مجله علوم كشاورزي ايران
جلد ۳۷، شماره ۱، سال ۱۳۸۵ (۸۲-۷۳)

برآورد مولفه های (کو) واریانس و پارامترهاي ژنتيكي كل وزن شیرگیری بره‌های هر میش تحت آمیزش در نژاد لُري بختياري

كورش غلامحسيني[۱]، رسول واعظ ترشيزي[۲] و محمود وطن‌خواه[۳]
۱، ۲، دانشجوي سابق كارشناسي ارشد و استاديار دانشكده كشاورزي دانشگاه تربيت مدرس
۳، عضو هيئت علمي مركز تحقيقات كشاورزی و منابع طبيعی استان چهارمحال و بختياري، شهركرد
تاريخ پذيرش مقاله ۸٤/۱/۲٤

خلاصه

در اين تحقيق، از وزن شيرگيري ٤۱۷۹ رأس بره حاصل از آميزش ۱۰۰۵ رأس ميش نژاد لري بختياري با ۲۲۵ قوچ اين نژاد، كه در طي ۱٤ سال (۱۳٦۸ تا ۱۳۸۱) توسط ايستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند لري بختياري واقع در استان چهارمحال و بختياري جمع آوري شده بود، براي برآورد مولفه های (کو)واریانس و پارامترهاي ژنتيكي صفت كل وزن شيرگيري بره‌هاي هر ميش تحت آميزش در زايش اول تا پنجم استفاده شد. برآوردها با استفاده از روش حداكثر درستنمايي محدود شده و بر اساس مدل‌هاي حيواني يك متغيره، ركوردهاي تكرار شده و چند متغيره انجام شد. ميانگين كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در زايش‌هاي اول، دوم، سوم، چهارم و پنجم به ترتيب، ۵/۷۰ ± ۲۸/۹۵، ٦/۹۹ ± ۳۰/۸٦، ۸/٤۱ ± ۳۱/۸۹، ۸/۷۸ ± ۳۲/۲۹ و ۸/۰۱ ± ۳۲/۳٦ كيلوگرم بود. در تجزيه و تحليل‌هاي يك متغيره دو مدل حيواني براي بررسي اثر ژنتيكي افزايشي مستقيم و اثر قوچ مولد استفاده شد. بر اساس اين روش، وراثت‌پذيري كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش از۰/۰۹۰(براي زايش سوم) تا ۰/۱۸۲(براي زايش چهارم) متغير بود. اين برآوردها براي نسبت واريانس قوچ مولد به واريانس فنوتيپي بسيار ناچيز و نزديك به صفر بود. برآورد وراثت‌پذيري و تكرارپذيري حاصل از تجزيه و تحليل ركوردهاي تكرار شده براي اين صفت به ترتيب ۰/۱۰٤ و ۰/۳۳۲ بود. همبستگي های ژنتيكي افزايشي بين صفات كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در زايش هاي مختلف مثبت بوده، دامنه ای از ۰/۳۵۹ (بين زايش اول و پنجم) تا ۸٤٤/ ۰ (بين زايش چهارم و پنجم) داشت. اين برآوردها براي همبستگي‌هاي فنوتيپي از ۰/۳۰۰ (بين زايش دوم و پنجم) تا ۰/٦٦۷ (بين زايش چهارم و پنجم) متغير بود.

واژه‌های كليدي: پارامترهاي ژنتيكي، كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش تحت آميزش، مدل حيواني، روش حداكثر درستنمايی محدود شده، گوسفند لري بختياري

مقدمه

در حال حاضر هدف اصلي از پرورش گوسفند، توليد گوشت مي‌باشد. در نژادهايي كه هدف اصلي از پرورش آنها توليد پشم است نيز توليد گوشت جزو اهداف اصلي برنامه‌هاي اصلاحي قرار دارد. در نژادهاي گوشتي، ۷۰ تا ۸۰ درصد از كل درآمد حاصل از پرورش گوسفند مربوط به توليد گوشت است (۱۷). علاوه بر صفات رشد كه مهمترين اجزاء مؤثر بر گوشت حاصل از يك دام می باشد، صفات توليد مثل و ساير صفات وابسته به آن كه اغلب در انتخاب و اصلاح لاين‌هاي مادري در نظر گرفته مي‌شوند، اهميت زيادي دارند. در يک سيستم توليد گوشت، بازده توليد

مكاتبه كننده: رسول واعظ‌ترشيزي
e-mail:rasoult@modares.ac.ir

به ازای هر حیوان را می‌توان با زیاد کردن بازده تولید مثل از طریق افزایش باروري و چندقلوزايي و کاهش چرخه تولید مثل (چندبارزايي) افزایش داد (٥، ١٠، ٢٢). در شرایط نامطلوب و سخت اگر چه ممکن است با بهبود عوامل تولید مثلي فوق، تعداد بره‌هاي متولد شده از هر میش افزایش داده شود اما ممکن است کیفیت لاشه بره‌هاي توليدي مناسب نباشد (٢٣، ٢٤). به عبارت دیگر, در مناطق با منابع محدود غذایي، افزایش تعداد بره‌ها در هر زایش ممکن است سبب افزایش بازده و سود حاصل از پرورش گوسفند نشود (٨، ١٧، ١٨). براي نژادهاي گوشتي و دو منظوره، بررسي‌ها نشان داده است که کل وزن شیرگیری بره‌هاي هر میش تحت آمیزش در هر سال، مناسب‌ترین معیار تعیین توان تولید مثلي گله بوده و مي‌تواند به عنوان يكي از اهداف اصلاح نژاد در نظر گرفته شود. این صفت از آن جهت اهمیت دارد که ظرفیت کلی میش را از نظر باروري، چندقلوزايي، مانده گاری بره و قدرت مادري نشان می دهد (٥، ٢٠، ٢١).

