

## تجزیه و تحلیل ژنتیکی تولید موهر در بز مرخز با مدل سیتوپلاسمی

جمال فیاضی<sup>۱\*</sup>، عمران رستمی<sup>۲</sup> و امیر رشیدی<sup>۳</sup>

۱. دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده علوم دامی و صنایع غذایی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان
  ۲. کارشناس ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام و دانش آموخته دانشکده علوم دامی و صنایع غذایی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان
  ۳. استاد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه کردستان
- (تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۵/۲۴ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۲/۶)

### چکیده

در این پژوهش توارث سیتوپلاسمی وزن بیده یکسالگی در بز نژاد مرخز با استفاده از روش آماری بیزی بررسی شد. برای برآورد فراسنجه (پارامتر)های ژنتیکی از رکوردهای گردآوری شده در سالهای ۱۳۹۰-۱۳۷۱ در ایستگاه پژوهشی اصلاح نژاد بز مرخز در سنندج استفاده شد. برای بررسی اثر عامل‌های محیطی بر داده‌های این صفت از رویه GLM نرم‌افزار آماری SAS و برای برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی از نرم‌افزار Gibbs1f90، بر پایه مدل دام از رویه نمونه‌گیری گیبس، استفاده شد. عامل‌هایی مانند سال تولد، جنس و سن مادر به‌عنوان اثر ثابت و سن دام و وزن بدن در هنگام رکورد برداری به‌عنوان متغیرهای کمکی در مدل گنجانده شدند. بنابر نتایج به‌دست‌آمده از این پژوهش، بهترین مدل انتخاب‌شده برای صفت وزن بیده، مدل دربرگیرنده اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، محیط دائمی مادری و اثر ژنتیکی سیتوپلاسمی با در نظر گرفتن کواریانس بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری بود. درصد واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، محیط دائمی مادری و ژنتیکی سیتوپلاسمی به ترتیب ۱۹/۲۷، ۶/۶، ۳/۰۳ و ۱/۸۲ از کل واریانس برآورد شد. نقش اثر سیتوپلاسمی با توجه به معنی دار بودن برای ورود به مدل از یک سو و کم بودن میزان واریانس آن از سوی دیگر، به‌عنوان تصحیح‌کننده اهمیت دارد، ولی نمی‌تواند به‌عنوان معیار انتخاب لحاظ شود.

واژه‌های کلیدی: بز مرخز، توارث سیتوپلاسمی، موهر، نمونه‌گیری گیبس، وراثت‌پذیری.

## Genetic analysis of yearling Mohair by Cytoplasmic model

Jamal Fayazi<sup>1\*</sup>, Emran Rostami<sup>2</sup> and Amir Rashidi<sup>3</sup>

1. Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Animal Science and Food Technology, Khuzestan Agricultural Sciences and Natural Resources University, Iran
  2. M.Sc. in Animal Genetic and Breeding, and Former M.Sc. Student, Faculty of Animal Science and Food Technology, Khuzestan Agricultural Sciences and Natural Resources University, Iran
  3. Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran
- (Received: Aug. 15, 2017- Accepted: Apr. 26, 2018)

### ABSTRACT

In this research, cytoplasmic inheritance of yearling mohair weight (YMW) in Markhoz kids were studied by using Bayesian statistical method. Using records which gathered through 1992-2011 in Markhoz goat breeding research station in Sanandaj. GLM procedure of SAS statistical software was used to verify statistical significant of environmental factors on YMW and Gibbs1f90 software, based on animal model and Gibbs sampling, were used to estimate genetic parameters. Environmental factors such as year of birth, maternal age and sex as fixed effects, and animal age and body weight at recording time as covariates were considered in the model. Based on the results of this research, the minimum DIC was detected in Model 12. Which includes direct additive genetic effects, maternal additive genetic, maternal permanent environment and cytoplasmic genetic effects, taking into account the covariance between direct and maternal genetic effects. The ratios of direct additive genetic variance, maternal additive genetic, maternal permanent environment, cytoplasmic genetic on phenotypic variance were respectively 19.27, 6.6, 3.03 and 1.82 percent based on the selected model (model 12). In general, the results showed that selection based on direct genetic potential and partly on maternal genetic can improve the YMW. Due to the significant of cytoplasmic effects to enter the model on one hand and the low value of its variance on the other hand, it can be concluded that the role of Cytoplasmic inheritance as a correction factor is important, but it cannot be considered as selection criteria.

