

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات میانگین افزایش وزن روزانه برای کروموزوم های اتوزومی و جنسی در بز مرخز

- میثم لطیفی (نویسنده مسئول)
دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه کردستان
 - محمد الماسی
دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه بوعلی سینا همدان.
 - بابک عنایتی
دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه کردستان
- تاریخ دریافت: شهریور ۱۳۹۶ تاریخ پذیرش: دی ۱۳۹۶
شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۸۴۰۶۹۹۷۰
Email: m.latifi @ agri.uok.ac.ir

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22092/asj.2018.115261.1524

چکیده

پژوهش حاضر به منظور آنالیز ژنتیکی صفات میانگین افزایش وزن روزانه بزهای مرخز برای کروموزوم های اتوزومی و جنسی انجام شد. داده های مورد استفاده شامل ۳۸۳۷ رکورد میانگین افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری (ADG1)، ۳۴۶۷ رکورد میانگین افزایش وزن روزانه از شیرگیری تا ۶ ماهگی (ADG2)، ۳۱۳۳ رکورد میانگین افزایش وزن روزانه از ۶ ماهگی تا ۹ ماهگی (ADG3) و ۲۷۲۶ رکورد میانگین افزایش وزن روزانه از ۹ ماهگی تا یک سالگی (ADG4) بود که طی سال های ۱۳۷۱ تا ۱۳۹۳ در مرکز اصلاح نژاد بز مرخز سنندج جمع آوری شده است. تعیین اثرات عوامل ثابت بر صفات مورد بررسی با رویه ی GLM نرم افزار SAS 8.2 و برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی با الگوریتم میانگین اطلاعات-حداکثر درست نمایی محدود شده (AI-REML) با نرم افزار Wombat و ۶ مدل حیوانی انجام شد. برای تعیین مناسب ترین مدل از معیار آکایک استفاده شد. وراثت پذیری مستقیم اتوزومی برای صفات ADG1، ADG2، ADG3، و ADG4 به ترتیب ۰/۱۴±۰/۰۳، ۰/۰۰±۰/۰۲، ۰/۰۴±۰/۰۴ و ۰/۱۴±۰/۰۳ برآورد شد. وراثت پذیری مستقیم کروموزوم جنسی این صفات در حد کم و به ترتیب ۰/۰۰±۰/۰۲، ۰/۰۸±۰/۰۲، ۰/۰۶±۰/۰۲ و ۰/۰۴±۰/۰۲ برآورد گردید. وراثت پذیری مادری برآورد شده برای صفات ADG1 و ADG3 به ترتیب برابر ۰/۰۶±۰/۰۲ و ۰/۰۴±۰/۰۳ بود. همچنین اثر محیط دائم مادری برای صفات ADG3 و ADG4 یکسان و برابر ۰/۰۳±۰/۰۲ بود. به طور کلی، وراثت پذیری مستقیم برای کروموزوم های اتوزومی و جنسی در صفات مورد مطالعه پایین برآورد گردید، لذا پیشرفت ژنتیکی کمی بر اثر انتخاب برای صفات مورد مطالعه میسر می شود.

واژه های کلیدی: وراثت پذیری اتوزومی، وراثت پذیری کروموزوم جنسی، بز مرخز، میانگین افزایش وزن روزانه

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 120 pp: 197-204

Genetic parameter estimates of average daily gain traits for autosomal and sex-linked chromosomes in Markhoz goats

By: Meysam Latifi^{1*}, Mohammad Almasi², Babak Enayati¹

¹Ph.D Candidate, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran.

²Ph.D Candidate, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, Iran. Email: m.latifi @ agri.uok.ac.ir

