

برآورد پارامترهای ژنتیکی و ارزیابی اثر هم‌خونی بر وزن تولد و زنده‌مانی بره‌های بلوچی

• ابراهیم میرزامحمدی (نویسنده مسئول)

دانش آموخته کارشناسی ارشد گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان، سنندج، ایران.

تاریخ دریافت: شهریور ۱۳۹۲ تاریخ پذیرش: شهریور ۱۳۹۳

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۲۴۰۲۶۰۳۲

Email: emirzamohamadi@chmail.ir

چکیده

در این پژوهش، به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و اثر هم‌خونی بر وزن تولد و زنده‌مانی بره‌های بلوچی از ۱۲۰۴۰ رکورد و اطلاعات مربوط به شجره ۱۳۵۹۵ حیوان که طی سال‌های ۱۳۶۸ تا ۱۳۸۸ توسط ایستگاه اصلاح نژاد دام شمال شرق کشور (عباس آباد) جمع‌آوری شده بودند، استفاده شد. پارامترهای ژنتیکی با ۱۶ مدل مختلف در قالب مدل دام، مدل آستانه و مدل پدری با روش REML برآورد شدند. جهت تعیین مناسب‌ترین مدل از نسبت حداکثر درست‌نمایی استفاده شد. مدل مناسب برای وزن تولد شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی مادری، ژنتیکی افزایشی مادری، محیط مشترک و کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری بود. همچنین مدل مناسب برای زنده‌مانی شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و محیط مشترک بود. وراثت پدری مستقیم وزن تولد 0.05 ± 0.01 و وراثت پدری مستقیم زنده‌مانی با مدل دام، آستانه و پدری به ترتیب 0.18 ± 0.02 ، 0.13 ± 0.08 و 0.19 ± 0.06 برآورد شدند. همبستگی ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین وزن تولد و زنده‌مانی به ترتیب 0.12 ، 0.12 و 0.10 برآورد شدند ($P < 0.05$). میانگین ضریب هم‌خونی کل جمعیت و حیوانات هم‌خون به ترتیب 0.60 و $4/36$ درصد بود. به ازای افزایش هر یک درصد هم‌خونی در گله، وزن تولد $2/62$ گرم و میزان زنده‌مانی 0.08 درصد کاهش یافت ($P < 0.05$).

واژه‌های کلیدی: مدل آستانه، مدل دام، مدل پدری، محیط مشترک، همبستگی ژنتیکی.

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 108 pp: 45-54

Estimate of genetic parameter and evaluation of inbreeding effect on body weight and survival in Balouchi lambs

By: Mirza Mohammadi, E.

1: Graduate MSc Student, Animal Science Department, Faculty of Agriculture, Kurdistan University, Sanandaj, Iran, Email: emirzamohamadi@chmail.ir

Received: September 2013**Accepted: September 2014**

In this research to estimate of genetic parameters and inbreeding effect for birth weight (BW) and lamb survival (LS) in Balouchi lambs, we used of 12040 records, which collected by the center of Sheep Breeding Station of (Abbasabad), during the period 1989 to 2009. Genetic parameters estimated with use of 16 difference model, inclusive animal, and threshold and sire model with use of REML method. The most appropriate model was determinate based on log likelihood method. The suitable model for BW included direct additive genetic, maternal additive genetic, maternal permanent environmental and common litter effects. Also, suitable model for LS were included direct additive genetic and common litter effects. Direct heritability for BW was 0.05 ± 0.01 , and direct heritability for LS with animal, threshold model and sire model was 0.07 ± 0.01 , 0.16 ± 0.08 and 0.31 ± 0.1 respectively. It also genetic, environment and phenotypic correlation between BW and LS was 0.12 ± 0.01 , 0.12 ± 0.2 and 0.10 ± 0.01 respectively, ($p < 0.05$). The mean of inbreeding coefficients in population and inbred animals were 0.60 and 31.2%, respectively. The estimates of inbreeding depression were -2.62 gr for BW and -0.08 percent for LS, respectively ($p < 0.05$).

Key words: animal model, common litter, genetic correlation, threshold model, sire model**مقدمه**

خاصی از طریق پاسخ همبسته، میزان پاسخ به انتخاب را تسریع نمود. همچنین، در پژوهش‌های متعددی گزارش شده است که همخوانی یک عامل سوء در بهروری گله‌ها در شرایط بسته است و در اکثر موارد، بالا بودن هم‌خونی گله منجر به افزایش مرگ و میر و کاهش سود اقتصادی می‌گردد (Mandal et al., 2004; Mirzamohammadi et al., 2013).

