

برآورد وراثت پذیری های اتوزومی و وابسته به جنس صفات مرتبط با رشد در بزهای نژاد مرخز

پویا زمانی^{۱*} و محمد الماسی^۲

۱ و ۲. دانشیار و دانشجوی دکتری، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۱۱/۱۷ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۲/۹)

چکیده

جداسازی اثرگذاری افزایشی اتوزومی و وابسته به جنس اهمیت زیادی در برنامه های اصلاح نژادی دارد. در این پژوهش به منظور تعیین اثرگذاری افزایشی وابسته به جنس بر صفات مرتبط با رشد، از ۱۷۷۳۲ رکورد وزن تولد تا وزن یک سالگی بزهای نژاد مرخز در مرکز اصلاح نژاد بز مرخز سنج استفاده شد. در مدل های مورد استفاده برای برآورد اجزای واریانس، اثرگذاری های شامل سال و فصل تولد، جنس، نوع تولد، سن مادر و سن وزن کشی اثر ثابت، و اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم اتوزومی، ژنتیکی افزایشی مستقیم وابسته به جنس، ژنتیکی افزایشی مادری و محیط دائمی مادری به عنوان اثر تصادفی در نظر گرفته شدند. اجزای واریانس با الگوریتم میانگین اطلاعات بیشترین درستی محدود شده، با نرم افزار Wombat برآورد شدند. وراثت پذیری های مستقیم اتوزومی برآورد شده برای صفات وزن تولد، وزن از شیرگیری، افزایش وزن روزانه پیش از شیرگیری، وزن های ۶ ماهگی، ۹ ماهگی و یک سالگی، به ترتیب برابر 0.19 ± 0.04 ، 0.13 ± 0.03 ، 0.13 ± 0.03 ، 0.12 ± 0.03 ، 0.20 ± 0.04 ، 0.13 ± 0.03 ، 0.13 ± 0.03 ، 0.12 ± 0.03 ، 0.20 ± 0.04 و 0.21 ± 0.04 ، وراثت پذیری های مستقیم وابسته به جنس برآورد شده، به ترتیب برابر 0.03 ± 0.02 ، 0.03 ± 0.03 ، 0.02 ± 0.03 ، 0.04 ± 0.03 ، 0.07 ± 0.03 و 0.07 ± 0.03 ، وراثت پذیری های محیطی مادری به ترتیب برابر 0.06 ± 0.03 ، 0.05 ± 0.03 ، 0.05 ± 0.03 ، 0.05 ± 0.03 ، 0.04 ± 0.03 و 0.03 ± 0.03 ، و اثرات محیطی مادری به ترتیب برابر 0.09 ± 0.02 ، 0.05 ± 0.02 ، 0.04 ± 0.02 ، 0.05 ± 0.02 ، 0.04 ± 0.02 و 0.05 ± 0.03 ، به ترتیب برابر 0.09 ± 0.02 ، 0.05 ± 0.02 ، 0.04 ± 0.02 ، 0.05 ± 0.02 ، 0.04 ± 0.02 و 0.05 ± 0.03 بودند. نتایج نشان دادند که ژن های وابسته به جنس، به احتمال اثرگذاری افزایشی ناچیز و نزدیک به صفر بر وزن های بدن در سن های آغازین و اثرگذاری قابل توجه تری بر وزن های بدن در سن های بالاتر دارند.

واژه های کلیدی: بز مرخز، صفات مرتبط با رشد، وراثت پذیری اتوزومی، وابسته به جنس و مادری.

Estimation of autosomal and sex-linked heritabilities for growth related traits in Markhoz breed of goats

Pouya Zamani^{1*} and Mohammad Almasi²

1, 2. Associate Professor and Ph.D Candidate, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, Iran

(Received: Apr. 29, 2017 - Accepted: Feb. 5, 2017)

ABSTRACT

Separation of autosomal and sex-linked direct additive genetic effects has a high importance in breeding programs. This study was conducted to determine the autosomal and sex-linked additive genetic effects on growth related traits, using 17732 birth to yearling body weight records of Markhoz breed of goats in Sanandaj Markhoz Goat Breeding Center. In the models used to estimate variance components, birth year and season, sex, birth type and weighting age were fixed effects and direct autosomal additive genetic, direct sex-linked additive genetic, maternal additive genetic and maternal permanent environmental effects were considered as random effects. Variance components were estimated by Average Information algorithm of Restricted Maximum Likelihood by using Wombat software. For birth weight, weaning weight, pre-weaning daily weight gain and 6 month, 9 month and yearling weights, direct autosomal heritability estimates were 0.19 ± 0.04 ، 0.13 ± 0.03 ، 0.13 ± 0.03 ، 0.12 ± 0.03 ، 0.20 ± 0.04 and 0.21 ± 0.04 ، direct sex-linked heritability estimates were 0.03 ± 0.02 ، 0.03 ± 0.03 ، 0.02 ± 0.03 ، 0.04 ± 0.03 ، 0.07 ± 0.03 and 0.07 ± 0.03 ، maternal heritability estimates were 0.06 ± 0.03 ، 0.05 ± 0.03 ، 0.05 ± 0.03 ، 0.05 ± 0.03 ، 0.04 ± 0.03 and 0.03 ± 0.03 and coefficients of maternal environmental effects were 0.09 ± 0.02 ، 0.05 ± 0.02 ، 0.04 ± 0.02 ، 0.05 ± 0.02 ، 0.04 ± 0.02 and 0.05 ± 0.03 ، respectively. The findings showed that sex-linked genes possibly have negligible and close to zero additive genetic effects on body weights at initial ages and more noticeable effects on body weights at higher ages.

Keywords: Autosomal heritability, growth related traits, markhoz goats, maternal heritability, sex-linked heritability.