Received: August 2017

Accepted: December 2017

This study was conducted for genetic analysis of Markhoz goats for autosomal and X-linked chromosomes for average daily gain traits from birth to yearling. The data set contained 3837 average daily gain records from birth to weaning (ADG1), 3467 average daily gain records from weaning to 6-month (ADG2), 3133 average daily gain records from 6-month to 9-month (ADG3) and 2726 average daily gain records from 9-month to 12-month (ADG4) collected during 1992-2014 in Markhoz Goat Breeding Center of Sanandaj. Fixed effects affecting the studied traits were determined using Proc GLM of the SAS 8.2 software and variance components and genetic parameters were estimated by Average Information algorithm of Restricted Maximum Likelihood (AI-REML) using Wombat software. The most appropriate model for each trait was determined by Akaike's Information Criterion (AIC) test. Direct autosomal heritability estimates for ADG1, ADG2, ADG3 and ADG4 were 0.14 ± 0.03 , 0.00 ± 0.02 , 0.14 ± 0.04 and 0.06 ± 0.03 , respectively. X-linked direct heritability estimates for these traits were negligible values of 0.00 ± 0.02 , 0.08 ± 0.02 , 0.06 ± 0.02 and 0.04 ± 0.02 , respectively. Maternal heritability for ADG1 and ADG3 were 0.06 ± 0.02 and 0.04 ± 0.03 , respectively. Maternal permanent environmental variance for ADG3 and ADG4 were 0.03 ± 0.02 . The low estimations of direct heritabilities for autosomal and sexual chromosomes were obtained in the current study, therefore direct selection for these traits would be generate a relatively slow genetic progress.

Key words: Autosomal heritability, X-linked heritability, Markhoz goats, Average daily gain.

مقدمه

مانی بزغاله، از راه‌های افزایش وزن بدن و بالا بردن عملکرد صفات رشد می‌باشند که از طریق انتخاب و بهبود شرایط محیطی انجام پذیر است (Al-Shorepy و همکاران، ۲۰۰۲). به منظور انتخاب حیوانات برتر به عنوان والد، و آمیزش حیوانات برتر و تعیین اهداف اصلاح نژادی، برآورد پارامترهای ژنتیکی و همبستگی ژنتیکی به منظور تعیین اهداف اصلاح نژاد بین صفات اهمیت خاصی دارد. صفات دارای ارزش اقتصادی مانند نرخ رشد

در ایران بیش از ۲۷ میلیون رأس بز در قالب ۱۵-۱۰ نژاد وجود دارد. بز مرخز یکی از مهمترین نژادهای بومی کشور می‌باشد (Rashidi و همکاران، ۲۰۱۱) که پرورش آن در درجه اول برای تولید الیاف موهر انجام می‌گیرد. در سال‌های اخیر به علت افزایش تقاضا برای گوشت بز، بیشتر درآمد پرورش این نژاد از فروش گوشت حاصل می‌گردد (Rashidi و همکاران، ۲۰۱۱)؛ Rashidi و همکاران، ۲۰۰۶). افزایش پتانسیل رشد و نرخ زنده

میانگین افزایش وزن روزانه از وزن شیرگیری تا شش ماهگی (ADG2)، میانگین افزایش وزن روزانه از ۶ ماهگی تا ۹ ماهگی (ADG3) و میانگین افزایش وزن روزانه از ۹ ماهگی تا ۱۲ ماهگی (ADG4) بودند. معنی دار بودن اثرات ثابت با رویه‌ی GLM نرم افزار SAS 8.2 مورد بررسی قرار گرفت. اثرات ثابت وارد شده در مدل شامل سال تولد (۲۲ سطح)، سن مادر (۷-۲ سال: ۶ سطح)، جنسیت (نر و ماده: دو سطح) و نوع تولد (تک قلو، دو قلو و سه قلو: ۳ سطح) بود. تنها اثراتی که بر روی صفات مورد بررسی معنی دار بودند، در مدل قرار گرفتند. آنالیز ژنتیکی صفات با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده و نرم افزار WOMBAT (Meyer, ۲۰۱۳) با شش مدل حیوانی مختلف انجام شد:

$$y = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_1\mathbf{s} + e \quad (1)$$

$$y = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_1\mathbf{s} + \mathbf{Z}_3\mathbf{pe} + e \quad (2)$$

$$y = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_1\mathbf{s} + \mathbf{Z}_2\mathbf{m} + e$$

$$\text{cov}(\mathbf{a}, \mathbf{m}) = 0 \quad (3)$$

$$y = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_1\mathbf{s} + \mathbf{Z}_2\mathbf{m} + e$$

$$\text{cov}(\mathbf{a}, \mathbf{m}) = \mathbf{A}\sigma_{\mathbf{am}} \quad (4)$$

$$y = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_1\mathbf{s} + \mathbf{Z}_2\mathbf{m} + \mathbf{Z}_3\mathbf{pe} + e$$

$$\text{cov}(\mathbf{a}, \mathbf{m}) = 0 \quad (5)$$

$$y = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_1\mathbf{s} + \mathbf{Z}_2\mathbf{m} + \mathbf{Z}_3\mathbf{pe} + e$$

$$\text{cov}(\mathbf{a}, \mathbf{m}) = \mathbf{A}\sigma_{\mathbf{am}} \quad (6)$$

