



## آنالیز ژنتیکی کروموزم‌های اتوزومی و وابسته به جنس صفات قبل از شیرگیری در گوسفند

مهربان

میشم لطیفی<sup>\*۱</sup>

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۰۷/۲۵

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۱۰/۱۰

### چکیده

هدف از این تحقیق برآورد وراثت‌پذیری کروموزم‌های اتوزومی و وابسته به جنس در صفات قبل از شیرگیری گوسفند مهربان بود. داده‌ها و اطلاعات شجره در طی سال‌های ۱۳۷۳ الی ۱۳۸۹ توسط جهاد کشاورزی استان همدان جمع‌آوری شده بود. به منظور تعیین اثرات ثابت از رویه GLM نرم‌افزار SAS استفاده شد. اثرات ثابت مدل شامل گله-سال، فصل زایش، جنسیت، تیپ تولد و سن مادر بود. سن بره در زمان از شیرگیری به‌عنوان متغیر کمکی برای وزن شیرگیری در نظر گرفته شد. به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و همبستگی ژنتیکی صفات مورد بررسی از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده و نرم‌افزار Wombat استفاده شد. وراثت‌پذیری‌های مستقیم اتوزومی و وراثت‌پذیری‌های مستقیم وابسته به کروموزوم جنسی برای صفات قبل از شیرگیری، به‌ترتیب در دامنه‌ی ۰/۱۸ تا ۰/۵۵ و ۰/۰۳ تا ۰/۱۱ برآورد گردید. همبستگی‌های ژنتیکی اتوزومی، کروموزم‌های وابسته به جنس، ژنتیکی مادری و محیط دائم مادری، به‌ترتیب در دامنه‌ی ۰/۳۱- تا ۰/۹۱، ۰/۳۳ تا ۰/۹۸، ۰/۳۳ تا ۰/۹۹ و ۰/۲۶- تا ۰/۹۹ متغیر بود. نتایج نشان داد، واریانس مستقیم کروموزوم وابسته به جنس، همانند واریانس ژنتیکی مادری دارای اثر می‌باشد و وارد کردن این اثر به مدل، می‌تواند برآورد دقیق‌تری از وراثت‌پذیری مستقیم کروموزوم اتوزومی را حاصل نماید.

**واژه‌های کلیدی:** صفات قبل از شیرگیری، گوسفند مهربان، وراثت‌پذیری کروموزوم وابسته به جنس، وراثت‌پذیری مستقیم کروموزوم اتوزومی

### مقدمه

محدود شده<sup>۲</sup> به صورت گسترده برای آنالیز داده‌ها، به منظور تخمین اجزای واریانس، برآورد وراثت‌پذیری مادری، اثر محیط پایدار و همبستگی اثر ژنتیکی مستقیم و مادری استفاده می‌شود (۸). از این مدل‌ها می‌توان به مدل پدری، مدل دام، مدل مادری، مدل‌های چند صفتی و مدل رگرسیون تصادفی اشاره کرد. مزیت استفاده از مدل‌های چند صفتی، برآورد اجزای واریانس ژنتیکی و همبستگی ژنتیکی برای بیش از یک صفت، کاهش آریب ناشی از حذف و افزایش صحت ارزیابی می‌باشد (۵). محققین زیادی وارد نکردن اثرات مادری در مدل‌های حیوانی را منجر به بیش برآورد وراثت‌پذیری مستقیم و کاهش صحت ارزیابی در صفات مورد مطالعه گزارش کرده‌اند (۳) و (۲۹). بیشتر این مطالعات با این فرض که واریانس ژنتیکی افزایشی تحت تاثیر کروموزم‌های اتوزومی بوده، انجام شده و اثر کروموزم‌های وابسته به جنس نادیده گرفته شده است. تغییرات ژنتیکی کروموزوم‌های وابسته به جنس ممکن است منجر به بیش برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی کروموزم‌های اتوزومی شود و یا با واریانس باقی

یکی از مهمترین گوسفندان بومی ایران، نژاد مهربان می‌باشد که زیستگاه آن واقع در استان همدان در غرب کشور است. گوسفند مهربان، نژادی دینه‌دار و دارای پشم ضخیم است که به رنگ‌های قهوه‌ای، کرم و یا خاکستری دیده می‌شود. حدود سه میلیون راس از این نژاد وجود دارد و هدف اصلی از پرورش این نژاد تولید گوشت می‌باشد (۲۹). موفقیت در برنامه‌های اصلاح نژادی مستلزم استفاده از مدل‌های آماری مناسب جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی، همبستگی ژنتیکی بین صفات و به تبع آن شناسایی افراد برتر به‌عنوان والدین نسل بعد می‌باشد (۱۹ و ۳۰). صحت تخمین پارامترهای ژنتیکی و به ویژه همبستگی ژنتیکی، نیازمند داده‌های زیاد و روش‌های تحلیلی موثر ژنتیکی با در نظر گرفتن همه‌ی اثرات بالقوه می‌باشد. در حال حاضر مدل‌های حیوانی مختلط با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی

۱- دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه کردستان، ایران

(Email: mlganjnameh@gmail.com

\*)- نویسنده مسئول:

DOI: 10.22067/ijasr.v10i3.68031

### مواد و روش‌ها

داده‌های مورد استفاده در این تحقیق مربوط به گوسفند نژاد مهربان بود که در بین سال‌های ۱۳۷۳ الی ۱۳۸۹، توسط جهاد کشاورزی استان همدان گردآوری شد. مدیریت گله‌های گوسفند مهربان به روش نیمه‌متحرک و روستایی می‌باشد. جفتگیری حیوانات به صورت کنترل شده و پدر مادر هر بره ثبت می‌شود و پس از تولد بره، رکوردگیری‌های لازم انجام می‌شود. به منظور ثبت رکوردها در دفاتر خاصی شماره‌ی گوش بره، رکوردهای وزن کشتی شده در سن‌های مختلف، تاریخ تولد، تاریخ وزن کشتی، جنسیت و شماره‌ی گله ثبت می‌گردد. صفات مورد مطالعه شامل وزن تولد، وزن شیرگیری (WW)، میانگین افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری (ADG) و نسبت کلیبر (KR) بود:

$$KR_{0-ww} = \frac{ADG}{WW^{0.75}} \quad (1)$$

آماره توصیفی صفات مورد مطالعه در جدول ۱ آورده شده است. به منظور آماده‌سازی داده‌ها از نرم‌افزار Microsoft Visual FoxPro (9.0) و برای تعیین اثرات ثابت از رویه GLM نرم‌افزار SAS 8.2 استفاده شد (۲۲). اثرات ثابت مدل شامل گله-سال (گله ۳۵ سطح و سال ۱۷ سطح)، فصل زایش (بهار، تابستان، پاییز و زمستان)، جنسیت (نر و ماده)، تیپ تولد (۱ تا ۴ قلو) و سن مادر (۲ تا ۷ ساله) بود. سن بره در زمان از شیرگیری به عنوان متغیر کمکی برای وزن شیرگیری در نظر گرفته شد ( $P < 0.001$ ).

مانده ادغام شود، که در هر دو حالت نامطلوب می‌باشد (۱۲). میر (۱۶) با استفاده از شبیه‌سازی و روش درستی‌مندی محدود شده، مدل حیوانی را که علاوه بر اثرات ژنتیکی و اثرات پایدار محیطی، شامل اثر افزایشی کروموزوم‌های وابسته به جنس بود را مورد بررسی قرار داد و بیان کرد مدل برازش شده، قابل به تفکیک واریانس ژنتیکی افزایشی به اثرات کروموزوم‌های اتوزومی و وابسته به جنس می‌باشد. وطن خواه و همکاران (۲۷) با بررسی آنالیز ژنتیکی کروموزوم‌های اتوزومی، وابسته به جنس و اثر ژنتیک مادری در صفت نرخ زنده‌مانی بره در نژاد لری بیان کردند، انتخاب ژنتیکی براساس ترکیبی از سه ارزش اصلاحی کروموزوم اتوزومی، کروموزوم وابسته به جنس و مادری، با ضریب اقتصادی مناسب، به منظور بهبود ژنتیکی نرخ زنده‌مانی بره مناسب می‌باشد. در تحقیقی دیگر، زمانی و الماسی (۳۰) با بررسی وراثت پذیری کروموزوم‌های جنسی در بز مرخز نشان دادند که ژن‌های وابسته به جنس به احتمال زیاد، اثر کمتری در وزن‌های بدن در سنین اولیه و اثر بیشتری در وزن‌های بدن در سنین بالاتر دارند. هدف از این تحقیق برآورد پارامترهای ژنتیکی کروموزوم‌های اتوزومی و وابسته به جنس در صفات قبل از شیرگیری گوسفند مهربان، با استفاده از آنالیز چند صفتی و برآورد همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات مورد بررسی می‌باشد.

جدول ۱- آمار توصیفی صفات مورد مطالعه در گوسفند مهربانی

Table 1- Summary statistics of traits used in Mehraban sheep

صفات Traits	وزن تولد (کیلوگرم) Birth weight (Kg)	وزن شیرگیری (کیلوگرم) Weaning weight (Kg)	افزایش وزن روزانه (گرم) Average daily gain (gr)	نسبت کلیبر (گرم) Kleiber Ratio (gr)
تعداد رکورد Number of records	6645	3685	3685	3685
تعداد نر Number of sire	271	230	230	230
تعداد ماده‌ها Number of dams	4105	2509	2509	2509
میانگین Mean	3.67	21.75	190.66	18.79
کمینه Min	1.40	9.00	49.15	8.74
بیشینه Max	6.00	30.00	373.02	31.47
ضریب تغییرات Coefficient Variation	20.65	18.62	24.17	15.60

Wombat با معیار همگرایی  $10^{-8}$  استفاده شد (۱۷). مدل حیوانی چند صفتی مورد استفاده به صورت ذیل بود (۳۰):

به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و همبستگی ژنتیکی صفات مورد بررسی از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده و نرم‌افزار

واریانس محیط دائمی مادری و واریانس باقیمانده می‌باشند. از تقسیم مؤلفه‌های (کو)واریانس بر واریانس فنوتیپی، وراثت‌پذیری‌های مستقیم اتوزومی، وابسته به جنس، مادری و اثر محیط دائم مادری برای هر صفت برآورد گردید.