لذا جهت پیشبرد و نیل به اهداف برنامه‌های اصلاح نژادی ضرورت دارد در کنار برآورد پارامترهای ژنتیکی اثرات هم‌خونی نیز بررسی گردد تا از تبعات منفی آن جلوگیری شود.

در خصوص استفاده از مدل مناسب جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی زنده‌مانی اغلب بین پژوهشگران اختلاف نظر وجود دارد. برخی از پژوهشگران گزارش کرده‌اند، برآورد پارامترهای ژنتیکی با استفاده از مدل‌های خطی برای صفات آستانه‌ای اریب می‌باشد (Gianola & Foulley., 1983)، و بر این اساس در دهه هشتاد میلادی مدل‌های آستانه جهت برآورد پارامترهای

زنده‌مانی، یکی از مهمترین صفات اقتصادی در افزایش بهره‌وری نشخوارکنندگان است که مقدار آن در نژادهای مختلف، متفاوت گزارش شده است (Riggio et al., 2008; Sawalha et al., 2007). از طرف دیگر، گزارش شده که میزان وراثت پذیری این صفت برای نژادهای مختلف در دامنه ۰/۰۲ تا ۰/۴۵ متغیر می‌باشد (sawalha et al., 2007; Rashidi et al., 2011)، از این رو، می‌توان استنباط کرد که این صفت تحت تأثیر توارث قرار دارد و بخشی از تنوع موجود در این صفت به دلیل اثرات ژنتیکی است. بنابراین، با به کارگیری تکنیک‌های اصلاح نژاد در کنار بهبود شرایط محیطی و مدیریتی، می‌توان میزان زنده‌مانی در گله‌ها را که با سود اقتصادی گله مرتبط می‌باشد، افزایش داد. علاوه بر این، در برخی پژوهش‌ها همبستگی زنده‌مانی با صفاتی نظیر وزن تولد معنی‌دار گزارش شده است (Riggio et al., 2008; Mirzamohammadi & Rashidi., 2012). بنابراین ضرورت دارد در نژادهای مختلف در این خصوص پژوهش صورت گیرد تا در صورت وجود همبستگی با صفت

برآورد پارامترهای ژنتیکی زنده‌مانی بره از تولد تا شیرگیری در نژاد بلوچی بود.

مواد و روش‌ها

جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی و تعیین مناسب‌ترین مدل برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات زنده‌مانی و وزن تولد بره‌های نژاد بلوچی و همبستگی بین این دو صفت، از تعداد ۱۲۰۴۰ رکورد و جهت و ارزیابی اثرات هم‌خونی بر این صفات از اطلاعات مربوط به شجره ۱۳۵۹۵ حیوان که توسط ایستگاه اصلاح نژاد دام شمال شرق کشور (عباس آباد) واقع در مشهد طی سال‌های ۱۳۶۸ تا ۱۳۸۸ جمع‌آوری شده بودند، استفاده شد. جهت نرمال کردن داده‌ها، رکورد حیواناتی که سه انحراف معیار کمتر و بیشتر از میانگین وزن تولد بود (۲/۳۰ و بیشتر از ۶/۳۰ کیلوگرم)، از فایل داده‌ها حذف شد. همچنین بره‌هایی که به سن شیرگیری رسیده بودند زنده تلقی شدند و با کد ۱ و بره‌هایی که به سن شیرگیری نرسیده بودند مرده تلقی شدند و با کد صفر مشخص شدند. در جدول ۱ خلاصه آماری داده‌ها نشان داده شده است.

ژنتیکی صفات آستانه‌ای از طرف برخی از محققان پیشنهاد (Gianola et al., 1983; Harville et al., 1984) و در دهه نود گزارش شدند، اگرچه اهمیت برآوردهای تصحیح شده حاصل از مدل‌های خطی از مدل‌های آستانه‌ای کمتر نیست (Hagger & Hofer., 1990). به همین علت، استفاده از مدل مناسب جهت آنالیز صفات آستانه‌ای همچنان مورد بحث بوده و نیاز است جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی این صفات از مدل‌های متفاوت استفاده گردد.

به رغم پژوهش‌های صورت گرفته برای نژاد بلوچی به عنوان مهمترین نژاد گوسفند کشور، گزارش چندانی در خصوص برآورد پارامترهای ژنتیکی زنده‌مانی و اثر هم‌خونی بر آن و همچنین برآورد همبستگی آن با صفاتی نظیر وزن تولد ارائه نشده است.

