



## بررسی امکان شناسایی ژن عمده سوماتیک سل کانت در تولید گاوهای هلشتاین ایران به روش تحلیل مندلی بیزی

مهدی طالبی\*<sup>۱</sup>، میثم هاشم زاده<sup>۲</sup>، علیرضا نوشری<sup>۳</sup>، صادق علیجانی<sup>۴</sup>، احسان نصیری<sup>۵</sup> فر

<sup>۱</sup>\* دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج، گروه علوم دامی، کرج، ایران

**Email: En.mehditalebi@gmail.com**

<sup>۲</sup> دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشگاه آزاد اسلامی واحد ساوه، گروه علوم دامی، ساوه، ایران

<sup>۳</sup> استادیار دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج، گروه علوم دامی، کرج، ایران

<sup>۴</sup> استادیار بخش علوم دامی، دانشگاه تبریز

<sup>۵</sup> دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج، گروه علوم دامی، کرج، ایران

### چکیده:

هدف از این تحقیق شناسایی تفکیک ژن عمده و استفاده از آنها در گاوداری جهت مدیریتی بهتر می باشد و ارزش ارثی گاوها را نه فقط برای حالت پلی ژنی بلکه برای ژن عمده برآورد نمود. از اطلاعات و رکوردهای ثبت شده برای صفت سوماتیک سل کانت از گاوهای شکم اول استفاده گردید. برای برطرف کردن اثرات داده های دور افتاده بر روی نتایج آنالیز تفرق، داده های دور افتاده صفت با استفاده از روش باکس پلات ارائه شده در نرم افزار SAS حذف گردیدند مدل توارث مختلط برای این منظور (برآورد پارامترهای ژنتیکی) به کار برده شد و در نرم افزار IBayes اجرا گردید پارامتر ژنتیکی با استفاده از آنالیز بیزی و به کمک الگوریتم گیبس در قالب مدل برآورد شدند. نتایج حاصله نشان داد که صفت شمارش سلولهای بدنی ژنی با اثر عمده تفکیک می گردد.

واژه های کلیدی: ژن عمده، آنالیز بیز، سلولهای بدنی

### مقدمه:

سالهای زیادی است که متخصصین ژنتیک و اصلاح نژاد دام ساختار ژنتیکی حیوانات را از طریق انتخاب ژنتیکی و بدون اینکه اطلاعاتی در مورد ژنهای عمده داشته باشند تغییر داده اند. بعبارتی روشهای اصلی ارزیابی ژنتیکی حیوانات عمدتاً بر اساس اطلاعات فنوتیپی و ثبت شجره صورت گرفته است (گودار، ۲۰۰۱ و هیل، ۱۹۹۰). این نوع ارزیابی ژنتیکی بر تئوری ژنهای نامحدود که در آن فرض می شود صفات کمی تحت تاثیر تعداد بسیار زیادی ژن با اثرات افزایشی بسیار کوچک و دارای تفرق آزاد هستند، می باشد. علیرغم اینکه فرضیات این تئوری صحیح می باشد، لیکن بیشتر پیشرفت ژنتیکی که برای صفات کمی اقتصادی در حیوانات مزرعه ای ایجاد شده است، با این نوع مدل بندی ژنتیکی بوده است (فالكونر، ۱۹۹۶). تا سالهای اخیر ابزارهای مورد نیاز برای تعیین ژنهای مسئول ایجاد تفاوت ژنتیکی ما بین حیوانات و جمعیت ها در دسترس نبودند. پیشرفت ایجاد شده در حوزه زیست شناسی