* Corresponding author E-mail: pzamani@basu.ac.ir

Tel: +98 918 8148718

مقدمه

بز مرخز یکی از مهم‌ترین نژادهای بومی ایران است. این حیوان دامی چندمنظوره (موهر، گوشت و شیر) است، اما بیشتر به منظور تولید موهر پرورش داده می‌شود. این نژاد بیشتر در مناطق کردنشین استان‌های آذربایجان غربی، کرمانشاه و کردستان پرورش داده می‌شود (Rashidi et al., 2011). گله‌های خالص این نژاد (بدون وجود گوسفند و بز مویی) در بخش‌های شهرستان بانه پرورش داده می‌شوند. الیاف این نژاد به چهار رنگ اصلی سیاه، قهوه‌ای، قهوه‌ای روشن (نباتی) و سفید و رنگ‌های ترکیبی از این چهار رنگ اصلی دیده می‌شود. بز مرخز با جثه‌ای تا حدودی کوچک و چابک، با زندگی در محیط کوهستانی بسیار سازگاری دارد. افزایش بهره‌وری تولید در این نژاد بر پایه بهبود ژنتیکی از دیرباز مورد توجه پرورش‌دهندگان دام بوده است.

میزان موفقیت برنامه‌های اصلاح نژادی در بهبود بازده (راندمان) تولید به میزان نقش وراثت (اثر افزایشی ژن‌ها) در تنوع صفات اقتصادی دام‌ها، دقت در شناسایی افراد دارای ژن‌های مطلوب و چگونگی انتخاب والدین برتر برای تولیدمثل بستگی دارد. آگاهی از چگونگی وراثت صفات مهم اقتصادی لازمه برنامه‌ریزی درست برای بهبود ژنتیکی هر نژاد است. میزان پیشرفت در بهبود جمعیت‌های دامی در گرو به‌کارگیری راهبردهای مناسب اصلاح‌نژادی است. با برآورد ضریب وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی بین صفات، می‌توان بهترین روش انتخاب را برگزید. پیشرفت ژنتیکی ناشی از انتخاب را برآورد کرد (Talebi & Edriss, 1998).

کروموزوم‌های جنسی از جنبه‌های مختلفی مانند ساختار، محتوای ژنی و بیان ژن با کروموزوم‌های اتوزومی متفاوت هستند. کروموزوم X از نزدیک به ۱۵۵ میلیون جفت باز تشکیل شده که ۱۰۹۸ ژن روی آن شناسایی شده است که از این شمار ۹۹ ژن پروتئین‌های بیان‌شونده در بیضه و انواع مختلفی از غده (تومور)ها را کد می‌کنند. از ۱۰۹۸ ژن کروموزوم X تنها ۵۴ ژن دارای ژن‌های همسان (هومولوگ) عملکردی روی کروموزوم Y هستند. کروموزوم X

پایین‌ترین چگالی ژنی را در میان کروموزوم‌ها دارد (Ross et al., 2005). اگرچه شمار زیادی از ژن‌های مرتبط با جنسیت و باروری نر و ماده روی کروموزوم X قرار دارند، اما بسیاری دیگر از ژن‌های این کروموزوم ارتباطی با تعیین جنسیت ندارند. کروموزوم X و Y به ترتیب ۵ و ۲ درصد از ژنگان (ژنوم) را تشکیل می‌دهند (به نقل از Dadpasand, 2012). در همین رابطه، برآورد اینکه چه نسبتی از وراثت‌پذیری صفات به کروموزوم X مربوط می‌شود اهمیت دارد. در بیشتر پژوهش‌ها، وراثت‌پذیری کل برای صفات مورد نظر برآورد می‌شود و هیچ جداسازی بین وراثت‌پذیری مربوط به کروموزوم X و کروموزوم‌های اتوزومی صورت نمی‌گیرد. به عبارت دیگر، برای برآورد ارزش‌های اصلاحی از نقش وراثت وابسته به جنس چشمپوشی شده و نقش پدر و مادر در ارزش اصلاحی فرزندان یکسان در نظر گرفته می‌شود. حال آنکه، اگر بخش شایان توجهی از اثرگذاری افزایشی مؤثر بر صفت مورد بررسی ناشی از ژن‌های وابسته به جنس (قرارگرفته روی کروموزوم X) باشند، نقش پدر و مادر در تعیین ارزش اصلاحی فرزندان یکسان نخواهد بود و این موضوع در پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی فرزندان اهمیتی شایان توجه خواهد داشت.

بررسی‌های محدودی در رابطه با جداسازی وراثت‌پذیری‌های اتوزومی و وابسته به جنس انجام شده است. در ایران تنها در یک پژوهش، وراثت‌پذیری وابسته جنس زنده‌مانی گوسفندان لری بختیاری در سن‌های مختلف بین ۰/۰۱ تا ۰/۰۲ برآورد شده است (Vatankhah et al., 2016). هیچ گزارشی مبنی بر بررسی وراثت‌پذیری اتوزومی و وابسته به جنس صفات وزن بدن یافت نشد. هدف از این پژوهش برآورد وراثت‌پذیری‌های اتوزومی و وابسته به جنس و تعیین اثرگذاری افزایشی ژن‌های وابسته به جنس بر صفات مرتبط با رشد در بزهای مرخز بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش از داده‌های ثبت‌شده گله بز مرخز ایستگاه دامپروری سنندج استفاده شد. این ایستگاه در محدوده شهر سنندج قرار دارد که فعالیت اجرایی

