوماتیک شیر است. $\mathbf{b}$ بردار اثرات ثابت و ضرایب مربوط حاصل از رگرسیون به ماتریس $\mathbf{X}$ ، بردار $\mathbf{a}$ ضرایب مرتبط کننده تابعیت تصادفی اثرات ژنتیکی افزایشی به ماتریس $\mathbf{Z}$ ، $\mathbf{c}$ ضرایب مرتبط کننده تابعیت تصادفی اثرات محیطی دائمی دامها به ماتریس $\mathbf{W}$ و $\mathbf{e}$ بردار اثرات تصادفی باقی مانده است. برای تعیین

اثرات ثابت معنی دار برای در نظر گرفتن در مدل‌های تجزیه و تحلیل ژنتیکی از رویه GLM نرم افزار SAS (SAS, ۲۰۱۰) استفاده شد. اثرات ثابت بررسی شده شامل فصل زایش در چهار سطح (بهار، تابستان، پاییز و زمستان)، سال زایش در ۸ سطح (۱۳۹۶ تا ۱۴۰۳)، نوع زایش در دو سطح (تک قلو زا و دو قلو زا) و سن زایش در دو سطح (۲ و ۳ ساله) بودند.

برای برازش مدل تابعیت تصادفی از تابع بی اسپلاین استفاده شد. این تابع در سه حالت خطی، درجه ۲ و درجه ۳ و نیز با در نظر گرفتن ۳ تا ۶ گره با فواصل مساوی، برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی برازش شد. در تابع بی اسپلاین، کل منحنی شیردهی به قطعات کوچکتری تقسیم می‌شود که در نقاطی به نام گره به هم متصل هستند (Upadhyay و همکاران، ۲۰۲۴). برای برازش مدلها و برآورد پارامترهای ژنتیکی از نرم افزار WOMBAT (Meyer, ۲۰۱۳) استفاده شد. تعداد تکرارها حداکثر ۵۰۰ و معیار همگرایی برای توقف تکرارها 10^{-6} در نظر گرفته شد. واریانس باقی مانده به دو صورت همگن و ناهمگن در نظر گرفته شد. در حالت ناهمگن بودن واریانس باقی مانده، بر اساس تعداد روزهای شیردهی، برای واریانس باقی مانده ۶ کلاس شامل ۵-۴۵، ۴۶-۹۰، ۹۱-۱۳۵، ۱۳۶-۱۸۰، ۱۸۱-۲۲۵ و ۲۲۶-۲۶۵ روز در نظر گرفته شد.

مقایسه مدل‌ها

مدل‌های تابعیت برازش شده با استفاده از معیار اطلاع آکائیک (Akaike, ۱۹۷۴) یا AIC و معیار اطلاع بیزی (Schwarz, ۱۹۷۸) یا BIC با هم مقایسه شدند.

