

مقاله پژوهشی:

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن بزهای مرخز با استفاده از مدل های رگرسیون تصادفی بی اسپلاین

حسن احمدیان^۱، امیر رشیدی^{۲*} و پیمان محمودی^۳

۱، ۲ و ۳. دانش آموخته کارشناسی ارشد، استاد و دانشجوی دوره پسادکتری، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان، سنندج، ایران

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱۲/۹ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۳/۱۰)

چکیده

هدف از این پژوهش برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن در بزهای مرخز با استفاده از مدل های رگرسیون تصادفی بی اسپلاین بود. تعداد ۱۹۵۴۹ رکورد صفات وزن بدن جمع آوری شده طی سال های ۱۳۷۱-۱۳۹۹ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد بز مرخز سنندج، آنالیز شد. مدل مورد استفاده جهت آنالیز داده ها شامل عوامل ثابت (سال تولد، جنس، نوع تولد و سن مادر) و عوامل تصادفی شامل آثار ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، محیطی دائمی دام و محیطی دائمی مادری با فرض واریانس باقیمانده همگن و ناهمگن در طول زمان بود. برای مقایسه مدل ها از معیارهای اطلاعات آکایک (AIC) و بیزی (BIC) استفاده و مدل bspq.4.4.4.4 به عنوان بهترین مدل انتخاب شد. مقدار وراثت پذیری مستقیم برای وزن های تولد، سه ماهگی، شش ماهگی، نه ماهگی و یک سالگی به ترتیب ۰/۱۶، ۰/۰۸، ۰/۲۸ و ۰/۲۶ برآورد گردید. مقادیر همبستگی ژنتیکی بین وزن های تولد و سه ماهگی، تولد و شش ماهگی، تولد و نه ماهگی، تولد و یک سالگی، سه ماهگی و شش ماهگی، سه ماهگی و نه ماهگی، سه ماهگی و یک سالگی، شش ماهگی و نه ماهگی، شش ماهگی و یک سالگی و یک سالگی و نه ماهگی به ترتیب ۰/۹۱، -۰/۲۲، ۰/۳۸، ۰/۲۱، ۰/۵۶، -۰/۲۶، ۰/۳۰، ۰/۶۲، ۰/۸۶ و ۰/۷۷ برآورد گردید. بیشترین همبستگی فنوتیپی بین وزن نه ماهگی و یک سالگی (۰/۸۲) و کمترین همبستگی بین وزن تولد با سه ماهگی و شش ماهگی (۰/۱۲) برآورد گردید. نتایج حاصل نشان داد که وزن نه ماهگی معیار مناسبی برای انتخاب در بزهای مرخز می باشد.

واژه های کلیدی: تابع بی اسپلاین، رگرسیون تصادفی، مؤلفه های واریانس، وراثت پذیری.

Estimation of genetic parameters of body weight traits in Markhoz goats, using B-spline random regression models

Hassan Ahmadian¹, Amir Rashidi^{2*} and Peyman Mahmoudi³

1, 2, 3. M.Sc. Graduate, Professor and Postdoc Researcher, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Kurdistan, Iran

(Received: Feb. 28, 2022 - Accepted: May 31, 2022)

ABSTRACT

This study aimed to estimate the genetic parameters of body weight traits in Markhoz goats, using B-spline random regression models. The data used in this study included 19549 records collected during 29 years (1992-2021) in Markhoz goat Breeding Research Station, located in Sanandaj, Iran. The model used to analyze data included fixed effects (year of birth, sex, type of birth and age of dam) and random effects including direct additive genetic, maternal additive genetic, permanent environmental and maternal permanent environmental assuming homogeneous and heterogeneous residual variance during the time. Akaike (BIC) and Bayesian (BIC) information criteria were used to compare the models and bspq.4.4.4.4 was selected as the best model. The direct heritability values for birth, 3-month, 6-month, 9-month and 12-month weights were estimated to be 0.14, 0.16, 0.08, 0.28 and 0.26, respectively. Genetic correlation between body weights at birth and 3-month, birth and 6-month, birth and 9-month, birth and 12-month, 3-month and 6-month, 3-month and 9-month, 3-month and 12-month, 6-months and 9-month and 9-month and 12-month were 0.22, 0.38, 0.21, 0.56, -0.26, 0.30, 0.62, 0.86 and 0.77, respectively. The highest phenotypic correlation was between the weight of 9-month and 12-month (0.82) and the lowest correlation was between birth weight and 3-month and 6-month (0.12). The results showed that the 9-month weight is a good criterion for selection in Markhoz goats.

Keywords: B-spline, heritability, Random regression, variance components.

* Corresponding author E-mail: arashidi@uok.ac.ir

مقدمه

هدف از پرورش بز در کشورهای توسعه یافته تولید شیر است، در صورتی که تولید گوشت در کشورهای در حال توسعه بیشتر حائز اهمیت می باشد. امروزه تقاضا برای مصرف گوشت بز به دلیل چربی کمتر در مقایسه با دام های دیگر در حال افزایش است (Rashidi *et al.*, 2008; Maghsoudi *et al.*, 2000). با توجه به نقش مهمی که بزها در کشاورزی کشورهای در حال توسعه دارند، بالغ بر ۹۴ درصد از جمعیت بزهای دنیا در این کشورها پرورش داده می شوند. با افزایش حدود ۳۳ درصدی جمعیت بزهای جهان مابین سال های ۲۰۰۰ الی ۲۰۲۰ و با توجه به افزایش مصرف دو برابری شیر و گوشت بز در مناطق خشک و نامساعد نسبت به مصرف متوسط جهانی، انتظار می رود که افزایش جمعیت بز در این مناطق روند صعودی داشته باشد (FAOSTAT, 2020). در ایران ۱۰ الی ۱۵ نژاد بومی بز وجود دارد که جمعیت آن ها بالغ بر ۱۵ میلیون رأس می باشد و یکی از شاخص ترین این نژادها، نژاد مرخز است (Rashidi *et al.*, 2011). بزهای مرخز تنها نژاد تک پوششی ایران هستند که قادر به تولید موهر با رنگ های مختلف می باشند.