### نتایج و بحث

نتایج حاصل از بررسی عوامل ثابت در هر صفت در جدول ۲ نشان داده شده است. معنی‌دار بودن اثرات گله-سال و فصل بر روی صفات وزن بدن توسط محققین زیادی معنی‌دار گزارش شده است (۱۳، ۱۸ و ۲۹). معنی‌دار بودن اثرات گله، سال و فصل می‌تواند به علت مدیریت گله، تغییرات ناشی از مقدار بارندگی، کمیت و کیفیت علوفه در سال‌های مختلف باشد. اثر جنس، تیپ تولد و اثر سن مادر در همه‌ی صفات معنی‌دار نبود. علت معنی‌دار بودن اثر جنس، تیپ تولد و سن مادر بر وزن تولد می‌تواند به علت ترشح هورمون‌های مسئول رشد در جنس نر و ماده، محدود بودن فضای رحمی و رقابت جنین‌ها برای غذای دریافتی از مادر باشد. معنی‌دار بودن اثر جنس، تیپ تولد و سن مادر بر روی صفات بدن توسط تعداد زیادی از محققین گزارش شده است (۵ و ۱۵).

$$y_i = X_i b_i + Z_{1i} a_i + Z_{1i} s_i + Z_{2i} m_i + Z_{3i} p e_i + e_i \quad (2)$$

که  $y_i$ ،  $b_i$ ،  $s_i$ ،  $a_i$ ،  $m_i$  و  $p e_i$  به ترتیب بردار مشاهدات، بردار اثرات ثابت، بردار اثر ژنتیکی افزایشی کروموزم وابسته به جنس، بردار اثر ژنتیکی مادری، بردار اثر محیط دائم مادری و اثر باقی‌مانده می‌باشند.  $X_i$ ،  $Z_{1i}$ ،  $Z_{2i}$  و  $Z_{3i}$  نیز به ترتیب ماتریس‌های طرح مرتبط به رکوردها برای صفات نام می‌باشند. برای برآورد اثر ژنتیکی افزایشی کروموزم وابسته به جنس در فایل شجره علاوه بر شماره‌های حیوان، پدر و مادر، ستون دیگری که بیانگر تعداد کروموزوم‌های  $X$  می‌باشد (عدد یک برای حیوان نر و عدد دو برای حیوان ماده) اضافه گردید. فرضیات ذیل در مورد واریانس‌ها در نظر گرفته شد:

$$V(a) = A\sigma_a^2, V(S) = S\sigma_F^2, V(m) = A\sigma_m^2, V(c) = I_d\sigma_{pe}^2 \text{ و } V(e) = I_n\sigma_e^2$$

که  $A$  و  $S$  به ترتیب برابر ماتریس‌های خویشاوندی برای لوکوس‌های کروموزم اتوزومی و لوکوس‌های کروموزم وابسته به جنس می‌باشند.  $I_n$  و  $I_d$  نیز به ترتیب برابر ماتریس‌های یک‌ه برای مادرها و مشاهدات می‌باشند. همچنین  $\sigma_a^2$ ،  $\sigma_F^2$ ،  $\sigma_m^2$ ،  $\sigma_{pe}^2$  و  $\sigma_e^2$  به ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی برای کروموزم اتوزومی، واریانس ژنتیکی افزایشی برای کروموزم وابسته به جنس (۹)، واریانس ژنتیکی مادری،

جدول ۲- اثرات ثابت معنی‌دار در هر صفت

Table 2- Significantly fixed effects on each trait

صفات	وزن تولد	وزن شیرگیری	افزایش وزن روزانه	نسبت کلیبر
Traits	Birth weight (Kg)	Weaning weight (Kg)	Average daily gain (gr)	Kleiber ratio (gr)
گله-سال	***	***	***	***
Herd-year				
فصل	***	***	ns	ns
Season				
جنس	***	***	ns	*
Sex				
تیپ تولد	***	***	ns	ns
Birth Type				
سن مادر	***	ns	ns	ns
Dam age				
سن از شیرگیری	-	***	-	-
Age of weaning				

ns: غیر معنی‌دار ( $P > 0.05$ ); \*: معنی‌دار ( $P < 0.01$ ); \*\*: معنی‌دار ( $P < 0.001$ ); \*\*\*: خیلی معنی‌دار ( $P < 0.001$ ).

ns: not significant ( $P > 0.05$ ); \*: significant ( $P < 0.01$ ); \*\*: highly significant ( $P < 0.001$ ).