گوسفند لري بختياري بعنوان يكي از نژادهاي سنگين وزن ایران، نژاد غالب استان چهارمحال و بختیاري می باشد. جمعیت این نژاد حدود يك ميليون رأس بوده و ٣/٠٣ درصد جمعیت گوسفند و بره کشور را تشکیل می دهد (١). چون صفات تولید مثل يكي از اجزای مهم در گوشت توليدي دام مي‌باشد بنابراین پیشرفت در صفات رشد از طریق بهبود صفت کل وزن شیرگیری بره‌هاي هر میش تحت آمیزش در هر زایش مي‌تواند باعث بهبود وضعیت اقتصادی دامپروران شود. در ضمن بدلیل کم بودن چند قلوزايي در این نژاد (حدود ١٦ درصد)، انتخاب بر اساس صفات تولید مثل ترکیبي مي‌تواند بطور غیرمستقیم باعث بهبود اجزای آن گردد. با توجه به اینکه در انتخاب حیوانات برتر به عنوان والدین نسل بعد بر اساس یک یا چند صفت لازم است پارامتر های ژنتیکی آن صفات معلوم باشند, بنابراین در بررسي حاضر مولفه های (کو)واریانس و پارامترهاي ژنتيكي صفت کل وزن شیرگیری بره‌هاي هر میش تحت آمیزش در زایش های مختلف برآورد و اثر قوچ مولد بر این صفات مطالعه می شود.

مواد و روش‌ها

الف) مدیریت

پرورش گله مورد استفاده در ایستگاه به‌صورت نیمه بسته مي‌باشد. گوسفندان از اواسط مرداد ماه (آماده کردن براي آمیزش) تا اواسط آبان ماه در مراتع مصنوعی شامل یونجه، اسپرس و پس چر غلات تعلیف شده سپس از اواسط آبان تا اردیبهشت در داخل سالن و بصورت دستي تغذیه شده و از اردیبهشت تا مرداد ماه نیز در مراتع اطراف ایستگاه پرورش داده مي‌شوند. قوچ اندازي در گله در اواسط شهریور ماه انجام مي‌شود. آمیزش حیوانات بصورت کنترل شده بوده و آمیزش تا ٣ دوره فحلي ادامه دارد. زایش از اوایل بهمن ماه شروع شده و تا ٢ ماه ادامه دارد. بره‌ها بعد از تولد توزین و بوسیله شماره مشخص مي‌شوند. علاوه بر این بره‌ها در ١، ٣، ٦، ٩ و ١٢ ماهگي نیز توزین شده و وزن آنها ثبت مي شود. میانگین سن شیرگیري بره‌ها ٥ ± ٩٠روزگي بوده و بعد از شیرگیری بره‌هاي ماده بصورت چراي آزاد و بره‌هاي نر بصورت دستي (تا ٦ ماهگي) تغذیه مي‌شوند.

ب) داده ها

در این تحقیق، از داده هاي وزن شیرگیري ٤١٧٩ بره حاصل از آمیزش ١٠٠٥ میش نژاد لري بختياري با ٢٢٥ قوچ, که در طي سالهاي ١٣٦٨ تا ١٣٨١ (١٤ سال) توسط ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند لري بختياري واقع در شهرستان شهرکرد جمع آوری شده است, استفاده شد. در این ایستگاه اطلاعـات مربوط به آمیزش، زایش و پشم‌چیني مربوط به قوچ‌ها، میش‌ها و بره ها در دفاتر مخصوص ثبت شده و سپس با استفاده از بانك اطلاعاتي فاکس پرو[1] (٩) در رایانه ثبت مي‌شوند.

در تحقیق حاضر، کل وزن شیرگیری بره‌هاي هر میش تحت آمیزش[2] (TWW/EJ) در زایش های اول تا پنجم با استفاده از وزن شیرگیري بره‌هاي هر میش در يك سال زایش معین بوسیله نرم افزار اکسل[3] (٧) محاسبه و به بانك اطلاعاتي

1. FoxPro
2. Total weight of lamb weaned per ewe joined
3. Excel

قبل اضافه شد. براي محاسبه، ابتدا متوسط سن شيرگيري همه بره ها در هر سال زايش بدست آورده شد. چون متوسط سن از شيرگيري در طي١٤ سال برابر ٩٠/٤٢ روز بود، وزن شيرگيري همه بره ها بر اساس سن ٩٠ روزگي تصحيح گرديد. سپس وزن شيرگيري تصحيح شده، براي جنس بره ها نيز تصحيح شد. ضرايب تصحيح جنس با استفاده از روش حداقل مربعات و با كمك نرم‌افزار هاروي (١١) محاسبه شد. براي جلوگيري از بيش از حد برآورد شدن كل وزن شيرگيری بره‌هاي دو قلو، تصحيحي براي تيپ تولد انجام نگرفت. كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش براي هر دوره، از جمع وزن بره‌هاي هر ميش در آن دوره محاسبه شد. ساختار داده‌هاي صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در دوره های زايش اول تا پنجم در جدول ١ نشان داده شده است.

چون عدم زايش در يك سال باعث مي‌شود كه وزن تولد و وزن شيرگيري بره ها در زايش بعد بيشتر شود، بنابراين از اطلاعات ميش‌های با سن ٢ يا كمتر از ٢ سال استفاده شد. براي هر زايش بعد (زايش هاي ٢ تا ٥)، داده‌هايي در نظر گرفته شد كه اطلاعات دوره‌هاي قبل از خود را داشته باشند. براي مثال، شرط استفاده از ركوردهاي يك ميش در دوره زايش دوم داشتن دوره زايش اول و در دوره زايش سوم داشتن دوره‌هاي زايش اول و دوم بود.