مدل رگرسیون تصادفی به دلیل داشتن مزایای زیاد از جمله استفاده از آثار محیطی خاص برای هر روز رکوردگیری جهت برآورد مؤلفه های واریانس، بسته به ماهیت داده ها نسبت به مدل های حیوانی دیگر اخیراً بیشتر مورد استفاده قرار می گیرد. همچنین برای آنالیز صفاتی مانند میزان رشد، وزن بدن در سنین مختلف، تولید و کیفیت اسپرم، تولیدمثل، تولید پشم و تولید شیر که در طول زمان دارای مشاهدات تکرار شده هستند، از مدل رگرسیون تصادفی استفاده می شود (Meyer, 2001; Schaeffer, 2004).

تابع بی اسپلین یکی از انواع مختلف توابع است که می توان آن را در مدل های رگرسیون تصادفی مورد استفاده قرار داد. از توابع بی اسپلین می توان برای برازش آثار تصادفی در مدل ترکیبی و همچنین برای تخمین توابع کوواریانس کارآمد و مناسب استفاده کرد (Rice & Wu, 2001). پژوهش های زیادی با استفاده از مدل های رگرسیون تصادفی برای برآورد مؤلفه های

واریانس صفات وزن بدن انجام شده است (Lewis & Brotherston, 2002; Zamani *et al.*, 2015). اما تاکنون از مدل رگرسیون تصادفی بی اسپلین برای برآورد مؤلفه های واریانس صفات رشد در بز مرخز استفاده نشده است.

وراثت پذیری یکی از مهم ترین پارامترهای ژنتیکی مورد نیاز برای تعیین استراتژی اصلاح نژاد و روش انتخاب در برنامه های اصلاح نژاد می باشد. برای برآورد دقیق این پارامتر، تعیین بهترین مدل برای تجزیه و تحلیل داده ها ضروری است. به همین دلیل قبل از هر اقدامی، برآورد مؤلفه های واریانس صفات لازم است. با برآورد مؤلفه های واریانس صفات، نقش آثار ژنتیکی و به ویژه اثر ژنتیکی افزایشی و اثر محیطی از همدیگر جدا شده و استراتژی مناسب اصلاح نژاد تعیین می گردد. انتخاب برای بهبود صفات مستلزم برآورد مؤلفه های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات می باشد (Rashidi, 1999; Rashidi *et al.*, 2008). در سال های اخیر، از رگرسیون تصادفی در مطالعات صفات مختلف در گوسفند و بز استفاده شده است (Lewis & Brotherston, 2002; Aminrasouli, 2010; Zamani *et al.*, 2015).

از آنجایی که برازش مدل رگرسیون تصادفی تحت تأثیر عوامل مختلفی از جمله تابع و درجه تابع است، لذا تعیین توابع مناسب و درجه برازش آن ها برای برآورد آثار ثابت و تصادفی مدل رگرسیون تصادفی اهمیت به سزایی در برآورد ناریب مؤلفه های واریانس دارد (Aminrasouli, 2010). هدف از این پژوهش تعیین نوع تابع بی اسپلین، تعیین بهترین مدل رگرسیون تصادفی بی اسپلین، برآورد مؤلفه های واریانس و برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن در بزهای مرخز بود.

مواد و روش ها

در این پژوهش از اطلاعات ثبت شده طی سال های ۱۳۷۱ تا ۱۳۹۹ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد بز مرخز شهرستان سنندج استفاده شد. بزها در شرایط نیمه بسته پرورش یافته و جفت گیری گله از اوایل مهر تا اواخر آبان انجام می گیرد. ماده های مولد جوان برای

به عنوان مثال، bspq 4.4.4.4 نشان‌دهنده رگرسیون بی اسپلین (bsp) درجه دو (q) با چهار ضریب برای هر کدام از آثار ژنتیک افزایشی مستقیم، ژنتیک افزایشی مادری، محیط دائمی حیوان و محیط دائمی مادری می‌باشد (Meyer, 2005).

جدول ۱. مشخصات داده‌های مورد استفاده

Table 1. Characteristics of used data

Parameters	No. of animals
Individuals	5510
Records	19468
Sires	260
Progeny with known sire	5170
Dams	1611
Progeny with known dam	5119
Founder animals	340
Individuals with known sire and dam	5119
Dams with unknown parents	309
Sires with unknown parents	31
Individuals without record	3639

آثار ثابتی که در مدل مورد استفاده قرار گرفتند عبارت‌اند از جنس حیوان با دو سطح (نر و ماده)، نوع تولد با سه سطح (یک قلو، دو قلو و سه قلو)، سن مادر با سه سطح (۲ تا ۱۰ سال)، سال تولد با ۲۹ سطح (۱۳۷۱ تا ۱۳۹۹) و سن حیوان بر حسب روز، به صورت متغیر کمکی در مدل قرار داده شد. لازم به ذکر است که در این گله بزغاله‌های نر و ماده تا سن ۱۲ ماهگی در گله نگهداری شده، سپس بزغاله‌های مازاد را در بین دامداران متقاضی توزیع می‌گردند. آثار تصادفی در این مدل شامل اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، محیطی دائمی دام و محیطی دائمی مادری بود. در این پژوهش، مدل‌های مورد استفاده به صورت کامل (دارای چهار اثر تصادفی) به کار گرفته شدند. در این مدل‌ها واریانس باقیمانده به دو صورت متجانس و نامتجانس فرض شد. در حالت متجانس واریانس باقیمانده به یک کلاس تقسیم شد، اما در حالت نامتجانس واریانس باقیمانده به چهار کلاس سنی به صورت ۱ تا ۹۰ روزگی، ۹۱ تا ۱۸۰ روزگی، ۱۸۱ تا ۲۷۰ روزگی و ۲۷۱ تا ۳۶۰ روزگی تقسیم شد. از نرم افزار WOMBAT (Meyer, 2006) برای برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن استفاده شد.