$$AIC = -2 \log(L) + 2p$$

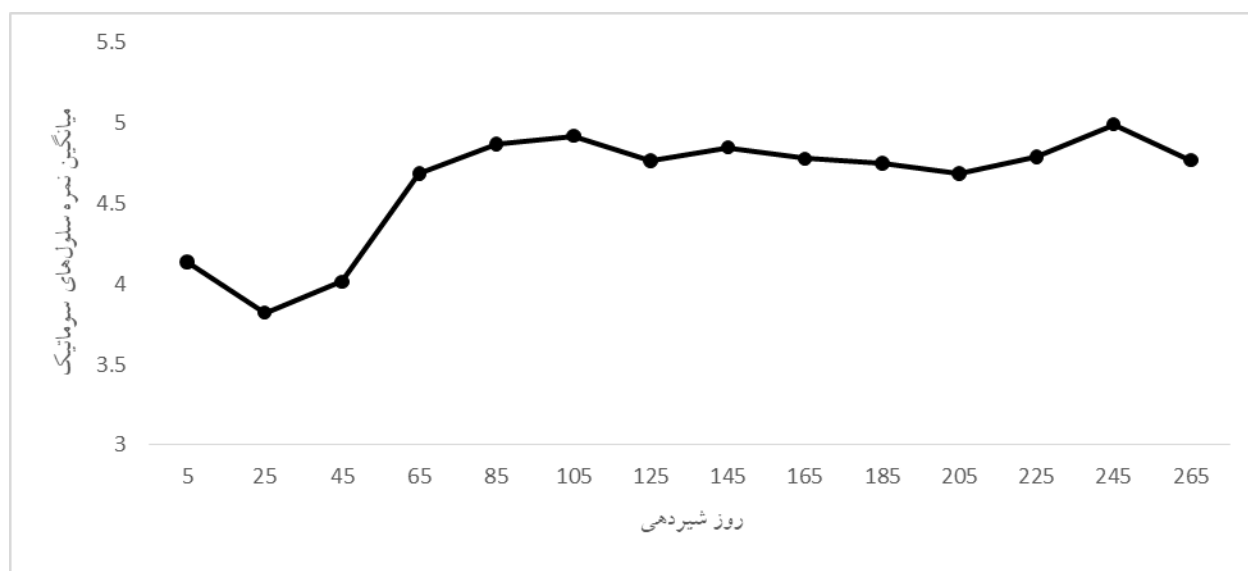
$$BIC = -2 \log(L) + p \log(N-r)$$

در این معیارها، $\log(L)$ ، p ، N و r به ترتیب لگاریتم درست‌نمایی، تعداد پارامترهای مدل، تعداد رکوردها و رتبه ماتریس طرح اثرات ثابت هستند. در بین مدل‌های برازش شده، مدلی که کمترین مقادیر AIC و BIC را داشته باشد به عنوان بهترین مدل برای برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی در نظر گرفته می‌شود.

نتایج و بحث

تغییرات روزانه نمره سلول‌های سوماتیک شیر در طی دوره شیردهی

روند تغییرات روزانه نمره سلول‌های سوماتیک شیر در دوره نخست شیردهی بزهای مورسیانا-گرانادینا در شکل ۱ نشان داده شده است. میانگین نمره سلول‌های سوماتیک شیر از ۴/۲۱ در روز ۵ دوره شیردهی به ۳/۸۲ در روز ۲۵ شیردهی کاهش یافت و پس از آن تا روز ۱۰۵ شیردهی روند افزایشی داشت و به ۴/۹۵ رسید. سپس با نوسانات کمی به ۴/۷۷ در روز ۲۶۵ دوره شیردهی رسید. کاهش نمره سلول‌های سوماتیک شیر پس از زایمان تا حدود ۲۵ روز بعد، نشان‌دهنده کاهش تعداد سلول‌های سوماتیک در شیر است که معمولاً پس از زایمان رخ می‌دهد. روند افزایشی نمره سلول‌های سوماتیک شیر از روز ۲۵ تا ۹۵ نشان‌دهنده افزایش تدریجی تعداد سلول‌های سوماتیک در شیر است که می‌تواند ناشی از افزایش فشار تولید شیر، تحریک مداوم پستان و یا آغاز تغییرات فیزیولوژیک در بافت پستان باشد. پس از روز ۹۵ تا پایان دوره شیردهی نوسانات کمی در نمره سلول‌های سوماتیک شیر مشاهده شد که می‌تواند ناشی از تاثیر عوامل محیطی، تغذیه‌ای یا دوره‌های کوتاه التهاب باشند.



شکل ۱- تغییرات نمره سلول‌های سوماتیک شیر در دوره شیردهی نخست بزهای مورسیانا-گرانادینا

Figure 1- Changes in milk somatic cell scores in the first lactation period of Murciano-Granadina goats

مقایسه مدل‌ها

نتایج حاصل از مقایسه مدل‌های تابعیت تصادفی برآورد اجزاء واریانس و پارامترهای ژنتیکی نمره سلول‌های سوماتیک شیر در نخستین دوره شیردهی بزهای مورسیانا-گرانادینا تحت تابع کواریانس بی‌اسپلاین، با در نظر گرفتن همگن بودن و ناهمگن بودن واریانس باقی مانده، در جدول ۲ ارائه شده است. مدل BSPQ5Het که در آن برای هر دوی اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی تحت تابع بی‌اسپلاین درجه برازش ۲، تعداد گره‌ها ۵ و واریانس باقی مانده به صورت ناهمگن در نظر گرفته شده بود، به عنوان بهترین مدل تعیین شد و از آن برای برآورد اجزاء واریانس و پارامترهای ژنتیکی نمره سلول‌های شیر در نخستین دوره شیردهی بزهای مورسیانا-گرانادینا استفاده شد.

جدول ۲- مقایسه مدل‌های تابعیت تصادفی با تابع بی‌اسپلاین برای نمره سلول‌های سوماتیک شیر در بزهای مورسیانا-گرانادینا

Table 2- The comparison of B-Spline random regression models for milk somatic cell scores in Murciano-Granadina goats

مدل	تعداد پارامتر	معیار اطلاع آکائیک	معیار اطلاع بیزی
Model	Numbers of parameters	Akaike's information criterion	Bayesian information criterion
BSPL3Hom	13	15760.69	45849.93
BSPL4Hom	21	15769.40	15913.55
BSPL5Hom	31	15789.38	16002.18
BSPL6Hom	43	15807.96	16103.13
BSPQ3Hom	13	15759.37	15848.61
BSPQ4Hom	21	15771.70	15915.85
BSPQ5Hom	31	15782.20	15995.00
BSPQ6Hom	NC	NC	NC
BSPC3Hom	13	15861.13	15950.38
BSPC4Hom	21	15765.19	15909.35
BSPC5Hom	31	15774.73	15987.53
BSPC6Hom	43	15793.77	16088.94
BSPL3Het	18	15765.13	15888.69

