

ارزیابی مدل‌های حیوانی مختلف در پیش بینی ارزش اصلاحی برای صفات رشد در گوسفند لری بختیاری

سید مهدی حسینی وردنجانی^۱، مجتبی طهمورث پور^{۲*}، محمد مهدی شریعتی^۳ و حسین مرادی شهربابک^۴

۱، ۲ و ۳- به ترتیب دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام، استاد و استادیار دانشگاه فردوسی مشهد

۴- استادیار پردیس کشاورزی و منابع طبیعی کرج، دانشگاه تهران

* نویسنده مسؤل: m_tahmoorespur@yahoo.com

تاریخ پذیرش: ۹۵/۰۲/۲۸

تاریخ دریافت: ۹۳/۱۲/۰۶

چکیده

پیش بینی صحیح ارزش‌های اصلاحی تحت تأثیر چندین عامل از جمله انتخاب بهترین مدل آنالیز ژنتیکی صفات است. به این منظور از اطلاعات فنوتیپی و شجره‌ای سه صفت وزن تولد (BW0)، وزن شیرگیری (BW3) و وزن شش ماهگی (BW6) گوسفند لری بختیاری بین سال‌های ۱۳۶۸ تا ۱۳۹۰ استفاده شد. مؤلفه‌های (کو) واریانس به روش حداکثر درست نمایی محدود شده با استفاده از مدل‌های حیوانی تک صفتی و چند صفتی مختلف برآورد شدند. نتایج نشان داد که وراثت پذیری صفات در مدل‌های دو و سه صفتی (۰/۴۷، ۰/۲۷ و ۰/۱۲ به ترتیب برای BW0، BW3 و BW6) تقریباً ثابت است؛ اما قدر مطلق تفاوت همبستگی‌های ژنتیکی و باقیمانده تا ۱۱٪ در مدل‌های مختلف (۰/۲۳، ۰/۳۲ و ۰/۶۵ در مدل‌های دو صفتی در مقابل ۰/۱۹، ۰/۳۱ و ۰/۵۴ در مدل سه صفتی به ترتیب برای آنالیزهای BW3-BW6، BW0-BW3 و BW0-BW6) تغییر کرد. ضرایب همبستگی بین ارزش‌های اصلاحی حیوانات در مدل‌های مختلف برای BW0 همواره بالاتر از ۰/۹۹ بود؛ در حالی که این ضرایب برای BW3 در کل جمعیت ۰/۹۷-۰/۴۳، در جمعیت میش‌ها ۰/۹۹-۰/۸۹ و در جمعیت قوچ‌ها ۰/۹۹-۰/۹۲ و برای BW6 در کل جمعیت ۰/۹۳-۰/۵۳، در جمعیت میش‌ها ۰/۹۴-۰/۵۲ و در جمعیت قوچ‌ها ۰/۹۳-۰/۵۸ بودند. همبستگی رتبه برای BW0 در سه جمعیت مورد مطالعه همچنان بالا بود؛ ولی ضرایب همبستگی رتبه بین مدل‌های تک صفتی با مدل دو و سه صفتی برای BW3 در سه جمعیت به ترتیب ۰/۹۶-۰/۴۲، ۰/۹۸-۰/۹۰ و ۰/۹۷-۰/۹۲ و برای BW6 به ترتیب ۰/۶۰-۰/۵۲، ۰/۵۶-۰/۵۴ و ۰/۶۷-۰/۶۱ بودند. نتایج نشان داد که برای وزن تولد تفاوتی بین مدل‌ها برای پیش‌بینی ارزش اصلاحی وجود ندارد ولی تفاوت‌ها برای دو صفت دیگر قابل توجه است. کلمات کلیدی: انتخاب مدل، صفات رشد، همبستگی، ارزش اصلاحی، گوسفند لری بختیاری

مقدمه

به دست آوردن همبستگی و واریانس ژنتیکی بیش از یک صفت بوده که بنابراین پاسخ به انتخاب یک صفت معین بر روی سایر صفات همبسته می‌تواند دانسته و پیش‌بینی شود (دی و همکاران، ۲۰۱۱). به علاوه آنالیز چند صفتی می‌تواند اریب ناشی از حذف را از بین ببرد و در نتیجه صحت ارزیابی را افزایش دهد (مرو، ۲۰۱۴). با استفاده از اطلاعات صفات همبسته صحت برآوردهای ارزش‌های اصلاحی افزایش می‌یابد. بنابراین با استفاده از مدل‌های چند صفتی می‌توان برای صفات رشد که در آنها حذف مرحله‌ای صورت می‌گیرد برآوردهای ناریب بدست آورد.

تاکنون چندین مطالعه بر روی گوسفند نژاد لری بختیاری در زمینه برآورد پارامترهای ژنتیکی، بویژه وراثت‌پذیری انجام شده است (وطن خواه و همکاران، ۱۳۸۴ و ۱۳۸۶؛ راشدی ده صحرای و همکاران، ۱۳۹۲). ولی گزارشی در رابطه با تحت تأثیر قرار گرفتن انتخاب حیوانات برتر در مدل‌های مختلف و یا تغییر در مقادیر ارزش‌های اصلاحی و قابلیت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی با مدل‌های مختلف ارائه نشده است. بنابراین در این مطالعه به منظور کاوش بهترین استراتژی‌های انتخاب برای صفات رشد در گوسفند لری بختیاری، پارامترهای ژنتیکی برای صفات رشد شامل وزن تولد، وزن شیرگیری و وزن شش ماهگی با استفاده از مدل‌های حیوانی تک صفتی و چند صفتی با ترکیب‌های مختلف این صفات برآورد و ارزش‌های اصلاحی حیوانات محاسبه شدند. سپس همبستگی‌های رتبه برای انتخاب حیوانات با استفاده از مدل‌های مختلف بررسی شدند و مقادیر ارزش‌های اصلاحی بدست آمده از مدل‌ها مقایسه شدند.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه، از اطلاعات شجره‌ای و رکوردهای مربوط به وزن بدن که طی سال‌های ۱۳۶۸ تا ۱۳۹۰ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری واقع در شهرکرد جمع‌آوری شده بودند، استفاده شد. جهت آگاهی از سیستم پرورش گوسفندان در این ایستگاه به وطن خواه و همکاران (۱۳۸۴) رجوع شود.

مجموعه اطلاعات شامل شماره حیوان، پدر و مادر حیوان، سال زایش، جنس بره، تیپ تولد، سن مادر هنگام زایش و رکوردهای وزن بدن در هنگام تولد، شیرگیری و شش ماهگی بودند. ابتدا داده‌ها با استفاده از نرم افزار Fox Pro 2.6 و Excel 2010 ویرایش و برای ادامه آنالیز آماده سازی شدند.