اولین بار در ۱۸ ماهگی با بزهای نر آمیزش داده می‌شوند. سالانه از ۲۰ تا ۳۰ بز نر برای آمیزش با بزهای ماده (هر بز نر با ۱۰ تا ۱۵ بز ماده) استفاده می‌شوند. نتاج تازه متولد شده پس از تولد وزن‌کشی شده و به مدت یک هفته در کنار مادر خود نگهداری می‌شوند. پس از آن بزغاله‌ها از مادر جدا شده و تا سن سه الی چهار ماهگی روزانه دو بار از شیر مادر تغذیه می‌کنند. فایل شجره، شامل شماره بزغاله، شماره پدر و شماره مادر و تعداد رکوردهای آنالیز شده شامل ۱۹۴۶۸ رکورد بود. برای آماده‌سازی داده‌ها از نرم افزار Microsoft Excel 2016 استفاده شد. صفات مورد مطالعه شامل وزن‌های تولد، سه ماهگی، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی بود. مشخصات داده‌های مورد استفاده در جدول ۱ ارائه شده است.

مدل آماری مورد استفاده در این پژوهش عبارت

است از:

$$y_{ij} = cg_i + \sum_{m=0}^{kf-1} \beta_m B_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{ka-1} \alpha_{pm} B_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{km-1} \gamma_{pm} B_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{kc-1} \delta_{pm} B_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{kq-1} \rho_{pm} B_m(t_{ij}) + e_{ij}$$

در این مدل، y_{ij} رکورد وزن مربوط به i امین حیوان، cg_i اثر عوامل ثابت برای i امین سال، جنس، نوع تولد و سن مادر، β_m ضریب رگرسیون ثابت برای منحنی رشد جمعیت (درجه ۲)، α_{pm} ، γ_{pm} ، δ_{pm} و ρ_{pm} به ترتیب p امین ضرایب رگرسیون تصادفی برای آثار ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیک افزایشی مادری، اثر محیطی دائمی دام و محیطی دائمی مادری، $B_m(t_{ij})$ (m امین ضریب بی اسپلین مربوط به عملکرد t_{ij} ، k_f رتبه برازش برای رگرسیون ثابت و k_a ، k_m ، k_c و k_q تعداد ضرایب تابعیت مورد استفاده برای آثار تصادفی و e_{ij} اثر باقیمانده بود (Meyer, 2005). در این پژوهش، مدل‌ها به صورت $X_k k_A k_M k_R k_C$ قابل توضیح می‌باشد که در آن X نشان‌دهنده درجه برازش (چندجمله‌ای) است که می‌تواند خطی (Linear, 1)، درجه ۲ (Quadratic, q) یا درجه ۳ (Cubic, c) باشد. همچنین k_A ، k_M ، k_R و k_C به ترتیب نشان‌دهنده ضرایب رگرسیون مورد استفاده برای آثار ژنتیک افزایشی مستقیم، ژنتیک افزایشی مادری، محیط دائمی حیوان و محیط دائمی مادری می‌باشد.

انتخاب مدل آماری مناسب

هدف از انتخاب بهترین مدل، افزایش صحت برآورد مؤلفه های واریانس است. در مدل های رگرسیون تصادفی، برای انتخاب بهترین مدل می توان از معیارهای مختلفی استفاده کرد که از میان آنها معیار آکایک (AIC, Akaike, 1970) و معیار اطلاعات بیزی (BIC, Schwarz, 1987) کاربرد بیشتری دارند.

به منظور ارزیابی مدل دارای آثار تصادفی با استفاده از معیار آکایک و بیزی، از معادله های (۱) و (۲) استفاده شد.

$$AIC = -2 (\text{Log } L) + 2p \quad (1)$$

$$BIC = -2 (\text{Log } L) + p \log(n-x) \quad (2)$$

در این مدل ها، $\text{Log } L$ لگاریتم درستنمایی، p تعداد پارامترها، n تعداد رکوردها، x تعداد سطوح عوامل ثابت می باشد. در معادله دوم معیار اطلاعات بیزی استفاده شد. این معیار نیز همانند آکایک به منظور جلوگیری از انتخاب مدل های پیچیده با تعداد پارامترهای زیاد ارائه گردیده است. این معیار نسبت به آکایک جریمه بالاتری برای مدل های با تعداد پارامترهای زیاد در نظر می گیرد و تمایل معیار بیزی به انتخاب مدل ساده تر نسبت به آکایک بیشتر است (Boligon *et al.*, 2011). مدلی که دارای پایین ترین مقدار AIC و BIC باشد به عنوان بهترین مدل جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی انتخاب می شود. برای برآورد ضرایب همبستگی بین صفات مورد مطالعه از همبستگی پیرسون استفاده شد.

نتایج و بحث

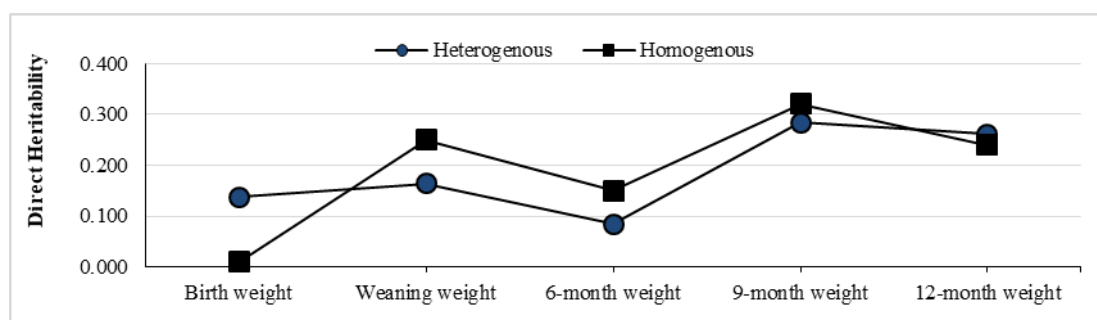
انتخاب مدل مناسب

پس از تجزیه داده های مورد مطالعه در دو حالت

برازش با واریانس باقیمانده متجانس و نامتجانس، مشاهده گردید که مدل های دارای درجه برازش ۴ (مدل های کامل) با چهار اثر تصادفی شامل آثار ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، واریانس محیطی دائمی دام و محیط دائمی مادری دارای کمترین مقادیر AIC و BIC بودند. در نتیجه بهترین مدل در حالت متجانس مدل bspq.4.3.4.4 و در حالت نامتجانس مدل bspq.4.4.4.4 برای برآورد مؤلفه های واریانس از سایر مدل ها مناسب تر بودند. مقادیر لگاریتم درست نمایی، معیار AIC و معیار BIC برای مدل های مختلف مورد استفاده در این پژوهش در جدول های ۲ و ۳ نشان داده شده است.