لذا، هدف از این پژوهش برآورد پارامترهای ژنتیکی و ارزیابی اثرات هم‌خونی بر وزن تولد و زنده‌مانی با مدل‌های پیچیده‌تر و ارزیابی نتایج حاصل از مدل‌های حیوانی، پدری و آستانه‌ای جهت

جدول ۱- آمار توصیفی داده‌های مربوط به وزن تولد و زنده‌مانی از تولد تا شیرگیری بره‌های بلوچی

صفت	شرح	تعداد رکورد	میانگین ^o	انحراف معیار	حداقل	حداکثر	ضریب تغییرات(%)
وزن تولد		۱۲۰۴۰	۴/۲۳	۰/۷۰	۲/۳۰	۶/۳۰	۱۶/۵۸
میزان زنده‌مانی		۱۲۰۴۰	۸۷	۳۳	۰/۰۰	۱/۰۰	۳۸/۳۳

*: واحد وزن تولد کیلوگرم و واحد زنده‌مانی درصد می‌باشد

هم‌خونی و اثرات آن، حیوانات در هشت گروه شامل حیوانات غیر هم‌خون و حیواناتی با ضریب هم‌خونی ۰ تا ۳۵ درصد با فواصل مساوی ۵ درصد (۷ دسته) دسته بندی شدند و میانگین حداقل مربعات هر صفت بین گروه‌های هم‌خون با آزمون توکی مقایسه شد. در جدول ۲، نتایج مربوط به خلاصه آماری شجره حیوانات نشان داده شده است.

آنالیز آماری و بررسی عوامل محیطی با استفاده از نرم افزار SAS 9.1 صورت گرفت (۱۶)، و جهت ویرایش و تنظیم داده‌ها از نرم افزار Fox Pro و Excel استفاده شد. جهت ارزیابی اثر هم‌خونی، فایل شجره حیوانات مورد بررسی قرار گرفت. مقدار ضریب هم‌خونی هر حیوان با استفاده از نرم افزار CFC برآورد شد (Sargolzaei et al., 2006). به منظور بررسی تأثیر میزان

مدل‌های آماری

جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی وزن تولد و زنده مانگی و اثرات هم‌خونی بر این صفات از آنالیز تک صفتی و دو صفتی با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) در قالب ۱۲ مدل دام مختلف با در نظر گرفتن ضریب هم‌خونی حیوانات به عنوان متغیر کمکی در هر مدل استفاده شد و علاوه بر مدل‌های فوق برای برآورد ضریب وراثت پذیری صفت زنده‌مانگی از مدل‌های آستانه و پدیری (مدل ۱۳ تا ۱۶) نیز استفاده شد. تجزیه و تحلیل داده‌ها با استفاده از نرم افزار ASReml, V3 صورت گرفت (Gilmour et al., 2009). افت ناشی از هم‌خونی به روش تابعیت ارزش‌های اصلاحی صفات از ضریب هم‌خونی برآورد شد.

$$y = Xb + Z_a a + e$$

مدل ۱

$$y = Xb + Z_a a + Z_c c + e$$

مدل ۲

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$$

$$\text{Cov}(a, m) = 0$$

مدل ۳

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$$

$$\text{Cov}(a, m) = A\sigma_{am}$$

مدل ۴

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$$

$$\text{Cov}(a, m) = 0$$

مدل ۵

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$$

$$\text{Cov}(a, m) = A\sigma_{am}$$

مدل ۶

$$y = Xb + Z_a a + Z_{l1} l + e$$

مدل ۷

$$y = Xb + Z_a a + Z_c c + Z_{l1} l + e$$

مدل ۸

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_{l1} l + e$$

$$\text{Cov}(a, m) = 0$$

مدل ۹

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_{l1} l + e$$

$$\text{Cov}(a, m) = A\sigma_{am}$$

مدل ۱۰

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_{l1} l + e$$

$$\text{Cov}(a, m) = 0$$

مدل ۱۱

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_{l1} l + e$$

$$\text{Cov}(a, m) = A\sigma_{am}$$

مدل ۱۲

$$y = Xb + Z_s s + e$$

مدل ۱۳

$$y = Xb + Z_s s + Z_c c + e$$

مدل ۱۴

$$y = Xb + Z_s s + Z_{l1} l + e$$

مدل ۱۵

$$y = Xb + Z_s s + Z_c c + Z_{l1} l + e$$

مدل ۱۶

افزایش مادری، c بردار اثرات محیطی دائمی مادری، I بردار اثرات محیطی مشترک، e بردار اثرات باقیمانده و A ماتریس رابطه