مادر نامشخص و داده‌های تکراری از فایل داده‌ها حذف شدند. آنگاه با رویه GLM نرم‌افزار SAS 9.4 مدل زیر به داده‌ها برازش داده شد:

$$y_{ijklmn} = \mu + A_i + T_j + D_k + B_l + S_m + e_{ijklmn}$$

در این مدل y_{ijklmn} هر یک از مشاهده‌ها برای صفات مورد بررسی، μ میانگین کل، A_i اثر سال تولد i (۱ تا ۲۴)، T_j اثر فصل تولد j (۱ تا ۴)، D_k اثر سن مادر k (۱ تا ۷ سال)، B_l اثر نوع تولد l (۱ تا ۳ قلو)، S_m اثر جنس m (نر یا ماده) و e_{ijklmn} اثر باقی‌مانده هستند. برای وزن‌های از شیرگیری، ۶ ماهگی، ۹ ماهگی و یک‌سالگی، سن در زمان وزن‌کشی (برحسب روز) به‌عنوان متغیر کمکی به مدل افزوده شد (مدل زیر):

$$y_{ijklmn} = \mu + A_i + T_j + D_k + B_l + S_m + \beta(a_{ijklmn}) + e_{ijklmn}$$

که در آن β ضریب تابعیت صفت مورد نظر از سن و a_{ijklmn} سن مربوط به مشاهده y_{ijklmn} است. در این مدل‌ها، به علت نبود مشاهده در برخی از ترکیب‌ها یا ناکافی بودن شمار مشاهده‌ها در ترکیب‌های سطوح اثر ثابت مورد بررسی، از برهم کنش عامل‌ها چشم‌پوشی شد. میانگین‌های کمترین مربعات سطوح عامل‌های مورد بررسی با آزمون توکی - کرامر مقایسه شدند. پس از برازش این مدل، داده‌های دارای اثر باقی‌مانده بیش از ۲/۵ برابر انحراف استاندارد خطا به‌عنوان داده‌های پرت، از فایل داده‌ها حذف شدند (Zamani, 2011). همین مدل‌ها برای تعیین اثرگذاری ثابت مؤثر بر صفات مختلف استفاده شدند. اجزای واریانس صفات مورد بررسی با مدل حیوانی مختلط زیر برآورد شدند:

$$y = Xb + Z_1a + Z_1s + Z_2m + Z_2c + e$$

در این مدل y بردار مشاهده‌ها، b بردار اثر عامل‌های ثابت، شامل سال تولد (۱۳۹۴-۱۳۷۱)، فصل تولد (۱ تا ۴) جنس (نر و ماده)، تیپ تولد (تک‌قلو، دوقلو و سه‌قلو)، سن مادر (۲ تا ۷ سال) و سن در زمان وزن‌کشی (برحسب روز) به‌عنوان متغیر کمکی برای همه صفات جز وزن تولد، a ، s ، m و c و به‌ترتیب، بردارهای اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم اتوزومی، ژنتیکی افزایشی مستقیم وابسته به

خود را از سال ۱۳۶۷ و گردآوری پیوسته اطلاعات را از سال ۱۳۷۰ آغاز کرد. این ایستگاه دارای سه سالن نگهداری و پرورش، به گستره ۲۴۰۰ مترمربع و ظرفیت ۶۰۰ رأس است. ارتفاع میانگین سنندج از سطح دریا ۱۳۷۳ متر، تابستان‌های معتدل و زمستان‌های سرد و دامنه میزان بارندگی سالانه از ۳۰۰ تا ۵۰۰ میلی‌متر دارد. میانگین دمای سالیانه ۱۳/۱ درجه سلسیوس، میانگین دمای سردترین ماه (بهمن) ۱/۱- درجه سلسیوس و میانگین دمای گرم‌ترین ماه (مرداد) ۲۸/۶ درجه سلسیوس است. فصل رشد گیاهان در این ناحیه از اوایل فروردین ماه آغاز شده و تا اواسط آبان ماه ادامه دارد. بزغاله‌ها تا سن ۱۵ روزگی به‌طور کامل از شیر مادر تغذیه می‌کنند و پس از آن از مادر جدا شده و تنها در دو نوبت صبح و عصر به مدت یک ساعت برای خوردن شیر نزد مادر برده می‌شوند. از ۱۵ روزگی تا زمان از شیرگیری (در حدود ۹۰ روزگی) یونجه مرغوب به‌طور آزاد در اختیار بزغاله‌ها قرار گرفته و پس از آن به مرتع برده می‌شوند. از اوایل آذر تا اوایل اردیبهشت تغذیه دستی در آغل صورت می‌گیرد. به‌طورمعمول آمیزش‌ها در ماه‌های مهر و آبان صورت می‌گیرند که برای این منظور یک رأس بز نر با یک گروه ۱۰ تا ۱۵ رأسی از بزهای ماده آمیزش داده می‌شود. ثبت اطلاعات و رکوردگیری از آغاز فصل آمیزش آغاز شده و در دفاتر مختلف، اطلاعات مربوط به آمیزش، اطلاعات شجره‌ای و اطلاعات مربوط به وزن بدن ثبت می‌شوند. داده‌های مورد استفاده در این پژوهش، شامل ۴۷۵۸ رکورد وزن تولد (BW)، ۳۷۲۱ رکورد وزن از شیرگیری (WW) و میانگین افزایش وزن روزانه پیش از شیرگیری (PWDG)، ۳۴۰۵ رکورد وزن ۶ ماهگی (6MW)، ۳۱۴۹ رکورد وزن ۹ ماهگی (9MW) و ۲۶۹۹ رکورد وزن یک‌سالگی (YW) بود که در سال‌های ۱۳۷۱ تا ۱۳۹۴ گردآوری شده بودند. آماره‌های توصیفی و ساختار شجره داده‌های مربوط به صفات مورد بررسی در جدول ۱ نشان داده شده‌اند.

ویرایش داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار Microsoft Visual Fox Pro (9.0) انجام شد که در آن، رکوردهای مربوط به افراد دارای جنس، نوع تولد یا

ماده) قرار داشت، افزوده شد. از این ستون برای تشکیل ساختار واریانس کوواریانس اثر ژنتیکی وابسته به کروموزوم X استفاده شد (Meyer, 2013). اجزای واریانس با الگوریتم میانگین اطلاعات بیشترین درست‌نمایی محدودشده (AI-REML) با نرم‌افزار Wombat (Meyer, 2013) برآورد شدند. معیار همگرایی برای توقف تکرارها 10^{-4} در نظر گرفته شد.