برآورد مؤلفه های واریانس و پارامترهای ژنتیکی

برآورد مؤلفه های واریانس و روند وراثت پذیری حاصل از بهترین مدل ها برای صفات مورد مطالعه در جدول ۴ و شکل های ۱ و ۲ نشان داده شده است. چنانچه داده های جدول ۴ نشان می دهد، نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی از ۰/۰۰ برای وزن شیرگیری (مدل ۱) تا ۰/۰۸ در وزن یک سالگی (مدل ۲)، وراثت پذیری مستقیم از ۰/۰۱ برای وزن تولد (مدل ۲) تا ۰/۳۲ در وزن ۹ ماهگی (مدل ۲) و وراثت پذیری مادری از ۰/۰۱ برای وزن شیرگیری (مدل ۱) تا ۰/۰۸ در وزن ۹ ماهگی (مدل ۲) متفاوت بود. نتایج حاصل از این پژوهش برای برآورد وراثت پذیری مادری با نتایج گزارش شده در منابع مطابقت دارد. نسبت واریانس ژنتیکی افزایشی مادری به واریانس فنوتیپی، از نسبت واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم به واریانس فنوتیپی بسیار کمتر بود.



شکل ۱. وراثت پذیری مستقیم

Figure 1. Direct heritability

جدول ۲. مقادیر لگاریتم درست نمایی، معیار AIC و معیار BIC برای مدل‌های متجانس

Table 2. Log likelihood, AIC criterion and BIC criterion for homogeneous models

Row	Model	Log L	AIC	BIC
1*	bspq.4.3.4.4	-16613.8	33301.61	33592.96
2	bspq.2.2.4.4	-17755.6	35777.74	35565.13
3	bspq.3.4.3.4	-18150.2	36366.30	36626.15
4	bspq.2.2.3.4	-20395.6	40837.15	41018.26
5	bspq.4.4.2.4	-20425.3	40918.57	41186.29
6	bspq.4.3.2.4	-20508.6	41077.23	41313.46
7	bspq.4.4.3.4	-20601.6	41277.17	41568.52
8	bspq.2.2.2.4	-20656.8	41353.57	41511.06
9	bspq.3.3.3.4	-20555.2	41396.71	41168.35
10	bspq.4.4.4.4	-20729.4	41540.77	41863.62
11	bspq.4.4.4.3	-20743.8	41561.56	41852.92
12	bspq.3.4.4.4	-21017.4	42108.79	42400.14
13	bspq.2.4.4.4	-21043.1	42154.24	42421.96
14	bspq.4.4.4.2	-21049.3	42166.64	42434.36
15	bspq.2.2.4.2	-21340.1	42720.28	42877.77
16	bspq.4.2.4.4	-22148.2	44364.45	44632.18
17	bspq.2.4.2.2	-24708.4	49456.89	49614.38
18	bspq.3.3.3.3	-25734.0	51518.08	51714.94
19	bspq.4.2.2.2	-25825.7	51691.38	51848.87
20	bspq.2.2.3.2	-25835.2	51702.32	51828.31
21	bspq.2.2.2.3	-26043.9	52119.89	52245.88
22	bspq.2.3.2.2	-26146.4	52324.86	52450.85
23	bspq.3.2.2.2	-26237.4	52506.87	52632.86
24	bspq.2.2.2.2	-28364.0	56754.03	56856.40

* The best model

جدول ۳. مقادیر لگاریتم درست نمایی، معیار AIC و معیار BIC برای مدل‌های نامتجانس

Table 3. Log likelihood, AIC criterion and BIC criterion for heterogeneous models

Row	Model	Log L	AIC	BIC
1*	bspq.4.4.4.4	-15697.4	31482.81	31829.28
2	bspq.4.2.4.4	-15737.3	31548.67	31840.02
3	bspq.3.4.4.4	-15770.7	31621.46	31936.44
4	bspq.2.4.4.4	-15780.3	31634.57	31925.93
5	bspq.4.4.3.4	-15972.6	32025.19	32340.16
6	bspq.3.3.3.4	-16097.3	32258.74	32510.72
7	bspq.2.2.3.4	-16105.9	32263.82	32468.56
8	bspq.4.3.2.4	-16115.9	32297.83	32557.68
9	bspq.4.4.2.4	-16260.6	32595.23	32886.59
10	bspq.2.2.4.2	-16302.4	32650.83	32650.83
11	bspq.2.2.4.4	-17362.5	34784.96	35021.19
12	bspq.4.4.4.2	-17361.7	34797.39	35088.75
13	bspq.2.4.2.2	-17781.0	35608.04	35789.15
14	bspq.4.3.4.4	-17825.8	35717.70	35977.56
15	bspq.4.2.2.2	-18096.0	36238.01	36419.12
16	bspq.4.4.4.3	-18139.8	36359.68	36674.66
17	bspq.3.3.3.3	-18259.8	36575.69	36796.18
18	bspq.2.2.3.2	-18444.6	36927.36	37076.97
19	bspq.3.2.2.2	-18775.8	37589.54	37739.16
20	bspq.2.2.2.2	-21146.2	42324.43	42450.42
21	bspq.3.4.3.4	-23452.3	46922.52	47206
22	bspq.2.2.2.3	-26107.5	52252.97	52402.59
23	bspq.2.2.2.4	-27963.8	55961.59	56095.46
24	bspq.2.3.2.2	-30222.4	60482.74	60632.35

* The best model

(Ribero *et al.*, 2000) و شیرزی برزیلی ۰/۲۹ (2000) گزارش گردیده است. همچنین Al-Shorepy *et al.* 2006 وراثت‌پذیری مستقیم برای وزن تولد را در بزهای اماراتی ۰/۱۸ گزارش کردند. این نتایج متفاوت می‌تواند حاصل از به‌کارگیری مدل‌های مختلف و نسبت واریانس‌های ژنتیکی و محیطی متفاوت در گله‌های مختلف و در یک گله در زمان‌های متفاوت باشد.