**Keywords:** Cytoplasmic inheritance, Gibbs sampling, heritability, Markhoz goat, mohair.

\* Corresponding author E-mail: j\_fayazi@ramin.ac.ir

### مقدمه

بز از جمله نشخوارکنندگانی است که برنامه‌های اصلاح‌نژادی مدونی برای بهبود صفات تولیدی و تولیدمثلی آن انجام نشده است. از بزهای الیافی، دو محصول با ارزش، موه و کشمیر، به دست می‌آید. موه از بزهای آنقوره (مرخز در ایران) و کشمیر از بزهای کشمیری به دست می‌آید (Fathi & Farhang, 2009). بز مرخز در مناطق کردنشین استان‌های آذربایجان غربی و کردستان ایران پرورش داده می‌شود. با توجه به شمار گله‌های بز مرخز موجود در منطقه، اهمیت این دام در چرخه اقتصادی خانواده‌های پرورش‌دهنده، بیش‌ازپیش آشکار شده است. ایستگاه اصلاح نژاد بز مرخز با هدف ترویج، تکثیر و احیای بز مرخز در منطقه احداث شده است. این ایستگاه سه سالن نگهداری و پرورش بز مرخز به ظرفیت ۶۰۰ رأس دارد. در مدتی از سال که شرایط جوی مناسب است، دام‌ها از پوشش گیاهی موجود در مراتع ایستگاه و همچنین از مراتع اطراف ایستگاه و پس‌چر غلات استفاده می‌کنند. جفت‌گیری بزهای نر و ماده انتخاب‌شده، از اوایل مهر آغاز می‌شود و تا اواسط آبان ادامه دارد (Rostami, 2015). به دلیل جنه کوچک بز مرخز، احتمال دارد این دام برای افزایش وزن، بازدهی اقتصادی مطلوب نداشته باشد؛ بنابراین به نظر می‌رسد کار روی تولیدهای دیگر این بز اهمیت دارد (Rostami, 2015).

بخش بزرگی از موفقیت برنامه‌های اصلاح نژادی بستگی به ارزیابی دقیق دام‌ها و انتخاب بهترین آن‌ها به‌عنوان والدین نسل آینده دارد. ارزیابی دقیق ژنتیکی به مدل استفاده شده وابسته است. امروزه از مدل‌هایی استفاده می‌شود که تنها حاوی اثر افزایشی مستقیم و اثر ژنتیکی مادری هستند. هنگام استفاده از مدل‌های مختلف در برآورد فراسنجه (پارامتر)‌های ژنتیکی، نتایج متفاوتی به دست می‌آید که در صورت نامناسب بودن مدل، برآوردها اریب خواهند بود (Salehi & James, 1997). یکی از اثرهایی که از مادران به نتاج منتقل می‌شود، اثر سیتوپلاسمی است. امروزه با استفاده از فناوری انتقال رویان و پیشرفت‌های فناوری در دست‌کاری و ذخیره‌سازی رویان اهمیت توارث

سیتوپلاسمی در صفات تولیدی بیشتر نمایان شده است (Brown *et al.*, 1979).