کروموزوم X، ژنتیکی افزایشی مادری، محیط مشترک مادری و اثر باقی‌مانده و Z_1 و Z_2 ماتریس‌های طرح هستند.

برای برآزش اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم وابسته جنس، در فایل شجره، افزون بر شماره‌های دام، پدر و مادر، ستون دیگری که در آن شمار کروموزوم‌های X افراد (عدد یک برای جنس نر و عدد دو برای جنس

جدول ۱. آماره‌های توصیفی و ساختار شجره صفات مورد بررسی

Table 1. Descriptive statistics and pedigree structure of the studied traits

Traits	BW	WW	PWDG	6MW	9MW	YW
No. Records	4758	3721	3721	3405	3149	2699
Mean (Kg)	2.49	15.33	0.109	17.68	20.91	25.10
Max (Kg)	3.70	26	0.199	27	34	40
Min (Kg)	1.30	7	0.030	9	10	12
SD (Kg)	0.46	4.09	0.34	4.01	4.90	6.24
Total animals	5052	4172	4172	3877	3618	3297
Animals with record	4758	3721	3721	3405	3149	2699
Dams	1420	1276	1276	1257	1221	1175
Sires	234	225	225	224	224	224
Animals with unknown sire	289	287	287	288	287	287
Animals with unknown dam	342	328	328	323	323	320
Base Animals	286	286	286	286	286	286

BW: وزن تولد؛ WW: وزن شیرگیری؛ PWDG: افزایش وزن روزانه پیش از شیرگیری؛ 6MW: وزن ۶ماهگی؛ 9MW: وزن ۹ماهگی؛ YW: وزن یک‌سالگی.

BW: birth weight; WW: weaning weight; PWDG: pre-weaning daily gain; 6MW: 6month weight; 9MW: 9month weight; YW: yearling weight.

وزن یک‌سالگی، بالاتر از بزغاله‌های دیگر بود ($P < 0.05$). بالاتر بودن صفات رشد بزغاله‌های تک قلو، به‌ویژه در سن‌های آغازین را می‌توان تا حد زیادی ناشی از وزن تولد بالاتر در افراد تک قلو دانست. از دلایل وزن تولد بالاتر در تک‌قلوها نسبت به چندقلوها می‌توان به عامل‌هایی همچون تغذیه ناکافی چند قلوها نسبت به تک‌قلوها در زمان آبستنی و همچنین محدود بودن فضای رحم اشاره کرد (Jafaroghli *et al.*, 2010; Mokhtari *et al.*, 2008). تفاوت معنی‌دار وزن از شیرگیری، میانگین افزایش وزن روزانه پیش از شیرگیری و وزن بدن در سن‌های ۶ و ۹ ماهگی را می‌توان ناشی از وزن تولد بالاتر و تغذیه بهتر از شیر مادر در تک‌قلوها دانست (Talebi & Edriss, 1998). جز وزن یک‌سالگی، میانگین همه صفات در بزغاله‌های متولدشده از مادران دو ساله کمتر بزغاله‌های متولدشده از مادران با سن‌های بالاتر بود ($P < 0.05$) که علت آن کوچک‌تر بودن اندازه بدن در مادرهای جوان‌تر است (Mokhtari *et al.*, 2008).

نتایج و بحث

اثر عامل‌های ثابت

نتایج مربوط به تأثیر عامل‌های ثابت مؤثر بر صفات مورد بررسی در جدول ۲ نشان داده شده است. سال تولد اثر بسیار معنی‌داری بر همه صفات داشت ($P < 0.01$). اثر معنی‌دار سال تولد ناشی از عامل‌هایی همچون تغییر شرایط آب و هوایی و همچنین مدیریت، تغذیه و بهداشت در سال‌های مختلف است (Mokhtari *et al.*, 2008). میانگین همه صفات در جنس نر به‌طور بسیار معنی‌داری از جنس ماده بیشتر بود ($P < 0.01$). اثر معنی‌دار جنس بر این صفات را می‌توان به تفاوت‌های فیزیولوژیکی مانند تفاوت هورمون‌ها و غدد درون‌ریز و تا حدی به تفاوت‌های ژنتیکی و بیان ژن در دو جنس نسبت داد (Talebi & Edriss, 1998; Mokhtari *et al.*, 2008). نوع تولد نیز اثر بسیار معنی‌داری بر همه صفات مورد بررسی داشت ($P < 0.01$). در مقایسه میانگین‌های کمترین مربعات نیز در بزغاله‌های تک قلو میانگین همه صفات، جز

جدول ۲. میانگین‌های حداقل مربعات صفات بررسی شده (کیلوگرم) در سطوح مختلف عامل‌های ثابت

Table 2. Least-square means of the studied traits (Kg) for different levels of the fixed effects