فرآیند رشد در حیوانات معمولاً به صورت مجموعه‌ای از صفات که هر کدام نشان دهنده وزن بدن در یک سن از پیش تعیین شده مثل تولد، شیرگیری و شش ماهگی می‌باشند، توصیف می‌شود. این صفات غالباً از اهمیت اقتصادی بالایی برخوردار هستند و در برنامه‌های اصلاح‌نژادی می‌توانند به عنوان معیار انتخاب مد نظر قرار گیرند (اوزکان و همکاران ۲۰۰۵). مثلاً گوسفند نژاد کلمبیا برای یک دوره ۴۸ ساله در معرض معیارهای انتخاب مختلف عمدتاً در رابطه با افزایش وزن شیرگیری قرار گرفته است (هانفورد و همکاران، ۲۰۰۲). با این حال گنجاندن هر یک از صفات رشد در هر برنامه‌ی اصلاح نژادی در گوسفند نیاز به برآورد صحیح پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی مربوط به آن صفت دارد. پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی در حوزه ژنتیک کمی شامل وراثت پذیری، همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی و تکرار پذیری بوده که نقش حیاتی در طرح‌ریزی یک برنامه اصلاح نژادی برای بهبود ژنتیکی دارند (آینالم، ۲۰۰۶). بنابراین توسعه ارزیابی‌های ژنتیکی مؤثر و بهبود برنامه‌های اصلاحی در حیوانات نیاز به دانستن مؤلفه‌های واریانس-کوواریانس و پس از آن محاسبه پارامترهایی نظیر وراثت پذیری و در نهایت ارزش‌های اصلاحی دارد. به همین جهت برآورد ارزش‌های اصلاحی دام‌ها برای صفات مختلف یک موضوع اصلی اصلاح نژاد دام بوده که بسیار تحت تأثیر انتخاب مدل ژنتیکی برای آنالیز داده‌ها است و می‌تواند با یک انتخاب صحیح دقیق‌ترین برآوردها بدست آید.

کیفیت ارزیابی‌ها و برآورد پارامترهای ژنتیکی و به ویژه همبستگی‌های ژنتیکی نیاز به یک مجموعه بزرگ داده در خلال نسل‌ها و روش‌های مؤثر آنالیز ژنتیکی با در نظر گرفتن تمام اثرات بالقوه دارد (دی و همکاران، ۲۰۱۱). زمانی که قرار است ارزش‌های اصلاحی حیوانات و یا سایر پارامترها برای هر صفت برآورد شوند، علاوه بر شناخت اثرات بالقوه مؤثر بر آن صفت باید مناسب‌ترین مدل ژنتیکی نیز بکارگرفته شود. از آنجایی که معمولاً سود آوری حیوانات تحت تأثیر مجموعه‌ای از صفات می‌باشد، بنابراین آنالیز ژنتیکی این صفات بر اساس مدل‌های که بطور همزمان می‌توانند تمام این صفات را با هم در نظر بگیرند برتری قابل توجهی خواهد داشت و می‌تواند نتایج بهتری از آنالیز جداگانه هر صفت تولید کند. در آنالیز چند صفتی، هر یک از صفات همبسته استفاده شده، اطلاعاتی را به صفت دیگر منتقل خواهد کرد که احتمال نتیجه‌گیری صحیح را بالاتر خواهد برد. از مزایای آنالیز چند صفتی توانایی

اثر تصادفی باقیمانده و X و Z نیز ماتریس‌های طرح بوده که رکوردها را به ترتیب به اثرات ثابت و حیوانات ارتباط می‌دهند. فرض شده است که اثرات تصادفی دارای توزیع نرمال با میانگین صفر و به ترتیب واریانس‌های $A\sigma_a^2$ و $I\sigma_e^2$ باشند که A ماتریس صورت روابط خویشاوندی بوده که با استفاده از شجره ساخته می‌شود و I ماتریس واحد می‌باشد.

همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی و مؤلفه‌های واریانس-کوواریانس با استفاده از آنالیز چند صفتی برآورد شدند. مدل چند صفتی شکل بسط یافته‌ای از مدل تک صفتی است که رکوردها و اثرات مربوط به تعدادی از صفات به طور همزمان در یک مدل استفاده می‌شوند. بنابراین اطلاعات مربوط به هر صفت در برآورد پارامترهای صفات دیگر کمک خواهد کرد. مدل چند صفتی در شکل ماتریسی به صورت $y = X_i\beta_i + Z_i\alpha_i + e_i$ است که i نشان دهنده آمین صفت مورد بررسی است. در این حالت بردار y شامل اطلاعات مربوط به تمام صفات مورد مطالعه است. مدل سه صفتی استفاده شده و فرضیات به شکل زیر بود:

$$\begin{bmatrix} y_{BW0} \\ y_{BW3} \\ y_{BW6} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_{BW0} & 0 & 0 \\ 0 & X_{BW3} & 0 \\ 0 & 0 & X_{BW6} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_{BW0} \\ b_{BW3} \\ b_{BW6} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{BW0} & 0 & 0 \\ 0 & Z_{BW3} & 0 \\ 0 & 0 & Z_{BW6} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \alpha_{BW0} \\ \alpha_{BW3} \\ \alpha_{BW6} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_{BW0} \\ e_{BW3} \\ e_{BW6} \end{bmatrix}$$

$$\text{var} \begin{bmatrix} a_{BW0} \\ a_{BW3} \\ a_{BW6} \\ e_{BW0} \\ e_{BW3} \\ e_{BW6} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_{g_{BW0}^2}A & \sigma_{g_{BW0,BW3}}A & \sigma_{g_{BW0,BW6}}A & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_{g_{BW0,BW3}}A & \sigma_{g_{BW3}^2}A & \sigma_{g_{BW3,BW6}}A & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_{g_{BW0,BW6}}A & \sigma_{g_{BW3,BW6}}A & \sigma_{g_{BW6}^2}A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_{e_{BW0}^2} & \sigma_{e_{BW0,BW3}} & \sigma_{e_{BW0,BW6}} \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_{e_{BW0,BW3}} & \sigma_{e_{BW3}^2} & \sigma_{e_{BW3,BW6}} \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_{e_{BW0,BW6}} & \sigma_{e_{BW3,BW6}} & \sigma_{e_{BW6}^2} \end{bmatrix}$$

نتایج و بحث

توصیف‌های آماری صفات بررسی شده در جدول ۱ نشان داده شده است. در مطالعه‌ای میانگین وزن تولد، وزن شیرگیری و وزن شش ماهگی در گوسفند لری بختیاری به ترتیب ۴/۹، ۲۷/۵ و ۴۰/۲ گزارش شدند (وطن خواه و همکاران، ۱۳۸۴). تفاوت اندک مشاهده شده در میانگین این صفات بین این دو مطالعه را می‌توان به مجموعه رکوردها نسبت داد چرا که در مطالعه آن محققین رکوردهای تا سال ۸۱ استفاده شد که در حدود ۱۰ سال کمتر از رکوردهای مورد استفاده در پژوهش حاضر است. نتایج مطالعه حاضر مشابه نتایج گزارش شده در سایر تحقیقات بر روی گوسفند لری بختیاری است (راشدی ده صحرای و همکاران، ۱۳۹۲). در مقایسه با مطالعه حاضر ضریب

