

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

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

Article Info

Article type:

Research Full Paper

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.

Article history:

Received:

Revised:

Accepted:

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.

Keywords:

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

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.

Cite this article: ----- (2026). The estimation of genetic parameters for milk somatic cell scores in Murciano-Granadina goats by B-Spline random regression models. *Journal of Ruminant Research*, 14(3),



© The Author(s)



Publisher: Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

برآورد پارامترهای ژنتیکی نمره سلول‌های سوماتیک شیر در بزهای مورسیانا-گرانادینا با مدل‌های تابعیت تصادفی بی‌اسپلین

^۱ دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جیرفت، جیرفت، ایران، رایانامه: msmokhtari@ujiroft.ac.ir

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

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

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله کامل علمی - پژوهشی	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 مورسیانا-گرانادینا در ایران با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی تحت تابع بی‌اسپلین بود.
تاریخ دریافت: تاریخ ویرایش: تاریخ پذیرش:	مواد و روش‌ها: در این پژوهش، از ۷۰۸۹ رکورد روز آزمون شمار سلول‌های سوماتیک شیر در نخستین دوره شیردهی ۲۴۳۲ راس بز نژاد مورسیانا-گرانادینا استفاده شد که طی سال‌های ۱۳۹۶ تا ۱۴۰۳ در مجتمع پرورش بز شیری مورسیانا 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.
واژه‌های کلیدی: تابع بی‌اسپلین رکورد روز آزمون شمار سلول‌های سوماتیک وراثت پذیری همبستگی ژنتیکی	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 وراثت پذیری داشتند به گونه ای که از ۰/۰۹ در روز ۵ شیردهی به ۰/۱۴ در روز ۲۶۵ شیردهی رسید. مقادیر برآورد شده همبستگی های ژنتیکی بین روز آزمون های مختلف بیشتر از همبستگی های فنوتیپی بودند. به علاوه، مقادیر همبستگی های ژنتیکی بین روزهای نزدیک به هم بیشتر و بین روزهای دور از هم کمتر برآورد شدند. همبستگی های 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 همبستگی های 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.

نتیجه گیری: نتایج حاصل از این پژوهش نشان می دهد که انتخاب مستقیم برای بهبود ژنتیکی این صفت کارآمد نیست و بهبود عملکرد بزهای مورسیانا-گرانادینا از حیث صفت شمار سلول های 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.

استناد: ----- (۱۴۰۵). برآورد پارامترهای ژنتیکی نمره سلول های سوماتیک شیر در

بزهای مورسیانا-گرانادینا با مدل های تابعیت تصادفی بی اسپلین. پژوهش در تشخیصوارکنندگان، ۱۴(۳)،



© نویسندگان

ناشر: دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان



مقدمه

شمار سلول‌های سوماتیک شیر یک شاخص قابل اعتماد برای تشخیص زود هنگام بیماری ورم پستان و وضعیت سلامت غدد پستانی است (Jaskowski و Olechnowicz, 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 زود هنگام 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 تأثیرگذار بر رکوردهای روز آزمون (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 چندصفتهی 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 کوواریانس نیاز است (Meyer و Hill، ۱۹۹۷). تابع کواریانس، تابع پیوسته‌ای است که واریانس و کوواریانس صفات اندازه‌گیری شده را در نقاط مختلف زمانی پیش‌بینی می‌کند. هرچند از این تابع برای توصیف ساختار کوواریانس فنوتیپی نیز استفاده می‌شود اما اصولاً برای هر نوع اثر

تصادفی مؤثر بر تنوع مشاهدات، به کار می‌رود. در اصلاح دام از تابع کوواریانس عمدتاً برای در نظر گرفتن ساختار کوواریانس ژنتیکی استفاده می‌شود. در این روش، ساختار واریانس-کوواریانس 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 کوواریانس مورد استفاده در مدل‌های تابعیت تصادفی، توابع بی‌اسپلین (Meyer، ۲۰۰۵) هستند.

نژاد بز موریسیانا-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 موریسیانا-گرانادینا برای تدوین یک برنامه پرورشی کارآمد در این نژاد ضروری است. در پژوهشی پارامترهای ژنتیکی نمره سلول‌های سوماتیک شیر در بزهای موریسیانا-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 موریسیانا-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 ۱۳۷۵ 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 موریسیانا-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 موریسیانا-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 موریسیانا-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 Numbers	مورد Item
35121	کل افراد Total individuals
2484	افراد همخون Inbred individuals
937	نرها Sires
11328	ماده‌ها 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 (%)

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

رکوردهای روز آزمون و ویرایش آنها: از ۷۰۸۹ رکورد روز آزمون شمار سلول‌های سوماتیک شیر نخستین دوره شیردهی ۲۴۳۲ راس بز نژاد مورسیانا-گرانادینا استفاده شد که طی سال‌های ۱۳۹۶ تا ۱۴۰۳ در مجتمع پرورش بز شیری مورسیا 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

رابطه زیر به نمره سلول‌های سوماتیک (SCS) تبدیل شدند (Valencia-Posadas و همکاران، ۲۰۲۲):