وراثت‌پذیری برای وزن تولد در بزهای نژاد بوئر (Zhang *et al.*, 2009)، کرکی رائینی (Nabi Hassani *et al.*, 2011)، مرخز (Rashidi, 2000) و کرکی خراسان جنوبی (Behdani *et al.*, 2015) به‌ترتیب ۰/۲۴، ۰/۳۱، ۰/۲۲ و ۰/۳۶ گزارش شده است. وراثت‌پذیری وزن ۳ ماهگی در بزهای نژاد بوئر ۰/۱۴ (Zhang *et al.*, 2009)، کرکی رائینی ۰/۳ (Nabi Hassani *et al.*, 2011)، بز مرخز ۰/۲۰ (Rashidi, 2011)

جدول ۴. مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری حاصل با مناسب‌ترین مدل‌ها برای صفات مورد مطالعه

Table 4. Variance components and heritability obtained using the most appropriate models

Trait	Model	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pet}^2	σ_{ped}^2	σ_e^2	Pe^2	h_d^2	h_m^2
Birth weight	1	0.02	0.005	0.10	0.02	0.001	0.14	0.14±0.03	0.03±0.02
	2	0.01	0.02	0.00	0.01	0.960	0.01	0.01±0.01	0.02±0.02
Weaning weight (90-150 days)	1	0.60	0.05	0.40	0.01	2.590	0.00	0.16±0.02	0.01±0.01
	2	1.00	0.20	1.09	0.20	1.510	0.05	0.25±0.03	0.05±0.02
6-month weight (151-210)	1	0.60	0.14	2.60	0.04	3.724	0.01	0.08±0.02	0.02±0.01
	2	1.10	0.40	3.90	0.40	1.533	0.05	0.15±0.03	0.05±0.03
9-month weight (211-300)	1	2.70	0.34	6.20	0.16	0.126	0.02	0.28±0.03	0.04±0.02
	2	5.30	1.40	7.01	1.30	1.553	0.08	0.32±0.04	0.08±0.04
12-month weight (301-365)	1	4.30	0.52	11.20	0.30	0.126	0.02	0.26±0.03	0.03±0.02
	2	5.80	0.70	13.87	1.90	1.897	0.08	0.24±0.04	0.03±0.01

Model 1 is bspq.4.4.4.4 and model 2 is bspq.4.3.4.4

σ_a^2 = Additive genetic variance; σ_m^2 = Maternal genetic variance; σ_{pet}^2 = Permanent environmental variance of animal; σ_{ped}^2 = Permanent environmental variance of dam; Pe^2 = The ratio of Permanent environmental variance of dam to phenotypic variance; h_d^2 = Direct heritability; h_m^2 = Maternal heritability

وراثت‌پذیری مادری را در دامنه ۰/۰۲ تا ۰/۱۱ گزارش کردند. این پژوهشگران نشان دادند با افزایش سن میزان وراثت‌پذیری مادری به دلیل کاهش اثر مادری بر بزغاله‌ها کاهش می‌یابد. تفاوت در وراثت‌پذیری‌های حاصل از این پژوهش با نتایج سایر پژوهشگران در بز نژاد مرخز و سایر نژادهای بز می‌تواند ناشی از مقدار متفاوت واریانس ژنتیکی افزایشی و فنوتیپی مؤثر بر صفات و استفاده از مدل‌های متفاوت آماری در برآورد مولفه‌های واریانس باشد. همچنین وراثت‌پذیری با گذشت زمان و تحت تأثیر عواملی مانند انتخاب، شرایط محیط پرورش و مدیریتی، میزان همخونی، تعداد رکوردها، مدل آماری مورد استفاده، تغییر ساختار ژنتیکی گله در طول زمان در یک جمعیت تغییر می‌کند (Gowane *et al.*, 2011).

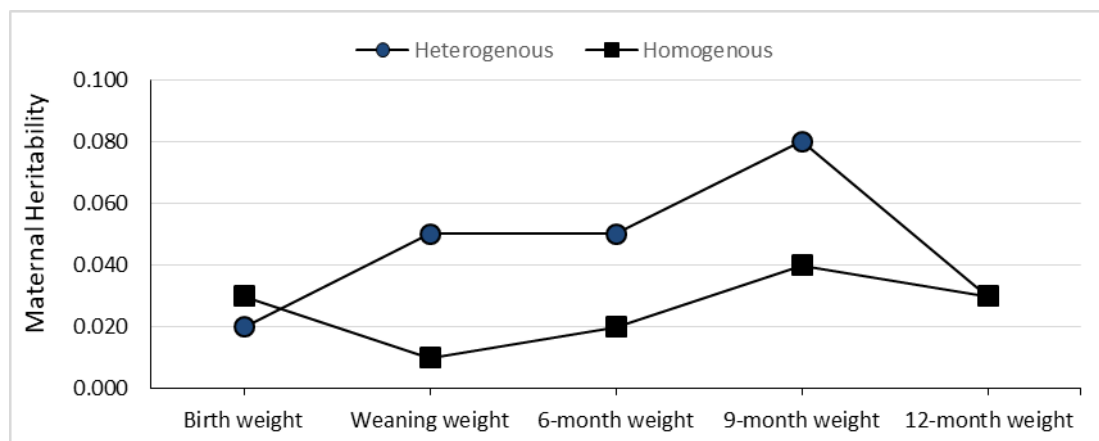
برآورد ضریب همبستگی ژنتیکی بین صفات

نتایج ضرایب همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات مورد مطالعه در هر دو مدل در جدول ۵ نشان داده شده است. نتایج حاصل از این پژوهش نشان داد که مقدار ضریب همبستگی ژنتیکی بین صفات در مدل‌های نامتجانس و متجانس به ترتیب در دامنه ۰/۹۱- تا ۰/۸۶ و ۰/۹۶- تا ۰/۹۴ قرار دارد. درصد دوقلوهای در بزهای مرخز بین ۳۰ تا ۳۵ درصد است و فراوانی دوقلوها در برخی سال‌ها در گله بیشتر از تک‌قلوها بوده و دوقلوها در زمان تولد وزن بسیار کمتری در مقایسه با تک‌قلوها دارند. اما پایین بودن وزن تولد دوقلوها در زمان شیرگیری با مدیریت و تغذیه مناسب به سرعت جبران می‌شود، بنابراین این نتیجه غیرمعمول قابل انتظار است.