به منظور شناسایی اثر عوامل ثابت مؤثر بر صفات مورد بررسی و بنابراین منظور کردن آنها در مدل، آنالیز حداقل مربعات با استفاده از رویه GLM در نرم افزار SAS انجام شد. اثرات ثابت که در مدل‌ها در نظر گرفته شدند عبارتند از: اثر گله - سال، جنس، تیپ تولد و همچنین دو متغیر کمکی سن مادر در هنگام زایش و سن بره در هنگام وزن کشی نیز مد نظر قرار گرفتند. مؤلفه‌های واریانس-کوواریانس برای صفات مورد بررسی با استفاده روش حداکثر درست نمایی محدود شده در نرم افزار WOMBAT برآورد شدند (مایر، ۲۰۰۶). خصوصیات مدل آماری استفاده شده برای آنالیز تک صفتی به صورت زیر است:

$$y = X\beta + Za + e$$

$$\text{var}(y) = ZGZ^T + R \text{ و } E(y) = X\beta$$

$$R = I\sigma_e^2 \text{ و } G = A\sigma_a^2$$

در این مدل بردار داده‌های فنوتیپی، β ، a و e به ترتیب بردارهای اثرات ثابت، اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم و

که $BW0$ ، $BW3$ و $BW6$ به ترتیب نشان دهنده وزن تولد، وزن شیرگیری و وزن شش ماهگی، σ^2 و σ نیز به ترتیب نشان دهنده واریانس و کوواریانس مربوط به اثرات ژنتیکی (G) و اثرات باقیمانده (e) می‌باشند. سایر عناصر نیز همانند مدل تک صفتی می‌باشند. ارزش‌های اصلاحی هر حیوان از مدل‌های تک صفتی بدست آمد. همچنین ارزش‌های اصلاحی حیوانات برای هر صفت از آنالیزهای دو صفتی متناظر نیز بدست آمدند و در نهایت ارزش‌های اصلاحی حیوانات برای هر یک از صفات، از مدل سه صفتی نیز بدست آمد. آنالیزهای بعدی با استفاده از این ارزش‌های اصلاحی انجام شدند. معیار همگرایی برای برآورد تمام پارامترها شامل مؤلفه‌های واریانس-کوواریانس و ارزش‌های اصلاحی در آنالیزهای تک صفتی و چند صفتی 10^{-8} در نظر گرفته شد.

چرا که ضریب تغییرات نشان دهنده تنوع در جمعیت بوده و تنوع نیز در نژادهای مختلف و تحت تأثیر فاکتورهای مختلفی از جمله انتخاب و شرایط محیطی تغییر می‌کند.

تغییرات بالاتری برای وزن تولد، وزن شیرگیری و وزن شش ماهگی به ترتیب ۱۴/۹، ۱۶/۷ و ۱۶/۴ در گوسفند نژاد سنگسری گزارش شد (میرایی آشتیانی و همکاران، ۲۰۰۷). تفاوت در ضریب تغییرات صفات در این دو نژاد بدیهی است

جدول ۱- صفات مورد بررسی به همراه توصیف آماری مربوط به آن‌ها

| بیشینه | کمینه | ضریب تغییرات | انحراف استاندارد | میانگین | تعداد رکورد | صفت (کیلوگرم) |
|--------|-------|--------------|------------------|---------|-------------|---------------|
| ۷/۵۰ | ۱/۹۰ | ۱۴/۲۷ | ۰/۸۳ | ۴/۸۵ | ۳۹۴۴ | وزن تولد |
| ۴۷/۶۰ | ۱۰/۰۰ | ۱۴/۶۲ | ۵/۷۴ | ۲۹/۱۹ | ۳۶۵۵ | وزن شیرگیری |
| ۷۱/۰۰ | ۱۹/۹۰ | ۱۵/۰۴ | ۸/۳۹ | ۴۰/۳۳ | ۲۵۳۸ | وزن شش ماهگی |

مقدار همبستگی‌های ژنتیکی و باقیمانده و بالطبع قدر مطلق تفاوت بین این دو همبستگی که از مؤلفه‌های بسیار تأثیر گذار در صحت ارزیابی‌ها می‌باشد (شفر، ۱۹۸۴) تغییرات قابل توجهی داشت. بطوری که این قدر مطلق تا ۰/۱۱ در مورد وزن تولد-وزن شش ماهگی تغییر نشان داد. در تمام موارد مقادیر همبستگی ژنتیکی بدست آمده مثبت و بالا بودند. این مقادیر همبستگی بالا بازتابی از وجود ژن و یا ژن‌های مشابهی با اثرات پلیوتروپی بر صفات رشد می‌باشند. بنابراین با انتخاب بر اساس هر یک از این صفات رشد، صفات دیگر نیز به میزان نسبتاً بالا و هم جهت با صفت معیار انتخاب تغییر خواهند داشت. بالاترین مقدار همبستگی ژنتیکی مربوط به وزن شیرگیری و وزن شش ماهگی $r=0/85$ می‌باشد. همین پارامتر در گوسفند عربی (شکراللهی و بانه، ۲۰۱۱) و در گوسفند سنگسری (میرایی آشتیانی و همکاران، ۲۰۰۷) به ترتیب ۰/۹۹ و ۰/۹۴ گزارش شد که هر دو از مطالعه حاضر بالاتر می‌باشند. در مقابل همبستگی ژنتیکی و باقیمانده بین وزن تولد و وزن شیرگیری در نژاد مغانی به ترتیب ۰/۴۱ و ۰/۲۳ گزارش شده است (جعفرقلی و همکاران، ۲۰۱۰). در مطالعه وطن خواه و همکاران ۱۳۸۴ مقادیر همبستگی ژنتیکی بین وزن تولد با وزن سه ماهگی و با وزن شش ماهگی به ترتیب ۰/۷۷ و ۰/۶۸ گزارش شدند و بین وزن شیرگیری و وزن شش ماهگی ۰/۸۲ گزارش شد که با ۰/۸۵ مطالعه حاضر تقریباً مشابه است. با استفاده از آنالیز دو صفتی، همبستگی ژنتیکی بین وزن تولد و وزن شیرگیری در گوسفند نژاد کلمبیا ۰/۵۶ گزارش شده است (هانفورد و همکاران، ۲۰۰۲). در گوسفند نژاد بلوچی نیز همبستگی وزن تولد با وزن شیرگیری و با وزن شش ماهگی با استفاده از آنالیزهای دو صفتی متناظر به ترتیب ۰/۵۶ و