ج) تجزيه و تحليل‌هاي آماري

داده‌ها با استفاده از روش حداكثر درستنمايي محدود شده (REML) و مدل حيواني به صورت‌هاي زير تجزيه و تحليل شدند:

ج -١) تجزيه و تحليل يك متغيره

در اين روش كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در زايش های اول تا پنجم به عنوان صفات متفاوت در نظر گرفته شدند. با و بدون در نظر گرفتن اثر قوچ مولد[1] دو مدل زير براي اين صفات برازش شد:

$$y = Xb + Z_a a + e \qquad (١$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_s s + e \qquad (٢$$

در اين مدل‌ها؛ y، بردار مشاهدات كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در هر دوره زايش؛ b بردار اثر ثابت سال زايش ميش (در زايش اول ١٣ و در ساير زايش ها ١٢ سطح) و سن ميش (شامل ٢ سطح)؛ a، بردار اثر ژنتيكي افزايشي مستقيم؛ s، بردار اثر تصادفي قوچ مولد؛ و e بردار اثر تصادفي باقي‌مانده است. همچنين X، Z_a و Z_s ماتريس‌هايي هستند كه ركوردها را به ترتيب به اثر عوامل ثابت، اثر ژنتيكي افزايشي مستقيم و اثر قوچ ربط مي‌دهند.

1. Service sire

جدول ١ - ساختار داده هاي صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش مورد آميزش در زايش های مختلف

	TWW/EJ				
	زايش اول	زايش دوم	زايش سوم	زايش چهارم	زايش پنجم
حيوانات پايه	٤٧٠	٤١٤	٤٠٤	٣٩٠	٣٥٥
حيوانات داراي ركورد	١٠٠٥	٦٩٢	٦٥٩	٥٠٥	٣٥١
حيوانات داراي پدران نامعلوم	١٨٦	١٣٥	١٠٠	٩٣	٨٢
حيوانات داراي مادران نامعلوم	٢١٨	١٩٤	١٧٢	١٦٨	١٦٠
تعداد پدران داراي ركورد	١٤٤	١١٥	١١٥	٩٥	٧١
تعداد مادران داراي ركورد	٥٠١	٣٢٠	٣٠٨	٢٠٤	١١١
متوسط تعداد نتاج هر پدر	٧	٦	٦	٥	٥
متوسط تعداد نتاج هر مادر	٢	٢	٢	٢	٣
ميانگين (انحراف معيار) به كيلوگرم	٢٨/٩٥(٥/٧١)	٣٠/٨٦(٦/٩٩)	٣١/٨٩(٨/٤١)	٣٢/٢٩(٨/٧٩)	٣٢/٣٦(٨/٠٢)
ضريب تغييرات (درصد)	١٩/٦٩	٢٢/٦٦	٢٦/٣٧	٢٧/٢١	٢٤/٧٧

برای این مدل ها, امید های ریاضی و واریانس و کواریانس‌ها به شرح زیر بود:

$$E(y) = Xb$$
$$E(a) = E(s) = E(e) = 0$$
$$Var(a) = A\sigma_a^2$$
$$Var(s) = I\sigma_s^2$$
$$Var(e) = I\sigma_e^2$$
$$Var(y) = Z_a A\sigma_a^2 Z_a' + Z_s I\sigma_s^2 Z_s' + I\sigma_e^2$$
$$Cov(a,s) = Cov(a,e) = Cov(s,e) = 0$$

در این روابط, A ماتریس روابط خویشاوندی, I ماتریس واحد, σ_a^2 واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم, σ_s^2 واریانس اثر قوچ مولد, و σ_e^2 واریانس باقی مانده می باشند.

برای حداکثر نمودن تابع درستنمایي از روش سیمپلکس[1] (۱٦) و نرم‌افزار DFREML [2] (۱۵) استفاده شد. معیار همگرایي[3] براي توقف تکرارها 10^{-8} در نظر گرفته شد. براي بررسي اهمیت اثر قوچ از آزمون نسبت درستنمایي[4] استفاده شد. در این آزمون مربع کاي (χ^2) محاسبه شدة با مربع کاي جدول با یك درجه آزادي مقایسه شد. چنانچه تفاوت مدل‌ها از نظر آماري در سطح ۵ درصد معني‌دار نبود مدل ۱ به عنوان مناسب‌ترین مدل در نظر گرفته شد.

ج –۲) تجزیه و تحلیل رکوردهاي تکرار شده

مدل مورد استفاده براي برآورد اثر محیطي دائمي مربوط به حیوان[5] (میش) براي پیش‌بیني احتمال تکرار رکورد در سایر دوره‌ها (تکرارپذیري) به فرم ماتریسی به صورت زیر است:

$$y = Xb + Z_a a + Z_{pe} pe + e \qquad (۳$$

در این مدل؛ y، بردار مشاهدات تکرار شده در زایش های اول تا پنجم مي‌باشد. همچنین Z_{pe} ماتریسي است که رکوردها را به اثر تصادفی محیطي دائمي حیوان مرتبط می نماید و pe نیز بردار اثر تصادفي محیطي دائمي میش است. سایر عوامل مشابه مدل ۱ است ولی بردار b علاوه بر سال زایش شامل سن میش (۵ سطح) نیز مي‌باشد. برای این مدل, فرض می‌شود که $E(pe) = 0$, $Var(pe) = I\sigma_{pe}^2$, و $Var(y) = Z_a A\sigma_a^2 Z_a' + Z_{pe} I\sigma_{pe}^2 Z_{pe}' + I\sigma_e^2$ باشد.

اجزاي این روابط مشابه مدل یک بوده و σ_{pe}^2 نیز واریانس محیطی دائمی حیوان است. با استفاده از مؤلفه‌هاي برآورد شده، تکرارپذیري (r) از رابطه زیر محاسبه شد:

$$r = (\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2)/(\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2) \qquad (٤)$$

در تجزیه و تحلیل رکوردهاي تکرار شده فرض شد که واریانس ژنتیکي صفت کل وزن شیرگیری بره‌هاي هر میش در زایش های اول تا پنجم یکسان, همبستگي ژنتیکي افزایشي بین زایش های اول تا پنجم برابر یك و همبستگي محیطي بین آنها ثابت باشد. تابع درستنمایي در یك مرحله و با استفاده از روش سیمپلکس (۱٦) و برنامه DFREML (۱۵) حداکثر شد. معیار همگرایي براي توقف تکرارها 10^{-8} در نظر گرفته شد.