که y بردار مشاهدات صفات، b بردار اثرات ثابت، a بردار اثرات ژنتیکی افزایشی کروموزوم اتوزومی، s بردار اثرات ژنتیکی افزایشی کروموزوم جنسی، m بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، pe بردار اثر عوامل تصادفی محیط دائم مادری و e بردار اثر عوامل تصادفی باقیمانده می‌باشند. \mathbf{X} ، \mathbf{Z}_1 ، \mathbf{Z}_2 و \mathbf{Z}_3 ماتریس‌های ضرایب هستند که به ترتیب اثرات ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی کروموزوم اتوزومی و جنسی، اثرات ژنتیکی مادری و اثر محیط دائم مادری را به بردار مشاهدات مربوط می‌کنند. اثر ژنتیکی افزایشی کروموزوم اتوزومی، اثر ژنتیکی افزایشی کروموزوم جنسی، اثرات ژنتیکی مادری، اثر محیط دائم مادری و اثر باقیمانده دارای

تحت تأثیر اثر ژنتیکی مستقیم، اثر ژنتیکی مادری و اثر محیطی می‌باشند (Safari و همکاران، ۲۰۰۵). نرخ رشد به عنوان متوسط افزایش وزن روزانه در یک دوره زمانی خاص تعریف می‌شود (Jafari and Razzagzadeh, ۲۰۱۶). در روش‌های ارزیابی ژنتیکی حیوانات معمولاً فرض می‌شود که فقط کروموزوم‌های اتوزومی دخیل می‌باشند و اثر کروموزوم‌های جنسی نادیده گرفته می‌شود. روش بهترین پیش بینی نا اریب خطی می‌تواند علاوه بر کروموزوم‌های اتوزومی اثر کروموزوم جنسی را در مدل برآورد کند (Fernando and Grossman, ۱۹۹۰، Charlesworth و همکاران (۱۹۸۷) بیان کردند استفاده از مدل حیوانی که به غیر از وراثت‌پذیری اتوزومی، وراثت‌پذیری کروموزوم جنسی را نادیده می‌گیرد، به علت وجود واریانس جنسی در جمعیت، باعث بیش برآورد واریانس ژنتیکی اتوزومی می‌شود، در نتیجه ممکن است هنگامی که پاسخ به انتخاب در یک جنس خاص مطالعه شود منجر به تفسیر اشتباه گردد. Vatankhah و همکاران (۲۰۱۶) با تفکیک واریانس ژنتیکی مستقیم به واریانس کروموزوم‌های اتوزومی و جنسی نشان دادند که واریانس کروموزوم جنسی، مشابه واریانس ژنتیکی مادری دارای اثر می‌باشد. این محققین بیان کردند، استفاده از مدل‌های حیوانی که قادر هستند تنوع ژنتیکی افزایشی را به اثر کروموزوم اتوزومی، اثر کروموزوم جنسی و اثر ژنتیکی مادری تفکیک کند، انتخاب ژنتیکی مؤثرتری امکان پذیر است. در بیشتر مطالعات انجام شده تفکیک وراثت‌پذیری کروموزوم جنسی و اتوزومی مورد بررسی قرار نگرفته است، بنابراین هدف از این مطالعه برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات میانگین افزایش وزن روزانه در دوره‌های زمانی مختلف برای اثرات ژنتیکی کروموزوم‌های اتوزومی و جنسی و اثر مادری در بز مرخز بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی از داده‌های ایستگاه اصلاح نژاد بز مرخز که طی سال‌های ۱۳۷۱ تا ۱۳۹۳ گردآوری شده بود، استفاده گردید. صفات مورد مطالعه شامل میانگین افزایش وزن روزانه از تولد تا وزن شیرگیری (ADG1)،

داشت، به عنوان بهترین مدل جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مورد مطالعه انتخاب شد.