۱۱ و ۱۲ اسفندماه ۱۳۹۰ دانشگاه آزاد اسلامی خوراسگان دانشکده کشاورزی

مولکولی این وضعیت را تغییر داده و این امکان را بوجود آورد که از طریق مطالعه پیوستگی ژنتیکی تک تک ژن ها مورد شناسایی قرار گیرند. این کار از طریق نشانگرهای ژنتیکی در سطح مولکول DNA که نقشه متراکمی را برای کروموزومهای حیوانات اهلی ایجاد نموده اند، امکان پذیر شده است. بدست آمدن این اطلاعات و کشف ژن های حاوی اثرات عمده بر روی صفات کمی، همانند ژنهای بورولا در گوسفندان که باعث افزایش چشمگیر دوقلوزایی می شود، ژن ماهیچه مضاعف در گاوهای گوشتی و غیره، منجر به پیشنهاد تئوریهای دیگری که با واقعیات بیشتر تطابق داشتند (فالكونر، ۱۹۹۶ و هیل، ۱۹۹۰). از مهمترین این تئوریها می توان توارث مختلط و تئوری ژنگاه های با تعداد محدود اشاره نمود. در این تئوریها اثرات ژنگاه های حاوی اثر ژن عمده به مدل افزوده می شود. خوشبختانه متخصصین ژنتیک و آمار برای ردیابی ژنهای عمده بدون داشتن اطلاعات نشانگری و صرف هزینه برای تعیین ژنوتیپ حیوانات، روشهای توانمندی را ابداع نموده اند. چنانچه یک ژن عمده در یک جمعیت در حال تفرق باشد، در این صورت توزیع آن صفت می تواند از توزیع نرمال دارای انحراف باشد، بعلاوه اینکه در داخل خانواده های تنی و ناتنی واریانسهای ناهمگنی برقرار خواهد بود. همچنین بسته به ژنوتیپ والدین برای ژنگاه ژن عمده، ما بین میانگین صفات برای خانواده ها و واریانس داخل آنها یک رابطه خطی - انحنایی معنی داری وجود خواهد داشت. هدف از این تحقیق شناسایی تفکیک ژن عمده و استفاده از آنها در گاوداری جهت مدیریتی بهتر می باشد و ارزش ارثی گاوها را نه فقط برای حالت پلی ژنی بلکه برای ژن عمده برآورد نمود.

#### مواد و روشها:

در این مطالعه از اطلاعات رکوردهای شمارش سلول های بدنی گاوداری های صنعتی اصفهان که در تعاونی وحدت اصفهان جمع آوری شده بود استفاده گردید. در این مطالعه از رکورد های شکم اول گاو های شیری استفاده گردید با استفاد از زبان SQL شجره داده شده از نظر ترکیب و ساخت ژنتیکی اش مورد تحلیل و بررسی قرار گرفت. اثرات مورد استفاده عبارت بودند از اثر فصل زایش، اثر گله، همچنین طول دوره آبستنی به صورت متغیر کمکی در نظر گرفته شد. جهت وارد نمودن اثرات ثابت با اثر معنی دار روی صفات مورد نظر از Proc Mixed در نرم افزار SAS استفاده گردید. جهت انجام تجزیه و تحلیل ژنتیکی از نرم افزار Ibayes که توسط لوک یانس (۲۰۰۷) تهیه شده بود استفاده گردید (جانسل، ۲۰۰۷). بعد از آنکه مدل در آن تعریف گردید از الگوریتم گیبس برای بدست آوردن پارامتر های ژنتیکی استفاده گردید. مدل مورد استفاده به شرح زیر می باشد:

$$Y = X\beta + ZU + ZWm + E$$

در این مدل  $y$  بردار مشاهدات فنوتیپی برای یک صفت،  $X$  ماتریس ضرایب ربط دهنده مشاهدات به اثرات ثابت موجود،  $\beta$  بردار در برگیرنده اثرات ثابت،  $Z_1$  ماتریس ضرایب ربط دهنده مشاهدات به اثرات تصادفی،  $u$  بردار در برگیرنده اثرات تصادفی،  $W$  ماتریس ژنوتیپها،  $E$  بردار در برگیرنده عوامل باقیمانده،  $m$  بردار اثرات تصادفی در یک جایگاه دارای ژن عمده،  $Z_2$  ماتریس ربط دهنده مشاهدات به اثر ژنهای عمده است