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

رکوردهای روزآزمون 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 صفی تابعیت تصادفی استفاده شد. آرایش ماتریسی مدل استفاده شده به صورت زیر است:

$$y = Xb + Za + Wc + e$$

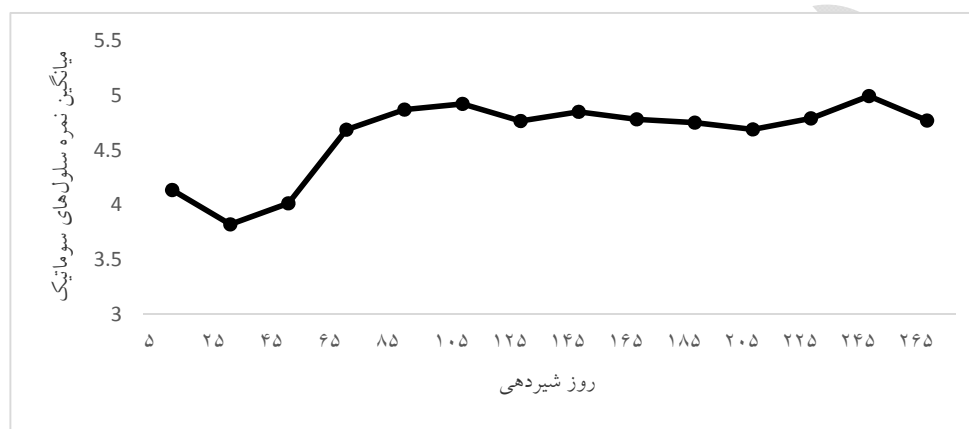
در مدل فوق، y بردار رکوردهای روز آزمون نمره سلول‌های سوماتیک شیر است. b بردار اثرات ثابت و ضرایب مربوط حاصل از رگرسیون به ماتریس X ، بردار a ضرایب مرتبط کننده تابعیت تصادفی اثرات ژنتیکی افزایشی به ماتریس Z ، ضرایب مرتبط کننده تابعیت تصادفی اثرات محیطی دائمی دامها به ماتریس W و e بردار اثرات تصادفی باقی 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 بی‌اسپلین 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 بی‌اسپلین، 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 باقی‌مانده 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 ۴۵-۵۰، ۵۰-۵۵، ۵۵-۶۰، ۶۰-۶۵، ۶۵-۷۰، ۷۰-۷۵، ۷۵-۸۰، ۸۰-۸۵، ۸۵-۹۰، ۹۰-۹۵، ۹۵-۱۰۰، ۱۰۰-۱۰۵، ۱۰۵-۱۱۰، ۱۱۰-۱۱۵، ۱۱۵-۱۲۰، ۱۲۰-۱۲۵، ۱۲۵-۱۳۰، ۱۳۰-۱۳۵، ۱۳۵-۱۴۰، ۱۴۰-۱۴۵، ۱۴۵-۱۵۰، ۱۵۰-۱۵۵، ۱۵۵-۱۶۰، ۱۶۰-۱۶۵، ۱۶۵-۱۷۰، ۱۷۰-۱۷۵، ۱۷۵-۱۸۰، ۱۸۰-۱۸۵، ۱۸۵-۱۹۰، ۱۹۰-۱۹۵، ۱۹۵-۲۰۰، ۲۰۰-۲۰۵، ۲۰۵-۲۱۰، ۲۱۰-۲۱۵، ۲۱۵-۲۲۰، ۲۲۰-۲۲۵، ۲۲۵-۲۳۰، ۲۳۰-۲۳۵، ۲۳۵-۲۴۰، ۲۴۰-۲۴۵، ۲۴۵-۲۵۰، ۲۵۰-۲۵۵، ۲۵۵-۲۶۰، ۲۶۰-۲۶۵، ۲۶۵-۲۷۰، ۲۷۰-۲۷۵، ۲۷۵-۲۸۰، ۲۸۰-۲۸۵، ۲۸۵-۲۹۰، ۲۹۰-۲۹۵، ۲۹۵-۳۰۰، ۳۰۰-۳۰۵، ۳۰۵-۳۱۰، ۳۱۰-۳۱۵، ۳۱۵-۳۲۰، ۳۲۰-۳۲۵، ۳۲۵-۳۳۰، ۳۳۰-۳۳۵، ۳۳۵-۳۴۰، ۳۴۰-۳۴۵، ۳۴۵-۳۵۰، ۳۵۰-۳۵۵، ۳۵۵-۳۶۰، ۳۶۰-۳۶۵، ۳۶۵-۳۷۰، ۳۷۰-۳۷۵، ۳۷۵-۳۸۰، ۳۸۰-۳۸۵، ۳۸۵-۳۹۰، ۳۹۰-۳۹۵، ۳۹۵-۴۰۰، ۴۰۰-۴۰۵، ۴۰۵-۴۱۰، ۴۱۰-۴۱۵، ۴۱۵-۴۲۰، ۴۲۰-