با مقدار گزارش شده در بز مرخز و وراثت‌پذیری مستقیم در گوسفندان نژاد هورو و سانتا اینز قرابت دارد (۱، ۲ و ۳۰). مقدار وراثت‌پذیری مادری در این تحقیق ۰/۰۱ برآورد گردید که از مقادیر گزارش شده در نژاد سانتا اینز (۰/۱۴)، نژاد قزل (۰/۰۴) و نژاد لری (۰/۱۱) کمتر است (۲، ۴ و ۱۸). اثر محیط دائم مادری در این مطالعه ۰/۰۴ برآورد گردید که در دامنه مقادیر گزارش شده در نژاد سانتا اینز (۰/۵۷) و نژاد کردی

برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس، پارامترهای ژنتیکی و همبستگی ژنتیکی بین صفات در جدول ۳ آورده شده است. وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی صفت وزن تولد ۰/۲۱ برآورد گردید. مقدار وراثت‌پذیری مستقیم برآورد شده برای صفت وزن تولد در نژاد سردی، مینز و سنگسری به ترتیب ۰/۰۷، ۰/۴۶ و ۰/۳۵ گزارش شده است (۶، ۱۱ و ۲۸). مقدار وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی برآورد شده در این مطالعه

۱۰ و ۲۸). مقدار وراثت‌پذیری مادری برآورد شده برای صفت وزن از شیرگیری با مقادیر گزارش شده در نژاد هورو همخوانی دارد (۱). اثر محیطی دائم مادری وزن شیرگیری در نژاد ماکویی، کرمانی و مارواری بیشتر از مقدار به‌دست آمده در این تحقیق می‌باشد (۱۰، ۲۰ و ۲۵). مقادیر گزارش شده برای هر یک از نژادهای مذکور به ترتیب ۰/۰۸، ۰/۱۳ و ۰/۰۸ بود. در حیوانات جوان شیر مادر و رفتار مادری تاثیر زیادی در رشد حیوان دارد (۷ و ۱۴). به دلیل تنوع بیشتر چند قلوژیایی و رقابت بین بره‌ها برای شیر دریافتی از مادر، اثرات مادری در گوسفند اهمیت بیشتری نسبت به گاو دارد، و این عامل باعث شباهت بین دو قلوها و شباهت مادر و بره در سال‌های مختلف می‌شود (۲۶).

(۰/۰۳) می‌باشد (۲ و ۲۴). بحرینی بهزادی و همکاران (۳) بیان کردند، اگر اثرات مادری در صفات مورد بررسی مؤثر باشد و در مدل وارد نشود، برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی شامل حداقل بخشی از واریانس مادری می‌شود. به طور کلی صفات رشد تحت تاثیر ژن‌های فرد، اثرات مادری و اثرات محیطی می‌باشند و استفاده از مدل‌های مناسب جهت تفکیک این اثرات منجر به افزایش صحت ارزیابی می‌شود.

مقدار وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی برای صفت وزن شیرگیری در این مطالعه ۰/۲۱ برآورد شد که از مقدار گزارش شده در بز مرخز (۰/۱۳) بیشتر (۳۰)، و با مقادیر وراثت‌پذیری مستقیم در نژاد هورو (۰/۲۰)، نژاد ماکویی (۰/۲۱) و نژاد سنگسری (۰/۱۸) قرابت دارد (۱).

**جدول ۳-** وراثت‌پذیری و اثرات محیط دائم مادری (در قطر و به صورت ضخیم)، همبستگی ژنتیکی (پایین قطر) و فنوتیپی (بالای قطر) برای اثرات مستقیم اتوزومی، وابسته به جنس و اثرات مادری

**Table 3-** Heritability estimates and maternal permanent environmental effects (diagonal in bold), genetic (below diagonal) and phenotypic (above diagonal) correlation estimates for autosomal, sex-linked and maternal effects