نتایج و بحث

آماره‌های توصیفی صفات مورد مطالعه در بز مرخز در جدول ۱ آمده‌است. میانگین افزایش وزن روزانه از تولد تا زمان از شیرگیری بز مرخز ۱۰۸/۸ گرم در روز بدست آمد، درحالی‌که مقدار میانگین افزایش رشد روزانه در سنین پس از شیرگیری این صفات به مقدار قابل توجهی کاهش یافت. به نظر می‌رسد کمبود مراتع و وجود خشکسالی در سال‌های اخیر منجر به کاهش میانگین افزایش وزن روزانه در بزغاله‌ها در سنین پس از شیرگیری شده‌است. معیارهای AIC بدست آمده برای هر صفت با شش مدل حیوانی مختلف در جدول ۲ نشان داده شده‌است. بهترین مدل بر اساس معیارهای AIC بدست آمده برای صفات ADG1، ADG2، ADG3 و ADG4 به ترتیب مدل ۳، ۱، ۶ و ۲ بود.

میانگین صفر و به ترتیب با واریانس $A\sigma_m^2$ ، $S\sigma_f^2$ ، $A\sigma_a^2$ ، $I_n\sigma_e^2$ و $I_d\sigma_{pe}^2$ فرض شدند. همچنین σ_c^2 ، σ_m^2 ، σ_f^2 ، σ_a^2 و σ_e^2 به ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی برای کروموزم اتوزومی، واریانس ژنتیکی افزایشی برای کروموزم جنسی، واریانس ژنتیکی مادری، واریانس محیطی دائم مادری و واریانس باقیمانده می‌باشند. S و A به ترتیب برابر ماتریس‌های خویشاوندی برای لوکوس‌های کروموزم اتوزومی و لوکوس‌های کروموزم جنسی می‌باشند. I_n و I_d نیز به ترتیب برابر ماتریس‌های یک‌ه برای مادرها و مشاهدات می‌باشند. برای تعیین بهترین مدل از معیار آکایک (Akaike, 1974) استفاده شد:

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

که $\log L$ لگاریتم حداکثر درست‌نمایی و p تعداد پارامترهای موجود در مدل می‌باشد. در نهایت هر مدلی که کمترین AIC را

جدول ۱- آماره‌های توصیفی صفات مورد مطالعه در بز مرخز

تعداد ماده‌ها	تعداد نرها	ضریب تغییرات (%)	بیشینه	کمینه	انحراف معیار	میانگین ^a	تعداد رکورد	صفت
۱۳۱۷	۲۲۱	۳۳/۳۹	۲۲۱/۰۰	۱۷/۰۰	۳۶/۳۳	۱۰۸/۸	۳۸۳۷	ADG1
۱۲۸۰	۲۲۰	۱۲۸/۰۹	۶۲/۸۹	-۳۸/۷۶	۱۵/۶۷	۱۲/۳۳	۳۴۶۷	ADG2
۱۲۳۲	۲۱۹	۱۰۳/۸۵	۴۸/۱۵	-۲۵/۸۳	۱۱/۶۰	۱۱/۱۷	۳۱۳۳	ADG3
۱۱۶۷	۲۱۰	۹۲/۶۰	۴۰/۵۰	-۲۱/۹۷	۱۰/۵۲	۱۱/۳۶	۲۷۲۶	ADG4

ADG1: میانگین افزایش وزن روزانه از تولد تا زمان از شیرگیری، ADG2: میانگین افزایش وزن روزانه از شیرگیری تا ۶ ماهگی، ADG3: میانگین افزایش وزن روزانه از ۶ ماهگی تا ۹ ماهگی، ADG4: میانگین افزایش وزن روزانه از ۹ ماهگی تا ۱۲ ماهگی
a: گرم در روز

جدول ۲- مقادیر AIC بدست آماده برای صفات مورد مطالعه (مناسب ترین مدل پررنگ نشان داده شده است)