در جدول ۲ مقادیر همبستگی‌های ژنتیکی و باقیمانده و نیز وراثت پذیری به ترتیب برای آنالیز دو صفتی وزن تولد-وزن شیرگیری، وزن تولد-وزن شش ماهگی و وزن شیرگیری-وزن شش ماهگی نشان داده شده است. همچنین جدول سه این پارامترها را در آنالیز سه صفتی نشان می‌دهد. هدف این تحقیق گزارش مؤلفه‌های (کو) واریانس و وراثت پذیری بنابرین مؤلفه‌های (کو) واریانس و برآوردهای وراثت پذیری حاصل از مدل‌های تک صفتی گزارش نشده است. خوانندگان محترم برای آگاهی از این پارامترها می‌توانند به منابع موجود رجوع کنند (راشدی ده صحرائی و همکاران، ۱۳۹۲). به هرحال، مقایسه نتایج این جداول به خوبی روشن می‌سازد که مقدار وراثت پذیری با استفاده از مدل‌های دو صفتی و سه صفتی خیلی تحت تأثیر قرار نمی‌گیرد. به طوری که وراثت پذیری وزن تولد در هر سه مدل ۰/۴۷ بدست آمد. در رابطه با وزن شیرگیری نیز نتایج متفاوت نبود ولی وراثت پذیری وزن شش ماهگی در مدل سه صفتی ۰/۰۲ بالاتر بدست آمد. وراثت پذیری وزن تولد به طور قابل ملاحظه‌ای بالاتر از دو صفت دیگر است که می‌تواند در برگزیده وراثت پذیری مادری نیز باشد و این احتمال وجود دارد که در صورت آنالیز با مدل دارای اثرات مادری (هدف مطالعه حاضر نبود) بخشی از این مقدار به وراثت پذیری مادری برگردد در حالی که این احتمال در مورد اوزان بعدی کمتر است. در تحقیقی برآورد ضریب وراثت پذیری برای وزن تولد، وزن سه ماهگی و وزن شیرگیری در گوسفند لری بختیاری به ترتیب ۰/۳۰، ۰/۱۷ و ۰/۲۰ گزارش شد (وطن خواه و همکاران، ۱۳۸۴). هر سه مقدار بطور قابل توجهی با نتایج مطالعه حاضر متفاوت می‌باشند که می‌تواند به دلیل تفاوت در مدل استفاده شده و همچنین تعداد رکورد مورد استفاده باشد. اما بر خلاف میزان وراثت پذیری،

۰/۳۷ گزارش شده است (عبّاسی و همکاران، ۲۰۱۲) که $r=0/37$ در مقایسه با مطالعه حاضر بسیار پایین‌تر می‌باشد.

جدول ۲- وراثت پذیری (روی قطر)، همبستگی‌های ژنتیکی (بالای قطر) و باقیمانده (پایین قطر) و (اشتباه معیار) در مدل‌های دوصفتی وزن تولد-وزن شیرگیری، وزن تولد-وزن شش ماهگی و وزن شیرگیری-وزن شش ماهگی.

| قدر مطلق تفاوت همبستگی ژنتیکی و باقیمانده | وزن شیرگیری | وزن تولد |
|---|--------------|--------------|
| ۰/۳۲ | ۰/۶۲ (۰/۰۷) | ۰/۴۷ (۰/۰۴) |
| قدر مطلق تفاوت همبستگی ژنتیکی و باقیمانده | وزن شش ماهگی | وزن تولد |
| ۰/۶۵ | ۰/۸۲ (۰/۱) | ۰/۴۷ (۰/۰۴) |
| قدر مطلق تفاوت همبستگی ژنتیکی و باقیمانده | وزن شش ماهگی | وزن شیرگیری |
| ۰/۲۳ | ۰/۸۵ (۰/۰۹) | ۰/۲۷ (۰/۰۴) |
| | وزن شش ماهگی | وزن شش ماهگی |
| | ۰/۱ (۰/۰۳) | ۰/۶۲ (۰/۰۲) |

جدول ۳- وراثت پذیری (روی قطر)، همبستگی‌های ژنتیکی (بالای قطر) و باقیمانده (پایین قطر) و (اشتباه معیار) در مدل سه صفتی وزن تولد-وزن شیرگیری-وزن شش ماهگی

| قدر مطلق تفاوت همبستگی ژنتیکی و باقیمانده | وزن شش ماهگی | وزن شیرگیری | وزن تولد |
|---|--------------|-------------|-------------|
| وزن تولد-وزن شیرگیری: ۰/۳۱ | ۰/۷۲ (۰/۱) | ۰/۶۲ (۰/۰۷) | ۰/۴۷ (۰/۰۴) |
| وزن تولد-وزن شش ماهگی: ۰/۵۴ | ۰/۸۱ (۰/۰۸) | ۰/۲۷ (۰/۰۴) | ۰/۳۱ (۰/۰۴) |
| وزن شیرگیری-وزن شش ماهگی: ۰/۱۹ | ۰/۱۲ (۰/۰۳) | ۰/۶۲ (۰/۰۲) | ۰/۱۸ (۰/۰۴) |

است. هر چند تمام مقادیر همبستگی برای هر سه گروه حیوانات بالا بوده و تقریباً روندی نسبتاً یکسانی را نیز دنبال می‌کند اما می‌توان دید که در جمعیت قوچ‌ها، در مقایسه با دو جمعیت دیگر این مقادیر همواره بالاتر می‌باشد. دلیل این امر را می‌توان به وجود اطلاعات بیشتر موجود برای قوچ‌ها نسبت داد. چون که در مقایسه با کل جمعیت که ممکن است نهایتاً برای هر فرد یک رکورد وجود داشته باشد و یا در مقایسه با جمعیت میش‌ها که برای محاسبه ارزش اصلاحی علاوه بر رکورد مادر، رکورد چند فرزند (تعداد کمی) نیز وجود دارد ولی در جمعیت قوچ‌ها بسته به گستردگی جمعیت می‌تواند ده‌ها و یا صدها فرزند برای هر پدر وجود داشته باشد. بنابراین تأثیر افزودن اطلاعات صفات دیگر در پیش بینی ارزش اصلاحی حیوانات ناچیز بوده و مقادیر بدست آمده از مدل تک صفتی به اندازه کافی با مقادیر مدل سه صفتی همبستگی بالا دارند. به طور کلی نتایج جدول چهار مورد انتظار بود چرا که وراثت پذیری وزن تولد نسبتاً بالا (۰/۴۷) بود و از آنجایی که وزن تولد در اولین مرحله زندگی بروز می‌کند و هیچ گونه حذف و یا انتخابی بر روی آن اعمال نشده است پس مدل یک صفتی قابلیت پیش

ارزش‌های اصلاحی حیوانات برای وزن تولد زمانی که این مقادیر از مدل‌های تک صفتی بدست می‌آیند با زمانی که این مقادیر از مدل‌های دو صفتی متناظر و نیز مدل سه صفتی بدست می‌آیند مورد مقایسه قرار گرفتند. نتایج در قالب دو معیار همبستگی پیرسون و همبستگی رتبه‌ای بین ارزش‌های اصلاحی در هر یک از مدل‌ها آورده شده است. همچنین برای مشاهده چگونگی تحت تأثیر قرار گرفتن برآوردهای ارزش‌های اصلاحی حیوانات در مدل‌های مختلف، نتایج به تفکیک برای سه گروه مختلف حیوانات شامل کل جمعیت، جمعیت قوچ‌ها و جمعیت میش‌ها گزارش شده است. نتایج جدول ۴ نشان می‌دهد که برآوردهای ارزش اصلاحی حیوانات برای وزن تولد در مدل تک صفتی با آنچه از مدل‌های دو صفتی (وزن تولد-وزن شیرگیری و وزن تولد-وزن شش ماهگی) و مدل سه صفتی (وزن تولد-وزن شیرگیری-وزن شش ماهگی) بدست می‌آید به میزان زیادی همبسته می‌باشند. وجود این همبستگی‌های بالا احتمال رتبه‌بندی مجدد حیوانات را برای وزن تولد تقریباً بسیار کم می‌کند. همانطوری که در مقادیر پایین قطر که نشان دهنده همبستگی رتبه می‌باشند مشهود

بینی همان نتایج حاصل شده از مدل دو صفتی و سه صفتی برای ارزش‌های اصلاحی را دارد.