Fixed effect	BW	WW	PWDG	6MW	9MW	YW
Birth year	**	**	**	**	**	**
Sex	**	**	**	**	**	**
Male	2.48 ^a	15.82 ^a	0.114 ^a	18.23 ^a	21.49 ^a	26.28 ^a
Female	2.28 ^b	13.60 ^b	0.097 ^b	16.17 ^b	18.51 ^b	21.76 ^b
Birth type	**	**	**	**	**	**
Single	2.57 ^a	16.00 ^a	0.115 ^a	18.25 ^a	21.17 ^a	24.89 ^a
Twin	2.42 ^b	14.34 ^b	0.102 ^b	16.87 ^b	19.76 ^b	23.97 ^a
Triplet	2.15 ^c	13.77 ^b	0.101 ^b	16.47 ^b	19.07 ^b	23.20 ^a
Dam age	**	**	**	**	**	*
2	2.23 ^c	13.89 ^b	0.100 ^b	16.43 ^b	19.11 ^b	23.63 ^a
3	2.33 ^b	14.80 ^a	0.107 ^a	17.17 ^{ab}	20.03 ^a	24.47 ^a
4	2.40 ^a	14.92 ^a	0.108 ^a	17.35 ^a	20.04 ^a	24.22 ^a
5	2.41 ^a	15.07 ^a	0.109 ^a	17.45 ^a	20.28 ^a	24.11 ^a
6	2.44 ^a	14.93 ^a	0.108 ^a	17.60 ^a	20.38 ^a	24.11 ^a
7	2.45 ^a	14.62 ^{ab}	0.105 ^{ab}	17.18 ^{ab}	20.17 ^a	23.59 ^a
Regression coefficient on age	--	0.0797 ^{**}	-0.0002 ^{**}	0.0904 ^{**}	0.1286 ^{**}	0.1048 ^{**}

BW: وزن تولد؛ WW: وزن شیرگیری؛ PWDG: افزایش وزن روزانه پیش از شیرگیری؛ 6MW: وزن ۶ ماهگی؛ 9MW: وزن ۹ ماهگی؛ YW: وزن یک‌سالگی؛

ns: غیر معنی‌دار ($P > 0.05$); *: معنی‌دار ($P < 0.05$); **: بسیار معنی‌دار ($P < 0.01$); حرف مشترک در هر ستون نشان‌دهنده نداشتن تفاوت معنی‌دار میانگین‌های حداقل مربعات با آزمون توکی-کرامر در سطح ۰/۰۵ است.

BW: birth weight; WW: weaning weight; PWDG: pre-weaning daily gain; 6MW: 6month weight; 9MW: 9month weight; YW: yearling weight.
ns: not significant ($P > 0.05$); *: significant ($P < 0.05$); **: highly significant ($P < 0.01$); A same letter in each column means not-significant difference of least square means in Tukey-Kramer test at 0.05 level.

فراسنجه‌های ژنتیکی

(۰/۰۳ تا ۰/۰۶) برآورد شد و میزان آن با افزایش سن، روندی کاهشی داشت، به‌گونه‌ای که وراثت‌پذیری مادری از میزان ۰/۰۶ برای وزن تولد به میزان غیر معنی‌دار ۰/۰۳ برای وزن یک‌سالگی کاهش یافت. همین روند برای ضریب محیط مادری (نسبت واریانس محیط مشترک مادری به واریانس فنوتیپی) مشاهده شد، به‌گونه‌ای که ضریب محیط مادری از میزان ۰/۰۹ برای وزن تولد به ۰/۰۵ برای وزن یک‌سالگی کاهش یافت (جدول ۳). روندهای مشاهده‌شده برای وراثت‌پذیری مادری و ضریب محیط مادری، تأییدی دوباره برای کاهش نقش اثرگذاری ژنتیکی و محیطی مادری بر وزن بدن فرزندان در سن‌های بالاتر است. مقادیر برآوردشده انواع همبستگی بین صفات مورد بررسی در جدول ۳ نشان داده شده‌اند. صفات مورد بررسی دارای همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی وابسته به جنس، ژنتیکی مادری و محیطی مادری بودند، به‌گونه‌ای که با کاهش فاصله سنی، این همبستگی‌ها افزایش یافتند. در رابطه با همبستگی‌های ژنتیکی مستقیم وابسته به جنس، بالاترین همبستگی‌ها بین وزن از شیرگیری و افزایش وزن پیش از شیرگیری (۰/۹۵)، وزن‌های ۶ و ۹ ماهگی (۰/۶۴) و وزن‌های ۹ ماهگی و یک‌سالگی

وراثت‌پذیری‌های مستقیم اتوزومی و وابسته به کروموزوم X و وراثت‌پذیری مادری برآوردشده برای صفات مورد بررسی در جدول ۳ نشان داده شده است. وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی صفات مورد بررسی در دامنه ۰/۱۲ تا ۰/۲۱ برآورد شد که البته وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی وزن بدن در سن‌های ۹ ماهگی و یک سالگی (به ترتیب، ۰/۲۰ و ۰/۲۱) و همچنین وزن تولد (۰/۱۹) بالاتر از صفات دیگر (۰/۱۲ تا ۰/۱۳) بود (جدول ۳). این در حالی است که وراثت‌پذیری مستقیم وابسته به جنس صفات مورد بررسی در حد پایین (۰/۰۲ تا ۰/۰۷) برآورد شد که البته میزان آن با افزایش سن به‌طور محسوس افزایش یافت، به‌گونه‌ای که میزان آن برای وزن تولد ۰/۰۳ بود و تا وزن یک سالگی به ۰/۰۷ افزایش یافت (جدول ۳). این مشاهده نشان‌دهنده نداشتن تأثیر شایان توجه اثرگذاری افزایشی ژن‌های وابسته به جنس بر وزن بدن در سن‌های آغازین و تأثیر محدود آن‌ها بر وزن بدن در سن‌های ۹ و ۱۲ ماهگی در بزهای مرخز است. وراثت‌پذیری مادری صفات مورد بررسی نیز در حد پایین و در دامنه ۰/۰۳ تا ۰/۰۶ برآورد شد. وراثت‌پذیری مادری صفات وزن بدن در حد پایین