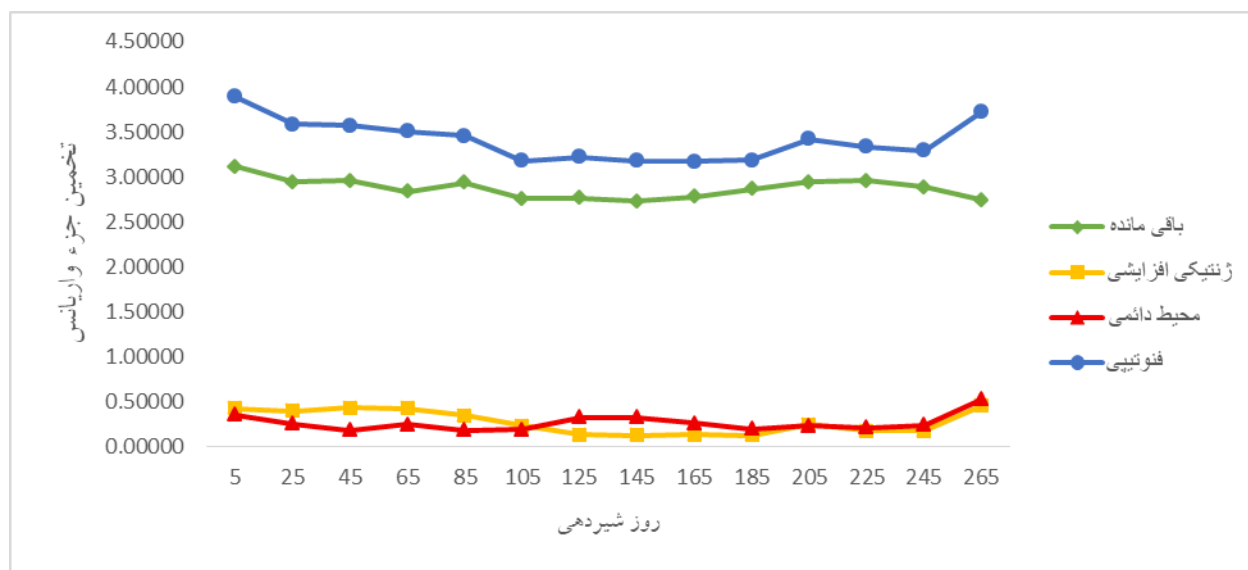
15951.76	15773.28	26	BSPL4Het
16043.59	15796.47	36	BSPL5Het
16135.84	15806.36	48	BSPL6Het
15887.84	15764.27	18	BSPQ3Het
15956.13	15777.65	26	BSPQ4Het
10193.10	9945.98	36	BSPQ5Het
16137.09	15807.61	48	BSPQ6Het
15981.51	15857.95	18	BSPC3Het
15949.97	15771.49	26	BSPC4Het
16035.50	15788.38	36	BSPC5Het
16132.53	15803.04	48	BSPC6Het

*BSPxy: مدل تابعیت تصادفی با تابع بی-اسپلاین که x حالت برازش تابع شامل L برای حالت خطی، Q برای حالت درجه ۲ و C برای حالت درجه ۳ را نشان می دهد. y نیز تعداد گره است. Hom: واریانس باقی مانده همگن در نظر گرفته شده است. Het: واریانس باقی مانده ناهمگن در نظر گرفته شده است. NC: عدم همگرایی

اجزاء واریانس

روند تغییرات مقادیر برآورد شده اجزاء واریانس رکوردهای روزآزمون نمره سلولهای سوماتیک شیر در طی روزهای مختلف نخستین دوره شیردهی بزهای مورسیانا-گرانادینا در نمودار ۲ ارائه شده است. همانگونه که در این نمودار نشان داده شده است مقادیر برآورد شده و تغییرات واریانسهای ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی کمتر از مقادیر برآورد شده تغییرات واریانسهای باقی مانده و فنوتیپی بود. واریانس ژنتیکی افزایشی از ۰/۴۳ در روز ۵ دوره شیردهی با روند کاهشی ملایمی به ۰/۴۵ در روز ۲۶۵ دوره شیردهی رسید. روند تغییرات واریانس محیطی دائمی تاحدودی مشابه واریانس ژنتیکی افزایشی بود. واریانس اثرات محیطی دائمی از ۰/۳۵ در روز ۵ شیردهی با نوساناتی به ۰/۵۲ در روز ۲۶۵ دوره شیردهی رسید. واریانسهای باقی مانده و فنوتیپی روند تقریباً مشابهی را داشتند. واریانس باقی مانده، با یک شیب کاهشی ملایم، از ۳/۱۱ در روز ۵ دوره شیردهی به ۲/۷۴ در روز ۲۶۵ دوره شیردهی و واریانس فنوتیپی از ۳/۸۹ در روز ۵ دوره شیردهی به ۳/۷۲ در روز ۲۶۵ دوره شیردهی کاهش یافتند. به طور کلی، مقادیر برآورد شده اجزاء واریانس از ابتدای دوره شیردهی به سمت پایان آن روند کاهشی داشت ولی در مراحل نزدیک به پایان دوره شیردهی روند افزایشی بود (نمودار ۲). بیشتر بودن مقادیر برآورد شده اجزاء واریانس در ابتدا و انتهای دوره