جدول ۴- مقادیر همبستگی پیرسون (بالای قطر) و همبستگی رتبه‌ای (پایین قطر) بین ارزش‌های اصلاحی حاصل از آنالیزهای یک و چند صفتی برای وزن تولد در کل جمعیت، قوچ‌ها و میش‌ها

| کل جمعیت | BW0 | BW0-BW3 | BW0-BW6 | BW0-BW3-BW6 |
|--------------|-------|---------|---------|-------------|
| BW0 | ۱ | ۰/۹۹۸ | ۰/۹۹۶ | ۰/۹۹۸ |
| BW0-BW3 | ۰/۹۹۸ | ۱ | ۰/۹۹۷ | ۰/۹۹۹ |
| BW0-BW6 | ۰/۹۹۶ | ۰/۹۹۶ | ۱ | ۰/۹۹۹ |
| BW0-BW3-BW6 | ۰/۹۹۷ | ۰/۹۹۷ | ۰/۹۹۸ | ۱ |
| جمعیت قوچ‌ها | BW0 | BW0-BW3 | BW0-BW6 | BW0-BW3-BW6 |
| BW0 | ۱ | ۰/۹۹۹ | ۰/۹۹۸ | ۰/۹۹۹ |
| BW0-BW3 | ۰/۹۹۹ | ۱ | ۰/۹۹۸ | ۰/۹۹۹ |
| BW0-BW6 | ۰/۹۹۶ | ۰/۹۹۷ | ۱ | ۰/۹۹۹ |
| BW0-BW3-BW6 | ۰/۹۹۸ | ۰/۹۹۹ | ۰/۹۹۹ | ۱ |
| جمعیت میش‌ها | BW0 | BW0-BW3 | BW0-BW6 | BW0-BW3-BW6 |
| BW0 | ۱ | ۰/۹۹۸ | ۰/۹۹۷ | ۰/۹۹۸ |
| BW0-BW3 | ۰/۹۹۷ | ۱ | ۰/۹۹۷ | ۰/۹۹۹ |
| BW0-BW6 | ۰/۹۹۶ | ۰/۹۹۶ | ۱ | ۰/۹۹۹ |
| BW0-BW3-BW6 | ۰/۹۹۷ | ۰/۹۹۹ | ۰/۹۹۸ | ۱ |

همبستگی‌ها در سطح $P < 0/0001$ معنی دار می‌باشند. BW0: وزن تولد، BW3: وزن شیرگیری، BW6: وزن شش ماهگی

مقادیر بالا نمی‌باشند. هنوز در جمعیت قوچ‌ها، قوچ‌های انتخاب شده دارای رتبه یکسانی در مدل چند صفتی و مدل تک صفتی نمی‌باشند. به طور مثال قوچ‌هایی که در مدل سه صفتی در رده اول تا چهارم قرار می‌گرفتند در مدل تک صفتی به ترتیب در رده‌های ۱، ۱۸، ۶ و ۵ قرار داشتند (جدول ۷).

ارزش‌های اصلاحی حیوانات برای وزن شیرگیری نیز در مدل‌های مختلف مقایسه شدند و نتایج در جدول ۵ نشان داده شده است. بر خلاف وزن تولد که ارزش‌های اصلاحی حیوانات در مدل‌های مختلف به میزان زیادی همبسته بود اما در وزن شیرگیری این مقادیر به میزان قابل توجهی کاهش یافت. همبستگی بین ارزش اصلاحی حیوانات در مدل تک صفتی و وزن شیرگیری با مدل سه صفتی آن در کل جمعیت و جمعیت میش‌ها تقریباً ۰/۹۰ و همبستگی رتبه نیز به ترتیب ۰/۸۹ و ۰/۹۰ بود. این نشان می‌دهد که حیوانات این دو جمعیت در دو مدل تک صفتی و سه صفتی رتبه‌بندی یکسانی نخواهند داشت. به عبارت بهتر حیواناتی که در مدل سه صفتی ممتاز شناخته شده و در رده‌های اول برای انتخاب قرار می‌گیرند لزوماً در مدل تک صفتی برتر نخواهند بود. این مسئله در هنگام انتخاب حیوانات برتر بسیار حائز اهمیت بوده و در برنامه ریزی‌های اصلاح نژادی باید مد نظر قرار گیرد.

هر چند مقادیر همبستگی در جمعیت قوچ‌ها به لحاظ عددی بالاتر از دو جمعیت دیگر بود ولی نظر به اهمیت حیوانات نر در اصلاح نژاد، باید گفت که به لحاظ عملی این

جدول ۵- مقادیر همبستگی پیرسون (بالای قطر) و همبستگی رتبه‌ای (پایین قطر) بین ارزش‌های اصلاحی حاصل از آنالیزهای یک و چند صفتی برای وزن شیرگیری در کل جمعیت، قوچ‌ها و میش‌ها

| کل جمعیت | BW3 | BW0-BW3 | BW3-BW6 | BW0-BW3-BW6 |
|--------------|-------|---------|---------|-------------|
| BW3 | ۱ | ۰/۴۲۹ | ۰/۹۷۶ | ۰/۹۰۵ |
| BW0-BW3 | ۰/۴۲۷ | ۱ | ۰/۴۳۸ | ۰/۷۳۶ |
| BW3-BW6 | ۰/۹۶۷ | ۰/۷۳۳ | ۱ | ۰/۹۱۷ |
| BW0-BW3-BW6 | ۰/۸۹۴ | ۰/۷۲۷ | ۰/۹۰۵ | ۱ |
| جمعیت قوچ‌ها | BW3 | BW0-BW3 | BW3-BW6 | BW0-BW3-BW6 |
| BW3 | ۱ | ۰/۹۴۱ | ۰/۹۸۲ | ۰/۹۳۰ |
| BW0-BW3 | ۰/۹۳۵ | ۱ | ۰/۹۲۷ | ۰/۹۹۳ |
| BW3-BW6 | ۰/۹۷۷ | ۰/۹۱۶ | ۱ | ۰/۹۳۲ |
| BW0-BW3-BW6 | ۰/۹۲۰ | ۰/۹۸۸ | ۰/۹۲۲ | ۱ |
| جمعیت میش‌ها | BW3 | BW0-BW3 | BW3-BW6 | BW0-BW3-BW6 |
| BW3 | ۱ | ۰/۹۱۳ | ۰/۹۸۶ | ۰/۹۰۹ |
| BW0-BW3 | ۰/۹۰۹ | ۱ | ۰/۸۹۹ | ۰/۹۹۴ |
| BW3-BW6 | ۰/۹۸۳ | ۰/۸۹۲ | ۱ | ۰/۹۰۸ |
| BW0-BW3-BW6 | ۰/۹۰۴ | ۰/۹۹۳ | ۰/۹۰۲ | ۱ |