در این مدل‌ها y بردار مشاهدات، b بردار اثرات عوامل ثابت، a بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، m بردار اثرات ژنتیکی

خویشاوندی است. Z_s و Z_l ، Z_m ، Z_c ، Z_a ، X ماتریس‌های طرح هستند که ارتباط اثرات ثابت، ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات محیطی دائمی مادری، اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، اثرات محیطی مشترک و اثرات ژنتیکی والد نر را با بردار مشاهدات برقرار می‌کنند. همچنین σ_{am} ، کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی افزایشی مادری را نشان می‌دهد. همچنین، جهت تشخیص مناسب‌ترین مدل جهت برآورد مولفه‌های (کو) واریانس از آزمون نسبت لگاریتم درست‌نمایی استفاده شد (رابطه ۱). در این آزمون لگاریتم درست‌نمایی هر مدلی که بیشترین مقدار را داشت به عنوان مبنای انتخاب شد، سپس با استفاده از لگاریتم درست‌نمایی و توزیع کای مربع (رابطه ۱) مناسب‌ترین مدل انتخاب شد. رابطه ۱:

مدل مورد نظر χ^2
 $= -2 (\text{Log Likelihood} - \text{Log Likelihood})$
 (مدل حداکثر)

این تفاوت برای کلیه مدل‌هایی که با هم قابل مقایسه بودند محاسبه شد و با χ^2 جدول با یک درجه آزادی برای مقایسه هر دو مدل متوالی مقایسه گردید. مدلی که بیشترین مقدار نسبت لگاریتم درست‌نمایی را داشت و تفاوت آن با سایر مدل‌ها معنی‌دار بود، به عنوان مناسب‌ترین مدل در نظر گرفته شد. میزان وراثت پذیری زنده‌مانی حاصل از مدل دام و مدل پدری برای صفت زنده‌مانی با استفاده از رابطه ۲ تصحیح شد (Falconer, 1989). در این رابطه $h^2_{\text{underlying}}$ وراثت پذیری نهایی، h^2_{observed} وراثت پذیری مشاهده شده، p : میزان زنده‌مانی و i : شدت انتخاب یا درصد زنده‌مانی (حیواناتی که زنده می‌مانند در حقیقت به صورت طبیعی در ایجاد نسل بعد انتخاب شده‌اند) می‌باشد.

$$\chi^2 = -2 (\text{Log Likelihood} - \text{Log Likelihood})$$

(مدل حداکثر)

رابطه ۲:

$$h^2_{\text{underlying}} = \frac{h^2_{\text{observed}}(1 - p)}{i^2 p}$$

نتایج و بحث

اثر عوامل محیطی

در جدول ۳، میانگین حداقل مربعات و اثر عوامل محیطی مؤثر بر صفات نشان داده شده است. میزان زنده‌مانی پس از تولد تا

جدول ۴- میانگین حداقل مربعات^a وزن تولد و زنده مانی در گروه‌های مختلف هم خون

زنده مانی (درصد)	وزن تولد (کیلوگرم)	سطح هم خونی
۹۱/۸۰±۰/۰۱ ^a	۳/۸۹±۰/۰۲ ^a	F=۰/۰۰
۸۹/۳۰±۰/۰۱ ^a	۳/۸۷±۰/۰۲ ^a	۰/۰۵ ≥ F > ۰/۰۰
۸۸/۵۰±۰/۰۱ ^a	۳/۸۵±۰/۰۲ ^a	۰/۱۰ ≥ F > ۰/۰۵
۸۹/۷۰±۰/۰۱ ^b	۳/۸۶±۰/۰۲ ^a	۰/۱۵ ≥ F > ۰/۱۰
۸۶/۹۰±۰/۰۱ ^b	۳/۶۵±۰/۰۲ ^a	۰/۲۰ ≥ F > ۰/۱۵
۷۲/۹۰±۰/۰۱ ^c	۳/۷۷±۰/۰۲ ^a	۰/۲۵ ≥ F > ۰/۲۰
۶۷/۸۰±۰/۰۱ ^c	۳/۵۱±۰/۰۲ ^a	۰/۳۰ ≥ F > ۰/۲۵
۶۹/۲۰±۰/۰۱ ^c	۳/۷۴±۰/۰۲ ^a	۰/۳۵ ≥ F > ۰/۳۰

^a: تفاوت میانگین‌های دارای حروف مشترک در هر ستون غیر معنی دار است (p > ۰/۰۵)

جدول ۳- میانگین حداقل مربعات± خطای معیار و اثرات عوامل محیطی مؤثر بر وزن تولد و زنده مانی بره‌های بلوچی