صفات وزن بدن Body weight traits	تولد Birth	وزن شیرگیری Weaning weight	افزایش وزن روزانه Average daily gain	نسبت کلیبر Kleiber ratio
اتوزومی				
Autosomal				
Birth weight	<b>0.21 ± 0.06</b>	0.03 ± 0.02	-0.16 ± 0.02	-0.28 ± 0.02
Weaning weight	0.02 ± 0.02	<b>0.18 ± 0.08</b>	0.94 ± 0.00	0.67 ± 0.01
Average daily gain	-0.24 ± 0.21	0.91 ± 0.04	<b>0.34 ± 0.09</b>	0.85 ± 0.01
Kleiber Ratio	-0.31 ± 0.16	0.58 ± 0.13	0.85 ± 0.04	<b>0.55 ± 0.10</b>
کروموزم وابسته به جنس				
Sex-linked				
Birth weight	<b>0.03 ± 0.04</b>			
Weaning weight	0.58 ± 0.08	<b>0.11 ± 0.06</b>		
Average daily gain	0.62 ± 0.05	0.98 ± 0.04	<b>0.10 ± 0.07</b>	
Kleiber Ratio	0.33 ± 0.05	0.76 ± 0.25	0.84 ± 0.15	<b>0.07 ± 0.07</b>
ژنتیک مادری				
Maternal Genetic				
Birth weight	<b>0.01 ± 0.07</b>			
Weaning weight	0.39 ± 0.07	<b>0.15 ± 0.06</b>		
Average daily gain	0.37 ± 0.10	0.99 ± 0.04	<b>0.11 ± 0.07</b>	
Kleiber Ratio	0.33 ± 0.15	0.87 ± 0.26	0.93 ± 0.15	<b>0.09 ± 0.09</b>
اثر محیط دائم مادری				
Maternal permanent environmental effect				
Birth weight	<b>0.04 ± 0.05</b>			
Weaning weight	0.64 ± 0.15	<b>0.00 ± 0.05</b>		
Average daily gain	-0.26 ± 0.10	-0.06 ± 0.05	<b>0.00 ± 0.06</b>	
Kleiber Ratio	-0.20 ± 0.16	-0.09 ± 0.03	0.99 ± 0.26	<b>0.06 ± 0.08</b>

افزایش وزن روزانه در نژاد هورو ۰/۱۵ و نژاد کردی ۰/۱۳ و مقدار وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی در بز مرخز ۰/۱۳ برآورد گردید (۱، ۲۱ و ۳۰). مقدار وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی برای صفت میانگین افزایش وزن روزانه در این تحقیق ۰/۳۴ برآورد شد که از مقادیر گزارش شده توسط این محققین بیشتر است. مقدار وراثت‌پذیری

نرخ رشد و تبدیل بازده غذایی دو صفت اقتصادی مهم می‌باشند و شاخص کلیبر یک شاخص مفید برای بررسی این صفات می‌باشد. به علت بالا بودن همبستگی بین نسبت کلیبر، بازده خوراکی و صفات رشد، انتخاب برای نسبت کلیبر می‌تواند منجر به افزایش بازده غذایی و صفات رشد شود (۱). وراثت‌پذیری مستقیم برای صفات میانگین

تغذیه میش‌ها در سال‌های اخیر منجر به نبود شیر کافی برای بره‌ها می‌شود. بنابراین بره‌های سنگین‌تر در هنگام تولد قادر به نشان دادن پتانسیل رشد خود نمی‌باشند. همبستگی ژنتیکی اتوزومی بین صفات مختلف در دامنه‌ی ۰/۳۱- تا ۰/۹۱ بود. همبستگی ژنتیکی اتوزومی بین وزن تولد با میانگین افزایش وزن روزانه (۰/۲۴-) و وزن تولد با نسبت کلیبر (۰/۳۱-) منفی برآورد شد. وجود همبستگی ژنتیکی منفی اتوزومی می‌تواند به دلیل مکانیسم متفاوت ژنتیکی صفات و یا نامساعد بودن شرایط محیطی و به تبع بیان یا خاموش شدن ژن‌ها در یک بازه‌ی زمانی خاص باشد. شات و مکی تانیلا (۲۳) و محمدی و همکاران (۱۸) همبستگی ژنتیکی بین صفات وزن تولد با میانگین افزایش وزن روزانه و وزن تولد با نسبت کلیبر را منفی گزارش کردند. وجود همبستگی ژنتیکی اتوزومی مثبت بین سایر صفات مورد مطالعه، بیانگر این است که انتخاب برای هریک از صفات منجر به پاسخ به انتخاب مثبت برای صفات دیگر می‌شود. محمدی و همکاران (۱۸) بیان کردند در صورت وجود همبستگی مثبت بین صفات میانگین افزایش وزن روزانه و نسبت کلیبر، انتخاب برای نرخ رشد می‌تواند بازده استفاده از خوراک را در مراحل مختلف رشد بهبود بخشد (۱۸). همبستگی مستقیم کروموزم‌های وابسته به جنس و ژنتیکی مادری مثبت و به ترتیب در دامنه‌ی ۰/۳۳ تا ۰/۹۸ و ۰/۳۳ تا ۰/۹۹ برآورد شد. همبستگی ژنتیکی مثبت بین ژن‌های کروموزم‌های وابسته به جنس می‌تواند موجب افزایش پاسخ به انتخاب، در هر یک از جنس‌ها شود، همچنین وجود همبستگی ژنتیکی مادری بین صفات می‌تواند نشان دهنده‌ی اثر مشترک ژن‌های مادری در صفات قبل از شیرگیری در گوسفند نژاد مهربان باشد.