ج –۳) تجزیه و تحلیل چند متغیره

در این روش تجزیه و تحلیل، از واریانس های ژنتیکي افزایشي و باقي‌مانده برآورد شده بر اساس مناسب ترین مدل حاصل از تجزیه و تحلیل یك متغیره به عنوان پیش برآورد واریانس‌هاي مورد نیاز استفاده شد. حداکثر نمودن تابع درستنمایي در دو مرحله با استفاده از روش پاول[6] (۱۹) و برنامه DFREML (۱۵) انجام شد. در مرحله اول، با ثابت فرض کردن واریانس‌هاي ژنتیکي افزایشي مستقیم و باقي‌مانده برآورد شده از تجزیه و تحلیل یك متغیره، کوواریانس‌هاي ژنتیکي افزایشي مستقیم و باقي‌مانده بین صفات برآورد شدند. سپس در مرحله بعد، از کوواریانس‌هاي برآورد شده به همراه واریانس‌هاي اولیه براي برآورد نهایي پارامترها استفاده شد. معیار همگرایي در هر دو مرحله 10^{-8} منظور شد.

نتایج و بحث

الف) تجزیه و تحلیل یك متغیره

برآورد واریانس‌هاي ژنتیکي افزایشي مستقیم، قوچ مولد، باقي‌مانده و فنوتیپي، وراثت‌پذیري و اثر قوچ مولد به عنوان نسبتي از واریانس فنوتیپي زایش های اول تا پنجم براي صفت کل وزن شیرگیری بره‌هاي هر میش بر اساس تجزیه و تحلیل

1. Simplex method
2. Derivative-free restricted maximum likelihood
3. Convergence criterion
4. Likelihood ratio test
5. Permanent environmental effects due to animal
6. Powell method

يك متغيره براي مدل‌هاي ۱ و ۲ در جدول ۲ ارائه شده است. در تجزيه و تحليل يك متغيره، برآورد پارامترهاي ژنتيكي زايش دوم تا پنجم ممكن است در نتيجه حذف حيوانات بر اساس عملكرد زايش اول و در نظر نگرفتن آن در تجزيه و تحليل داده‌هاي زايش هاي بعد، اريب باشد. اين اريبي با مقايسه وراثت‌پذيري های برآورد شده از روش يك و چند متغيره قابل تشخيص می باشد.

با منظور نمودن قوچ به عنوان يک اثر تصادفي اضافي، افزايش مقدار لگاريتم درستنمايي نسبت به مدل يک براي هيچيك از صفات معني‌دار نبود ($P>0/05$). با توجه به كم بودن واريانس اثر قوچ (۰/۰۰۰۳ تا ۰/۰۰۹۵)، مقدار بسيار كم نسبت اين واريانس به واريانس فنوتيپي (صفر تا ۰/۰۰۱ درصد) و عدم تفاوت بين وراثت‌پذيري‌هاي حاصل از دو مدل، مدل يک به عنوان مناسب ترين مدل براي كليه صفات در نظر گرفته شد.

معني‌دار نبودن اثر قوچ مولد در بررسي‌هاي ماتيكا و همكاران (۲۰۰۱) و رساتي و همكاران (۲۰۰۲) نيز گزارش شده است. در مطالعه اين محققين ۰/۲۶ تا 5/52 درصد واريانس فنوتيپي به اثر قوچ مولد نسبت داده شده است. بروملي و همكاران (۲۰۰۱)، واريانس قوچ مولد و نسبت واريانس آن به واريانس فنوتيپي در نژادهاي كلمبيا، پلي‌پي، رامبويه و تارگي براي صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در طول عمر اقتصادي هر ميش را با استفاده از مدل حيوان و روش REML برآورد كرده ، مقادير آنرا به ترتيب, ۰/۰۰ و ۰/۰۰؛ ۱۱/۲۰ و ۰/۰۳؛ ۳/۱۰ و ۰/۰۱؛ و ۰/۱۰ و ۰/۰۰ گزارش نمودند. به طور كلی, نتايج بررسي حاضر برای اثر قوچ مولد در دامنه برآوردهاي حاصل براي ساير نژادها می باشد.

برآورد واريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش زايش اول بر اساس مدل مناسب (مدل ۱) ۴/95 و وراثت‌پذيري آن ۰/۱۶۶ بود. مقدار وراثت‌پذيري براي زايش دوم با ۲۳/۶۸ درصد كاهش نسبت به زايش اول، ۰/۱۲۷، و براي زايش سوم با ۲۸/۰۳ درصد كاهش نسبت به زايش دوم، ۰/۰۹۱ برآورد شدند.

جدول ۲- مؤلفه هاي واريانس ژنتيكي افزايشي، باقي‌مانده, فنوتيپي، و وراثت‌پذيري صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در زايش های اول تا پنجم بر اساس تجزيه و تحليل يك متغيره

صفت	مدل	مؤلفه‌هاي واريانس و پارامترها*						
		σ^2_a	σ^2_s	σ^2_e	σ^2_p	h^2 (s.e.)	s^2 (s.e.)	Log L
TWW1/EJ	۱	۴/۹۵	--	۲۴/۸۰	۲۹/۷۵	۰/۱۶۶(۰/۰۵۹)	--	-۲۲۰۰/۰۵
	۲	۴/۹۱	۰/۰۰۴۶	۲۴/۸۷	۲۹/۷۹	۰/۱۶۵(۰/۰۵۰)	۰/۰۰۰۱(۰/۰۰۱)	-۲۱۹۹/۱۴
TWW2/EJ	۱	۵/۷۲	--	۳۹/۲۶	۴۴/۹۸	۰/۱۲۷(۰/۰۸۶)	--	-۱۶۵۴/۲۸
	۲	۵/۷۰	۰/۰۰۶۷	۳۹/۲۹	۴۴/۹۹	۰/۱۲۷(۰/۰۸۹)	۰/۰۰۰۱(۰/۰۰۲)	-۱۶۵۴/۰۷
TWW3/EJ	۱	۵/۸۵	--	۵۸/۲۷	۶۴/۱۱	۰/۰۹۱(۰/۰۷۴)	--	-۱۶۸۸/۸۹
	۲	۵/۸۴	۰/۰۰۴۱	۵۸/۷۷	۶۴/۶۱	۰/۰۹۰(۰/۰۷۴)	۰/۰۰۰۰(۰/۰۰۰)	-۱۶۸۸/۳۶
TWW4/EJ	۱	۱۲/۹۰	--	۵۷/۶۸	۷۰/۵۸	۰/۱۸۲(۰/۰۸۹)	--	-۱۳۱۳/۲۱
	۲	۱۲/۸۴	۰/۰۰۹۵	۵۷/۷۵	۷۰/۶۰	۰/۱۸۲(۰/۰۷۴)	۰/۰۰۰۱(۰/۰۰۲)	-۱۳۱۳/۱۷
TWW5/EJ	۱	۵/۲۲	--	۵۱/۰۵	۵۶/۲۶	۰/۰۹۴(۰/۱۲۰)	--	-۸۶۸/۹۷
	۲	۵/۱۸	۰/۰۰۰۳	۵۱/۱۲	۵۶/۳۰	۰/۰۹۲(۰/۱۲۰)	۰/۰۰۰۰(۰/۰۰۰)	-۸۶۷/۵۴