در یک پژوهش، Aminrasouli (2011) وراثت‌پذیری مستقیم برای صفات شش، نه و دوازده ماهگی در بز مرخز را با استفاده از رگرسیون تصادفی به ترتیب ۰/۲۹، ۰/۳۶ و ۰/۳۶ گزارش نمود که در مقایسه با نتایج این پژوهش بیشتر بود. بیشتر بودن مقدار وراثت‌پذیری در مدل نامتجانس در یک سن معین نسبت به مدل متجانس برآزش شده به دلیل کوچکتر بودن واریانس اشتباه در مدل نامتجانس و بزرگتر بودن سهم واریانس‌های ژنتیکی افزایشی در واریانس فنوتیپی و تأثیر مثبت آن بر وراثت‌پذیری است. تغییرات نامنظم مقادیر وراثت‌پذیری با افزایش سن در هر دو مدل، می‌تواند ناشی از نوسانات در واریانس فنوتیپی حاصل از تأثیر عوامل غیرژنتیکی افزایشی و محیطی باشد (Abbasi *et al.*, 2005).

نتایج حاصل از این پژوهش نشان داد که با افزایش سن، در مدل متجانس وراثت‌پذیری مادری، تا نه ماهگی روندی افزایشی داشته و سپس تا یک‌سالگی روندی کاهشی دارد (شکل ۱). در مطالعه بز کرکی خراسان جنوبی، Behdani *et al.* (2015) وراثت‌پذیری مادری را برای وزن تولد ۰/۱۴ گزارش کردند. همچنین Nabi Hassani *et al.* (2015) وراثت‌پذیری مادری را برای صفت وزن تولد و سه ماهگی در بز راینی به ترتیب ۰/۱۷ و ۰/۱۰ گزارش کردند. در مطالعه گوسفند نژاد دورست بی‌شاخ، Fischer *et al.* (2004) گزارش کردند که وراثت‌پذیری مادری در فاصله سنی ۵۰ تا ۱۵۰ روزگی دارای روند کاهشی بوده، اما در فاصله ۱۵۰ تا ۵۰۰ روزگی روندی ثابت داشت.

در مطالعه بزهای مرخز، Rashidi *et al.* (2006)



شکل ۲. وراثت‌پذیری مادری
Figure 2. Maternal heritability

آن در سن شیرگیری می‌تواند از دلایل این همبستگی منفی باشد. به‌علت وزن پایین بزغاله‌های مرخز، احتمالاً پایین بودن دقت رکوردگیری در این موضوع اهمیت داشته باشد. به‌نظر می‌رسد وزن داده‌های رکوردگیری شده هرچه کمتر باشد نیاز به دقت ترازو جهت وزن‌کشی بیشتر است. احتمالاً این عامل در ایجاد این نتیجه غیرمنطقی نقش مهمی داشته است. در مطالعه صفات اقتصادی در بزهای مرخز، Zandi Baghchehmaryam *et al.* (2010) همبستگی ژنتیکی بین وزن‌های بدن را در دامنه ۰/۲۰- تا ۰/۸۶ گزارش کردند که با نتایج این مطالعه مطابقت دارد. همچنین، Bosso *et al.* (2006) در مطالعه بزهای کوتوله همبستگی ژنتیکی بین صفات وزن‌های تولد و سه ماهگی، تولد و ۱۲ ماهگی و سه ماهگی و ۱۲ ماهگی را به ترتیب ۰/۳، ۰/۱۹ و ۰/۱۹ گزارش کردند. در مطالعه‌ای دیگر، Nabi Hassani *et al.* (2015) همبستگی ژنتیکی صفات وزن بدن در بز کرکی رائینی را ۰/۶۶ تا ۰/۹۶ گزارش کردند که نسبت به نتایج این پژوهش بیشتر می‌باشد. مقدار همبستگی ژنتیکی تحت تأثیر فراوانی ژن قرار دارد، به همین دلیل متفاوت بودن مقدار همبستگی در جمعیت‌های گوناگون دور از انتظار نیست. میزان همبستگی ژنتیکی تحت تأثیر دو عامل پلیوتروپی و لینکاژ است. همبستگی در اثر پلیوتروپی همیشه در علامت یکسان است، اما مقدار آن تحت تأثیر فراوانی ژن قرار دارد. بنابراین، مقدار آن به وسیله انتخاب می‌تواند تحت تأثیر قرار گیرد.

بیشترین مقدار ضریب همبستگی ژنتیکی در مدل نامتجانس بین وزن شش ماهگی و یک‌سالگی ۰/۸۶ و کمترین مقدار آن بین وزن سه ماهگی و نه ماهگی ۰/۲۶- بود. ضریب همبستگی ژنتیکی بین وزن شش ماهگی و ۱۲ ماهگی و همچنین بین وزن ۹ ماهگی و ۱۲ ماهگی در مدل نامتجانس نشان داد که انتخاب برای صفات وزن شش ماهگی و نه ماهگی می‌تواند منجر به افزایش وزن بدن در سن‌های دیگر شود. بنابراین، وزن نه ماهگی می‌تواند معیار انتخاب برای صفات رشد بزغاله در سنین بعدی باشد.

نتایج این پژوهش نشان داد همبستگی مشاهده شده بین صفات رشد در سن‌های مختلف به یکدیگر نزدیک است و مقدار همبستگی در اغلب موارد با افزایش فاصله بین سن بزغاله‌ها روندی کاهشی دارد. در مطالعه بزهای نژاد مرخز، Rashidi *et al.* (2006) ضریب همبستگی ژنتیکی بین وزن تولد و سه ماهگی را ۰/۳۸ گزارش کردند که بیشتر از مقدار برآورد شده در این گزارش (۰/۹۱-) بود. در مطالعه‌ای دیگر در بز کرکی رائینی، ضریب همبستگی ژنتیکی صفات رشد در دامنه ۰/۶۶ الی ۰/۹۶ گزارش شده است (Nabi Hassani *et al.*, 2015). همچنین، Saxena *et al.* (1990) در بزهای نژاد جامناپاری (Jamunapari) همبستگی ژنتیکی بین وزن تولد و سه ماهگی را ۰/۲۴ گزارش کردند که در مقایسه با نتایج پژوهش حاضر بیشتر است. احتمالاً وجود ۳۰ تا ۳۵ درصد دوقلوایی در بز مرخز و کم بودن وزن تولد و جبران