اثرات ثابت	وزن تولد	زنده مانی
میانگین کل	۳/۸۴±۰/۰۱	۰/۸۶۷±۰/۰۱
گله	*	**
گله ۱	۳/۸۹±۰/۰۲ ^a	۰/۸۸۰±۰/۰۱ ^a
گله ۲	۳/۷۸±۰/۰۲ ^b	۰/۸۵۳±۰/۰۱ ^b
جنس	**	ns
نر	۳/۹۷±۰/۰۵ ^a	۰/۸۶۱±۰/۰۱ ^a
ماده	۳/۷۲±۰/۰۵ ^b	۰/۸۷۲±۰/۰۱ ^a
تیب تولد	**	*
یک قلو	۴/۵۳±۰/۰۲ ^a	۰/۸۹۴±۰/۰۱ ^a
دوقلو	۳/۷۶±۰/۰۲ ^b	۰/۸۸۹±۰/۰۱ ^a
سه قلو و بیشتر	۳/۲۴±۰/۰۲ ^a	۰/۸۱۷±۰/۰۱ ^b
سن مادر	**	**
کمتر از ۲	۳/۶۰±۰/۰۲ ^b	۰/۸۳۵±۰/۰۲ ^c
۳ و ۴	۳/۹۳±۰/۰۲ ^b	۰/۸۷۲±۰/۰۱ ^b
۵ و بیشتر	۳/۹۹±۰/۰۲ ^a	۰/۸۹۳±۰/۰۴ ^a
سال تولد	**	**

*: (p < ۰/۰۱) ، و ns: (p > ۰/۰۵)

انتخاب مدل

نتایج مربوط به آزمون نسبت حداکثر درست‌نمایی در جدول ۵ نشان داده شده است. مناسب‌ترین مدل جهت آنالیز وزن تولد، مربوط به مدل ۱۲ (شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی مادری، ژنتیکی افزایشی مادری، محیط مشترک، کواریانس بین ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری) و برای زنده مانی، مربوط به مدل ۷ (شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و محیط مشترک) بود. همچنین برای مدل آستانه و مدل پدری مناسب‌ترین مدل، مدل ۱۵ (شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و محیط مشترک) بود.

نتایج مربوط به مقایسه میانگین‌های حداقل مربعات گروه‌های هم-خونی در جدول ۴ نشان می‌دهد که بین میانگین حداقل مربعات وزن تولد تفاوت معنی‌داری وجود ندارد (p > ۰/۰۵)، اما بیشترین میزان زنده مانی با ۹۲ درصد مربوط به حیوانات غیر هم‌خون بود و کمترین میزان درصد زنده مانی مربوط به حیوانات با ضریب هم-خونی بیشتر از ۰/۲۰ بود. بنابراین، می‌توان نتیجه‌گیری نمود که افزایش میزان هم‌خونی منجر به اثرات نامطلوب روی بازده اقتصادی از طریق کاهش زنده مانی بره‌ها می‌شود. این نتایج با گزارشات ارائه شده برای نژاد ایران‌بلک مطابقت دارد (Mirzamohammadi et al., 2013).

جدول ۵- نتایج مربوط به نسبت حداکثر درست‌نمایی* جهت تعیین مناسب‌ترین مدل

مدل دام	صفت	صفت	مدل پدري	صفت	مدل آستانه	صفت
مدل	وزن تولد	زنده مانی	مدل	زنده مانی	مدل	زنده مانی
۱	۱۱۰۳/۲۱	۷۲۹۷/۸۷	۱۳	۷۲۹۴/۰۹	۱۳	-۵۹۰۵/۹۱
۲	۱۲۳۷/۱۱	۷۲۹۸/۰۷	۱۴	۷۳۰۱/۶۵	۱۴	-۵۴۷۷/۰۰
۳	۱۲۴۹/۱۴	۷۲۹۸/۰۹	۱۵	۷۳۲۶/۸۶	۱۵	-۵۱۰۷/۸۰
۴	۱۲۵۴/۱۵	۷۲۹۹/۷۶	۱۶	۷۳۲۶/۹۰	۱۶	-۶۱۰۱/۸۹
۵	۱۲۶۱/۶۳	۷۳۰۱/۹۸	-	-	-	-
۶	۱۲۶۸/۱۹	۷۳۰۰/۰۰	-	-	-	-
۷	۱۱۹۰/۸۵	۷۳۲۶/۱۱	-	-	-	-
۸	۱۲۹۶/۰۸	۷۳۲۵/۱۷	-	-	-	-
۹	۱۳۰۲/۱۳	۷۳۲۶/۰۸	-	-	-	-
۱۰	۱۲۹۸/۰۹	۷۳۲۵/۱۲	-	-	-	-
۱۱	۱۳۰۳/۰۱	۷۳۲۶/۰۰	-	-	-	-
۱۲	۱۳۱۰/۸۶	۷۳۲۶/۰۰	-	-	-	-

*: عدد نسبت حداکثر درست‌نمایی برای مناسب‌ترین مدل به صورت پررنگ نشان داده شده است.