* σ^2_a واريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم، σ^2_s واريانس تصادفي مربوط به قوچ تلاقي‌گر، σ^2_e واريانس باقي‌مانده، σ^2_p واريانس فنوتيپي، h^2 وراثت‌پذيري s^2 نسبت واريانس قوچ تلاقي‌گر به واريانس فنوتيپي, s.e. خطاي معيار و Log L لگاريتم درستنمايی می‌باشند.

كاهش وراثت‌پذيري از زايش اول تا سوم با توجه به زياد شدن واريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم (٤/٩٥ براي زايش اول در مقايسه با ٥/٨٥ براي زايش سوم) مي‌تواند ناشی از افزايش واريانس باقي‌مانده (٢٤/٨٠ براي زايش اول در مقايسه با ٥٨/٢٧ براي زايش سوم) باشد. براي صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در زايش چهارم، افزايش نسبتاً چشمگيري در واريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم و وراثت‌پذيري آن (به ترتيب ١٢٠/٦٨ درصد و ٩٩/٥٦ درصد نسبت به زايش سوم) مشاهده شد. با توجه به كاهش ٢٣/٣٧ درصدي حيوانات داراي ركورد و همچنين افزايش تعداد حيوانات داراي پدر و مادر ناشناخته (به ترتيب ١٨ درصد و ٨/٧٢ درصد) براي اين صفت نسبت به زايش سوم (جدول١) اين افزايش قابل قبول نبوده لذا مولفه‌های واريانس و وراثت‌پذيري آن مي‌بايست با استفاده از اطلاعات بيشتري برآورد شود. براي كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در زايش پنجم, برآورد واريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم (٥/٢٢) و وراثت‌پذيري حاصل از آن (٠/٠٩٤), به ترتيب, با كاهشي معادل ٥٩/٦ درصد و ٤٨/٦ درصد نسبت به زايش چهارم مشابه برآوردهاي زايش سوم بود. هر چند، با توجه به انحراف استاندارد بالاي وراثت‌پذيري اين صفت (٠/١٢٠)، نتايج بدست آمده ممكن است قابل استناد نباشد. در بررسي‌هاي انجام شده بالا بودن انحراف استاندارد به مقدار كم داده‌ها و تعداد زياد حيوانات با والدين ناشناخته نسبت داده شده است (٢٢). اسنايمن و همكاران (١٩٩٧) در مطالعه خود، وراثت‌پذيري صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش دوره زايش اول را براي گوسفندان مرينوي آفريقاي جنوبي ايستگاه كارناروون[1] ٠/٠٩٠، براي ايستگاه گروتفنتئين[2] ٠/٠٨٤ و براي گوسفندان آفرينو ٠/٠٦١ برآورد كردند كه كمتر از برآورد ٠/١٦٦ مطالعه حاضر است. همچنين, اكثر برآوردهاي انجام شده براي وراثت‌پذيري صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش بر اساس سه دوره متوالي زايش، به غير از يك مورد (٢)، بزرگتر از برآوردهاي تحقيق حاضر بودند (١٧).

ب) تجزيه و تحليل ركوردهاي تكرار شده

وراثت‌پذيري صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش با استفاده از مدل ركوردهاي تكرار شده ٠/١٠٤ و تكرارپذيري آن ٠/٣٣٢ برآورد گرديد (جدول ٣). با توجه به مشابه بودن واريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم اين صفت با نتايج حاصل از تجزيه و تحليل يك متغيره (به استثنای زايش چهارم)، بالا بودن تكرارپذيري اين صفت در مقايسه با وراثت پذيری آن مي‌تواند به مقدار بالاي واريانس محيطي دائمي ميش (١١/٣٢٢) نسبت داده شود.

واريانس باقي‌مانده حاصل از مدل ركوردهاي تكرار شده از برآورد تجزيه و تحليل يك متغيره بر اساس زايش اول بزرگتر و از ساير زايش ها كوچكتر بود. برآورد كوچكتر واريانس باقي‌مانده در تجزيه و تحليل ركورهاي تكرار شده مي‌تواند به دليل منظور شدن بخشي از اين واريانس در محاسبه واريانس محيطي دائمي باشد. همچنين، وراثت‌پذيري برآورد شده براي صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش با مدل ركوردهاي تكرار شده از برآورد مدل يك متغيره زايش اول كوچكتر بود. در مدل ركوردهاي تكرار شده به علت اينكه پنج دوره زايش بصورت يك صفت تجزيه و تحليل مي‌شوند، ميانگين عملكرد صفات از عملكرد زايش اول بيشتر (٣٠/٧٤ كيلوگرم در مقايسه با ٢٨/٩٥ كيلوگرم) و واريانس فنوتيپي آن بزرگتر بوده (٤٩/٧ در مقايسه با ٢٩/٨) لذا مي‌تواند باعث كوچكتر شدن وراثت‌پذيري بر اساس تجزيه و تحليل ركوردهاي تكرار شده (٠/١٠٤) نسبت به مدل يك متغيره (٠/١٦٦) گردد.