سیتوپلاسم تخم بارور به‌طور کامل از تخمک مادر منشأ می‌گیرد و اسپرماتوزوئید پدر در آن نقشی ندارد. میتوکندری و کلروپلاست از ارگان‌های درون‌یاخته‌ای یوکاریوت‌ها هستند، کلروپلاست تنها در گیاهان ولی میتوکندری در گیاهان، قارچ‌ها و جانوران دیده می‌شود. یکی از وظایف اصلی میتوکندری، فسفرزایی اکسایشی (فسفریلاسیون اکسیداتیو و تولید ATP است. حدود ۹۰ درصد از ATP مورد نیاز یاخته پستانداران در میتوکندری‌ها تولید می‌شود (Brown *et al.*, 1979). ماده توارثی میتوکندری به‌اختصار mtDNA نامیده می‌شود که تنها از مادر به فرزندان منتقل می‌شود. در mtDNA مهره‌داران، ۲۲ ژن tRNA و ۲ ژن rRNA (12S & 16S) و ۱۳ ناحیه کدکننده پروتئین (سیتوکروم اکسیداز ۱، ۲ و ۳، سیتوکروم b، NADH دهیدروژناز ۱، ۲، ۳، ۴، ۵ و چند ATPase) وجود دارد (Meyer, 1994).

اگرچه پدر و مادر به‌طور یکسان (به‌استثنای ژن‌های وابسته به جنس) در نژادگان (ژنوتیپ) فرزندان نقش دارند، اما عملکرد فرزندان بیشتر تحت تأثیر مادر است (Salehi & James, 1997). مجموعه اثر مادر بر پدیده‌گان (فنوتیپ) نتاج در یک صفت (به‌جز ژن‌های موجود در هسته) را اثر مادری می‌گویند. سازوکارهای زیستی (بیولوژیکی) مختلفی که اثر محیطی مادری را ایجاد می‌کنند شامل اثر داخل رحمی، قابلیت نگهداری از فرزندان، مراقبت‌های تغذیه‌ای پس از زایش، رفتارهای مادرانه و پادتن و بیماری‌گرهایی است که از مادر به فرزندان منتقل می‌شود. سهم اثر مادری بر فرزندان به‌ویژه در پستانداران اهمیت زیادی دارد. از سویی میزان اثر مادری در صفاتی که در مراحل اولیه زندگی ظاهر می‌شوند، بیشتر از صفاتی است که در سن بلوغ ظاهر می‌شوند (Hohenboken, 1985).

در سال‌های اخیر بررسی‌های چندی در زمینه ارزیابی اثر سیتوپلاسمی در دام‌های مختلف انجام شده

دیگر، هدف از انجام این پژوهش برآورد میزان اثر توارث سیتوپلاسمی بر وزن بیده یکسالگی در بز نژاد مرخز با استفاده از روش آماری بیزی و بررسی اثر محیطی معنی دار بر این صفت بود.