پارامترهای ژنتیکی

در مطالعه این صفات باید اثر محیط مشترک در مدل منظور شود. این نتایج در راستای گزارشات سایر پژوهشگران می‌باشد (Rashidi et al., 2011; Mirzamohammadi & Rashidi et al., 2012). وراثت پذیری مستقیم و مادری برآورد شده در این پژوهش با گزارشات سایر پژوهشگران برای نژاد بلوچی و سایر نژادهای کشور مطابقت دارد (Abbasi et al., 2011; Riggio et al., 2008).

نتایج پارامترهای ژنتیکی برآورد شده با مناسب‌ترین مدل، برای صفات وزن تولد (مدل ۱۲) و زنده‌مانی با مدل دام (مدل ۷) و زنده‌مانی با مدل آستانه و مدل پدري (مدل ۱۵) در جدول ۶ نشان داده شده است. همان‌طور که نتایج حاصل با استفاده از مدل دام برای هر دو صفت نشان می‌دهد، اثر محیط مشترک اثر معنی‌داری در واریانس ایجاد شده دارد که علت آن را می‌توان به بالا بودن دوقلو‌زایی در این نژاد نسبت داد (Abbasi et al., 2012). لذا

جدول ۶- پارامترهای ژنتیکی برآورد شده با مناسب ترین مدل

پارامتر*	مدل دام		مدل پدری	
	زنده مانی	وزن تولد	زنده مانی	زنده مانی
$h_a^2 \pm S.E$	۰/۰۷±۰/۰۲	۰/۰۵±۰/۰۱	-	-
$h_s^2 \pm S.E$	-	-	۰/۰۸±۰/۰۱	-
$h_m^2 \pm S.E$	-	۰/۰۸±۰/۰۲	-	-
$p^2 \pm S.E$	-	۰/۰۶±۰/۰۲	-	-
$l^2 \pm S.E$	۰/۱۴±۰/۰۲	۰/۱۸±۰/۰۲	۰/۱۵±۰/۰۳	۰/۰۸±۰/۰۲
$r_{a,m} \pm S.E$	-	۰/۸۲±۰/۲۰	-	-
σ_p^2	۰/۱۰۸±۰/۰۱	۰/۳۲۱±۰/۰۱	۰/۱۰۸±۰/۰۳	۳/۷۲±۰/۰۹
h_{logit}^2	-	-	-	۰/۱۳±۰/۰۳
$h_{underlying}^2$	۰/۱۸	-	۰/۱۹	-

* h_a^2 : وراثت پذیری مستقیم، h_s^2 = وراثت پذیری مستقیم پدری، وراثت پذیری مستقیم مادری، p^2 = محیط دائمی مادری، l^2 = محیط مشترک، $r_{a,m}$ = کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری، σ_p^2 = واریانس فنوتیپی، h_{logit}^2 = وراثت پذیری با مدل آستانه، $h_{underlying}^2$ = وراثت پذیری تصحیح شده.

گزارش شده است (Vatankhah & Talebi., 2009). بنابراین، چنانچه ضریب وراثت پذیری زنده مانی برای روابط مقیاس (Scale Relationships) با استفاده از فرمول ذکر شده (رابطه ۲) تصحیح شود، نتایج حاصل از مدل های دام و پدری تقریباً با مدل آستانه ای در یک دامنه قرار خواهند گرفت. لذا در صورت تصحیح برای روابط مقیاس، تفاوت چندانی بین مدل دام و مدل آستانه وجود ندارد. با توجه به این که نرهای مولد نسبت به مولدین ماده تعداد نتاج بیشتری داشته و مهمترین نقش را در تغییر فراوانی ژن در جمعیت دارند، استفاده از مدل های پدری برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت مرگ و میر (Mortality) یا زنده مانی (Survival) اهمیت بیشتری دارد. همبستگی های ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین وزن تولد و زنده مانی به ترتیب ۰/۱۲، ۰/۱۲ و ۰/۱۰ برآورد شد ($P < 0/05$).