### نتایج :

در این تحقیق از روش آماری بیزی برای پیدا کردن ژنی با اثر عمده شمارش سلول های بدنی استفاده گردید. ژن مورد نظر ژنی دو آللی و بدنی است (به عبارتی فرض گردید ژن مورد نظر روی کروموزوم های غیر جنسی قرار دارد). جدول جدول ۱ برآورد پارامتر های ژنتیکی حاصل از مدل توارث مختلط برای صفت شمارش سلولهای بدنی را نشان می دهد.

جدول ۱: برآورد پارامتر های ژنتیکی حاصل از مدل توارث مختلط

پارامتر	میانگین پسین برآورد شده پارامتر	انحراف معیار میانگین پسین برآورد شده پارامتر
لگاریتم بیس فاکتور	NaN	۰/۰۰
میانگین	۷/۶۳	۱/۳۰
واریانس خطا	۰/۸۰	۰/۰۳
واریانس پلی ژنی	۰/۲۶	۰/۰۳
واریانس ژنوتیپی	۰/۰۰	۰/۰۰
ارزش ژنوتیپی افزایشی	۰/۰۷	۰/۰۵
فراوانی ژنوتیپی	۰/۲۲	۰/۰۴
واریانس ژنتیکی افزایشی ژن عمده	۰/۱۲	۰/۰۱

### بحث

بیشتر از ۱۰۰ ریز ارگانسیم شناخته شده اند که باعث ایجاد ورم پستان می گردند. از این میان بیشترین اتلاف تولید مثلی به گونه های باکتری های کلی فرم ، استافیلوکوک و استرپتوکوک ها هستند. اینها عمدتاً باعث ایجاد ورم پستان ناشی از پاتوژن می گردند. در صورتیکه ورم پستان با چشم قابل دید و تشخیص نباشد به آن ورم پستان تحت بالینی می گویند. در این شرایط مشاهد بالای ۲۰۰۰۰۰ سلول بدنی در هر میلی لیتر شیر می توان پیش بینی کننده وجود ورم پستان باشد. در اینجا قصد بر این نیست که به سبب شناسی بیماری ورم پستان بپردازیم . بلکه هدف این است که روشن گردد که وقتی صحبت از شمارش سلول های بدنی می گردد تنها در ارتباط با یک بیماری ناشی از یک میکروب خاص نیست بلکه طیف وسیعی از میکروب و غیره را شامل می گردد. در این تحقیق پارامتر واریانس پلی ژنی برابر با  $0.26 \pm 0.03$  بدست آمد. این نشان می دهد که این صفت به طور نسبتاً زیادی توسط عوامل غیر ژنتیکی کنترل می گردد. چرا که مقدار برآورد واریانس پلی ژنی نسبتاً پایین است. از طرفی دیگر ، این برآورد نشان می دهد که اگر انتخاب ژنتیکی برای بهبود صفت شمارش سلولهای بدنی تنها براساس واریانس پلی ژنی بنا گردد، پیشرفت ژنتیکی در سال یا در نسل بسیار پایین خواهد بود. بنابراین لحاظ کردن یک منبع ژنتیکی می تواند باعث تسریع فرآیند پیشرفت ژنتیکی گردد. در صورت وجود داشتن ژن عمده، جستجو برای پیدا نمودن ژنهای موثر بر صفات کمی یا به اصطلاح QTL معقول می نماید برای انجام عمل QTL داشتن