1-Carnarvon
2-Grootfontein

جدول ٣- مؤلفه‌هاي واريانس ژنتيكي افزايشي، محيطي دائمي، باقي‌مانده و فنوتيپي صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش، و وراثت‌پذيري و تكرارپذيري آنها بر اساس تجزيه و تحليل ركوردهاي تكرار شده

مؤلفه‌هاي واريانس*	σ^2_a	σ^2_{pe}	σ^2_e	σ^2_p	h^2 (s.e.)	r(s.e.)
	٥/١٣٥	١١/٣٢٢	٣٣/٢٠٨	٤٩/٦٦٥	٠/١٠٤(٠/٠٣٥)	٠/٢٢٨(٠/٠٣٦)

* σ^2_a واريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم، σ^2_{pe} واريانس محيطي دائمي، σ^2_e واريانس باقي‌مانده، σ^2_p واريانس فنوتيپي، h^2 وراثت‌پذيري، r تكرارپذيري و s.e. خطاي معيار مي‌باشند.

فوگارتي و همكاران (۱۹۹٤) و ليگدا و همكاران (۲۰۰۰)، از طريق تجزيه و تحليل مدل حيواني ركوردهاي تكرار شده، تكرارپذيري صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش را به ترتيب ۰/۱۵ و ۰/۱۷ گزارش كردند كه كوچكتر از نتايج تحقيق حاضر است. با اين‌حال، نتايج تحقيق حاضر در دامنه برآوردهاي گزارش شده توسط آنالا و همكاران (۱۹۹۷) و ديويس و همكاران (۱۹۹۸) است.

ج) تجزيه و تحليل چند متغيره

واريانس‌هاي ژنتيكي افزايشي مستقيم، باقي‌مانده و فنوتيپي، و وراثت‌پذيري‌هاي صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش تحت آميزش بر اساس تجزيه و تحليل چند متغيره (۵ صفت) همراه با نتايج حاصل از تجزيه و تحليل يك متغيره بر اساس مناسب‌ترين مدل (مدل ۱) جهت مقايسه در جدول ٤ نشان داده شده است.

به طور كلی, تفاوت ناچيزي بين مولفه های واريانس برآورد شده بر اساس تجزيه و تحليل يك متغيره و نتايج چند متغيره وجود داشت. اين تفاوت ناچيز باعث ايجاد اختلاف بسيار كمي بين وراثت‌پذيري‌هاي برآورد شده بر اساس تجزيه و تحليل‌هاي يك و چند متغيره براي كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در زايش های اول تا پنجم شد. مقايسه واريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم و وراثت‌پذيري برآورد شده بر اساس تجزيه و تحليل يك (به ترتيب, ٤/۹۵۳ و ۰/۱٦٦) و چند (به ترتيب, ٤/۹۹۳ و ۰/۱٦۵) متغيره براي زايش اول نشان مي‌دهد كه برآوردهاي انجام شده به علت عاري بودن از اريبي ناشي از حذف، مشابه مي‌باشند. به عبارت ديگر، اين تفاوت بسيار ناچيز و حدود ۰/۸ درصد بود. از طرف ديگر, براي دوره‌هاي زايش دوم تا پنجم تفاوت بين مؤلفه‌هاي واريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم بين دو روش تجزيه و تحليل داده‌ها به ترتيب, ۱/٦۸، ۱۲/۰۹، ۱۵/۷۸ و ۱۱/۳۳ درصد بود (جدول ٤). اين نتايج به‌وضوح نشان مي‌دهد كه استفاده توام ركوردهاي زايش های مختلف, واريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم را نسبت به تجزيه و تحليل يك متغيره افزايش مي‌دهد. چنين روندي در مورد وراثت‌پذيري مستقيم نيز صادق بوده، بطوري‌كه وراثت‌پذيري برآورد شده بر اساس تجزيه و تحليل يك متغيره براي كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در زايش های دوم تا پنجم به ترتيب، ۲/٤۲, ۹/۹۰، ۱٤/۱۵ و ۹/۷۰ درصد كمتر از تجزيه و تحليل چند متغيره بود. وجود تفاوت در واريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در دوره‌هاي زايش مختلف حاصل از تجزيه و تحليل يك و چند متغيره توسط محققين مختلف گزارش شده است (٤، ۲٤). اين محققين نشان دادند كه قابليت ارزيابي حيوانات با استفاده از مدل يك متغيره بر اساس دوره‌هاي زايش بالا، كاهش مي‌يابد. بنابراين، لازم است كه مدل‌هاي چند متغيره علي‌رغم پيچيدگي و زمان‌بر بودن آنها جهت برآورد مولفه های واريانس و پارامترهاي ژنتيكي استفاده شوند.

جدول ٤- مؤلفه هاي واريانس ژنتيكي افزايشي، باقي‌مانده و فنوتيپي، و وراثت‌پذيري صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در زايش هاي اول تا پنجم بر اساس تجزيه و تحليل چند متغيره

روش تجزيه و تحليل	صفت	σ^2_a	σ^2_e	σ^2_p	h^2
يك متغيره	TWW1/EJ	٤/۹۵۳	۲٤/۷۷۹	۲۹/۷۵۲	۰/۱٦٦
چند متغيره		٤/۹۹۳	۲۵/۳۱۲	۳۰/۳۰۵	۰/۱٦۵
يك متغيره	TWW2/EJ	۵/۷۲۱	۳۹/۲٦۲	٤٤/۹۸۳	۰/۱۲۱
چند متغيره		۵/۸۱۹	٤۱/۰۱٦	٤٦/۸۳۵	۰/۱۲٤
يك متغيره	TWW3/EJ	۵/۸٤۵	۵۸/۲٦٦	٦٤/۱۱۱	۰/۰۹۱
چند متغيره		٦/٦٤۹	۵۹/٦۱۷	٦٦/۲٦٦	۰/۱۰۱
يك متغيره	TWW4/EJ	۱۲/۸۹۹	۵۷/٦۸۲	۷۰/۵۸۱	۰/۱۸۲
چند متغيره		۱۵/۳۱۷	۵٦/۹۱۲	۷۲/۲۲۹	۰/۲۱۲
يك متغيره	TWW5/EJ	۵/۲۱٦	۵۱/۰٤۷	۵٦/۲٦۳	۰/۰۹۳
چند متغيره		۵/۸۸۳	۵۱/٤۲۱	۵۷/۳۰٤	۰/۱۰۳