وراثت پذیری مستقیم زنده مانی با استفاده از مدل دام و مدل پدری به ترتیب ۰/۰۷ و ۰/۰۸ برآورد شد، که پس از تصحیح آن به ۰/۱۸ و ۰/۱۹ افزایش یافت. همچنین، مقدار آن با استفاده از مدل آستانه معادل ۰/۱۳ برآورد شد. نتایج متفاوتی در خصوص برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات آستانه ای در سایر منابع گزارش شده است. Rashidi et al. (۲۰۱۱)، میزان وراثت پذیری صفت مرگ و میر بزغاله های نژاد مرخز را با مدل های حیوانی و پدری تصحیح شده و آستانه به ترتیب ۰/۴۱، ۰/۳۲ و ۰/۲۹ گزارش کردند. همچنین، وراثت پذیری صفت زنده مانی پس از تولد در گوسفندان نژاد بلک فیس اسکاتلند ۰/۱۸ تا ۰/۳۵ گزارش شده است (Sawalha et al., 2007). وراثت پذیری میزان مرگ و میر گوسفندان لری بختیاری ایران با استفاده از مدل آستانه ای از ۰/۰۲ برای مرگ و میر در سنین اولیه تا ۰/۱۳ در یک سالگی متغیر



نمودار ۱- تغییرات روند هم‌خونی گوسفند بلوچی طی سال‌های ۸۷-۶۸

نتیجه‌گیری کلی

نتایج این پژوهش نشان دادند که در صورت استفاده از روابط مقیاس می‌توان از مدل دام و پدری به جای مدل آستانه‌ای جهت آنالیز زنده‌مانی استفاده نمود. همچنین، با توجه به این که پس از وقوع مرگ‌ومیر در گله زیان اقتصادی ناشی از آن جبران‌ناپذیر می‌باشد می‌توان از طریق همبستگی مثبت و معنی‌داری بین وزن تولد و زنده‌مانی استفاده بهینه نمود و با انتخاب بره‌های سنگین‌تر میزان زنده‌مانی را در گله افزایش داد. علاوه بر این، نتایج این پژوهش نشان می‌دهند که با توجه به افت ناشی از هم‌خونی منفی و نامطلوب برای زنده‌مانی، در صورت عدم کنترل روند مثبت هم‌خونی در نژاد بلوچی، انتظار می‌رود میزان زنده‌مانی در گله کاهش یابد.

سیاسگزاری

از مسئولین و کارکنان ایستگاه گوسفندداری عباس‌آباد مشهد که اطلاعات را در اختیار قرار دادند تشکر و قدردانی بعمل می‌آید. همچنین از راهنمایی‌های ارزنده آقایان دکتر امیر رشیدی و دکتر محمود وطن‌خواه صمیمانه تشکر و قدردانی می‌گردد.

منابع

Abbasi, M. A., Abdollahi-Arpanahi, R., Maghsoudi, A., VaezTorshizi, R. and Nejati-Javaremi, A. (2011). Evaluation of models for estimation of genetic parameters and maternal effects for early growth traits of Iranian Baluchi sheep. *Small Ruminant Research*. 114: 62-69.

همبستگی این دو صفت در سایر پژوهش‌های داخل و خارج کشور نیز معنی‌دار گزارش شده است (Riggio et al., 2008; Mirzamohammadi & Rashidi., 2012). بنابراین، اگرچه این همبستگی ضعیف می‌باشد اما احتمالاً با افزایش وزن تولد بره‌ها احتمال زنده ماندن آن‌ها نیز بیشتر می‌شود.

هم‌خونی

از کل جمعیت مورد مطالعه، ۱۸۶۶ حیوان هم‌خون بودند که تقریباً ۱۳/۷۳ درصد کل جمعیت را شامل می‌شود. میانگین ضریب هم‌خونی کل جمعیت و جمعیت حیوانات هم‌خون به ترتیب ۰/۶۰ و ۴/۳۶ درصد بود. بالاترین میزان هم‌خونی موجود در گله ۳۱/۲۵ درصد بود که نشان دهنده آمیزش مولدین نر با نوه‌های دختری خود می‌باشد. نتایج این پژوهش نشان دادند که پس از ۲۰ سال، در سال ۸۷ میانگین ضریب هم‌خونی تقریباً به ۱/۳۸ درصد افزایش یافته است. روند هم‌خونی بر سال در کل جمعیت ۰/۰۷ درصد بود (نمودار ۱) که در راستای گزارشات ارائه شده برای نژاد مغانی (Gholambabaeian et al., Dorostkar et al., 2012) می‌باشد و نسبت به سایر گزارشات تاحدودی کمتر (Mandal et al., 2004; Sawalha et al., 2007) می‌باشد (که احتمالاً علت آن کم بودن ارتباط خویشاوندی بین دو گله بوده است).