شیردهی توسط Lopez-Romero و Carabano (۲۰۰۳) نیز گزارش شده است و دلیل اصلی ایجاد این حالت به برازش ضعیف مدل‌های تابعیت تصادفی بر نقاط ابتدایی و انتهایی منحنی شیردهی نسبت داده شده است که عمدتاً ناشی از کمتر بودن تعداد رکوردها در این مراحل از دوره شیردهی است (Meyer, ۱۹۹۹).



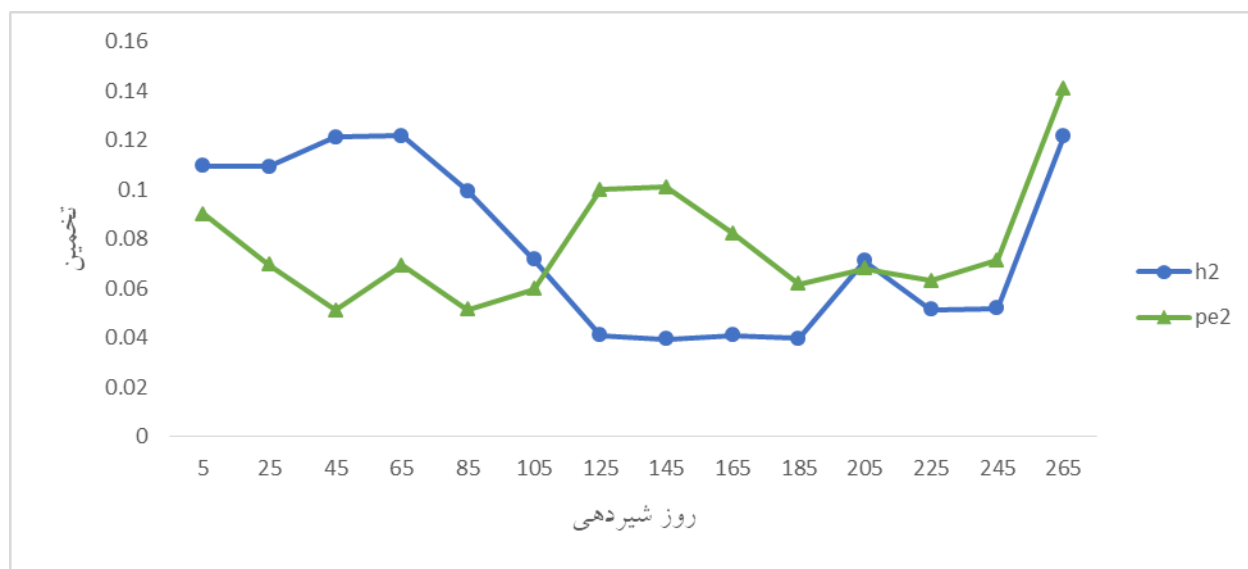
شکل ۲- تغییرات اجزاء واریانس نمره سلول‌های سوماتیک شیر در نخستین شیردهی بزهای مورسیانا-گرانادینا

Figure 2- The changes of variance components for milk somatic cell scores in the first lactation of Murciano-Granadina goats

پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی

روند تغییرات وراثت پذیری و نسبت واریانس محیط دائمی به واریانس فنوتیپی نمره سلول‌های سوماتیک شیر در نخستین شیردهی بزهای مورسیانا-گرانادینا در نمودار ۳ ارائه شده است. به طور کلی، مقادیر برآورد شده وراثت پذیری کم هستند (جدول ۳). از ابتدای دوره با وراثت پذیری ۰/۱۱ در روز ۵ دوره شیردهی با نوساناتی به ۰/۰۴ در روز ۱۸۵ دوره شیردهی کاهش یافت و سپس تا پایان دوره شیردهی با روند افزایشی و نوساناتی به ۰/۱۲ در روز ۲۶۵ دوره شیردهی رسید. مقادیر برآورد شده نسبت