۴۲۵، ۴۲۵-۴۳۰، ۴۳۰-۴۳۵، ۴۳۵-۴۴۰، ۴۴۰-۴۴۵، ۴۴۵-۴۵۰، ۴۵۰-۴۵۵، ۴۵۵-۴۶۰، ۴۶۰-۴۶۵، ۴۶۵-۴۷۰، ۴۷۰-۴۷۵، ۴۷۵-۴۸۰، ۴۸۰-۴۸۵، ۴۸۵-۴۹۰، ۴۹۰-۴۹۵، ۴۹۵-۵۰۰، ۵۰۰-۵۰۵، ۵۰۵-۵۱۰، ۵۱۰-۵۱۵، ۵۱۵-۵۲۰، ۵۲۰-۵۲۵، ۵۲۵-۵۳۰، ۵۳۰-۵۳۵، ۵۳۵-۵۴۰، ۵۴۰-۵۴۵، ۵۴۵-۵۵۰، ۵۵۰-۵۵۵، ۵۵۵-۵۶۰، ۵۶۰-۵۶۵، ۵۶۵-۵۷۰، ۵۷۰-۵۷۵، ۵۷۵-۵۸۰، ۵۸۰-۵۸۵، ۵۸۵-۵۹۰، ۵۹۰-۵۹۵، ۵۹۵-۶۰۰، ۶۰۰-۶۰۵، ۶۰۵-۶۱۰، ۶۱۰-۶۱۵، ۶۱۵-۶۲۰، ۶۲۰-۶۲۵، ۶۲۵-۶۳۰، ۶۳۰-۶۳۵، ۶۳۵-۶۴۰، ۶۴۰-۶۴۵، ۶۴۵-۶۵۰، ۶۵۰-۶۵۵، ۶۵۵-۶۶۰، ۶۶۰-۶۶۵، ۶۶۵-۶۷۰، ۶۷۰-۶۷۵، ۶۷۵-۶۸۰، ۶۸۰-۶۸۵، ۶۸۵-۶۹۰، ۶۹۰-۶۹۵، ۶۹۵-۷۰۰، ۷۰۰-۷۰۵، ۷۰۵-۷۱۰، ۷۱۰-۷۱۵، ۷۱۵-۷۲۰، ۷۲۰-۷۲۵، ۷۲۵-۷۳۰، ۷۳۰-۷۳۵، ۷۳۵-۷۴۰، ۷۴۰-۷۴۵، ۷۴۵-۷۵۰، ۷۵۰-۷۵۵، ۷۵۵-۷۶۰، ۷۶۰-۷۶۵، ۷۶۵-۷۷۰، ۷۷۰-۷۷۵، ۷۷۵-۷۸۰، ۷۸۰-۷۸۵، ۷۸۵-۷۹۰، ۷۹۰-۷۹۵، ۷۹۵-۸۰۰، ۸۰۰-۸۰۵، ۸۰۵-۸۱۰، ۸۱۰-۸۱۵، ۸۱۵-۸۲۰، ۸۲۰-۸۲۵، ۸۲۵-۸۳۰، ۸۳۰-۸۳۵، ۸۳۵-۸۴۰، ۸۴۰-۸۴۵، ۸۴۵-۸۵۰، ۸۵۰-۸۵۵، ۸۵۵-۸۶۰، ۸۶۰-۸۶۵، ۸۶۵-۸۷۰، ۸۷۰-۸۷۵، ۸۷۵-۸۸۰، ۸۸۰-۸۸۵، ۸۸۵-۸۹۰، ۸۹۰-۸۹۵، ۸۹۵-۹۰۰، ۹۰۰-۹۰۵، ۹۰۵-۹۱۰، ۹۱۰-۹۱۵، ۹۱۵-۹۲۰، ۹۲۰-۹۲۵، ۹۲۵-۹۳۰، ۹۳۰-۹۳۵، ۹۳۵-۹۴۰، ۹۴۰-۹۴۵، ۹۴۵-۹۵۰، ۹۵۰-۹۵۵، ۹۵۵-۹۶۰، ۹۶۰-۹۶۵، ۹۶۵-۹۷۰، ۹۷۰-۹۷۵، ۹۷۵-۹۸۰، ۹۸۰-۹۸۵، ۹۸۵-۹۹۰، ۹۹۰-۹۹۵، ۹۹۵-۱۰۰۰، ۱۰۰۰-۱۰۰۵، ۱۰۰۵-۱۰۱۰، ۱۰۱۰-۱۰۱۵، ۱۰۱۵-۱۰۲۰، ۱۰۲۰-۱۰۲۵، ۱۰۲۵-۱۰۳۰، ۱۰۳۰-۱۰۳۵، ۱۰۳۵-۱۰۴۰، ۱۰۴۰-۱۰۴۵، ۱۰۴۵-۱۰۵۰، ۱۰۵۰-۱۰۵۵، ۱۰۵۵-۱۰۶۰، ۱۰۶۰-۱۰۶۵، ۱۰۶۵-۱۰۷۰، ۱۰۷۰-۱۰۷۵، ۱۰۷۵-۱۰۸۰، ۱۰۸۰-۱۰۸۵، ۱۰۸۵-۱۰۹۰، ۱۰۹۰-۱۰۹۵، ۱۰۹۵-۱۱۰۰، ۱۱۰۰-۱۱۰۵، ۱۱۰۵-۱۱۱۰، ۱۱۱۰-۱۱۱۵، ۱۱۱۵-۱۱۲۰، ۱۱۲۰-۱۱۲۵، ۱۱۲۵-۱۱۳۰، ۱۱۳۰-۱۱۳۵، ۱۱۳۵-۱۱۴۰، ۱۱۴۰-۱۱۴۵، ۱۱۴۵-۱۱۵۰، ۱۱۵۰-۱۱۵۵، ۱۱۵۵-۱۱۶۰، ۱۱۶۰-۱۱۶۵، ۱۱۶۵-۱۱۷۰، ۱۱۷۰-۱۱۷۵، ۱۱۷۵-۱۱۸۰، ۱۱۸۰-۱۱۸۵، ۱۱۸۵-۱۱۹۰، ۱۱۹۰-۱۱۹۵، ۱۱۹۵-۱۲۰۰، ۱۲