برآوردهای فراسنجه‌های ژنتیکی صفات مرتبط با رشد بسته به گونه، نژاد، جمعیت و حتی بازه زمانی جمعیت مورد بررسی متفاوت هستند. با این حال، در بیشتر پژوهش‌ها دست‌کم، به افزایش وراثت‌پذیری مستقیم و کاهش وراثت‌پذیری مادری وزن بدن در سن‌های بالاتر گزارش شده است. لذا مشخص شده که بخش شایان توجهی از تنوع صفات مرتبط با رشد گوسفند مربوط به اثر مادری است که با افزایش سن بره تأثیر آن کمتر می‌شود (Vatankhah *et al.*, 2005). در بره‌های صورت سیاه اسکاتلندی وراثت‌پذیری‌های مستقیم وزن تولد، وزن ۳ ماهگی و وزن ۶ ماهگی به ترتیب ۰/۱۵، ۰/۱۴ و ۰/۲۶ و وراثت‌پذیری‌های مادری آن‌ها به ترتیب ۰/۱۸، ۰/۱۲ و ۰/۰۷ گزارش شدند (Riggio *et al.*, 2008). در بررسی روی گوسفندان مغانی وراثت‌پذیری مستقیم وزن تولد، وزن از شیرگیری، میانگین افزایش وزن پیش از شیرگیری و وزن یک‌سالگی به ترتیب ۰/۰۷، ۰/۰۹، ۰/۰۸ و ۰/۱۷ و وراثت‌پذیری مادری صفات وزن تولد و وزن از شیرگیری به ترتیب ۰/۱۸ و ۰/۰۶ گزارش شد (Jafaroghli *et al.*, 2010). با این حال در برخی از پژوهش‌های دیگر نتایج به‌دست‌آمده تا حدی با نتایج به‌دست‌آمده در این پژوهش متفاوت بوده است. برای نمونه، در پژوهشی روی گوسفندان مغانی، فراسنجه‌های ژنتیکی وزن بدن از سن ۶۰ تا ۳۶۵ روزگی، با استفاده از مدل‌های رگرسیون تصادفی دارای توابع لژاندر و بی‌اسپلین بررسی شد که در آن وراثت‌پذیری وزن بدن در روزهای مختلف در دامنه ۰/۱۴ تا ۰/۳۲ برآورد شد، به‌گونه‌ای که وراثت‌پذیری وزن بدن از سن ۶۰ تا ۱۲۰ روزگی کاهش و پس از آن تا پایان دوره روندی افزایشی نشان داد. در این پژوهش وراثت‌پذیری مادری در حد پایینی برآورد شد، اما در طول دوره مورد بررسی روندی تا حدودی افزایشی نشان داد (Zamani *et al.*, 2016). در پژوهشی دیگر روی بره‌های لری بختیاری، وراثت‌پذیری‌های مستقیم وزن تولد، وزن از شیرگیری و میانگین افزایش وزن روزانه پیش از شیرگیری، مقادیری تا حدودی ثابت و به ترتیب ۰/۱۱۴، ۰/۱۰۵ و ۰/۱۰۶ برآورد شدند (Talebi & Edriss, 1998).

(۰/۸۲) برآورد شد. با توجه به خطاهای استاندارد برآوردشده، همبستگی‌های ژنتیکی مستقیم وابسته به جنس بین صفات دیگر معنی‌دار نبودند (جدول ۳). برآورد اجزای واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی و اهمیت نسبی اجزای ژنتیکی برای طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی، به‌منظور درک بهتر چگونگی کنترل صفات، پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی، پیش‌بینی پاسخ مورد انتظار از برنامه‌های انتخاب و به‌کارگیری روش مناسب انتخاب برای صفات مهم اقتصادی ضروری است (Vatankhah *et al.*, 2004). برآوردهای وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی صفات مرتبط با رشد در این پژوهش تا حدی پایین‌تر از پژوهش دیگر انجام شده روی بزهای مرخز است که در آن وراثت‌پذیری مستقیم وزن تولد، وزن از شیرگیری و میانگین افزایش وزن روزانه پیش از شیرگیری به ترتیب، ۰/۲۲، ۰/۱۶ و ۰/۲۱ برآورد شدند (Rashidi *et al.*, 2011). هرچند، وراثت‌پذیری مادری وزن تولد در آن پژوهش ۰/۰۷ برآورد شد، که به میزان مربوطه در این پژوهش (۰/۰۶) نزدیک است. نسبت واریانس محیط دائمی مادری به واریانس فنوتیپی (ضریب محیط مادری) صفات وزن تولد، وزن از شیرگیری، افزایش وزن روزانه پیش از شیرگیری بزهای مرخز در بررسی Rashidi *et al.* (2011) به ترتیب، ۰/۰۵، ۰/۰۷ و ۰/۰۷ برآورد شد که به برآوردهای این پژوهش (به ترتیب، ۰/۰۶، ۰/۰۵ و ۰/۰۵) نزدیک هستند. تفاوت‌های جزئی مشاهده‌شده بین این برآوردها را می‌توان به تفاوت مدل‌های مورد استفاده و همچنین تفاوت بازه زمانی داده‌های به‌کاربرده شده در دو پژوهش (۱۳۷۱ تا ۱۳۹۴ در این پژوهش در مقابل ۱۳۷۲ تا ۱۳۸۹ در پژوهش یادشده) نسبت داد. در پژوهش دیگری روی بزهای رائینی، وراثت‌پذیری وزن‌های تولد، ۳ ماهگی، ۶ ماهگی و ۹ ماهگی به ترتیب، ۰/۲۶، ۰/۳، ۰/۳۳ و ۰/۳ و وراثت‌پذیری‌های مادری آن‌ها به ترتیب، ۰/۱۷، ۰/۱، ۰/۰۸ و ۰/۰۸ برآورد شدند (Hasani *et al.*, 2010) که تفاوت‌های آن‌ها با برآوردهای این پژوهش به علت تفاوت‌های نژادی و محیطی (آب‌وهوا، مدیریت، تغذیه و مانند آن‌ها) و همچنین مدل‌های مورد استفاده برای تجزیه رکوردها است.