صفات				مدل
ADG4	ADG3	ADG2	ADG1 ^a	
۱۴۱۲۱/۷۲	۱۷۳۱۰/۲۹	۲۱۲۰۷/۰۵	۲۹۴۳۴/۱۹	۱
۱۴۱۲۱/۴۶	۱۷۳۰۸/۷۳	۲۱۲۰۹/۰۰	۲۹۴۲۶/۰۶	۲
۱۴۱۲۳/۲۳	۱۷۳۱۰/۶۸	۲۱۲۰۹/۰۵	۲۹۴۲۲/۷۹	۳
۱۴۱۲۵/۲۱	۱۷۳۰۴/۹۴	۲۱۲۰۹/۳۴	۲۹۴۲۴/۵۲	۴
۱۴۱۲۳/۴۶	۱۷۳۱۰/۶۳	۲۱۲۱۱/۰۰	۲۹۴۲۴/۰۴	۵
۱۴۱۲۵/۳۶	۱۷۳۰۴/۵۰	۲۱۲۱۱/۳۴	۲۹۴۲۵/۸۱	۶

a: گرم در روز

مستقیم اتوزومی صفت ADG2 در گوسفندان نژاد مهربان، ماکویی و لری به ترتیب ۰/۱۱، ۰/۱۳ و ۰/۰۹ گزارش شده است (Ghafouri-Kesbi، ۲۰۱۳، Ghafouri-Kesbi و Baneh، ۲۰۱۲؛ Mohammadi و همکاران، ۲۰۱۵). مقدار وراثت پذیری مستقیم صفت ADG2 در این تحقیق صفر برآورد گردید که از مقادیر گزارش شده در بز سیروهی (۰/۰۴) کمتر بود (Gowane و همکاران، ۲۰۱۱). با توجه به مقدار برآورد شده در این تحقیق می توان نتیجه گرفت که انتخاب مستقیم پیشرفت ژنتیکی حاصل نمی نماید. Gowane و همکاران (۲۰۱۱) بیان کردند که عوامل ژنتیکی نقش ناچیزی در بهبود نرخ رشد روزانه دارد و نرخ رشد بیشتر تحت تأثیر عوامل محیطی می باشد. Shaat و Maki-Tanila (۲۰۰۹) علت برآورد کم وراثت پذیری در صفات رشد را افزایش تغییرات محیطی و سطح پایین تغذیه بیان کردند.

برآورد مؤلفه های واریانس-کواریانس و پارامترهای ژنتیکی برای هر صفت با بهترین مدل در جدول ۳ آمده است. وراثت پذیری مستقیم اتوزومی صفت ADG1 ۰/۱۴ برآورد گردید، که با مقادیر گزارش شده در بز سیروهی^۱ (۰/۱۱) و بز زیرابی^۲ (۰/۱۲) مطابقت دارد (Gowane و همکاران، ۲۰۱۱؛ Shaat و Maki-Tanila، ۲۰۰۹). Rashidi و همکاران (۲۰۱۱) مقدار وراثت پذیری مستقیم صفت ADG1 را در بز مرخز ۰/۲۴ برآورد کردند که از مقادیر گزارش شده در تحقیق حاضر بیشتر است. متفاوت بودن وراثت پذیری های برآورد شده در تحقیقات مختلف می تواند به دلیل متفاوت بودن نژادها، متفاوت بودن مدل های آماری مورد استفاده، متفاوت بودن تعداد رکوردها و متفاوت بودن شرایط محیطی برای پرورش باشد که نامساعد بودن آن موجب عدم ظهور ژن های منتقل شده از والدین می گردد. Gowane و همکاران (۲۰۱۱) مقدار وراثت پذیری مادری برای صفت ADG1 را در بز سیروهی با مدل های مختلف در دامنه ی ۰/۱۰-۰/۰۸ و Shaat و Maki-Tanila (۲۰۰۹) در بز زیرابی بین ۰/۰۶-۰/۰۴ برآورد کردند. مقدار وراثت پذیری مادری صفت ADG1 در این تحقیق ۰/۰۶ بدست آمد که در دامنه ی گزارشات این محققین بود.