۰۰-۱۲۰۵، ۱۲۰۵-۱۲۱۰، ۱۲۱۰-۱۲۱۵، ۱۲۱۵-۱۲۲۰، ۱۲۲۰-۱۲۲۵، ۱۲۲۵-۱۲۳۰، ۱۲۳۰-۱۲۳۵، ۱۲۳۵-۱۲۴۰، ۱۲۴۰-۱۲۴۵، ۱۲۴۵-۱۲۵۰، ۱۲۵۰-۱۲۵۵، ۱۲۵۵-۱۲۶۰، ۱۲۶۰-۱۲۶۵، ۱۲۶۵-۱۲۷۰، ۱۲۷۰-۱۲۷۵، ۱۲۷۵-۱۲۸۰، ۱۲۸۰-۱۲۸۵، ۱۲۸۵-۱۲۹۰، ۱۲۹۰-۱۲۹۵، ۱۲۹۵-۱۳۰۰، ۱۳۰۰-۱۳۰۵، ۱۳۰۵-۱۳۱۰، ۱۳۱۰-۱۳۱۵، ۱۳۱۵-۱۳۲۰، ۱۳۲۰-۱۳۲۵، ۱۳۲۵-۱۳۳۰، ۱۳۳۰-۱۳۳۵، ۱۳۳۵-۱۳۴۰، ۱۳۴۰-۱۳۴۵، ۱۳۴۵-۱۳۵۰، ۱۳۵۰-۱۳۵۵، ۱۳۵۵-۱۳۶۰، ۱۳۶۰-۱۳۶۵، ۱۳۶۵-۱۳۷۰، ۱۳۷۰-۱۳۷۵، ۱۳۷۵-۱۳۸۰، ۱۳۸۰-۱۳۸۵، ۱۳۸۵-۱۳۹۰، ۱۳۹۰-۱۳۹۵، ۱۳۹۵-۱۴۰۰، ۱۴۰۰-۱۴۰۵، ۱۴۰۵-۱۴۱۰، ۱۴۱۰-۱۴۱۵، ۱۴۱۵-۱۴۲۰، ۱۴۲۰-۱۴۲۵، ۱۴۲۵-۱۴۳۰، ۱۴۳۰-۱۴۳۵، ۱۴۳۵-۱۴۴۰، ۱۴۴۰-۱۴۴۵، ۱۴۴۵-۱۴۵۰، ۱۴۵۰-۱۴۵۵، ۱۴۵۵-۱۴۶۰، ۱۴۶۰-۱۴۶۵، ۱۴۶۵-۱۴۷۰، ۱۴۷۰-۱۴۷۵، ۱۴۷۵-۱۴۸۰، ۱۴۸۰-۱۴۸۵، ۱۴۸۵-۱۴۹۰، ۱۴۹۰-۱۴۹۵، ۱۴۹۵-۱۵۰۰، ۱۵۰۰-۱۵۰۵، ۱۵۰۵-۱۵۱۰، ۱۵۱۰-۱۵۱۵، ۱۵۱۵-۱۵۲۰، ۱۵۲۰-۱۵۲۵، ۱۵۲۵-۱۵۳۰، ۱۵۳۰-۱۵۳۵، ۱۵۳۵-۱۵۴۰، ۱۵۴۰-۱۵۴۵، ۱۵۴۵-۱۵۵۰، ۱۵۵۰-۱۵۵۵، ۱۵۵۵-۱۵۶۰، ۱۵۶۰-۱۵۶۵، ۱۵۶۵-۱۵۷۰، ۱۵۷۰-۱۵۷۵، ۱۵۷۵-۱۵۸۰، ۱۵۸۰-۱۵۸۵، ۱۵۸۵-۱۵۹۰، ۱۵۹۰-۱۵۹۵، ۱۵۹۵-۱۶۰۰، ۱۶۰۰-۱۶۰۵، ۱۶۰۵-۱۶۱۰، ۱۶۱۰-۱۶۱۵، ۱۶۱۵-۱۶۲۰، ۱۶۲۰-۱۶۲۵، ۱۶۲۵-۱۶۳۰، ۱۶۳۰-۱۶۳۵، ۱۶۳۵-۱۶۴۰، ۱۶۴۰-۱۶۴۵، ۱۶۴۵-۱۶۵۰، ۱۶۵۰-۱۶۵۵، ۱۶۵۵-۱۶۶۰، ۱۶۶۰-۱۶۶۵، ۱۶۶۵-۱۶۷۰، ۱۶۷۰-۱۶۷۵، ۱۶۷۵-۱۶۸۰، ۱۶۸۰-۱۶۸۵، ۱۶۸۵-۱۶۹۰، ۱۶۹۰-۱۶۹۵، ۱۶۹۵-۱۷۰۰، ۱۷۰۰-۱۷۰۵، ۱۷۰۵-۱۷۱۰، ۱۷۱۰-۱۷۱۵، ۱۷۱۵-۱۷۲۰، ۱۷۲۰-۱۷۲۵، ۱۷۲۵-۱۷۳۰، ۱۷۳۰-۱۷۳۵، ۱۷۳۵-۱۷۴۰، ۱۷۴۰-۱۷۴۵، ۱۷۴۵-۱۷۵۰، ۱۷۵۰-۱۷۵۵، ۱۷۵۵-۱۷۶۰، ۱۷۶۰-۱۷۶۵، ۱۷۶۵-۱۷۷۰، ۱۷۷۰-۱۷۷۵، ۱۷۷۵-۱۷۸۰، ۱۷۸۰-۱۷۸۵، ۱۷۸۵-۱۷۹۰، ۱۷۹۰-۱۷۹۵، ۱۷۹۵-۱۸۰۰، ۱۸۰۰-۱۸۰۵، ۱۸۰۵-۱۸۱۰، ۱۸۱۰-۱۸۱۵، ۱۸۱۵-۱۸۲۰، ۱۸۲۰-۱۸۲۵، ۱۸۲۵-۱۸۳۰، ۱۸۳۰-۱۸۳۵، ۱۸۳۵-۱۸۴۰، ۱۸۴۰-۱۸۴۵، ۱۸۴۵-۱۸۵۰، ۱۸۵۰-۱۸۵۵، ۱۸۵۵-۱۸۶۰، ۱۸۶۰-۱۸۶۵، ۱۸۶۵-۱۸۷۰، ۱۸۷۰-۱۸۷۵، ۱۸۷۵-۱۸۸۰، ۱۸۸۰-۱۸۸۵، ۱۸۸۵-۱۸۹۰، ۱۸۹۰-۱۸۹۵، ۱۸۹۵-۱۹۰۰، ۱۹۰۰-۱۹۰۵، ۱۹۰۵-۱۹۱۰، ۱۹۱۰-۱۹۱۵، ۱۹۱۵-۱۹۲۰، ۱۹۲۰-۱۹۲۵، ۱۹۲۵-۱۹۳۰، ۱۹۳۰-۱۹۳۵، ۱۹۳۵-۱۹۴۰، ۱۹۴۰-۱۹۴۵، ۱۹۴۵-۱۹۵۰، ۱۹۵۰-۱۹۵۵، ۱۹۵۵-۱۹۶۰، ۱۹۶۰-۱۹۶۵، ۱۹۶۵-۱۹۷۰، ۱۹۷۰-۱۹۷۵، ۱۹۷۵-۱۹۸۰، ۱۹۸۰-۱۹۸۵، ۱۹۸۵-۱۹۹۰، ۱۹۹۰-۱۹۹۵، ۱۹۹۵-۲۰۰۰، ۲۰۰۰-۲۰۰۵، ۲۰۰۵-۲۰۱۰، ۲۰۱۰-۲۰۱۵، ۲۰۱۵-۲۰۲۰، ۲۰۲۰-۲۰۲۵، ۲۰۲۵-۲۰۳۰، ۲۰۳۰-۲۰۳۵، ۲۰۳۵-۲۰۴۰، ۲۰۴۰-۲۰۴۵، ۲۰۴۵-۲۰۵۰، ۲۰۵۰-۲۰۵۵، ۲۰۵۵-۲۰۶۰، ۲۰۶۰-۲۰۶۵، ۲۰۶۵-۲۰۷۰، ۲۰۷۰-۲۰۷۵، ۲۰۷۵-۲۰۸۰، ۲۰۸۰-۲۰۸۵، ۲۰۸۵-۲۰۹۰، ۲۰۹۰-۲۰۹۵، ۲۰۹۵-۲۱۰۰، ۲۱۰۰-۲۱۰۵، ۲۱۰۵-۲۱۱۰، ۲۱۱۰-۲۱۱۵، ۲۱۱۵-۲۱۲۰، ۲۱۲۰-۲۱۲۵، ۲۱۲۵-۲۱۳۰، ۲۱۳۰-۲۱۳۵، ۲۱۳۵-۲۱۴۰، ۲۱۴۰-۲۱۴۵، ۲۱۴۵-۲۱۵۰، ۲۱۵۰-۲۱۵۵، ۲۱۵۵-۲۱۶۰، ۲۱۶۰-۲۱۶۵، ۲۱۶۵-۲۱۷۰، ۲۱۷۰-۲۱۷۵، ۲۱۷۵-۲۱۸۰، ۲۱۸۰-۲۱۸۵، ۲۱۸۵-۲۱۹۰، ۲۱۹۰-۲۱۹۵، ۲۱۹۵-۲۲۰۰، ۲۲۰۰-۲۲۰۵، ۲۲۰۵-۲۲۱۰، ۲۲۱۰-۲۲۱۵، ۲۲۱۵-۲۲۲۰، ۲۲۲۰-۲۲۲۵، ۲۲۲۵-۲۲۳۰، ۲۲۳۰-۲۲۳۵، ۲۲۳۵-۲۲۴۰، ۲۲۴۰-۲۲۴۵، ۲۲۴۵-۲۲۵۰، ۲۲۵۰-۲۲۵۵، ۲۲۵۵-۲۲۶۰، ۲۲۶۰-۲۲۶۵، ۲۲۶۵-۲۲۷۰، ۲۲۷۰-۲۲۷۵، ۲۲۷۵-۲۲۸۰، ۲۲۸۰-۲۲۸۵، ۲۲۸۵-۲۲۹۰، ۲۲۹۰-۲۲۹۵، ۲۲۹۵-۲۳۰۰، ۲۳۰۰-۲۳۰۵، ۲۳۰۵-۲۳۱۰، ۲۳۱۰-۲۳۱۵، ۲۳۱۵-۲۳۲۰، ۲۳۲۰-۲۳۲۵، ۲۳۲۵-۲۳۳۰، ۲۳۳۰-۲۳۳۵، ۲۳۳۵-۲۳۴۰، ۲۳۴۰-۲۳۴۵، ۲۳۴۵-۲۳۵۰، ۲۳۵۰-۲۳۵۵، ۲۳۵۵-۲۳۶۰، ۲۳۶۰-۲۳۶۵، ۲۳۶۵-۲۳۷۰، ۲۳۷۰-۲۳۷۵، ۲۳۷۵-۲۳۸۰، ۲۳۸۰-۲۳۸۵، ۲۳۸۵-۲۳۹۰، ۲۳۹۰-۲۳۹۵، ۲۳۹۵-۲۴۰۰، ۲۴۰۰-۲۴۰۵، ۲۴۰۵-۲۴۱۰، ۲۴۱۰-۲۴۱۵، ۲۴۱۵-۲۴۲۰، ۲۴۲۰-۲۴۲۵، ۲۴۲۵-۲۴۳۰، ۲۴۳۰-۲۴۳۵، ۲۴۳۵-۲۴۴۰، ۲۴۴۰-۲۴۴۵، ۲۴۴۵-۲۴۵۰، ۲۴۵۰-۲۴۵۵، ۲۴۵۵-۲۴۶۰، ۲۴۶۰-۲۴۶۵، ۲۴۶۵-۲۴۷۰، ۲۴۷۰-۲۴۷۵، ۲۴۷۵-۲۴۸۰، ۲۴۸۰-۲۴۸۵، ۲۴۸۵-۲۴۹۰، ۲۴۹۰-۲۴۹۵، ۲۴۹۵-۲۵۰۰، ۲۵۰۰-۲۵۰۵، ۲۵۰۵-۲۵۱۰، ۲۵۱۰-۲۵۱۵، ۲۵۱۵-۲۵۲۰، ۲۵۲۰-۲۵۲۵، ۲۵۲۵-۲۵۳۰، ۲۵۳۰-۲۵۳۵، ۲۵۳۵-۲۵۴۰، ۲۵۴۰-۲۵۴۵، ۲۵۴۵-۲۵۵