جدول ۳. فراسنجه‌های ژنتیکی برآوردشده صفات مورد بررسی
Table 3. Genetic parameter estimates for the studied traits

Parameter	BW	WW	PWDG	6MW	9MW	YW
$h_a^2 \pm SE$	0.19±0.04	0.13±0.03	0.13±0.03	0.12±0.03	0.20±0.04	0.21±0.04
$h_s^2 \pm SE$	0.03±0.02	0.03±0.03	0.02±0.03	0.04±0.03	0.07±0.03	0.07±0.03
$h_m^2 \pm SE$	0.06±0.03	0.05±0.03	0.05±0.03	0.05±0.03	0.04±0.03	0.03±0.03
$c^2 \pm SE$	0.09±0.02	0.05±0.02	0.04±0.02	0.05±0.02	0.04±0.02	0.05±0.03
Direct autosomal additive genetic correlations ±SE						
WW	0.43±0.14					
PWDG	0.31±0.15	0.98±0.01				
6MW	0.40±0.15	0.91±0.07	0.88±0.08			
9MW	0.15±0.13	0.72±0.10	0.69±0.10	0.83±0.07		
YW	0.17±0.14	0.58±0.13	0.55±0.13	0.77±0.10	0.91±0.05	
Direct sex linked additive genetic correlations ±SE						
WW	0.38±0.55					
PWDG	0.26±0.66	0.95±0.06				
6MW	0.21±0.55	0.50±0.44	0.57±0.44			
9MW	0.39±0.42	0.47±0.37	0.39±0.45	0.64±0.26		
YW	0.48±0.43	0.52±0.40	0.43±0.47	0.48±0.35	0.82±0.14	
Maternal genetic correlations ±SE						
WW	0.33±0.28					
PWDG	0.18±0.30	0.97±0.02				
6MW	0.34±0.29	0.90±0.14	0.86±0.16			
9MW	0.52±0.31	0.69±0.25	0.63±0.26	0.82±0.18		
YW	0.53±0.39	0.57±0.36	0.50±0.37	0.72±0.32	0.84±0.21	
Maternal environmental correlations ±SE						
WW	0.69±0.22					
PWDG	0.51±0.26	0.94±0.04				
6MW	0.70±0.23	0.87±0.14	0.76±0.18			
9MW	0.65±0.24	0.76±0.22	0.70±0.25	0.73±0.18		
YW	0.55±0.24	0.56±0.28	0.54±0.31	0.54±0.27	0.84±0.17	
Phenotypic correlations ±SE						
WW	0.24±0.02					
PWDG	0.12±0.02	0.98±0.00				
6MW	0.24±0.02	0.71±0.01	0.68±0.01			
9MW	0.22±0.02	0.55±0.02	0.52±0.02	0.68±0.01		
YW	0.20±0.02	0.44±0.02	0.42±0.02	0.52±0.02	0.72±0.01	

BW: وزن تولد؛ WW: وزن شیرگیری؛ PWDG: افزایش وزن روزانه پیش از شیرگیری؛ 6MW: وزن ۶ ماهگی؛ 9MW: وزن ۹ ماهگی؛ YW: وزن یک‌سالگی؛ h_a^2 : وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی؛ h_s^2 : وراثت‌پذیری مستقیم وابسته به جنس؛ h_m^2 : وراثت‌پذیری مادری؛ c^2 : ضریب محیط مادری؛ SE: خطای استاندارد.
BW: birth weight; WW: weaning weight; PWDG: pre-weaning daily gain; 6MW: 6month weight; 9MW: 9month weight; YW: yearling weight; h_a^2 : direct autosomal heritability; h_s^2 : direct sex-linked heritability; h_m^2 : maternal heritability; c^2 : coefficient of maternal environment; SE: standard error.

صفت مهم بررسی شدند و وراثت‌پذیری‌های وابسته به جنس در آن‌ها برآورد شدند. در آن پژوهش هشت صفت وراثت‌پذیری وابسته به جنس غیر صفر داشتند که میزان آن‌ها تنها در چهار صفت، اندازه لکه روی بال و طول ساق پا در مرغ مگس‌خوار (به ترتیب، ۰/۴۰ و ۰/۰۸) و طول بال و قرمزی منقار در فنچ گورخری (به ترتیب، ۰/۰۶ و ۰/۰۷) تفاوت معنی‌داری از صفر داشتند (Husby et al., 2013). در پژوهش دیگری وراثت‌پذیری وابسته به جنس زنده‌مانی در گوسفندان لری بختیاری در سن‌های مختلف بین ۰/۰۱ تا ۰/۰۲ گزارش شد (Vatankhah et al, 2016).

پایین بودن وراثت‌پذیری مستقیم وابسته به جنس صفات مورد بررسی در این پژوهش (۰/۰۲ تا ۰/۰۷) و افزایش تدریجی آن در سن‌های بالاتر (جدول ۳) نشان‌دهنده سهم ناچیز اثرگذاری ژنتیکی وابسته به جنس در کنترل وزن بدن در سن‌های آغازین (تولد تا ۶ ماهگی) و افزایش جزئی آن در سن‌های بالاتر (۹ و ۱۲ ماهگی) در جمعیت مورد بررسی است. بررسی‌های بسیار محدودی در رابطه با جداسازی وراثت‌پذیری‌های اتوزومی و وابسته به جنس صفات مهم اقتصادی انجام شده است. در پژوهشی روی جمعیت‌های مرغ مگس‌خوار و فنچ گورخری، داده‌های مربوط به ۱۷

نتیجه‌گیری

نتایج این پژوهش نشان داد، در صفات مرتبط با رشد بزهای مرخز با افزایش سن، وراثت‌پذیری مستقیم افزایش و وراثت‌پذیری مادری کاهش می‌یابد که تأییدی بر کاهش نقش اثر ژنتیکی مادری و افزایش نقش اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم بر صفات رشد در سن‌های بالاتر است. وراثت‌پذیری وابسته به جنس صفات مرتبط با رشد ناچیز بود که نشان‌دهنده نقش ناچیز و نزدیک به صفر اثر افزایشی ژن‌های وابسته به جنس بر صفات مرتبط با رشد بز مرخز است. لذا، نقش ارزش‌های اصلاحی پدر و مادر در تعیین ارزش اصلاحی فرزندان یکسان است.