### نتیجه‌گیری کلی

نتایج این پژوهش نشان می‌دهد واریانس مستقیم کروموزم وابسته به جنس، همانند واریانس ژنتیکی مادری روی صفات قبل از شیرگیری دارای اثر می‌باشد و وارد کردن این اثر به مدل، برآورد دقیق‌تری از وراثت‌پذیری مستقیم کروموزم اتوزومی را رقم می‌زند. همچنین وجود همبستگی ژنتیکی مثبت بین کروموزم‌های وابسته به جنس می‌تواند موجب افزایش پاسخ به انتخاب، در جنس‌های مختلف شود.

مادری و اثر محیط دائم مادری برای صفت میانگین افزایش وزن روزانه به ترتیب ۰/۱۱ و صفر برآورد شد که با گزارشات سایر محققین قرابت دارد (۶ و ۲۱).

وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی برای صفت نسبت کلیبر وزن از شیرگیری در این مطالعه ۰/۵۵ برآورد شد که از مقادیر وراثت‌پذیری مستقیم در گوسفندان نژاد هورو ۰/۰۹، نژاد ماکوئی ۰/۲۰ و نژاد کرمانی ۰/۰۸ بیشتر است (۱، ۱۳ و ۲۰). محمدی و همکاران (۱۸) بیان کردند که حیواناتی که نسبت کلیبر بالایی دارند نیازمند انرژی نگهداری کمتری می‌باشند. وراثت‌پذیری مادری برای صفت نسبت کلیبر در این تحقیق مشابه مقادیر گزارش شده در نژاد هورو (۰/۰۸) و نژاد لری (۰/۱۰) می‌باشد (۱ و ۱۸). اثر محیط دائم مادری برای صفت نسبت کلیبر ۰/۰۶ برآورد شد که در دامنه مقادیر گزارش شده در نژاد کرمانی (۰/۰۱) و نژاد لری (۰/۰۹) بود (۱۸ و ۲۰).

زمانی و الماسی (۳۰) علت ناچیز بودن وراثت‌پذیری وابسته به جنس صفات مرتبط با رشد را، نقش ناچیز و نزدیک به صفر اثرات افزایشی ژن‌های وابسته به جنس بیان کردند. در این مطالعه، وراثت‌پذیری کروموزوم وابسته به جنس برای صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، میانگین افزایش وزن روزانه و نسبت کلیبر به ترتیب ۰/۰۳، ۰/۱۱، ۰/۱۰ و ۰/۰۷ برآورد شد. مقدار وراثت‌پذیری کروموزوم جنسی برای صفات زنده‌مانی بره در گوسفند لری بختیاری در دامنه‌ی ۰/۰۲- تا ۰/۰۱ و صفات وزن بدن در بز مرخز در دامنه‌ی ۰/۰۲ تا ۰/۰۷ گزارش شده است (۲۷ و ۳۰). مشابه نتایج وطن خواه و همکاران (۲۷)، این مطالعه نشان می‌دهد که اثرات کروموزوم جنسی مانند اثرات ژنتیک مادری دارای اثر می‌باشد و در نتیجه بخشی از واریانس ژنتیکی افزایشی تحت تاثیر واریانس کروموزوم وابسته به جنس می‌باشد، بنابراین وارد کردن اثر کروموزوم وابسته به جنس در مدل منجر به برآورد دقیق‌تری از واریانس ژنتیکی اتوزومی می‌شود.

همبستگی فنوتیپی صفات مورد مطالعه در دامنه‌ی ۰/۲۸- تا ۰/۹۴ و همبستگی محیط دائم مادری در دامنه‌ی ۰/۲۶- تا ۰/۹۹ قرار دارد. وجود همبستگی فنوتیپی منفی (بین صفت وزن تولد با صفات میانگین افزایش وزن روزانه و نسبت کلیبر) و همبستگی محیط دائم مادری منفی (بین صفات وزن تولد و وزن شیرگیری با صفات میانگین افزایش وزن روزانه و نسبت کلیبر) را می‌توان به نیازهای تغذیه‌ای و رفتار مادری میش نسبت داد. وجود خشکسالی و نبود مرتع جهت

### منابع

1. Abegaz, S., J. B. van Wyk, and J. J. Olivier. 2005. Model comparisons and genetic and environmental parameter estimates of growth and the Kleiber ratio in Horrosheep. *South African Journal of Animal Science*, 35(1): 30-40.
2. Aguirre, E. L., E. C. Mattos, J. P. Eler, A. D. Barreto Neto, and J. B. Ferraz. 2016. Estimation of genetic parameters and genetic changes for growth characteristics of Santa Ines sheep. *Genetics and Molecular Research*, 15(3): 1-12.
3. Bahreini Behzadi, M. R., F. E. Shahroudi, and L. D. Vn Vleck. 2007. Estimates of genetic parameters for growth