جدول ۵. همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات وزن بدن بزغاله های نژاد مرخز در سن های متفاوت

Table 5. Genotypic and phenotypic correlations between body weight traits of Markhoz goats in different ages

Age (day)	Genotypic		Phenotypic	
	Heterogenous	Homogenous	Heterogenous	Homogenous
1-90	-0.91±0.12	-0.96±0.09	0.12±0.01	0.63±0.02
1-180	0.22±0.13	-0.49±0.08	0.12±0.03	0.59±0.02
1-270	0.38±0.10	0.13±0.12	0.19±0.02	0.49±0.03
1-360	0.21±0.12	0.14±0.09	0.17±0.02	0.30±0.03
90-180	0.56±0.07	0.68±0.09	0.27±0.01	0.80±0.02
90-270	-0.26±0.09	0.10±0.11	0.21±0.02	0.61±0.02
90-360	0.30±0.09	0.38±0.011	0.27±0.02	0.48±0.02
180-270	0.62±0.05	0.79±0.07	0.61±0.01	0.89±0.01
180-360	0.86±0.06	0.91±0.05	0.53±0.01	0.73±0.01
270-360	0.77±0.04	0.94±0.03	0.82±0.01	0.85±0.01

کردند. همچنین، Aziz *et al.* (2005) گزارش کردند که همبستگی فنوتیپی وزن تولد با وزن های رکوردگیری شده در سن های مختلف، کمتر از همبستگی میان وزن های بعد از تولد است. نتایج حاصل از این پژوهش با نتایج گزارش شده توسط پژوهشگران مختلف مطابقت دارد. در مطالعه بزهای نژاد مرخز، Rashidi *et al.* (2006) دامنه همبستگی فنوتیپی را ۰/۲۴ تا ۰/۸۴ گزارش کردند. دامنه ی برآورد ضریب همبستگی فنوتیپی تحت تأثیر ژنتیک و محیط قرار دارد، بنابراین با تغییرات ساختار ژنتیکی گله در اثر انتخاب و تغییرات شرایط محیطی همبستگی فنوتیپی تغییر خواهد کرد.

نتیجه گیری

نتایج حاصل از مقایسه مدل های مختلف نشان داد که مدل کامل با چهار عامل تصادفی و ضریب ۴ برای هر کدام از عوامل (bspq.4.4.4.4) دارای کمترین مقدار معیار AIC و BIC بود، بنابراین این مدل به عنوان بهترین مدل برای برآورد پارامترهای ژنتیکی انتخاب شد. نتایج این پژوهش نشان داد که در صفات رشد، با افزایش سن حیوان وراثت پذیری مستقیم افزایش یافته، اما وراثت پذیری مادری در یک دامنه اندک (۰/۱ تا ۰/۰۸) در نوسان است. این امر به دلیل کاهش نقش آثار ژنتیکی مادری و افزایش نقش اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم بر صفات رشد در سنین بالاتر است. وراثت پذیری مستقیم برآورد شده در این جمعیت نشان داد که صفات رشد قابلیت بهبود ژنتیکی را دارند و در صورت ارزیابی ژنتیکی دقیق

اما همبستگی در اثر لینکاژ ممکن است در اثر کراسینگ اوور شکسته شده و مقدار و علامت آن در جوامع مختلف یا در داخل یک جامعه در زمان های متفاوت تغییر کند. بنابراین ضریب همبستگی یک ضریب ثابت بیولوژیکی نیست و در طی زمان در داخل یک گله و بین گله های مختلف در یک زمان مشخص می تواند متفاوت باشد (Falconer, 2010). ضریب همبستگی ژنتیکی بین وزن تولد و وزن های دیگر نسبت به ضریب همبستگی بین وزن های بالاتر کمتر است که می تواند نشان دهنده این موضوع باشد که در سنین پایین اثر عوامل محیطی سبب برآورد اریب ضریب همبستگی خواهند شد (Lewis & Brotherstone, 2002).

برآورد ضریب همبستگی فنوتیپی بین صفات

برآورد مقدار همبستگی های فنوتیپی بین وزن های مختلف، دارای الگوی تقریباً مشابهی با همبستگی های ژنتیکی می باشد (جدول ۵). بیشترین همبستگی فنوتیپی برآورد شده در مدل نامتجانس با مقدار ۰/۸۳ بین وزن نه ماهگی و یک سالگی و در مدل متجانس با مقدار ۰/۸۹ بین وزن شش ماهگی و نه ماهگی مشاهده شد. همچنین کمترین میزان همبستگی فنوتیپی با ۰/۱۲ بین وزن تولد و شش ماهگی در مدل نامتجانس مشاهده شد.

در مطابقت با نتایج پژوهش حاضر، Aminrasouli (2010) و Zandi Baghchehmaryam *et al.* (2010) در مطالعه بزهای مرخز میزان همبستگی فنوتیپی بین وزن های مختلف بدن از تولد تا دوازده ماهگی را به ترتیب ۰/۲۱ تا ۰/۸۷ و ۰/۱۵ الی ۰/۸۴ گزارش

وراثت‌پذیری مربوط به وزن نه ماهگی بود و این صفت همبستگی ژنتیکی نسبتاً بالا و معنی‌داری نیز با دیگر صفات رشد دارد. بنابراین وزن نه ماهگی می‌تواند معیار مناسبی برای انتخاب در جهت بهبود عملکرد صفات رشد در بز مرخز باشد

دام‌ها، انتظار بهبود ژنتیکی وجود دارد. همچنین نتایج حاصل نشان داد که واریانس اثر ژنتیکی افزایشی مادری بر وزن سه ماهگی مؤثر است، بنابراین برای بهبود صفات رشد در سنین قبل از شیرگیری باید به آثار مادری توجه بیشتری نمود. بالاترین میزان