واریانس محیط دائمی به واریانس فنوتیپی نیز مقادیر کوچکی بودند و طی دوره شیردهی نوساناتی داشتند به گونه ای که از ۰/۰۹ در روز ۵ شیردهی با نوساناتی به ۰/۱۴ در روز ۲۶۵ شیردهی رسیدند. برآوردهای کم وراثت پذیری و نیز نسبت واریانس محیط دائمی به واریانس فنوتیپی برای نمره سلولهای سوماتیک شیر نشان دهنده تاثیر بیشتر اثرات محیطی بر آنها در مقایسه با اثرات ژنتیکی افزایشی و غیر افزایشی و نیز اثرات محیطی دائمی است. از این رو می توان نتیجه گرفت که انتخاب ژنتیکی مستقیم برای بهبود این صفات کارآمد نیست. Soumri و همکاران (۲۰۲۰) با استفاده از مدل های تابعیت تصادفی تحت چند جمله ای های لژاندر وراثت پذیری رکوردهای روز آزمون نمره سلولهای سوماتیک شیر در گاوهای شیری تونس را کم گزارش کردند. وراثت پذیری نمره سلولهای سوماتیک شیر در بزهای مورسیانا-گرانادینا با استفاده از رکوردهای روز آزمون ۰/۰۲۳ گزارش شد (Ehsaninia و همکاران، ۲۰۲۵) که کمتر از میانگین مقادیر برآورد شده برای روز آزمون های مختلف در پژوهش حاضر (۰/۰۷) است. تفاوت های مشاهده در نتایج به دست آمده از پژوهش های مختلف با پژوهش حاضر، تحت تاثیر عواملی مانند تفاوت های نژادی، ساختار داده و مدل مورد استفاده قرار می گیرد.



شکل ۳- روند تغییرات وراثت پذیری (h^2) و نسبت واریانس محیط دائمی به واریانس فنوتیپی (pe^2) نمره سلولهای

سوماتیک شیر در نخستین شیردهی بزهای مورسیانا-گرانادینا

Figure 3- Changes for heritability (h^2) and ratio of permanent environmental variance to the phenotypic variance (pe^2) for milk somatic cell scores in the first lactation of Murciano-Granadina goats

مقادیر برآورد شده همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین برخی روزآزمون‌های نمره سلول‌های سوماتیک شیر در جدول ۴ ارائه شده است. به طور کلی، مقادیر برآورد شده همبستگی‌های ژنتیکی بیشتر از همبستگی‌های فنوتیپی بودند. همبستگی‌های ژنتیکی از ۰/۳۸ بین روز ۵ و روز ۲۶۵ دوره شیردهی تا ۰/۹۸ بین روز ۷۰ و روز ۱۳۷ دوره شیردهی متغیر بودند. درحالی که همبستگی‌های فنوتیپی از ۰/۰۴ بین روزهای ۵ و ۱۳۷ دوره شیردهی تا ۰/۰۷ بین روزهای ۷۰ و ۲۶۵ و روزهای ۱۳۷ تا ۲۶۵ دوره شیردهی متغیر بودند. به طور کلی، همبستگی‌های ژنتیکی بین روزهای نزدیک به هم بیشتر و بین روزهای دور از هم کمتر برآورد شدند.

جدول ۳- برآوردهای وراثت پذیری و نسبت واریانس محیط دائمی به واریانس فنوتیپی نمره سلول‌های سوماتیک شیر در روزهای مختلف دوره نخست شیردهی بزهای موریسیا-گرانادینا

Table 3- Estimates of heritability and ratio of permanent environmental variance to the phenotypic variance of milk somatic cell scores in different days of first lactation of Murciano-Granadina goats

روز شیردهی Days in milk	وراثت پذیری $\pm$ خطای معیار $h^2 \pm S.E.$	نسبت واریانس محیط دائمی به واریانس فنوتیپی $\pm$ خطای معیار $pe^2 \pm S.E.$
5	0.11 $\pm$ 0.02	0.09 $\pm$ 0.02
15	0.11 $\pm$ 0.05	0.07 $\pm$ 0.03
25	0.11 $\pm$ 0.03	0.07 $\pm$ 0.03
35	0.12 $\pm$ 0.04	0.06 $\pm$ 0.03
45	0.12 $\pm$ 0.04	0.05 $\pm$ 0.01
55	0.13 $\pm$ 0.05	0.07 $\pm$ 0.02
65	0.12 $\pm$ 0.05	0.07 $\pm$ 0.03
75	0.11 $\pm$ 0.04	0.06 $\pm$ 0.01
85	0.10 $\pm$ 0.03	0.05 $\pm$ 0.02
95	0.08 $\pm$ 0.03	0.07 $\pm$ 0.03
105	0.07 $\pm$ 0.03	0.06 $\pm$ 0.04
115	0.05 $\pm$ 0.03	0.08 $\pm$ 0.04
125	0.04 $\pm$ 0.02	0.10 $\pm$ 0.05
135	0.03 $\pm$ 0.02	0.10 $\pm$ 0.05
145	0.04 $\pm$ 0.02	0.10 $\pm$ 0.05