گزارشات کمی در مورد پارامترهای ژنتیکی صفات میانگین افزایش وزن روزانه در بز وجود دارد. مقادیر وراثت پذیری

Sirohi¹

Zairabi²

جدول ۳- برآوردهای پارامترهای ژنتیکی کروموزوم های اتوزومی و جنسی صفات مورد مطالعه

ADG4	ADG3	ADG2	ADG1	صفات
۲	۶	۱	۳	مدل
۳/۸۴	۱۳/۴۸	۰/۰۰۱	۱۲۰/۰۴	σ_a^2
-	۵/۲۸	-	۴۸/۶۹	σ_m^2
۲/۶۶	۶/۱۴	۱۳/۳۱	۰/۰۰۱	σ_s^2
۲/۰۴	۳/۰۶	-	-	σ_{pe}^2
۵۸/۴۵	۷۶/۵۸	۱۵۹/۵۹	۶۶۹/۶۴	σ_e^2
۶۷/۰۰	۹۶/۶۲	۱۷۲/۹۰	۲۱/۴۵	σ_p^2
-	-۶/۱۷	-	-	σ_{am}
-	-۰/۸۹	-	-	r_{am}
۰/۰۶ ± ۰/۰۳	۰/۱۴ ± ۰/۰۴	۰/۰۰ ± ۰/۰۲	۰/۱۴ ± ۰/۰۳	h_a^2
-	۰/۰۴ ± ۰/۰۳	-	۰/۰۶ ± ۰/۰۲	h_m^2
۰/۰۴ ± ۰/۰۲	۰/۰۶ ± ۰/۰۳	۰/۰۸ ± ۰/۰۲	۰/۰۰ ± ۰/۰۲	h_s^2
۰/۰۳ ± ۰/۰۲	۰/۰۳ ± ۰/۰۲	-	-	c^2

σ_a^2 = واریانس افزایشی کروموزوم اتوزومی، σ_s^2 = واریانس افزایشی کروموزوم جنسی، σ_{pe}^2 = واریانس محیط دائم مادری، σ_e^2 = واریانس باقیمانده، σ_p^2 = واریانس فنوتیپی، σ_{am} = کواریانس ژنتیکی مستقیم و مادری، r_{am} = همبستگی ژنتیکی مستقیم و مادری، h_a^2 = وراثت پذیری مستقیم اتوزومی، h_s^2 = وراثت پذیری مستقیم کروموزوم جنسی، h_m^2 = وراثت پذیری مادری، h_s^2 = وراثت پذیری کروموزوم جنسی و c^2 = اثر محیط دائم مادری.

در اثر ژنتیکی مادری می شود (Goane و همکاران، ۲۰۱۱)، لذا در طرح های انتخابی اصلاح نژادی باید در نظر گرفته شود. Lee و همکاران (۲۰۰۰) علت منفی بودن همبستگی ژنتیکی مستقیم و مادری را ناکافی بودن ساختار شجره برای برآورد وراثت پذیری مستقیم، وراثت پذیری مادری و همبستگی ژنتیکی مستقیم و مادری بیان کردند.

وراثت پذیری مستقیم کروموزوم جنسی برای صفات ADG1، ADG2، ADG3 و ADG4 به ترتیب صفر، ۰/۰۸، ۰/۰۶ و ۰/۰۴ بدست آمد. مقدار وراثت پذیری کروموزوم جنسی برای صفات نرخ زنده مانی بره در گوسفند لری در دامنه ی ۰/۰۲-۰/۰۱ (Vatankhah و همکاران، ۲۰۱۶) و برای صفات وزن بدن در سنین مختلف در بز مرخز در دامنه ی ۰/۰۷-۰/۰۲ گزارش شده است (زمانی و الماسی، ۱۳۹۶).

مقدار وراثت پذیری مستقیم اتوزومی برای صفات ADG3 و ADG4 به ترتیب ۰/۱۴ و ۰/۰۶ بدست آمد. مقدار وراثت پذیری مستقیم میانگین افزایش وزن روزانه از ۶ ماهگی تا ۱۲ ماهگی ۰/۰۱ و از وزن شیرگیری تا ۱۲ ماهگی ۰/۰۸ گزارش شده است (Gowane و همکاران ۲۰۱۱؛ Shaat و Maki-Tanila، ۲۰۰۹). مقدار وراثت پذیری صفت ADG3 در گوسفند مهربان، ماکویی و سانتا اینس^۳ به ترتیب ۰/۰۹ و ۰/۱۸ و ۰/۴۳ برآورد شده است (Ghafouri-Kesbi، ۲۰۱۳؛ Ghafouri-Kesbi و Baneh، ۲۰۱۲؛ Aguirre و همکاران، ۲۰۱۶).