همبستگی‌ها در سطح $P < 0.0001$ معنی دار می‌باشند. BW0: وزن تولد، BW3: وزن شیرگیری، BW6: وزن شش ماهگی

همبستگی ژنتیکی و محیطی بین وزن شش ماهگی و وزن تولد (جدول دو) نسبت داد. در حقیقت افزایش صحت نتایج آنالیز سه صفتی بیشتر ناشی از رابطه بین وزن شش ماهگی با وزن تولد است تا ناشی از رابطه بین وزن شش ماهگی با وزن شیرگیری و از آنجایی که در مدل دو صفتی BW0-BW6 از این رابطه به خوبی بهره گرفته شده است پس این مدل دو صفتی با مدل سه صفتی همبستگی بالایی نشان می‌دهد. این مسئله پیشنهاد می‌دهد چنانچه هزینه‌ها و قدرت محاسباتی یک محدودیت باشد، استفاده از آنالیز دو صفتی وزن شش ماهگی-وزن تولد با احتمال خیلی بالایی همان نتیجه آنالیز سه صفتی را برای ما خواهند داشت در حالی که محاسبات آن بسیار آسان‌تر است. به هر حال از مزایای مهم مدل چند صفتی افزایش صحت ارزیابی‌ها بوده که میزان افزایش آن به قدر مطلق تفاوت همبستگی‌های ژنتیکی و باقیمانده بستگی دارد و هر چه این تفاوت بیشتر باشد صحت ارزیابی‌ها نیز بیشتر خواهد بود (شفر، ۱۹۸۴).

مقادیر همبستگی ارزش‌های اصلاحی حیوانات برای صفت وزن شش ماهگی بر اساس مدل‌های مختلف در جمعیت قوچ‌ها همچنان بالاتر از دو گروه دیگر است ولی با توجه به اینکه معمولاً تعداد حیوانات نر انتخابی برای نسل بعد کم می‌باشد، به لحاظ عملی انتخاب قوچ بر اساس مدل تک صفتی وزن شش ماهگی نتایج زیان‌بارتری را به دنبال خواهد داشت. یک قوچ ممتاز و یک قوچ بد را در این گله در نظر بگیرید که

مقایسه مربوط به ارزش‌های اصلاحی حیوانات برای وزن شش ماهگی در جدول ۶ آورده شده است. روند کاهشی همبستگی‌های پیرسون و رتبه‌ای ارزش‌های اصلاحی بدست آمده حیوانات از مدل‌های مختلف برای صفت مذکور و در مقابل روند افزایشی اختلاف بین نتایج حاصل از مدل چند صفتی در مقابل مدل تک صفتی در این جدول نسبت به دو جدول قبلی مشهودتر است. دلیل مشاهده این روندها این است که حیوانات تا تولید رکورد شش ماهگی حداقل با دو مرحله انتخاب، حذف، کشتار و یا مسائلی از این قبیل مواجه بوده‌اند و مدل تک صفتی وزن شش ماهگی هیچ قابلیت‌هایی برای در نظر گرفتن این موارد در آنالیز ندارد. به طوری که همبستگی بین ارزش اصلاحی بدست آمده برای حیوانات بر اساس مدل تک صفتی و سه صفتی در کل جمعیت و جمعیت میش‌ها بسیار پایین (به ترتیب ۵۸٪ و ۵۶٪) می‌باشد. نتایج همبستگی رتبه مربوطه نیز در هر دو گروه نشان می‌دهد که به احتمال فقط ۵۷٪ حیوانات رتبه‌ای را که در مدل تک صفتی آورده‌اند در مدل سه صفتی هم کسب خواهند کرد که این مسئله رشد ژنتیکی ناشی از انتخاب حیوانات تنها بر اساس یک صفت را با چالش جدی رو به رو خواهد کرد. نکته جالب توجه در این جدول میزان همبستگی ۹۴-۹۳٪ بین ارزش‌های اصلاحی حیوانات حاصل از مدل دو صفتی BW0-BW6 با مدل سه صفتی BW0-BW3-BW6 برای هر سه گروه حیوانات می‌باشد که می‌توان آن را به میزان بالایی قدر مطلق تفاوت

برآورد- حتی ممکن است بالاتر از قوچ ممتاز- خواهد شد. اما آنالیز چند صفتی این ارباب را تصحیح خواهد کرد و رتبه‌بندی قوچ‌ها را با در نظر گرفتن تمام این اطلاعات ارائه می‌دهد. بنابراین یک راه افزایش صحت ارزش‌های اصلاحی برآورد شده استفاده از آنالیز چند صفتی به منظور بهره‌گیری کامل از داده‌ها و ترکیب اطلاعات مستقیم و غیر مستقیم روی صفات همبسته در اهداف اصلاحی است (تامسون و مایر ۱۹۸۶، ون در ورف و همکاران، ۱۹۹۲)

هر کدام از آنها دارای ۳۰ فرزند باشند. از قوچ ممتاز هیچ فرزندی حذف نخواهد شد در حالی که ممکن است از قوچ بد مثلاً حدود ۵۰-۴۰٪ فرزندان حذف شوند. اکنون مقایسه فرزندان این دو قوچ در صفات بعد از تولد و یا بعد از شیرگیری مزیت بزرگی به قوچ بد خواهد بخشید. چون وقتی که وزن شش ماهگی به تنهایی آنالیز می‌شود ۴۰٪ فرزندان بد این قوچ در رکورد قبلی حذف شده و در این جا هیچ رکوردی ندارند پس ارزش اصلاحی این قوچ تنها بر اساس فرزندان خوبش بدست خواهد آمد و بنابراین ارزش اصلاحی این قوچ بیش