## مواد و روش‌ها

### دام‌ها و مدیریت گله

در این پژوهش از ۱۶۰۴ رکورد وزن بیده یکسالگی متعلق به ۴۷۹۶ دام که در طول سال‌های ۱۳۷۱-۱۳۹۰ (۱۹ سال) در ایستگاه اصلاح نژاد بز مرخز ثبت شده بود، استفاده شد. گله مورد بررسی در طول سال و در شرایط مناسب جوی از مراتع و کشتزارها تغذیه می‌کند و دام‌ها از اواخر پاییز تا اوایل بهار به صورت دستی تغذیه می‌شوند. جفت‌گیری در گله نیز به صورت برنامه‌ریزی شده است. این گله از سال ۱۳۶۸ تحت انتخاب برای صفات وزن بیده یکسالگی و رشد بوده است. برای بررسی و برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی و نیز اثر سیتوپلاسمی، رکوردها با استفاده از بانک اطلاعاتی FoxPro و نرم‌افزار Excel آماده شدند. برای برآورد مؤلفه‌های واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی اطلاعات شجره استفاده شد که شامل ۴۷۹۶ رأس بز (۲۰۹ پدر و ۱۳۷۱ رأس مادر) بود. همه افراد شجره از ۳۲ رأس بز نر و ۳۰۸ بز ماده (جمعیت پایه) منشأ گرفته‌اند. با کمک نرم‌افزار آماری MATLAB و نوشتن برنامه‌ای که بتواند با دنبال کردن رگه (لاین)‌های سیتوپلاسمی از نتاج به والد ماده مبنای منابع اولیه سیتوپلاسمی را مشخص کند، رگه‌های سیتوپلاسمی مشخص و به‌عنوان یک اثر تصادفی در مدل منظور شدند. الگوریتم شناسایی رگه‌های سیتوپلاسمی بدین صورت بود که در آغاز شجره مرتب شد. آنگاه از جدیدترین نسل، همه بزهای ماده که مادر مشترک داشتند با یک عدد شماره‌گذاری شدند. ماده‌های بعدی که با هر کدام از دام‌های دارای شماره جدید، ارتباط دارند به آن‌ها همان شماره جدید انتساب یافت. این کار در حلقه برنامه‌نویسی آن‌قدر ادامه می‌یابد تا به نسل پایه برسد.

در حین آماده‌سازی و ویرایش داده‌ها، دام‌هایی که بدون پدر و مادر بودند یا سن آن‌ها در زمان

است. Bell *et al.* (1985) در نتایج بررسی‌های خود گزارش کردند، تأثیر سیتوپلاسم بر میزان تولید گاوهای شیری اثر دارد. Pun *et al.* (2012) اثر سیتوپلاسمی ۲۱۲۱ خط مادری را بر رشد گاو گوشتی بررسی کردند. آنان اثر سیتوپلاسمی را ناچیز برآورد کردند و بر این باورند در نظر نگرفتن خطوط مادری برای صفات رشد در اصلاح نژاد گاو گوشتی مشکلی ایجاد نخواهد کرد. این اثرگذاری‌ها، رتبه دام‌ها را در انتخاب، عوض نخواهد کرد، اما می‌تواند درستی برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی را کمی تغییر دهد. در نژادهای خالص گوسفند (Snowder *et al.*, 2004) و گوسفندان آمیخته (Hanford *et al.*, 2003) اثر سیتوپلاسمی نیز کوچک گزارش شده است. همچنین Southwood *et al.* (1989) در پژوهشی در مورد صفات تولیدی گوسفند با استفاده از داده‌های همانندسازی، اهمیت به‌کارگیری مدل مناسب در برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی را بررسی کردند. این محققان در نتایج بررسی‌های خود نشان دادند، برآورد نارایب اثر سیتوپلاسمی با به‌کارگیری مدل حیوان که همه رابطه‌های خویشاوندی در بین دام‌ها را در نظر دارد و منظور کردن اثر سیتوپلاسم در مدل مختلط به‌عنوان اثر تصادفی امکان‌پذیر است. ناکامل بودن شجره از نظر Pun *et al.* (2012) می‌تواند در برآورد میزان اثر سیتوپلاسمی مؤثر باشد.

روش آماری بیزی با در نظر گرفتن توزیع بعدی فراسنجه‌های موجود در مدل، می‌تواند از پراکندگی این فراسنجه‌ها در سراسر محاسبه‌ها استفاده کند. این روش با ایجاد یک چارچوب نظری مناسب موجب بهبود در دقت و درستی پیش‌بینی‌ها می‌شود (Schenkel *et al.*, 2002). در نتایج بررسی دیگری گزارش شد، استفاده از روش بیزی به دلیل افزایش واریانس‌های ژنتیکی و نیز کاهش واریانس‌های باقیمانده منجر به بهبود دقت برآوردها شد. در این بررسی هزینه محاسباتی استفاده از روش بیزی به‌طور قابل توجهی کمتر از میزان همسان برای روش حداکثر درستی محدود شده بود (Kheirabadi *et al.*, 2014).