- traits in Kermani sheep. *Journal of Animal Breeding Genetics*, 124: 296-301.
4. Baneh, H., S. H. Hafezian., A. Rashidi., M. Gholizadehand, and G. Rahimi. 2010. Estimation of Genetic Parameters of Body Weight Traits in Ghezel Sheep. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 2: 149-153.
  5. Barazandeh, A., S. Molaie-Moghbeli., M. Vatankhah, and M. Mohammadabadi. 2012. Estimating non-genetic and genetic parameters of pre-weaning growth traits in Raini Cashmere goat. *Tropical Animal Health and Production*, 44:811-817.
  6. Boujenane, I., and I. T. Diallo. 2017. Estimates of genetic parameters and genetic trends for pre weaning growth traits in Sardi sheep. *Small Ruminant Research*, 146: 61-68.
  7. Bradford, G. E. 1972. The role of maternal effects in animal breeding. VII. Maternal effects in sheep. *Journal of Animal Sciences*, 35: 1324-1334.
  8. Di, j., Y. Zhang., K. Tian., Lazate., J. Liu., X. Xu., Y. Zhang, and T. Zhang. 2011. Estimation of (co)variance components and genetic parameters for growth and wool traits of Chinese superfine merino sheep with the use of a multi-trait animal model. *Livestock Science*, 138: 278-288.
  9. Fernando, R. L, and M. Grossman. 1990. Genetic evaluation with autosomal and X-chromosomal inheritance. *Theoretical and Applied Genetics*, 80: 75-80.
  10. Ghafouri-Kesbi, F, and H. Baneh. 2012. Genetic parameters for direct and maternal effects on growth traits of sheep. *Archiv Tierzucht*, 55(6): 603-611.
  11. Gizaw, S., S. Lemma., H. Komen, and J. A. M. Van Arendonk. 2007. Estimates of genetic parameters and genetic trends for live weight and fleece traits in Menz sheep. *Small Ruminant Research*, 70: 145-153.
  12. Husby, A., H. Schielzeth., W. Forstmeier, L. Gustafsson, and A. Qvarnstrom. 2012. Sex chromosome linked genetic variance and the evolution of sexual dimorphism of quantitative traits. *Evolution*, 67(3): 609-619.
  13. Jafari, S, and R. Razzagzadeh. 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.
  14. Lewis, R. M., and P. R. Beatson. 1999. Choosing maternal effect models to estimate (co)variances for live and fleece weight in New Zealand Coop worth sheep. *Livestock Production Science*, 58: 137-150.
  15. Matika, O., J. B., van Wyk, G. J. Erasmus, and, R. L. Baker. 2003. Genetic parameter estimates in Sabi sheep. *Livestoc Production Science*, 79: 17-28.
  16. Meyer, K. 2008. Likelihood calculations to evaluate experimental designs to estimate genetic variances. *Heredity*, 101:212-221.
  17. Meyer, K. 2013. WOMBAT-A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. *Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale*, pp. 105.
  18. Mohammadi, K., R. Abdollahi-Arpanahib, F. Amraeic, E. Mirza Mohamadid, and A. Rashidid. 2015. Genetic parameter estimates for growth and reproductive traits in Lori sheep. *Small Ruminant Research*, 131: 35-42.
  19. Mrode, R. A. 2005. *Linear models for the prediction of animal breeding values*. CAB International.
  20. Rashidi, A., M. S. Mokhtari, A. Safi Jahanshahi, and M. R. Mohammad Abadi. 2008. Genetic parameter estimates of pre-weaning growth traits in Kermani sheep. *Small Ruminant Research*, 74: 165-171.
  21. Saghi, D. A., and A. R. Shahdadi. 2016. Estimation of Genetic Parameters of Kleiber Ratio and Growth Traits in Kurdish Sheep. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 8(2): 370-381.
  22. SAS Institute. 2001. *SAS /STAT user's Guide: statistics*. Release 8.2. SAS Institute Inc., Cary, NC.
  23. Shaat, I, and A. Maki-Tanila. 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.
  24. Shokrollahi, B., and M. Zandieh. 2012. Estimation of genetic parameters for body weights of Kurdish sheep in various ages using multivariate animal models. *African Journal of Biotechnology*, 11: 2119-2123.
  25. Singh, H., U. Pannu, H. K. Narula, A. Chopra, V. Naharwara, and S. K. Bhaka. 2016. Estimates of (co)variance components and genetic parameters of growth traits in Marwari sheep. *Journal of Applied Animal Research*, 44(1): 27-35.
  26. Snyman, M. A., J. J. Olivier, and W. J. Olivier. 1996. Variance components and genetic parameters for body weight and fleece traits of Merino sheep in an arid environment. *South African Journal of Animal Science*, 26: 11-14.
  27. Vatankhah, M., A. Talebi, and H. Blair. 2016. Genetic analysis of Lori-Bakhtiari lamb survival rate up to yearling age for autosomal and sex-linked. *Small Ruminant Research*, 136:121-126.
  28. Yousefi, Z., M. T. Beige Nasiri, N. Moradi, and M. Imani. 2016. Estimation of Genetic Parameters for Direct and Maternal Effects in Growth Traits of Sangsari Sheep Using Gibbs Sampling. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 8(2): 382-391.
  29. Zamani, P., and H. Mohammadi. 2008. Comparison of different models for estimation of genetic parameters of early growth traits in the Mehraban Sheep. *Journal of Animal Breeding Genetic*, 125: 29-34.
  30. Zamani, P, and M. Almasi. 2017. Estimation of autosomal and sex-linked heritabilities for growth related traits in Markhoz breed of goats. *Iranian Journal of Animal Science*, 48(1): 109-117. (In Persian).