جدول ۶- مقادیر همبستگی پیرسون (بالای قطر) و همبستگی رتبه (پایین قطر) بین ارزش‌های اصلاحی حاصل از آنالیزهای یک و چند صفتی برای وزن شش ماهگی در کل جمعیت، قوچ‌ها و میش‌ها

| کل جمعیت | BW6 | BW0-BW6 | BW0-BW6 | BW0-BW3-BW6 |
|--------------|-------|---------|---------|-------------|
| BW6 | ۱ | ۰/۵۳۲ | ۰/۶۱۱ | ۰/۵۷۹ |
| BW0-BW6 | ۰/۵۲۶ | ۱ | ۰/۵۴۹ | ۰/۹۳۷ |
| BW3-BW6 | ۰/۶۰۱ | ۰/۵۴۳ | ۱ | ۰/۷۹۲ |
| BW0-BW3-BW6 | ۰/۵۷۳ | ۰/۹۳۴ | ۰/۷۷۷ | ۱ |
| جمعیت قوچ‌ها | BW6 | BW0-BW6 | BW3-BW6 | BW0-BW3-BW6 |
| BW6 | ۱ | ۰/۵۹۲ | ۰/۷۰۴ | ۰/۶۶۹ |
| BW0-BW6 | ۰/۶۱۹ | ۱ | ۰/۵۸۴ | ۰/۹۳۳ |
| BW3-BW6 | ۰/۶۷۷ | ۰/۶۱۰ | ۱ | ۰/۸۱۳ |
| BW0-BW3-BW6 | ۰/۶۶۸ | ۰/۹۳۷ | ۰/۸۱۱ | ۱ |
| جمعیت میش‌ها | BW6 | BW0-BW6 | BW3-BW6 | BW0-BW3-BW6 |
| BW6 | ۱ | ۰/۵۴۱ | ۰/۵۵۱ | ۰/۵۶۳ |
| BW0-BW6 | ۰/۵۴۶ | ۱ | ۰/۵۲۹ | ۰/۹۴۱ |
| BW3-BW6 | ۰/۵۴۱ | ۰/۵۱۹ | ۱ | ۰/۷۷۲ |
| BW0-BW3-BW6 | ۰/۵۶۸ | ۰/۹۳۳ | ۰/۷۶۳ | ۱ |

همبستگی‌ها در سطح $P < 0.001$ معنی دار می‌باشند. BW0: وزن تولد، BW3: وزن شیرگیری، BW6: وزن شش ماهگی

تنها در حد دو-سه رتبه تغییر می‌کند. ولی این وضعیت برای وزن شیرگیری و مخصوصاً وزن شش ماهگی صدق نمی‌کند. نوسانات در وزن شش ماهگی به قدری شدید است که فقط قوچ ۱ در بقیه مدل‌ها نیز رتبه‌ای قابل مقایسه آورده است و رتبه‌های ۹ قوچ دیگر اصلاً همخوانی ندارند. به طور مثال قوچی که برای وزن شش ماهگی در مدل سه صفتی رتبه ۲ را داشته است در مدل تک صفتی رتبه ۹۱ و در مدل‌های دو صفتی وزن تولد-وزن شش ماهگی و وزن شیرگیری-وزن شش ماهگی به ترتیب رتبه‌های ۱ و ۶۳ را کسب کرده است.

جدول ۷ نتایج رتبه‌بندی قوچ‌های برتر در مدل‌های مختلف را نشان می‌دهد. ابتدا بر اساس نتایج مدل سه صفتی، برای هر صفت ۱۰ قوچ برتر با بالاترین ارزش‌های اصلاحی تعیین شدند، سپس رتبه‌ای که هر یک از این ۱۰ قوچ برتر در مدل تک صفتی و مدل‌های دو صفتی متناظر کسب می‌کردند، تعیین شد. بنابراین در هر سلول جدول هفت به ترتیب رتبه‌ای که آن قوچ در مدل تک صفتی و دو مدل دو صفتی متناظر می‌گیرد را نشان می‌دهد.

همانطور که در این جدول دیده می‌شود رتبه بندی قوچ‌ها برای وزن تولد، برای سه قوچ اول در مدل‌های مختلف به طور کامل تطابق دارد و برای هفت قوچ دیگر تغییرات بسیار کم و

جدول ۷- رتبه‌بندی ده قوچ برتر شناخته شده در مدل سه صفتی در مقایسه با سه مدل دیگر (تک صفتی و دوصفتی)

| | قوچ ۱ | قوچ ۲ | قوچ ۳ | قوچ ۴ | قوچ ۵ | قوچ ۶ | قوچ ۷ | قوچ ۸ | قوچ ۹ | قوچ ۱۰ |
|-----|-------|---------|---------|---------|--------|---------|---------|--------|----------|----------|
| BW0 | ۱-۱-۱ | ۲-۲-۲ | ۳-۳-۳ | ۴-۴-۵ | ۵-۵-۴ | ۶-۶-۶ | ۹-۸-۷ | ۸-۷-۸ | ۱۰-۹-۹ | ۱۳-۱۲-۱۰ |
| BW3 | ۱-۱-۱ | ۱۸-۲-۲۰ | ۶-۳-۴ | ۵-۶-۵ | ۱۰-۸-۷ | ۳-۵-۳ | ۲-۷-۲ | ۴-۴-۸ | ۷-۹-۱۳ | ۲۴-۱۲-۱۷ |
| BW6 | ۱-۲-۲ | ۹۱-۱-۶۳ | ۲۱-۳-۱۸ | ۹۲-۴-۴۷ | ۴-۱۳-۴ | ۷۱-۶-۳۹ | ۱۶-۸-۳۲ | ۹-۵-۶۲ | ۴۵-۱۰-۲۲ | ۲۳-۱۸-۱۱ |

BW0: وزن تولد، BW3: وزن شیرگیری، BW6: وزن شش ماهگی

نتیجه‌گیری

نشد. اگر چه در این مطالعه همواره همبستگی‌های پیرسون و رتبه‌ای نتایج حاصل از مدل تک صفتی و دو صفتی با مدل چند صفتی برای جمعیت قوچ‌ها از دو گروه دیگر (کل جمعیت و جمعیت میش‌ها) بالاتر بود ولی با توجه به نقش حیوانات نر در بهبود ژنتیکی در هر برنامه‌ی اصلاح نژادی، باید گفت که هنوز این مقادیر بقدری بالا نیستند که رتبه‌بندی قوچ‌ها تغییر نکند. اگر چه هزینه‌های محاسباتی و زمان مورد نیاز برای انجام یک آنالیز چند صفتی بسته به تعداد صفت موجود در مدل، چندین برابر یک آنالیز یک صفتی است اما با توجه به حجم داده‌های موجود و پیشرفت‌های حاصل شده در قدرت محاسباتی رایانه‌ها و شیوه‌های محاسباتی به نظر نمی‌آید که استفاده از مدل‌های چند صفتی یک عامل محدود کننده باشد.

سپاسگزاری

بدینوسیله از کارکنان مرکز اصلاح نژاد کشور برای در اختیار قرار دادن داده‌ها تقدیر و تشکر می‌شود.