0.08 ± 0.04	0.04 ± 0.03	155
0.08 ± 0.04	0.04 ± 0.03	165
0.05 ± 0.02	0.03 ± 0.01	175
0.06 ± 0.02	0.04 ± 0.03	185
0.07 ± 0.03	0.06 ± 0.03	195
0.07 ± 0.03	0.07 ± 0.03	205
0.07 ± 0.03	0.06 ± 0.03	215
0.06 ± 0.02	0.05 ± 0.02	225
0.06 ± 0.03	0.05 ± 0.02	235
0.07 ± 0.04	0.05 ± 0.03	245
0.09 ± 0.04	0.10 ± 0.05	255
0.14 ± 0.03	0.12 ± 0.05	265

جدول ۴- برآوردهای همبستگی‌های ژنتیکی (بالای قطر) و فنوتیپی (پایین قطر) بین روز آزمون‌های مختلف نمره سلول‌های سوماتیک شیر

Table 4- Estimates of genetic (upper diagonal) and phenotypic (lower diagonal) correlations among different test-days milk somatic cell scores

265	203	137	70	5	روز شیردهی Days in milk
0.38 ± 0.13	0.55 ± 0.17	0.52 ± 0.19	0.62 ± 0.16	–	5
0.55 ± 0.24	0.89 ± 0.24	0.98 ± 0.17	–	0.05 ± 0.02	70
0.95 ± 0.28	0.85 ± 0.23	–	0.06 ± 0.02	0.04 ± 0.02	137
0.89 ± 0.34	–	0.06 ± 0.02	0.05 ± 0.03	0.05 ± 0.02	203
–	0.05 ± 0.03	0.07 ± 0.03	0.07 ± 0.02	0.06 ± 0.02	265

همبستگی‌های ژنتیکی بیشتر بین روز آزمون‌های نزدیک به هم را می‌توان ناشی از بروز وابسته به مرحله شیردهی برخی زن‌ها در دوره شیردهی دانست (Dige و همکاران، ۲۰۲۲). با توجه به همبستگی‌های ژنتیکی مثبت و نسبتاً بالا میان روزآزمون‌های مختلف در طی دوره شیردهی برای نمره سلول‌های سوماتیک شیر در پژوهش کنونی، امکان کاهش تعداد دفعات رکوردگیری نمره سلول‌های سوماتیک شیر آن در نخستین دوره شیردهی بزهای موریانا-گرانادینا بدون تاثیر سوء بر برآوردهای پارامترهای ژنتیکی آنها تحت مدل‌های تابعیت تصادفی بی اسپلین وجود دارد که با گزارش‌های پیشین مطابقت دارد (Soumri)

و همکاران، ۲۰۲۰). Soumri و همکاران (۲۰۲۰) همبستگی‌های ژنتیکی بین رکوردهای روز آزمون نمره سلول‌های سوماتیک شیر در گاوهای تونسسی را مثبت و بالاتر از همبستگی‌های فنوتیپی گزارش کردند که با نتیجه به دست آمده در پژوهش کنونی مطابقت دارد. Mokhtari و همکاران (۲۰۲۵) نیز روند و مقادیر مشابهی را برای همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین روز آزمون‌های مختلف در دوره شیردهی نخست بزهای مورسیانا-گرانادینا گزارش کردند.

نتیجه‌گیری کلی

مقادیر کم وراثت پذیری‌ها در مراحل مختلف دوره شیردهی نشان می‌دهد که انتخاب مستقیم برای بهبود ژنتیکی این صفات کارآمد نیست و بهبود عملکرد بزهای مورسیانا-گرانادینا از حیث صفت نمره سلول‌های سوماتیک شیر نیازمند استفاده از انتخاب غیرمستقیم به کمک صفات همبسته با وراثت پذیری بالا و نیز بهبود شرایط محیطی و مدیریتی به ویژه به بهداشت آنها در مراحل مختلف دوره شیردهی است. از طرف دیگر با توجه به همبستگی‌های ژنتیکی مثبت و نسبتاً بالا میان روز آزمون‌های مختلف در طی دوره شیردهی برای نمره سلول‌های سوماتیک شیر امکان کاهش تعداد دفعات رکوردگیری این صفت در نخستین دوره شیردهی بزهای مورسیانا-گرانادینا بدون تاثیر سوء بر برآوردهای پارامترهای ژنتیکی آنها تحت مدل‌های تابعیت تصادفی بی‌اسپلین وجود دارد. به علاوه، برآورد پارامترهای ژنتیکی این صفت در دیگر دوره‌های شیردهی و نیز همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی آن با صفاتی مانند تولید شیر و ترکیبات آن پیشنهاد می‌گردد.