۰، ۲۵۵۰-۲۵۵۵، ۲۵۵۵-۲۵۶۰، ۲۵۶۰-۲۵۶۵، ۲۵۶۵-۲۵۷۰، ۲۵۷۰-۲۵۷۵، ۲۵۷۵-۲۵۸۰، ۲۵۸۰-۲۵۸۵، ۲۵۸۵-۲۵۹۰، ۲۵۹۰-۲۵۹۵، ۲۵۹۵-۲۶۰۰، ۲۶۰۰-۲۶۰۵، ۲۶۰۵-۲۶۱۰، ۲۶۱۰-۲۶۱۵، ۲۶۱۵-۲۶۲۰، ۲۶۲۰-۲۶۲۵، ۲۶۲۵-۲۶۳۰، ۲۶۳۰-۲۶۳۵، ۲۶۳۵-۲۶۴۰، ۲۶۴۰-۲۶۴۵، ۲۶۴۵-۲۶۵۰، ۲۶۵۰-۲۶۵۵، ۲۶۵۵-۲۶۶۰، ۲۶۶۰-۲۶۶۵، ۲۶۶۵-۲۶۷۰، ۲۶۷۰-۲۶۷۵، ۲۶۷۵-۲۶۸۰، ۲۶۸۰-۲۶۸۵، ۲۶۸۵-۲۶۹۰، ۲۶۹۰-۲۶۹۵، ۲۶۹۵-۲۷۰۰، ۲۷۰۰-۲۷۰۵، ۲۷۰۵-۲۷۱۰، ۲۷۱۰-۲۷۱۵، ۲۷۱۵-۲۷۲۰، ۲۷۲۰-۲۷۲۵، ۲۷۲۵-۲۷۳۰، ۲۷۳۰-۲۷۳۵، ۲۷۳۵-۲۷۴۰، ۲۷۴۰-۲۷۴۵، ۲۷۴۵-۲۷۵۰، ۲۷۵۰-۲۷۵۵، ۲۷۵۵-۲۷۶۰، ۲۷۶۰-۲۷۶۵، ۲۷۶۵-۲۷۷۰، ۲۷۷۰-۲۷۷۵، ۲۷۷۵-۲۷۸۰، ۲۷۸۰-۲۷۸۵، ۲۷۸۵-۲۷۹۰، ۲۷۹۰-۲۷۹۵، ۲۷۹۵-۲۸۰۰، ۲۸۰۰-۲۸۰۵، ۲۸۰۵-۲۸۱۰، ۲۸۱۰-۲۸۱۵، ۲۸۱۵-۲۸۲۰، ۲۸۲۰-۲۸۲۵، ۲۸۲۵-۲۸۳۰، ۲۸۳۰-۲۸۳۵، ۲۸۳۵-۲۸۴۰، ۲۸۴۰-۲۸۴۵، ۲۸۴۵-۲۸۵۰، ۲۸۵۰-۲۸۵۵، ۲۸۵۵-۲۸۶۰، ۲۸۶۰-۲۸۶۵، ۲۸۶۵-۲۸۷۰، ۲۸۷۰-۲۸۷۵، ۲۸۷۵-۲۸۸۰، ۲۸۸۰-۲۸۸۵، ۲۸۸۵-۲۸۹۰، ۲۸۹۰-۲۸۹۵، ۲۸۹۵-۲۹۰۰، ۲۹۰۰-۲۹۰۵، ۲۹۰۵-۲۹۱۰، ۲۹۱۰-۲۹۱۵، ۲۹۱۵-۲۹۲۰، ۲۹۲۰-۲۹۲۵، ۲۹۲۵-۲۹۳۰، ۲۹۳۰-۲۹۳۵، ۲۹۳۵-۲۹۴۰، ۲۹۴۰-۲۹۴۵، ۲۹۴۵-۲۹۵۰، ۲۹۵۰-۲۹۵۵، ۲۹۵۵-۲۹۶۰، ۲۹۶۰-۲۹۶۵، ۲۹۶۵-۲۹۷۰، ۲۹۷۰-۲۹۷۵، ۲۹۷۵-۲۹۸۰، ۲۹۸۰-۲۹۸۵، ۲۹۸۵-۲۹۹۰، ۲۹۹۰-۲۹۹۵، ۲۹۹۵-۳۰۰۰، ۳۰۰۰-۳۰۰۵، ۳۰۰۵-۳۰۱۰، ۳۰۱۰-۳۰۱۵، ۳۰۱۵-۳۰۲۰، ۳۰۲۰-۳۰۲۵، ۳۰۲۵-۳۰۳۰، ۳۰۳۰-۳۰۳۵، ۳۰۳۵-۳۰۴۰، ۳۰۴۰-۳۰۴۵، ۳۰۴۵-۳۰۵۰، ۳۰۵۰-۳۰۵۵، ۳۰۵۵-۳۰۶۰، ۳۰۶۰-۳۰۶۵، ۳۰۶۵-۳۰۷۰، ۳۰۷۰-۳۰۷۵، ۳۰۷۵-۳۰۸۰، ۳۰۸۰-۳۰۸۵، ۳۰۸۵-۳۰۹۰، ۳۰۹۰-۳۰۹۵، ۳۰۹۵-۳۱۰۰، ۳۱۰۰-۳۱۰۵، ۳۱۰۵-۳۱۱۰، ۳۱۱۰-۳۱۱۵، ۳۱۱۵-۳۱۲۰، ۳۱۲۰-۳۱۲۵، ۳۱۲۵-۳۱۳۰، ۳۱۳۰-۳۱۳۵، ۳۱۳۵-۳۱۴۰، ۳۱۴۰-۳۱۴۵، ۳۱۴۵-۳۱۵۰، ۳۱۵۰-۳۱۵۵، ۳۱۵۵-۳۱۶۰، ۳۱۶۰-۳۱۶۵، ۳۱۶۵-۳۱۷۰، ۳۱۷۰-۳۱۷۵، ۳۱۷۵-۳۱۸۰، ۳۱۸۰-۳۱۸۵، ۳۱۸۵-۳۱۹۰، ۳۱۹۰-۳۱۹۵، ۳۱۹۵-۳۲۰۰، ۳۲۰۰-۳۲۰۵، ۳۲۰۵-۳۲۱۰، ۳۲۱۰-۳۲۱۵، ۳۲۱۵-۳۲۲۰، ۳۲۲