با توجه به نتایج مختلف در مورد اثر سیتوپلاسمی در گاو و گوسفند و عدم مشاهده گزارشی در بز از یک‌سو، و قابلیت (پتانسیل) روش آماری بیزی از سوی

بردار اثر سیتوپلاسمی،  $X$ : ماتریس ضریبها که اثر ثابت را به مشاهدهها مربوط می‌کند،  $Z1$ : ماتریس ضریبها که اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم را به مشاهدهها مربوط می‌کند،  $Z2$ : ماتریس ضریبها که اثر محیطی دائمی مادری را به مشاهدهها مربوط می‌کند،  $Z3$ : ماتریس ضریبها که اثر ژنتیکی افزایشی مادری را به مشاهدهها مربوط می‌کند،  $Z4$ : ماتریس ضریبها که اثر سیتوپلاسمی را به مشاهدهها مربوط می‌کند،  $e$ : بردار اثر باقی‌مانده و  $Cov(a, m)$ : کوواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری است. انتخاب مدل مناسب برای برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی با استفاده از معیار اطلاعات انحراف ( $DIC^1$ ) صورت گرفت. این معیار کیفیت نسبی مدل‌های آماری را برای اطلاعات مورد بررسی مشخص می‌کند و با رابطه زیر محاسبه می‌شود (Berg *et al.*, 2004; Spiegelhalter *et al.*, 2014):

$$DIC = pD - \bar{D}$$

در این رابطه  $pD$  برابر با  $pD = \bar{D} - D(\bar{\theta})$  است و  $\bar{D}$  نیز برابر با  $\bar{D} = -2 * \log(p(y | \theta))$

است. در این معادله  $y$ : میزان مشاهده،  $\theta$ : فراسنجه‌های ناشناخته مدل و  $p(y | \theta)$ : تابع درستنمایی است. همچنین امید ریاضی  $D$  برابر با  $D = E(D(\theta))$  است و  $\bar{\theta}$ : امید ریاضی  $\theta$  است. در نهایت مناسب‌ترین مدل در این مقایسه مدلی است که  $DIC$  کمتری داشته باشد.

وراثت‌پذیری کل از تقسیم مجموع واریانس افزایشی، نصف واریانس مادری و یک و نیم برابر کواریانس افزایشی و مادری بر واریانس پدیدگانی به دست آمد (Willham, 1972).

برای برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی از روش نمونه‌گیری گیبس و نرم‌افزار Gibbs1f90 (Misztal, 2008) استفاده شد. طول توالی زنجیره گیبس ۵۰۰۰۰۰ نمونه بود که ۵۰۰۰۰ نمونه آغازین به‌عنوان دوره‌های قلق‌گیری حذف شدند. پیش تجزیه انجام شده با شمار کمتر (نصف این شمار دور) نزدیک به

رکوردگیری خارج از محدوده ۳۰۰ تا ۴۰۰ روز بود حذف شدند. حدود ۳۸/۴ درصد داده‌ها پالایش شدند. در این پژوهش تنها از اطلاعات مربوط به حیواناتی استفاده شد که دامنه تولید موه آنها از ۱۰۰ تا ۲۹۰۰ گرم بود. برای آماده‌سازی و رفع اشکال‌های فایل شجره از نرم‌افزار CFC (Sargolzaei *et al.*, 2006) استفاده شد.