مؤلفه‌هاي كوواريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم، باقي‌مانده، فنوتيپي و همبستگي‌هاي حاصل از آنها بين زايش های مختلف در جدول ۵ ارائه شده است. همبستگي‌هاي ژنتيكي افزايشي مستقيم بين كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در دوره‌هاي زايش مختلف مثبت و متوسط به بالا بوده, دامنه‌اي از ۰/۳۵۹ (بين زايش اول و پنجم) تا ۰/۸٤٤ (بين زايش چهارم و پنجم) داشت. برآورد نسبتاً بالاي همبستگي ژنتيكي افزايشي مستقيم بين عملكردهاي زايش چهارم و پنجم ممكن است به علت كوچك بودن واريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم زايش پنجم باشد. برآورد همبستگي‌هاي باقي‌مانده بين زايش های مختلف مثبت بوده, دامنه آن از ۰/۱۰٦ (بين زايش چهارم و پنجم) تا ۰/۳٥٦ (بين زايش دوم و پنجم) متغير بود. اين برآوردها براي همبستگي‌هاي فنوتيپي نيز مثبت، اما پائين‌تر از همبستگي‌هاي ژنتيكي بوده، دامنه‌اي از ۰/۳۰۰ (بين زايش دوم و پنجم) تا ۰/٦٦۷ (بين زايش چهارم و پنجم) داشت. به طور كلی, همبستگي‌ها بين زايش های نزديك بهم بالاتر از زايش هايي كه از لحاظ سني از يكديگر فاصله داشتند، بود.

مطالعات انجام شده در زمينه همبستگي‌هاي ژنتيكي و فنوتيپي صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در دوره‌هاي زايش مختلف بسيار محدود است. اسنايمن و همكاران (۱۹۹۷) در بررسي خود بر روي نژادهاي گوسفند آفرينو و مرينوي آفريقاي جنوبي دامنه همبستگي‌هاي ژنتيكي افزايشي برآورد شده بين كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در زايش اول را با زايش های بعد, از ۰/٦۱ تا ۰/۷۹ در گوسفندان آفرينو و ۰/۷۳ تا ۱/۰۰ در گوسفندان مرينو گزارش كردند كه بالاتر از نتايج مطالعه حاضر مي‌باشد. اين تفاوتها مي‌تواند به علت تعريف متفاوت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در زايش‌هاي دوم به بعد باشد. در مطالعه اين محققين, كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در طي دو، سه و چهار سال زايش متوالي ميش مورد استفاده قرار گرفت.

جدول ۵- مؤلفه‌هاي كوواريانس و همبستگي‌هاي ژنتيكي افزايشي مستقيم، باقي‌مانده و فنوتيپي بين صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش در زايش های مختلف بر اساس تجزيه و تحليل چند متغيره

		مؤلفه‌هاي كوواريانس و همبستگی ها*					
صفت اول	صفت دوم	σ_{a12}	σ_{e12}	σ_{p12}	r_{a12}	r_{e12}	r_{p12}
TWW1/EJ	TWW2/EJ	۳/٦۰٤	۷/٥۳٦	۱۷/۷۳۰	۰/٦۷٦	۰/۲۳٤	۰/٤۷۱
	TWW3/EJ	۳/٤۰۳	۱۰/۷٥٦	۲۰/٦٤٦	۰/٥۹۳	۰/۲۷۷	۰/٤٦۱
	TWW4/EJ	٥/۳۹۱	۸/۰٤۳	۱٦/٦٥۳	۰/٦۱۷	۰/۲۱۲	۰/۳٥٦
	TWW5/EJ	۱/۹۳۱	۷/٥۳٦	۱۳/۲۹۲	۰/۳٥۹	۰/۲۰۹	۰/۳۱۹
TWW2/EJ	TWW3/EJ	٤/٤۷۳	۱٤/۸۷۹	۲۳/۰٤۳	۰/۷۲۳	۰/۳۰۱	۰/٤۱٤
	TWW4/EJ	٦/٦٤۱	۱٦/٥٦۷	۲۱/۲۷٥	۰/۷۰٥	۰/۳٤۳	۰/۳٦٦
	TWW5/EJ	۲/۹۹۳	۱٦/۳٤۲	۱٥/٥۳٥	۰/٥۱٦	۰/۳٥٦	۰/۳۰۰
TWW3/EJ	TWW4/EJ	۷/۰۳٦	۱۷/۸۱۹	۲۷/٦۸٤	۰/٦۹۷	۰/۳۰٦	۰/٤۰۱
	TWW5/EJ	۲/۹۹٤	٦/٦٤۲	۲۷/۷۷٦	۰/٤۸٤	۰/۱۲۰	۰/٤٥۱
TWW4/EJ	TWW5/EJ	۷/۹٥۰	٥/۷۳۲	٤۲/۹۰۱	۰/۸٤٤	۰/۱۰٦	۰/٦٦۷

* σ_{a12} كوواريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم، σ_{e12} كوواريانس باقي‌مانده، σ_{p12} كوواريانس فنوتيپي، r_{a12} همبستگي ژنتيكي افزايشي مستقيم، r_{e12} همبستگي باقي‌مانده و r_{p12} همبستگي فنوتيپي بين دوره‌هاي مختلف زايش مي‌باشد.