توسعه ارزیابی‌های ژنتیکی مؤثر و بهبود برنامه‌های اصلاحی در حیوانات نیاز به آگاهی از مؤلفه‌های واریانس-کوواریانس و پس از آن محاسبه پارامترهایی نظیر وراثت پذیری و در نهایت ارزش‌های اصلاحی دارد. بنابراین پیش بینی ارزش ژنتیکی دام‌ها برای صفات مختلف یک موضوع اصلی در اصلاح نژاد دام می‌باشد. در این زمینه انتخاب مدل یک موضوع تصمیم‌گیری است که انتخاب صحیح آن می‌تواند دقیق‌ترین برآوردها را ارائه دهد. در این مطالعه برآورد همبستگی‌های ژنتیکی و باقیمانده بین صفات در مدل‌های مختلف به طور قابل ملاحظه‌ای متفاوت بود. بنابراین ارزش‌های اصلاحی حیوانات نیز تحت تأثیر آنها و سایر پارامترها در مدل‌های مختلف تفاوت چشمگیری داشتند. به همین دلیل رتبه‌بندی حیوانات در مدل‌های مختلف روند غیر یکسانی را دنبال می‌کند. بیشترین تفاوت رتبه‌بندی حیوانات در مدل‌های مختلف برای وزن شش ماهگی و پس از آن برای وزن شیرگیری رخ داد. برای وزن تولد تفاوت خیلی زیادی در مدل‌های تک صفتی و چند صفتی دیده

منابع

- راشدی ده صحرائی، آ.، فیاضی، ج.، وطن‌خواه، م. و بیگی نصیری، م.، ۱۳۹۲. برآورد اجزای (کو)واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی صفات رشد در بره‌های لری بختیاری با استفاده از روش نمونه‌گیری گیبس. نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان. شماره ۲، صفحات ۱۲۸-۱۰۹.
- وطن‌خواه، م.، مرادی شهر بابک، م.، نجاتی جوارمی، ا.، واعظ ترشیزی، ر. و میرایی آشتیانی، س.ر.، ۱۳۸۴. بررسی خصوصیات فنوتیپی و ژنتیکی صفات رشد در بره‌های لری بختیاری. مجله علوم کشاورزی ایران. شماره ۶. صفحات ۱۴۶۳-۱۴۵۵.
- وطن‌خواه، م.، طالبی، م. و ادريس، م.، ۱۳۸۶. بررسی تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی صفات اقتصادی میش در یک گله گوسفند لری بختیاری. مجله علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی. شماره ۴۱، صفحات ۳۹۰-۳۸۱.
- Abbasi, M., Abdollahi-Arpanahi, R., Maghsoudi, A., Torshizi, R. V. and Nejati-Javaremi, A., 2012. Evaluation of models for estimation of genetic parameters and maternal effects for early growth traits of Iranian Baluchi sheep. *Small Ruminant Research*, 104(1), 62-69.
- Aynalem, H., 2006. Genetic and Economic Analysis of Ethiopian Boran Cattle and their Crosses with Holstein Friesian in Central Ethiopia. A Ph. D. Thesis division of dairy cattle breeding National dairy research institute, Karnal-132001 (Haryana), India.
- Di, J., Zhang, Y., Tian, K.-C., Liu, J.-F., Xu, X.-M., Zhang, Y.-J. and Zhang, T.-H., 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(1), 278-288.
- Hanford, K. J., Van Vleck, L. D. and Snowden, G., 2002. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Columbia sheep. *Journal of Animal Science*, 80(12), 3086-3098.

- Jafaroghli, M., Rashidi, A., Mokhtari, M. and Shadparvar, A., 2010. (Co) Variance components and genetic parameter estimates for growth traits in Moghani sheep. *Small Ruminant Research*, 91(2), 170-177.
- Miraei-Ashtiani, S. R., Seyedalian, S. A. R. and Moradi Shahrababak, M., 2007. Variance components and heritabilities for body weight traits in Sangsari sheep, using univariate and multivariate animal models. *Small Ruminant Research*, 73(1), 109-114.
- Mrode, R. A., 2014. *Linear models for the prediction of animal breeding values*: Cabi.
- Meyer, K., 2006. *WOMBAT: A Program for Mixed Model Analyses by Restricted Maximum Likelihood: User Notes*. Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale, 55 pp.
- Ozcan, M., Ekiz, B., Yilmaz, A. and Ceyhan, A., 2005. Genetic parameter estimates for lamb growth traits and greasy fleece weight at first shearing in Turkish Merino sheep. *Small Ruminant Research*, 56(1), 215-222.
- SAS, 2008. Release 9.2. SAS Institute Inc., Cary, North Carolina, USA.
- Schaeffer, L., 1984. Sire and cow evaluation under multiple trait models. *Journal of Dairy Science*, 67(7), 1567-1580.
- Shokrollahi, B. and Baneh, H., 2011. (Co) variance components and genetic parameters for growth traits in Arabi sheep using different animal models. *Genetics and molecular research: GMR*, 11(1), 305-314.
- Thompson, R. and Meyer, K., 1986. A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multi-trait selection. *Livestock Production Science*, 15(4), 299-313.
- Van der Werf, J., Van Arendonk, J. and De Vries, A., 1992. Improving selection of pigs using correlated characters. Paper presented at the Proceedings of the 43rd EAAP Annual Meeting, Madrid, Spain.

Evaluation of different animal models to predict breeding value for growth traits in Lori Bakhtiari sheep

S.M. Hosseini Vardanjani¹, M. Tahmoorespur^{2*}, M.M. Shariati³ and H. Moradi Shahrebabak⁴

1, 2, 3- PhD Student of Animal Breeding and Genetic, Professor and Assistant Professor, Ferdowsi University of Mashhad and 4- Assistant Professor, College of Agriculture and Natural Resource, University of Tehran, Karaj

*Corresponding Author Email: m_tahmoorespur@yahoo.com

Submitted: 25 February 2015

Accepted: 17 May 2016

Abstract

Accurate prediction of breeding value of animals is influenced by several factors such as selection of the best genetic analysis model. For this purpose, pedigree and phenotypic information of birth weight (BW0), weaning weight (BW3) and six-month weight (BW6) of Lori-Bakhtiari sheep from 1989 to 2011 were used. (Co) variance components were estimated by Restricted Maximum Likelihood (REML) with different univariate and multivariate animal model. The results showed that heritability of traits is constant in different two and three trait models (0.47, 0.27 and 0.12 for BW0, BW3 and BW6, respectively), but absolute difference between the genetic and residual correlations changed up to %11 in different models (0.23, 0.32 and 0.65 in two-trait *vs.* 0.19, 0.31 and 0.54 in three-trait for BW3-BW6, BW0-BW3 and BW0-BW6 analyses, respectively). The correlation coefficients between animal breeding values were principally upper 0.99 for BW0 in different models, whereas these coefficients for BW3 in total population were 0.43-0.97, in ewe population 0.89-0.98 and in rams population 0.92-0.99, and for BW6 in total population 0.53-0.93, in ewes population 0.52-0.94 and in rams population 0.58-0.93. Rank correlations were also high for BW0 in three studied populations, but BW3 rank correlations between single with two and three-trait models in three populations were 0.42-0.96, 0.90-0.98 and 0.92-0.97, and for BW6 0.52-0.60, 0.54-0.56 and 0.61-0.67, respectively. The results showed that there was no difference between different models to predict breeding values of birth weight, but differences were significant for other two traits.

Keywords: Model selection, Growth trait, Correlation, Breeding value, Lori Bakhtiari sheep