سپاسگزاری

این پژوهش با حمایت دانشگاه جیرفت با استفاده از پژوهانه شماره ۲۸۱۲-۰۳-۰۲-۳۰۱۸۳۴ اجرا گردیده است. از مجتمع پرورش بز شیری مورسیانا شهرستان قلعه گنج و شرکت کشاورزی و دامپروری فجر اصفهان نیز به خاطر در اختیار قرار دادن اطلاعات و داده‌های مورد نیاز سپاسگزاری می‌گردد.

منابع

1. Akaike, H. (1974). A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 19: 716-723.

2. Arnal, M., Larroque, H., Leclerc, H., Ducrocq, V. & Robert-Granie, C. (2019). Genetic parameters for first lactation dairy traits in the Alpine and Saanen goat breeds using a random regression test-day model. *Genetics Selection Evolution*, 51: 43.
3. Ehsaninia, J., Zandi, M.B., Taned, M. & Bagheripour, A. (2025). Bayesian approach to estimate variance components and genetic parameters of dairy traits and somatic cell score in Murciano-Granadina goats. *The Journal of Agricultural Science*, 163: 352-362.
4. Jimenez-Granado, R., Molina, A., Ziadi, C., Sanchez, M., Munoz-Mejias, E., Demyda-Peyras, S. & Menendez-Buxadera, A. (2022). Genetic parameters of somatic cell score in Florida goats using single and multiple traits models. *Animals*, 12: 1009.
5. Lidauer, M., Mantysaari, E.A. & Strandén, I. (2003). Comparison of test-day models for genetic evaluation of production traits in dairy cattle. *Livestock Production Science*, 79: 73-86.
6. Lopez-Romero, P. & Carabano, M.J. (2003). Comparing alternative random regression models to analyse first lactation daily milk yield data in Holstein-Friesian cattle. *Livestock Production Science*, 82: 81-96.
7. Marogna, G., Pilo, C., Vidili, A., Tola, S., Schianchi, G. & Leori, S.G. (2012). Comparison of clinical findings, microbiological results, and farming parameters in goat herds affected by recurrent infectious mastitis. *Small Ruminant Research*, 102: 74-83.
8. Meyer, K. & Hill, W.G. (1997). Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or repeated records by restricted maximum likelihood. *Livestock Production Science*, 47: 185-200.
9. Meyer, K. (1999). Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cows. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 116: 181-205.
10. Meyer, K. (2005). Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. *Genetics Selection Evolution*, 37: 473-500.
11. Meyer, K. (2013). WOMBAT – A Programme for Mixed Model Analyses by Restricted Maximum Likelihood. *User Notes*, Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale, Australia.
12. Miranda-Alejo, J.C., Leon-Jurado, J.M., Pieramati, C., Gomez-Carpio, M.M., Valdes-Hernandez, J.J. & Barba-Capote, C.J. (2019). Use of Spline function for the

- characterization on peak yield, peak day and persistency in lactation curves in Murciano-Granadina goats. *Italian Journal of Animal Science*, 18: 888-897.
13. Mokhtari, M., Asadi Fozzi, M., Barazandeh, A. & Mohebbinejad, E. (2025). The estimation of genetic parameters of somatic cell scores in Murciano-Granadina goats using random regression models. *Journal of Livestock Science and Technologies*, 13 (2): 11-18.
 14. Olechnowicz, J. & Jaskowski, J.M. (2012). Somatic cell counts and total bacterial count in bulk tank milk of small ruminants. *Slovenian Veterinary Research*, 49: 13-18.
 15. Podhorecka, K., Borkova, M., Sulc, M., Seydlova, R., Dragounova, H., Svejcarova, M., Peroutkova, J. & Elich, O. (2021). Somatic cell count in goat milk: An indirect quality indicator. *Foods*, 10: 1046.
 16. Rychtarova, J., Krupova, Z., Brzakova, M., Borkova, M., Elich, O., Dragounova, H., Seydlova, R & Sztankoova, Z. (2023). Milk quality, somatic cell count, and economics of dairy goats farm in the Czech Republic. In: Kukovics S (Ed.), *Goat Science – Environment, Health and Economy*. IntechOpen, United Kingdom, pp. 396.
 17. Rupp, R., Clement, V., Piacere, A., Robert-Granie, C. & Manfredi, E. (2011). Genetic parameters for milk somatic cell score and relationship with production and udder type traits in dairy Alpine and Saanen primiparous goats. *Journal of Dairy Science*, 94: 3629-3634.
 18. Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. & Colleau, J.J. (2006). CFC: A tool for monitoring genetic diversity. In: Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil.
 19. SAS Institute. (2010). *SAS User's Guide, Version 9.4*. Cary, North Carolina, USA.
 20. Schwarz, G. (1978). Estimating the dimension of a model. *Annals of Statistics*, 6: 461-464.
 21. Silva, F.G., Torres, R.A., Brito, L.F., Euclides, R.F., Melo, A.L.P., Souza, N.O., Ribeiro, J.I.Jr. & Rodrigues, M.T. (2013). Random regression models using Legendre orthogonal polynomials to evaluate the milk production of Alpine goats. *Genetics and Molecular Research*, 12: 6502-6511.