سپاسگزاری

از آقایان دکتر امیر رشیدی و دکتر محمد رزم‌کبیر، اعضای محترم هیئت‌علمی گروه علوم دامی دانشگاه کردستان برای همکاری‌های بی‌شائبه ایشان و همچنین، مسئولان و کارکنان محترم ایستگاه دامپروری سنندج برای گردآوری و ارائه داده‌های مورد استفاده، تشکر و قدردانی می‌گردد.

در این پژوهش، وراثت‌پذیری وابسته به جنس وزن بدن در سن‌های آغازین ناچیز بود که نشان‌دهنده نقش ناچیز اثرگذاری افزایشی ژن‌های قرارگرفته روی کروموزوم X بر آن‌ها است. لذا، جدا از اثر نمونه‌گیری مندلی، می‌توان نقش پدر و مادر در تعیین ارزش اصلاحی وزن‌های تولد تا ۶ ماهگی را یکسان در نظر گرفت. این در حالی است وراثت‌پذیری وابسته به جنس برآورد شده برای وزن‌های بدن در سن‌های ۹ ماهگی و یک سالگی بالاتر بود، لذا می‌توان نقشی را برای اثر ژنتیکی افزایشی وابسته به جنس در وزن‌های بدن در سن‌های ۹ ماهگی و یک‌سالگی در نظر گرفت. به‌عبارت‌دیگر می‌توان چنین نتیجه‌گیری کرد که احتمال دارد نقش پدر و مادر در تعیین ارزش اصلاحی وزن بدن در سن‌های ۹ و ۱۲ ماهگی یکسان نباشد. به‌گونه‌ای که ممکن است نقش پدر و مادر در ارزش اصلاحی دختران یکسان بوده درحالی‌که مادران نقش بیشتری در تعیین ارزش اصلاحی پسران داشته باشند. هرچند، نتیجه‌گیری قطعی درباره این موضوع نیازمند انجام پژوهش‌های بیشتر در آینده است.

REFERENCES

- Dadpasand, M. (2012). Sex chromosomes evolution in mammals. *Journal of Genetics in the Third Millennium*, 3, 2824-2833. (in Farsi)
- Hasani, M. N., Asadi Fozi, M., Esmailzadeh, A. & Mohammad Abadi, M. R. (2010). A genetic analysis of growth traits in Raieni Cashmere goat using multivariate animal model. *Iranian Journal of Animal Science*, 41, 323-329. (in Farsi)
- Husby, A., Schielzeth, H., Forstmeier, W., Gustafsson, L. & Qvarnström, A. (2013). Sex chromosome linked genetic variance and the evolution of sexual dimorphism of quantitative traits. *Evolution*, 67, 609-619.
- Jafaroghli, M., Rashidi, A., Mokhtari, M. S. & Shadparvar, A. A. (2010). (Co)Variance components and genetic parameter estimates for growth traits in Moghani sheep. *Small Ruminant Research*, 91, 170-177.
- Meyer, K. (2013). WOMBAT-A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale, pp. 105.
- Mokhtari, M. S., Rashidi, A. & Mohammadi, Y. (2008). Estimation of genetic parameters for post-weaning traits of Kermani sheep. *Small Ruminant Research*, 80, 22-27.
- 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.
- Riggio, V., Finocchiaro, R. & Bishop, S. C. (2008). Genetic parameters for early lamb survival and growth in Scottish Blackface sheep. *Journal of Animal Science*, 86, 1758-1764.
- Ross, M. T., Grafham, D. V., Coffey, A. J., Scherer, S., McLay, K., Muzny, D., Platzer, M., Howell, G. R., Burrows, C., Bird, C. P., Frankish, A., Lovell, F. L. & 270 other authors. (2005). The DNA sequence of the human X chromosome. *Nature*, 434, 325-337.
- SAS Institute Inc. (2003). SAS 9.1.3 Help and documentation, Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Talebi, M. A. & Edriss, M. A. (1998). Estimation of genetic and environmental parameters affecting pre-weaning traits of Lori-Bakhtiari lambs. *Iranian Journal of Agriculture Science*, 29, 325-333. (in Farsi)
- Vatankhah, M., Moradi-Sharebabak, M., Nejati-Javaremi, A., Miraei-Ashtiani, S. R. & Vaez-Torshizi, R. (2004). A review of sheep breeding in Iran. In: Proceedings of the *First Congress on Animal & Aquatic Sciences*. University of Tehran, Tehran, Iran, pp. 590-596. (in Farsi)

13. Vatankhah, M., Moradi-Sharebabak, M., Nejati-Javaremi, A., Miraei-Ashtiani, S. R. & Vaez-Torshizi, R. (2005). Review of growth traits parameters for some Iranian breeds of sheep. *Pajouhesh & Sazandegi*, 69, 19-27. (in Farsi)
14. Vatankhah, M., Talebi, A. & Blair, H. (2016). Genetic analysis of Lori-Bakhtiari lamb survival rate up to yearling age for autosomal and sex-linked. *Small Ruminant Research*, 136, 121-126.
15. Zamani, P. (2011). *Statistical designs in animal sciences*. 2nd Ed. Bu-Ali Sina University Publication. Hamedan, Iran.
16. Zamani, P., Moradi, M. R., Alipour, D. & Ghafouri-Kesbi, F. (2016). Combination of B-Spline and Legendre functions in random regression models to fit growth curve of Moghani sheep. *Small Ruminant Research*, 145, 115-122.