### روش آماری

در آغاز، تأثیر عامل‌های محیطی بر صفت تولید موه با رویه GLM در نرم‌افزار SAS9.1 بررسی شد. تأثیر سال تولد، جنس و سن مادر به‌عنوان اثر ثابت و با توجه به متفاوت بودن سن و وزن بزغاله‌ها در زمان رکوردگیری، سن و وزن به‌عنوان متغیر کمکی در مدل در نظر گرفته شدند. برای یافتن بهترین مدل در برگزیده عامل‌های ثابت و تصادفی مؤثر بر صفت مورد نظر از مدل‌های زیر، با و بدون در نظر گرفتن اثر مادری (ژنتیکی افزایشی مادری و محیط دائمی مادری) و اثر سیتوپلاسمی در مدل آزمون شدند. مدل‌های آزمون شده به‌صورت زیر هستند.

$$y = Xb + Z_1a + e \quad (\text{مدل ۱})$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2p + e \quad (\text{مدل ۲})$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_3m + e \\ Cov_{(a,m)}=0 \quad (\text{مدل ۳})$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_3m + e \\ Cov_{(a,m)}=A\sigma_{(a,m)} \quad (\text{مدل ۴})$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2p + Z_3m + e \\ Cov_{(a,m)}=0 \quad (\text{مدل ۵})$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2p + Z_3m + e \\ Cov_{(a,m)}=A\sigma_{(a,m)} \quad (\text{مدل ۶})$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_4c + e \quad (\text{مدل ۷})$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2p + Z_4c + e \quad (\text{مدل ۸})$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_3m + Z_4c + e \\ Cov_{(a,m)}=0 \quad (\text{مدل ۹})$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_3m + Z_4c + e \\ Cov_{(a,m)}=A\sigma_{(a,m)} \quad (\text{مدل ۱۰})$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2p + Z_3m + Z_4c + e \\ Cov_{(a,m)}=0 \quad (\text{مدل ۱۱})$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2p + Z_3m + Z_4c + e \\ Cov_{(a,m)}=A\sigma_{(a,m)} \quad (\text{مدل ۱۲})$$

در این مدل‌ها  $y$ : بردار مشاهدهها،  $b$ : بردار اثر ثابت،  $a$ : بردار اثر ژنتیکی مستقیم،  $m$ : بردار اثر ژنتیکی افزایشی مادری،  $p$ : بردار اثر محیطی دائمی مادری،  $c$ :

استروژن بر رشد استخوان‌های دراز در جنس ماده، تأثیر محدودکننده‌ای دارد که می‌تواند یکی از دلایلی باشد که به‌طور معمول جنس ماده جنه کوچک‌تر نسبت به جنس نر دارد (Dixit *et al.*, 2001). با توجه به کوچک‌تر بودن جنه دام ماده، میزان سطح بدن کمتر از جنس نر بوده و میزان موهر تولیدی نیز کمتر از جنس نر بود. اثر جنس بر صفت وزن بیده یک‌سالگی توسط برخی از پژوهشگران معنی‌دار گزارش شده است (Baghchehmaryam *et al.*, 2010; Klrvndy *et al.*, 2011).

جدول ۱. میانگین حداقل مربعات صفت وزن بیده

یک‌سالگی در بز مرخز

Table 1. Least square mean of yearling mohair weight in Markhoz goat

Fix factor	Level	Yearling mohair weight (Kg)	Standard error
Dam age **	2	0.41 <sup>c</sup>	±0.009
	3	0.41 <sup>c</sup>	±0.009
	4	0.44 <sup>ab</sup>	±0.01
	5	0.44 <sup>ab</sup>	±0.01
	6	0.43 <sup>abc</sup>	±0.02
	7	0.46 <sup>a</sup>	±0.02
Birth year*	19	‡	
Sex*	Male	0.45 <sup>a</sup>	±0.008
	Female	0.42 <sup>b</sup>	±0.008
CV	-	43.5	
Total average	-	0.43	

\* و \*\*: به ترتیب بیانگر معنی‌داری در سطح ۰/۰۵ و ۰/۰۱ هستند. میانگین‌های داخل هر گروه، به جزء آن‌هایی که حرف‌های مشترک دارند از لحاظ آماری باهم اختلاف معنی‌دار دارند. ‡ به خاطر حجم زیاد و کم‌ارزش بودن اطلاعات سال‌ها در تفسیر نتایج از آوردن مقادیر تک‌تک سال‌ها اجتناب شد.