البته همان‌طور که در نمودار ۱ مشاهده می‌شود، میزان هم‌خونی در گله روند افزایشی داشته است و این مسئله از نظر اصلاح نژاد یک خطر جدی و یک عامل نامطلوب محسوب می‌شود.

میزان پس‌روی ناشی از هم‌خونی (کاهش میانگین) برای افزایش یک درصد ضریب هم‌خونی در گله به ترتیب 0.02 ± 0.062 - گرم برای وزن تولد و 0.01 ± 0.08 - درصد برای زنده‌مانی برآورد شد ($p < 0.05$).

این نتایج در راستای سایر گزارشات برای نژادها می‌باشد و احتمالاً مهمترین دلیل آن، افزایش احتمال جفت شدن آلل‌های نامطلوب از طریق افزایش هم‌خونی می‌باشد. (Gholambabaeian et al., 2012; Mirzamohammadi et al., 2013).

- Dorostkar, M., FarajiArough, H., Shodja, J., Rafat, S. A., Rokouei M. &Esfandyari H. (2012). Inbreeding and inbreeding depression in Iranian Moghani sheep breed. *Journal of Agricultural Science and Technology*. 14: 549-556.
- Falconer, D.S. (1989). Introduction to quantitative genetics, 3rd edition. Longman Group (FE) Ltd, pp:438.
- Gholambabaeian, M. M., Rashidi, A., Razmkabir, M. &Mirzamohammadi.E. (2012). Inbreeding coefficient estimate and its effects on pre-weaning traits in Moghani sheep. The 5th Congress on Animal Science. University of Esfahan, pp. 71-75. (In Farsi).
- Gianola, D. &Foulley, J. L. (1983). Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Genetic Selection Evolution*. 15:201-224.
- Gilmour, A.R., Gogel, B.J., Cullis, B.R. & Thompson, R. (2009). ASReml User Guide Release 3.0 VSN International Ltd, Hempstead, HP1 1ES, UK.
- Hagger, C. & Hofer, A. (1990). Genetic analyses of calving traits in the Swiss Black and White, Braunvieh and Simmental breeds by REML and MAPP procedures. *Livest. Prod. Sci.* 24:93-107.
- Harville, D.A. and Mee, R.W. (1984). A mixed-model procedure for analysed ordered categorical data. *Biometrics*. 40: 393-408.
- Mandal, A., Pant, K. P., Rout P. K. & Roy R. (2004). Effects of Inbreeding on lamb survival in a flock of Muzaffarnagari sheep. *Asian-Australasian Journal of Animal Science*. 17(5): 594-597.
- Miraei-Ashtiani, S.R.,Seyedalian, S. A. R. &MoradiShahrBabak, M. (2007). Variance components and heritabilities for body weight traits in Sangsari sheep, using univariate and multivariate animal models. *Small Ruminant Research*. 73: 109-114.
- Mirzamohammadi, E. &Rashidi, A. (2012). Estimation of genetic parameters and evaluation of inbreeding effects on birth weight and mortality in Zandi sheep. The 5th Congress on Animal Science. University of Esfahan, pp. 561-565. (In Farsi).
- Mirzamohammadi, E., Rashidi, A. &Vatankhah.M. (2013). Evaluation of inbreeding effects on pre-weaning growth traits and lamb survival in Iran-black sheep. *Pajoesh and sazandegi*. xxx. xxx-xxx. (In Farsi).
- 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.
- Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. &Colleau, J. J. (2006). CFC: a tool for monitoring genetic diversity, In: Proceedings of 8th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production 13-18 Aug., Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, pp.27-28.
- SAS Institute Inc. (2003). SAS 9.1.3 Help and Documentation, Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Sawalha, R. M., conington, J., Brotherstone, S. & Villanueva, B. (2007). Analyses of lamb survival of Scottish Blackface sheep. *The Animal Consortium*. 1: 151-157.
- Snyman, M.A. (2010). Factors affecting pre-weaning kid mortality in South African Angora goats. *South African Journal of Animal Science*. 40: 54-64.
- Vatankhah. M. &Talebi, M. A. (2009). Genetic and Non-genetic Factors Affecting Mortality in Lori-Bakhtiari Lambs. *Asian-Australasian Journal of Animal Science*. 22(4): 459-64.