۱۱ و ۱۲ اسفندماه ۱۳۹۰ دانشگاه آزاد اسلامی خوراسگان دانشکده کشاورزی

نشانه‌گرهای ژنتیکی ضروری می باشد در مطالعه ای باگناتون و همکارانش در سال ۲۰۰۷ با استفاده از اطلاعات پیوند بالا در جستجوی QTL موثر بر شمارش سلولهای بدنی در گاوهای بران سویس ایتالیایی برآمدند (باگناتو، ۲۰۰۷). مطالعه آنها نشان داد که طیف نسبتا وسیعی از کروموزمهای نژاد یاد شده روی شمارش سلولهای بدنی اثر گذار هستند. آنچه که در مطالعه آنها به صورت نسبی منحصر به فرد بود یافتن مکانهایی روی کروموزم هایی بود که قبلا گزارش نشده بودند. اهمیت این موضوع در این است که در ایران نیز ممکن است مکان های ژنی خاصی روی صفت شمارش سلولهای بدنی تاثیر بگذارد که در سایر نژادها یا حتی نژاد هلشتاین غیر ایرانی نیز گزارش نشده باشد. در نتیجه یافتن این ژنگاه ها ضروری می نمایاند. نتایج حاصل از این تحقیق نشان می دهد که جستجو برای یافتن اینگونه ژنگاه ها در نژاد هلشتاین ایرانی می تواند منتج به نتیجه گردد. چرا که اثر ژن عمده در آن تشخیص داده شد.

#### منابع

- 1-Bagnato ,F. Schiavini ,V. La Mattina ,E. Santus ,M. Soller ,E. Lipkin.2007. Mapping QTL affecting milk somatic Cell count in the Italian Brown Swiss dairy Cattle – the QuaLAT Project. ITAL.J.ANIM.SCI. VOL. 6 (SUPPL. 1), 43-45
- 2-Falconer D .S ., Mackay T .F . C .1996 .Introduction to Quantitative Genetics.4<sup>th</sup> end.Longman .Group:Essex.
- 3-Goddard M. E. 2001. The validity of genetic models underlying quantitative traits. Livestock Production Science.72. 117-127.
- 4-Hiil W .H . and knott S . 1990 ,Identification of major genes whth large effects , pp . 447-494 in advances in statiscal method fos genetic improvement of livestock , edited by D . Gianila and K . Hammond Springer –verlage , Berlin.
- 5-JanssL.L.G.2007."iBay manual version .33".http:\\www.lucjanss.com\\ Does iBay manual 133.pdf.

## An Investigation of Major Gene somatic cells count for productive Traits In Iranian Holstein Dairy Cattle Using Mendelian Bayesian Analysis

Mehdi Halebi<sup>1\*</sup>, Meysam Hashemzadeh<sup>2</sup>, Aliraza Noshary<sup>3</sup>, Sadagh Alijane<sup>4</sup>, Ahsan Naserefar<sup>5</sup>

<sup>1\*</sup> student of high degree license in animal science field, Azad university of karaj, Iran

Corresponding author by address email: **Email: En.mehditalebi@gmail.com**

<sup>2</sup>-student of high degree license in animal science field, Azad university of Saveh, Iran

<sup>3</sup>- Department of Animal Science, Azad University of karaj, karaj, Iran

<sup>4</sup>- Department of Animal Science, University of Tabriz

<sup>5</sup>-student of high degree license in animal science field, Azad university of karaj, Iran



## Abstract

The main purpose estimate of genetic polygenic, and make managerial reasonable decision regarding use of them in dairy farm not only for polygenic state but also for major gene. For somatic cells traits, first calf heifers were used. In order to remove the effects of remote data on the results of segregation analysis, remote data of each of the traits were removed by use of box plot method which is presented in SAS software. Mixed heredity model is applied for this purpose (assessment of genetic parameters). The mentioned model makes possible to observe a gene with major effect without molecular data. The mentioned model is executed in IBayes software. Genetic parameters were assessed by use of Bayesian analysis and by help of Gibbs algorithm in shape of mentioned model. The obtained results showed that for somatic cell count trait, a gene with major effect is segregated

**Key word: Major gene , Bayes Analysis, somatic cells count**