\* and \*\* showing statistical significant at 0.05 and 0.01 level respectively. Dissimilar alphabet character in each group shows a significant different state. ‡ According to numerous levels of years and low value of years information in this research, the levels were not shown.

### اجزای (کو)واریانس صفت وزن بیده یک‌سالگی

مؤلفه‌های (کو)واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی، سیتوپلاسمی و محیطی صفت وزن بیده یک‌سالگی برآورد شده با استفاده از روش بیزی در جدول ۲ نشان داده شده است. با توجه به معیار اطلاعات انحراف (DIC)، مناسب‌ترین مدل، مدل ۱۲ بود که کمترین میزان DIC را نشان داد. این مدل افزون بر اثر ژنتیکی مستقیم حیوان شامل اثر ژنتیکی مادری، اثر محیط دائمی مادری و اثر ژنتیکی سیتوپلاسمی با در نظر گرفتن کوواریانس بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری بود. میزان واریانس اثر یادشده به‌ترتیب ۰/۰۰۶، ۰/۰۰۲، ۰/۰۰۱، ۰/۰۰۰۶ بود. واریانس محیطی دائمی مادری وجود همانندی بین دوقلوها و

همگرایی رسید. برای وصول بالاترین دقت ممکن، شمار دورها دو برابر در نظر گرفته شد. برای کمینه رساندن کواریانس بین نمونه‌ها، فاصله نمونه‌برداری ۱۰۰ در نظر گرفته شد. دیگر نمونه‌های باقی‌مانده (۴۵۰۰ نمونه) برای محاسبه میانگین و انحراف معیار توزیع پسین اجزای واریانس استفاده شدند.

### نتایج و بحث

میانگین‌های حداقل مربعات، خطای استاندارد، آمار توصیفی و تأثیر عامل‌های محیطی، بر وزن بیده یک‌سالگی در جدول ۱ نشان داده شده است. اثر سن مادر بر وزن بیده در سطح بالایی معنی‌دار بود ( $P < 0/01$ ). کمترین میزان تولید موهر مربوط به بزهای دوساله بود که می‌تواند به‌این‌علت باشد که بزهای جوان برای رشد و نگهداری خود به تغذیه اضافی نیاز دارند که به‌طور غیرمستقیم میزان تولید موهر را تحت تأثیر قرار می‌دهد. دام‌هایی که از مادران چهار تا هفت‌ساله متولد شده‌اند موهر بیشتری تولید کرده‌اند. چون همه دام‌ها به سن بالاتر نمی‌رسند و دام‌های با ویژگی مطلوب که شمار آن‌ها زیاد نیست به سن بالاتر می‌رسند، می‌تواند بر این امر تأثیرگذار باشد. تأثیر سال تولد بر صفت مورد بررسی در سطح ( $P < 0/05$ ) معنی‌دار بود. تأثیر سال به‌صورت تغییرپذیری شرایط اقلیمی، مدیریت، چگونگی تغذیه گله و بهداشت در سال‌های مختلف (Mokhtari *et al.*, 2009) می‌تواند میزان موهر تولیدی توسط بزغاله‌ها را تحت تأثیر قرار دهد. در بررسی‌های زیادی تأثیر سال تولد بر صفت وزن بیده یک‌سالگی معنی‌دار گزارش شده است (Baghchehmaryam *et al.*, 2010; Rashidi *et al.*, 2000). جنسیت بزغاله‌ها یکی از عامل‌های تأثیرگذار بر میزان موهر تولیدی بود ( $P < 0/01$ ). میزان موهر تولیدی در جنس نر بیشتر از جنس ماده بود. به‌طور معمول جنس نر در مقایسه با جنس ماده رشد بیشتری دارد. تفاوت در میزان رشد دو جنس نر و ماده می‌تواند به دلیل تفاوت کروموزم‌های جنسی و به‌احتمال تفاوت در وجود جایگاه‌های ژنی مربوط به رشد، ویژگی‌های فیزیولوژیک و تفاوت در نوع و ترشح هورمون‌ها، به‌ویژه هورمون‌های جنسی که سبب رشد دام‌ها می‌شوند، باشد (Dixit *et al.*, 2001). به‌طوری‌که هورمون