REFERENCES

1. Abbasi, M. R., Vaez Torshizi, R., Nejati Javaremi, A. & Ghafouri, M. (2004). Estimation of genetic parameters of body weight traits using random regression model in Baluchi sheep of Abbas Abad Station Mashhad. *Pazhouhesh & Sazandegi*, 17(4), 75-80.
2. Al Shorepy, S. A. (2002). Estimate of genetic parameters for direct and maternal effects on birth weight of local sheep in United Arab Emirates. *Small Ruminant Research*, 39, 219-224.
3. Aminrasouli, H. (2010). *Estimation of Genetic Parameters of Growth Traits in Markhoz Goats Using Random Citizenship Method*. M.Sc. thesis. Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Iran.
4. Asghari Jafarabadi, M., Soltani, A. & Mohammadi, M. (2013). Statistics Series: Correlation and Regression. *Iranian Journal of Diabetes and Metabolism*, 12(6), 479-506.
5. Aziz, M. A., Nishida, S., Suzuki, K. & Nishida, A. (2005). Estimation of direct and maternal genetic and permanent environmental effects for weights from birth to 356 days of age a herd of Japanese black cattle using random regression. *Journal of Animal Science*, 83, 519-530.
6. Behdani, A., Roshanfekar, H. & Rashedi Deh Sahraie, A. (2015). Estimation of genetic parameters for growth traits and fleece production of South Khorasan goats. *Animal Sciences Journal*, 27(105), 11-26.
7. Boligon, A. A., Mercadante, M.E., Lobo, R.B., Baldi, F. & Albuguerque, L.G. (2011). Random regression analyses using B-Spline functions to model growth of Nelore cattle. *Animal*.
8. Bosso, N. A. (2006). Genetic and phenotypic parameters of body weight in west African dwarf goats and Djallonke sheep. *Small Ruminant Research*, 52, 247-253.
9. Falconer, D. S. (2010). Introduction to quantitative genetics (3rd ed.). Longman, Scientific & Technical.
10. Fischer, T. M., Van der Werf, J.H.J., Banks, R.G. & Ball, A.J. (2004). Description of lamb growth using random regression on field data. *Livestock Production Science*, 89, 175-185.
11. Food and Agriculture Organization of the United Nations. FAOSTAT Statistical Database. [Rome]: FAO, 2020.
12. Gowane, G. R., Chopra, A., Prakash, V. & Arora, A.L. (2011). Estimates of (co)variance components and genetic parameters for growth traits in Sirohi goat. *Tropical Animal Health and Production*, 43, 189-198.
13. Hassani, S., Bakhtiari Faiandari, O., Sayahzadeh, H. (2007). Estimation of (co) variance components of some economic traits using different animal models in Karakul sheep. *Pajouhesh & Sazandegi*, 76, 161-167.
14. Lewis, R. M. & Brotherstone, S. (2002). A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. *Journal of Animal Science*, 74, 3-70.
15. Maghsoudi, A., Vaez Torshizi, R. & Safi Shahi, A. (2008). Estimation of genetic parameters of growth traits in Iranian Raeini goat. *Proceedings of the Third Congress of Animal Sciences*.
16. Meyer, K. (2001). Estimates of direct and maternal covariance function for growth of Australian beef calve from birth to weaning. *Genetic Selection Evolution*, 33, 487-514.
17. Meyer, K. (2005). Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. *Genetics Selection Evolution*, 37(5), 473-500.
18. Meyer, K. (2006). Wombat-digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. *8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, August 13-18, Belo Horizonte, Brazil.
19. Nabi Hasani, M., Asadi fozi, M., Esmaeilzadeh, A. & MohammadAbadi, M. (2011). A genetic analysis of growth traits in raieni Cashmere goat using multivariate animal model. *Iranian Journal of animal Science*, 41(4), 323-329.
20. Rashidi, A. (1999). *Evaluation of economic traits in Markhoz goats (Iranian Angora)*. Ph.D. thesis. Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares University, Iran. (in Farsi)
21. Rashidi, A., Bishop, S.C. & Matika, O. (2011). Genetic parameter estimates for pre-weaning performance and reproduction traits in Markhoz goats. *Small Ruminant Research*, 100, 100-106.
22. Rashidi, A., Emam Jomeh Kashan, N., Miraei-Ashtiani, S., R., Rahimi, S. & Vaez Torshizi, R. (2000). Variance-covariance components and genetic parameters estimates for body weights in Markhoz goats. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 31(3), 455-462. (in Farsi)

23. Rashidi, A., Ramazanian, M. & Vaez Torshizi, R. (2006). Genetic parameter estimates for growth traits and fleece weight in Markhoz goats. *8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Agust 13-18, Belo Horizonte, MG, Brasil.
24. Rashidi, A., Ramezani, M. & Vaez Torshizi, R. (2005). Estimation of genetic and environmental trends of economic traits in Markhoz goats. *Iranian Journal of Agriculture Science*, 36(5), 1123-1130. (in farsi)
25. Rashidi, A., Sheikahmadi, M., Rostamzadeh, J. & Shretha, J.N.B. (2008). Genetic and phenotypic parameter estimates of body weight at different ages and yearling fleece weight in Markhoz goats. *Asian-Australian Journal of Animal Science*, 21(10), 1395-1403.
26. Ribeiro, C., Ribeiro, S. D. A. & Queiroz, S.A. (2000). Environment and genetic effects on birth weight in dairy goats In *Proceedings of 7th International Conference on Goats*, 224-225.
27. Rice, J. A. & Wu, C. O. (2001). Nonparametric mixed effects models for unequally sampled noisy curves. *Biometrics*, 57, 253-259.
28. Saxena, V. K., Taneja, V. K. & Bhat, P. N. (1990). Genetic and nongenetic factors affecting pre-weaning growth in Jamunapari goats. *Indian Journal of Animal Sciences*, 60, 974-978.
29. Schaeffer, L. R. (2004). Application of random regression models in animal breeding. *Livestock Production Science*, 86, 35-45.
30. Zamani, P., Moradi, M.R., Alipour, D. & Ahmadi, A. (2015). Estimation of variance components for body weight of Moghani sheep using B-Spline random regression models. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 5(3), 647-654.
31. Zandi Baghchehmaryam, M. B., Moradi Shahrehabak, M., Miraei Ashtiani, S. R., Rashidi, A. & Sheykh Ahmadi, M. (2010). Estimation of genetic and phenotypic parameters of economic traits in Markhoz goat. *Research On Animal Production*, 1(1).
32. Zhang, C., Zhang, Y., Xu, D., Li, X., Su, J. & Yang, L. (2009). Genetic and phenotypic parameter estimates for growth traits in Boer goat. *Livestock Science*, 124, 61-77.