وراثت پذیری مادری نیز برای صفت ADG3 ۰/۰۴ برآورد گردید. اثر محیط دائمی مادری نیز برای صفات ADG3 و ADG4 ۰/۰۳ بدست آمد که در دامنه گزارشات سایر محققین بود (Gowane و همکاران ۲۰۱۱؛ Shaat و Maki-Tanila، ۲۰۰۹). همبستگی ژنتیکی مستقیم و مادری در صفت ADG ۰/۸۹- برآورد شد، که بیانگر آنتاگونسم بین اثر ژنتیکی مستقیم و مادری بود، در نتیجه بهبود در اثر ژنتیکی مستقیم منجر به کاهش

نتیجه گیری

در این تحقیق وراثت پذیری مستقیم برای کروموزم های اتوزومی و جنسی در صفات مورد مطالعه پایین برآورد شد. بنابراین پیشرفت ژنتیکی کمی بر اثر انتخاب برای صفات مورد مطالعه میسر می-شود، لذا می توان با بهبود شرایط محیطی و تغذیه مناسب میانگین نرخ رشد روزانه در این صفات را افزایش داد.

منابع

- زمانی، پ. و الماسی، م. (۱۳۹۶). برآورد وراثت پذیری های اتوزومی و وابسته به جنس صفات مرتبط با رشد در بزهای نژاد مرخز. علوم دامی ایران. شماره ۱، صص ۱۱۷-۱۰۹.
- Aguirre, E.L., Mattos, E.C., Eler, J.P., Barreto Neto, A.D. and Ferraz. J.B. (2016). Estimation of genetic parameters and genetic changes for growth characteristics of Santa Ines sheep. *Genetics and Molecular Research*. 15: 1-12.
- Akaike, H. (1974). A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control*. 19: 716-723.
- Al-Shorepy, S.A., Alhadrami, G.A. and Abdulwahab, K. (2002). Genetic and phenotypic parameters for early growth traits in Emirati goat. *Small Ruminant Research*. 45: 217-223.
- Charlesworth, B., Coyne, J.A. and Barton, N.H. (1987). The relative rates of evolution of sex-chromosomes and autosomes. *American Naturalist*. 130: 113-146.
- Fernando, R.L. and Grossman, M. (1990). Genetic evaluation with autosomal and X-chromosomal inheritance. *Theoretical and Applied Genetics*. 80: 75-80.
- Ghafouri-Kesbi, F. and Baneh, H. (2012). Genetic parameters for direct and maternal effects on growth traits of sheep. *Archiv Tierzucht*. 6: 603-611.
- Ghafouri-Kesbi, F. (2013). (Co) variance components and genetic parameters for growth rate and Kleiber ratio in fat-tailed Mehraban sheep. *Archiv Tierzucht*. 56: 564-572.
- Gowane, G.R., Chopra, A., Prakash, V. and 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.
- Jafari, S. and Razzagzadeh, R. (2016). Genetic analysis and the estimates of genetic and phenotypic correlation of growth rates, Kleiber ratios, and fat-tail dimensions with birth to yearling live body weight traits in Makuie sheep. *Tropical Animal Health and Production*. 48: 667-672.
- Meyer, K. (2013). WOMBAT—A Program for Mixed Model Analyses by Restricted Maximum Likelihood. *Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale*, pp. 105.
- Mohammadi, K., Abdollahi-Arpanahi, R., Amraei, F., Mirza Mohamadid, E. and Rashidi, A. (2015). Genetic parameter estimates for growth and reproductive traits in Lori sheep. *Small Ruminant Research*. 131: 35-42.
- Rashidi, A., Bishop, S. and Matika, O. (2011). Genetic parameter estimates for pre-weaning performance and reproduction traits in Markhoz goats. *Small Ruminant Research*. 100: 100-106.
- Rashidi, A., Ramazanian, M. and Torshizi, R.V. (2006). Genetic Parameter Estimates for Growth Traits and Fleece Weight in Markhoz goats. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil.
- Safari, E., Fogarty, N.M. and Gilmour, A.R. (2005). A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science*. 92: 271-289.

Vatankhah, M., Talebi, A. and 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.

Shaaf, I. and Maki-Tanila, A. (2009). Variation in direct and maternal genetic effects for meat production traits in Egyptian Zaraibi goats. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 126: 198-208.

▪ ▪ ▪ ▪ ▪ ▪ ▪ ▪ ▪ ▪ ▪ ▪