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.

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



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

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 باقی‌مانده 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.

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 بی‌اسپلین، با در نظر گرفتن همگن بودن و ناهمگن بودن واریانس باقی‌مانده، در جدول ۲ ارائه شده است. مدل BSPQ5Het که در آن برای هر دوی اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی تحت تابع بی‌اسپلین درجه برازش ۲، تعداد گره‌ها ۵ و واریانس باقی‌مانده 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

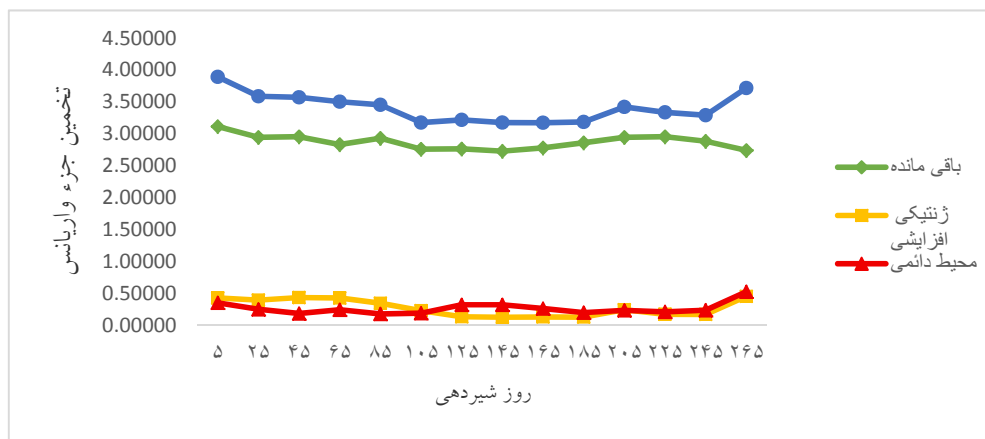
Table 2. The comparison of B-Spline random regression models for milk somatic cell scores in Murciano-Granadina goats

معیار اطلاع بیزی	معیار اطلاع آکائیک	تعداد پارامتر	مدل
Bayesian information criterion	Akaike's information criterion	Numbers of parameters	Model
45849.93	15760.69	13	BSPL3Hom
15913.55	15769.40	21	BSPL4Hom
16002.18	15789.38	31	BSPL5Hom
16103.13	15807.96	43	BSPL6Hom
15848.61	15759.37	13	BSPQ3Hom
15915.85	15771.70	21	BSPQ4Hom
15995.00	15782.20	31	BSPQ5Hom
NC	NC	NC	BSPQ6Hom
15950.38	15861.13	13	BSPC3Hom
15909.35	15765.19	21	BSPC4Hom
15987.53	15774.73	31	BSPC5Hom
16088.94	15793.77	43	BSPC6Hom
15888.69	15765.13	18	BSPL3Het
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 بی‌اسپلاین که x حالت برازش تابع شامل L برای حالت خطی، Q برای حالت درجه ۲ و C برای حالت درجه ۳ را نشان می‌دهد. 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

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).

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).

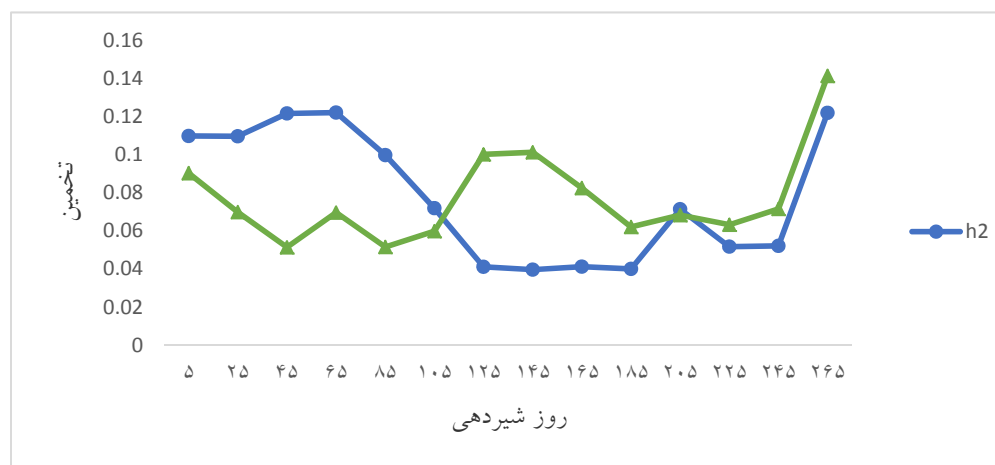


شکل ۲- تغییرات اجزاء واریانس نمره سلول‌های سوماتیک شیر در نخستین شیردهی بزهای مورسیانا-گرانادینا

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

اثرات محیطی بر آنها در مقایسه با اثرات ژنتیکی افزایشی و غیر افزایشی و نیز اثرات محیطی دائمی است. از این رو می‌توان نتیجه گرفت که انتخاب ژنتیکی مستقیم برای بهبود این صفات کارآمد نیست. Soumri و همکاران (۲۰۲۰) با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی تحت چند جمله‌ای‌های 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 ۰/۲۳ گزارش شد (Ehsaninia و همکاران، ۲۰۲۵) که کمتر از میانگین مقادیر برآورد شده برای روز آزمون‌های مختلف در پژوهش حاضر (۰/۰۷) است. تفاوت‌های مشاهده در نتایج به دست آمده از پژوهش‌های مختلف با پژوهش حاضر، تحت تاثیر عواملی مانند تفاوت‌های نژادی، ساختار داده و مدل مورد استفاده قرار می‌گیرد.