22. Smistad, M., Inglingstad, R.A., Solverod, L., Skeie, S. & Hansen, B.G. (2024). Somatic cell count in dairy goats I: association with infectious and non-infectious factors. *BMC Veterinary Research*, 20: 509.
23. Soumri, N., Carabano, M.J., Gonzalez-Recio, O. & Bedhiaf-Romdhani, S. (2020). Genetic parameters of somatic cell scores using random regression test-day models with Legendre polynomials in Tunisian dairy cattle. *Livestock Science*, 241: 104178.
24. Upadhyay, A., Alex, R., Dige, M.S., Sahoo, S., Khan, K.D., Das, P., Vohra, V. & Gowane, G.R. (2024). Modelling the lactation curve in Alpine × Beetal crossbred dairy goats using random regression models fitted with Legendre polynomial and B-spline functions. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 141: 365-378.
25. Valencia-Posadas, M., Lechuga-Arana, A.A., Avila-Ramos, F., Shepard, L., Montaldo, H.H. (2022). Genetic parameters for somatic cell score, milk yield and type traits in Nigerian Dwarf goats. *Animal Bioscience*, 35: 377-384.
26. Van der Werf, J.H., Goddard, M.E. & Meyer K. (1998). The use of covariance function based on test day records. *Journal of Dairy Science*, 81: 3300-3308.

The estimation of genetic parameters for milk somatic cell scores in Murciano-Granadina goats by B-Spline random regression models

Abstract

Background and objectives: In dairy goats, somatic cell count (SCC) in milk is collected as test-day records and serves as a reliable indicator for the early detection of udder diseases and the health status of mammary glands. Improving the genetic potential of dairy goats requires selecting an appropriate model and an efficient method for genetic evaluation of milk production traits and their components. Random regression models, due to their numerous advantages, including the ability to account for environmental effects influencing test-day records, the capacity to incorporate large volumes of data, and the provision of more accurate estimates of genetic values in the analysis of repeatable traits over time, such as milk SCC, are superior to other models, such as repeatability and multi-trait models. Therefore, the present study was conducted to estimate genetic and phenotypic parameters of milk somatic cell count during the first lactation of Murciano-Granadina goats in Iran using random regression models under B-Spline functions.

Materials and methods: A total of 7,089 test-day records of somatic cell count (SCC) from the first lactation of 2,432 Murciano-Granadina goats were used. These records were collected between 2017 and 2024 at the Murcia Dairy Goat Breeding Complex in Qaleh Ganj County, Iran. For estimating genetic parameters, random regression models based on B-Spline functions were applied. The models were fitted in three forms, linear, quadratic, and cubic, and with 3 to 6 equally spaced knots, for both additive genetic and permanent environmental effects. Residual variance was considered in two ways: homogeneous and heterogeneous. The fitted random

regression models were compared using the Akaike Information Criterion and the Bayesian Information Criterion.

Results: Heritability estimates for somatic cell score started at 0.11 on day 5 of lactation, decreased with fluctuations to 0.04 on day 185, and then increased again with some variation to reach 0.12 by day 265 of lactation. The estimated ratios of permanent environmental variance to phenotypic variance were relatively low but showed greater fluctuations throughout lactation, rising from 0.09 on day 5 to 0.14 on day 265. Genetic correlations between different test-day records were generally higher than phenotypic correlations, with stronger correlations observed between adjacent test days and weaker correlations between more distant test days. Genetic correlation estimates ranged from 0.38 between DIM 5 and DIM 265 to 0.98 between DIM 70 and DIM 137 while the phenotypic correlations ranged from 0.04 between DIM 5 and DIM 137 to 0.097 between DIM 70 and DIM 265 and also between DIM 137 and DIM 265 of the lactation period.

Conclusion: Based on the results of this study, direct selection for the genetic improvement of somatic cell score in Murciano-Granadina goats is not effective. Improvement in the performance of these goats with respect to milk somatic cell score requires indirect selection via traits with high heritability and enhanced environmental and management conditions, particularly improved hygiene practices during different stages of lactation.

Keywords: B-Spline function, Genetic correlation, Heritability, Somatic cell score, Test-day record