## Genetic Analysis of Autosomal and Sexual Chromosomes of Pre-Weaning Traits in Mehraban Sheep

M. Latifi<sup>1\*</sup>

Received: 17-10-2017

Accepted: 31-12-2017

**Introduction** Mehraban sheep is one of the important Iranian breeds. This breed mainly distributed in the western province of Hamadan, Iran. This breed is fat-tailed and has carpet wool with light brown, cream or grey colour. There are approximately 3 million heads of Mehraban sheep and primarily used for meat production. Accurate estimation of genetic parameters and in particular genetic correlations requires large data sets and effective methods for genetic analyses with considering all potential effects. In livestock, the animal mixed model using REML procedure, which allowed to estimate variance components such as maternal heritability, permanent environmental effects and the correlation between direct and maternal genetic effects for investigated traits, is used extensively for data analysis. Many researchers reported that ignoring maternal effects leads to over-estimation of direct heritability and consequently, reduced accuracy of prediction. Therefore, in order to obtain an optimal genetic gain in a selection scheme, including maternal effects will decrease the bias of predicted responses to selection. In genetic evaluation of animals, it is generally assumed that only autosomal chromosomes are involved and the effect of sex chromosomes ignored. In Markhoz goat, it has been shown that sex-linked genes may have less effect at the early ages and more noticeable effects were indicated on body weights at older ages. The aim of this study were to estimate the genetic parameters of autosomal and sex-Linked additive genetics effects for pre-weaning traits in Mehraban sheep using multi-trait analyses and to estimate genetic correlations between traits.

**Material and method** The data set used in this study was collected between 1994 and 2010 from Mehraban sheep breeding station in Hamadan province, Iran. The analyzed traits were birth weight (BW), weaning weight (WW), average daily gain (ADG) from birth to weaning and Kleiber Ratio from birth to weaning. The GLM procedure of SAS software was used to identify which the fixed effects that are required to be considered in the animal model. The model accounting for fixed effects included herd-year (combined as herd-year effect), sex (male or female), birth type (single or twin), age of dam (2-6 years old) and the age of weaning (in days) was used as a covariate for WW ( $P < 0.001$ ). Also, random effects included direct additive genetic effects in autosomal chromosomes, direct additive genetic effects in sex-linked, maternal genetic effects, maternal permanent environmental effects and the residual effects. (Co) variance components and genetic parameters were estimated using a multi-trait analysis via the Restricted Maximum Likelihood (REML) method with WOMBAT software. Convergence criterion was assumed  $10^{-8}$ .

**Result and discussion** The interaction between herd and year of lambing was significant for all traits. Significant influence of herd and year of lambing could be explained by difference in management, climate conditions and feeding. Also, all traits were significantly affected by sex, birth type and age of dam. The significance of these effects is mainly due to endocrine system between two genders, limited uterine space especially in young ewes, competition for milk between the twins or maternal ability of dam. For birth weight, weaning weight, average daily weight from birth to weaning weight (ADG) and Kleiber Ratio (KR), estimated direct autosomal heritabilities were 0.21, 0.18, 0.34 and 0.55, estimated direct sex-linked heritabilities were 0.03, 0.11, 0.10 and 0.07, estimated maternal heritabilities were 0.01, 0.15, 0.11 and 0.09, and ratio of maternal permanent environmental variance to phenotypic variance were 0.04, 0.0, 0.0 and 0.06, respectively. According to these results, growth rate and Kleiber ratio in Mehraban sheep are categorized as moderate and high heritable traits, therefore a favorable genetic gain would be expected through selection programs. Estimated direct sex-linked heritabilities were close to the estimates of maternal heritabilities. This suggests that sex-linked effects need to be considered in selecting for growth traits in Mehraban sheep. The autosomal, sex-chromosome, maternal genetic, maternal environmental effects and phenotypic correlations were ranged from -0.31 to 0.91, 0.33 to 0.99, -0.26 to 0.99 and -0.28 to 0.94, respectively.

**Conclusion** The results of this study indicated that the direct variance of sex chromosomes has an affect

1- PhD candidate of Animal Genetics and Breeding, University of Kurdistan, Iran

(\*- Corresponding author email: mlganjnameh@gmail.com)

similar maternal genetic variance, and it could contribute to a more accurate estimation of the direct autosomal heritability. Also, positive genetic correlations between sex chromosomes could increase the response to selection of each sexes.

**Keywords:** Autosomal heritability, Mehraban sheep, Pre-weaning weights, Sex-linked heritability