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



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

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 مورسیانا-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 تونس 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.

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.

همبستگی‌های ژنتیکی بیشتر بین روز آزمون‌های نزدیک به هم را می‌توان ناشی از بروز وابسته به مرحله شیردهی برخی ژن‌ها در دوره شیردهی دانست (Dige و همکاران، ۲۰۲۲). با توجه به همبستگی‌های

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

نسبت واریانس محیط دائمی به واریانس فنوتیپی $\pm$ خطای معیار	وراثت پذیری $\pm$ خطای معیار $h^2 \pm$ S.E.	روز شیردهی Days in milk
$pe^2 \pm$ S.E.		
0.09 $\pm$ 0.02	0.11 $\pm$ 0.02	5
0.07 $\pm$ 0.03	0.11 $\pm$ 0.05	15
0.07 $\pm$ 0.03	0.11 $\pm$ 0.03	25
0.06 $\pm$ 0.03	0.12 $\pm$ 0.04	35
0.05 $\pm$ 0.01	0.12 $\pm$ 0.04	45
0.07 $\pm$ 0.02	0.13 $\pm$ 0.05	55
0.07 $\pm$ 0.03	0.12 $\pm$ 0.05	65
0.06 $\pm$ 0.01	0.11 $\pm$ 0.04	75
0.05 $\pm$ 0.02	0.10 $\pm$ 0.03	85
0.07 $\pm$ 0.03	0.08 $\pm$ 0.03	95
0.06 $\pm$ 0.04	0.07 $\pm$ 0.03	105
0.08 $\pm$ 0.04	0.05 $\pm$ 0.03	115
0.10 $\pm$ 0.05	0.04 $\pm$ 0.02	125
0.10 $\pm$ 0.05	0.03 $\pm$ 0.02	135
0.10 $\pm$ 0.05	0.04 $\pm$ 0.02	145
0.08 $\pm$ 0.04	0.04 $\pm$ 0.03	155
0.08 $\pm$ 0.04	0.04 $\pm$ 0.03	165
0.05 $\pm$ 0.02	0.03 $\pm$ 0.01	175
0.06 $\pm$ 0.02	0.04 $\pm$ 0.03	185
0.07 $\pm$ 0.03	0.06 $\pm$ 0.03	195
0.07 $\pm$ 0.03	0.07 $\pm$ 0.03	205
0.07 $\pm$ 0.03	0.06 $\pm$ 0.03	215
0.06 $\pm$ 0.02	0.05 $\pm$ 0.02	225
0.06 $\pm$ 0.03	0.05 $\pm$ 0.02	235
0.07 $\pm$ 0.04	0.05 $\pm$ 0.03	245
0.09 $\pm$ 0.04	0.10 $\pm$ 0.05	255
0.14 $\pm$ 0.03	0.12 $\pm$ 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 $\pm$ 0.13	0.55 $\pm$ 0.17	0.52 $\pm$ 0.19	0.62 $\pm$ 0.16	-	5
0.55 $\pm$ 0.24	0.89 $\pm$ 0.24	0.98 $\pm$ 0.17	-	0.05 $\pm$ 0.02	70
0.95 $\pm$ 0.28	0.85 $\pm$ 0.23	-	0.06 $\pm$ 0.02	0.04 $\pm$ 0.02	137
0.89 $\pm$ 0.34	-	0.06 $\pm$ 0.02	0.05 $\pm$ 0.03	0.05 $\pm$ 0.02	203
-	0.05 $\pm$ 0.03	0.07 $\pm$ 0.03	0.07 $\pm$ 0.02	0.06 $\pm$ 0.02	265

نتیجه‌گیری کلی

ژنتیکی این صفات کارآمد نیست و بهبود عملکرد بزهای مورسیانا-گرانادینا از حیث صفت نمره سلول‌های سوماتیک شیر نیازمند استفاده از انتخاب

مقادیر کم وراثت پذیری‌ها در مراحل مختلف دوره شیردهی نشان می‌دهد که انتخاب مستقیم برای بهبود

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 ۱۸۳۴-۳۰۲-۰۳-۲۸۱۲ اجرا گردیده است. از مجتمع پرورش بز شیرزی 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.

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 بی‌اسپلاین وجود دارد. به علاوه، برآورد پارامترهای ژنتیکی این صفت در دیگر

منابع

- Akaike, H. (1974). A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 19: 716-723.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- Meyer, K. (2005). Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. *Genetics Selection Evolution*, 37: 473-500.
- Meyer, K. (2013). WOMBAT – A Programme for Mixed Model Analyses by Restricted Maximum Likelihood. *User Notes*, Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale, Australia.
- 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.
- Mokhtari, M., Asadi Foz, 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- SAS Institute. (2010). *SAS User's Guide, Version 9.4*. Cary, North Carolina, USA.
- Schwarz, G. (1978). Estimating the dimension of a model. *Annals of Statistics*, 6: 461-464.
- 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.
- Smistad, M., Inglingstad, R.A., Solverod, L., Skeie, S. & Hansen, BG. (2024). Somatic cell count in dairy goats I: association with infectious and non-infectious factors. *BMC Veterinary Research*, 20: 509.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.