بطور كلي، از مقايسه نتايج حاصل از تجزيه و تحليل چند متغيره مشخص مي‌شود كه همبستگي ژنتيكي افزايشي بين زايش های مختلف كمتر از يك بوده، واريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم هر يك از آنها نيز مساوي نيست. علاوه بر اين، واريانس باقي‌مانده دوره زايش اول بسيار پائين‌تر از ساير زايش ها بوده، همبستگي بين آنها نيز، متغير مي‌باشد. اين نتايج نشان مي‌دهد كه استفاده از روش تجزيه و تحليل ركوردهاي تكرار شده براي برآورد مؤلفه‌هاي واريانس ژنتيكي افزايشي مستقيم و وراثت‌پذيري صفت كل وزن شيرگيری بره‌هاي هر ميش و همچنين ارزيابی حيوانات مناسب نمي‌باشد. از طرف ديگر، با توجه به عدم تأثير قوچ مولد بر صفات مورد مطالعه، اين اثر مي‌تواند از مدل هاي تجزيه و تحليل داده‌ها نيز حذف شود.

سپاسگزاري

بدينوسيله از مركز پرورش و اصلاح نژاد قوچ لري بختياري كه با در اختيار قرار دادن داده‌ها امكان انجام اين تحقيق را فراهم نمودند تشكر و قدرداني مي‌شود.

منابع مورد استفاده **REFERENCES**

۱. بي نام. ۱۳۷۸. جهاد سازندگي در آيينه آمار. دفتر آمار و اطلاعات. معاونت برنامه ريزي و امور مجلس، ۳۷٤ ص.

۲. خليلي، د. ۱۳۷۹. برآورد همبستگي هاي ژنتيكي و محيطي صفات توليدي و توليد مثل در گوسفندان نژاد بلوچي. پايان نامه كارشناسي ارشد علوم دامي، دانشكده كشاورزي، دانشگاه تربيت مدرس، تهران، ايران، ۱۲۵ص.

3. Analla, M., A. Munoz-Serrano & J. M., Serradilla. 1997. Analysis of the genetic relationships between litter size and weight traits in Segurena sheep. Canadian Journal of Animal Science, 77: 17-21.

4. Bromley, C. M., L. D. Van Vleck & G. D. Snowder. 2001. Genetic correlations for litter weight weaned with growth, prolificacy and wool traits in Columbia, Polypay, Rambouillet and Targhee sheep. Journal of Animal Science, 79: 339-46.

5. Cloete, S. W. P., J. C. Greeff & R. P. Lewer. 2002. Heritability estimates and Genetic and phenotypic correlations of lamb production parameters with hogget liveweight and fleece traits in Western Australian Merino sheep. Australian Journal of Agriculture Research. 53: 281-86.

6. Davis, G. H., C. A. Morris & K. G. Dodds. 1998. Genetic studies of prolificacy in New Zealand sheep. Animal Science, 67: 289-97.

7. Excel. 2000. Microsoft Excel. Microsoft Office 2000. Microsoft Press.

8.Fogarty, N. M., L. D. Brash & A. R. Gilmour. 1994. Genetic parameters for reproduction and their components and live weight, fat depth and wool production in Hyfer sheep. Australian Journal of Agriculture Research, 45: 443- 57.

9.Foxpro. 1993. Fox Holding, Inc. All Rights Reserved. Patent Pending.

10.Hansen, C. & J. N. B. Shrestha. 1997. Heritability and repeatability estimates for ewe productivity traits of three breeds under 8-month breeding cycle and artificial rearing of lamb. Small Ruminant Research, 24: 185-194.

11. Harvey, W. R. 1990. Mixed Model Least-Square and Maximum Likelihood Computer Program. PC-2 Version.

12.Henderson, C. R. 1984. Applications of linear models in animal breeding. University of Guelph. Guelf, Ontario.

13.Ligda, Ch., G. Gabriilidis, Th. Papadopoulos & A. Georgoudis. 2000. Estimation of genetic parameters for production traits of Chios sheep using a multitraits animal model. Livestock Production Science, 66: 217-21.

14.Matika, O., J. B., Van Wyk, G. J. Erasmus & R. L. Backer. 2001. Phenotypic and genetic relationships between lamb and ewe traits for the Sabi sheep of Zimbabwe. South African Journal of Animal Science, 31: 215-22.

15.Meyer, K. 2000. DFREML. Version 3.0, Program to estimate variance components by restricted maximum likelihood using a derivative-free algorithm. User notes. Animal Genetic and Breeding Unit. University of New England, Armidle. NSW. Mimo pp.84.
16.Nelder, J. A. & R. Mead. 1965. A simplex method for function minimization.Computer Journal. 7: 145-151.
17.Olivier, W. J., M. A. Snyman, J. J. Olivier, J. B. Van Wyk & G. J. Erasmus. 2000. Direct and correlated selection response in Merino sheep with selection for total weight of lamb weaned. Proceeding 36th SASAS Congress, Stellenbosch.
18.Pearson, A. M. & T. R. Dutson. 1991. Growth regulation in farm animals. Journal of Advances in Meat Research, 7: 629-32.
19.Powell, M. J. D. 1965. An efficient method for finding the minimum of a function of several variables without calculating derivatives. Computer Journal. 7: 155-162.
20.Purvis, I. W. 2001. Genetic improvement of reproduction rate in the context of a Merino enterprise. The University of Western Australia, Australia.
21.Rosati, A., E. Mousa, L. D. Van Vleck & L. D. Young. 2002. Genetic parameters of reproduction traits in sheep. Small Ruminant Research, 43: 65-74.
22.Schoeman, S. J., S. W. P. Cloete, G. Duguma Jaleta & G. F. Jordaan. 2002. Genetic parameters estimates for ewe lifetime productivity in a Merino sheep flock. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, 8: 33.
23.Snyman, M. A., J. B. Van Wyk, G. J. Erasmus & J. J. Olivier. 1997. Genetic parameter estimates for total weight of lamb weaned in Afrino and Merino sheep. Livestock Production Science, 48: 111-16.
24.Snyman, M. A., J. B. Van Wyk, G. J. Erasmus & J. J. Olivier. 1998. Genetic and phenotypic correlations among production and reproduction traits in Afrino sheep. South African Journal of Animal Science, 28: 74-81.