میتوکندری‌هایی با توالی DNA همسان باشند. البته همانندی در توالی بخش کنترل میتوکندری می‌تواند کم‌اهمیت‌تر باشد. لذا یکی از راه‌های بررسی بهتر اثر سیتوپلاسمی، تعیین صحت رگه‌های مادری به کمک نشانگرهای مولکولی است.

وراثت‌پذیری مستقیم و مادری بر پایه مدل منتخب به ترتیب ۰/۱۹ و ۰/۰۷ و واریانس پدیدگانی ۰/۳۳ بود. کواریانس بین ژنتیک افزایشی مستقیم و ژنتیک افزایشی مادری نیز منفی (۱/۶-) بود. نتایج نشان داد، اثر ژنتیکی افزایشی مادری نسبت به اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم تأثیر کمتری بر صفت وزن بیده یک‌سالگی داشته است. تغییر شرایط محیطی که ناشی از تغییر عامل‌های زیادی از جمله سطح تغذیه است، سبب افزایش واریانس پدیدگانی می‌شود.

در نتایج پژوهشی *Baghchehmaryam et al.* (2010) وراثت‌پذیری وزن بیده یک‌سالگی در بز مرخز را ۰/۲۱ گزارش کردند. در نتایج پژوهش دیگری با استفاده از مدل‌های شش‌گانه مایر میزان وراثت‌پذیری صفت یادشده در بز مرخز ۰/۱۷۱ تا ۰/۲۴۹ گزارش شد (*Rashidi et al.*, 2005).

همچنین همانندی بین بره‌های متولدشده از هر دام را در سال‌های مختلف نشان می‌دهد، تحت تأثیر عامل‌هایی مانند گنجایش رحم مادر، وضعیت تغذیه مادر در دوران آبستنی، تولید شیر و قابلیت‌های مادری حیوان است (Rostami, 2015).

رگه‌های مادری یا به عبارت دیگر اثر سیتوپلاسمی مؤلفه بزرگی از واریانس را نشان ندادند. بزرگی اثر رگه سیتوپلاسمی به عمق رگه یا شمار نسل‌ها در هر رگه (Salehi & James, 1997) و ثبت رکورد عملکرد دام‌های موجود در هر رگه (*Gibson et al.*, 1997) دارد. در این پژوهش شمار بز ماده در هر رگه سیتوپلاسمی کمتر از ۵ رأس است که این می‌تواند یکی از محدودیت‌های این تحقیق باشد. شجره ناقص و یا نادرست می‌تواند بر درستی تعیین خطوط مادری اثر بگذارد (*Pun et al.*, 2012). در بررسی *Roughsed et al.* (2001) به کمک همانندسازی رایانه‌ای بیان شد، وجود ۸ درصد خطا در ثبت شجره در هر نسل، منجر به کاهش ۷۵ درصدی در برآورد بزرگی مؤلفه واریانس رگه سیتوپلاسمی پس از ۹ نسل می‌شود. اگرچه حتی با شجره‌های کامل هم ممکن است برخی خطوط سیتوپلاسمی حامل

جدول ۲. برآورد اجزای (کو) واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی صفت وزن بیدل یک‌سالگی در بز مرخز

Table 2. Variance and covariance component and genetic parameter of yearling mohair weight in Markhoz goat

Model	(Co)Variance component ‡	$\sigma_a^2$	$\sigma_m^2$	$\sigma_{pe}^2$	$\sigma_c^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h_a^2$	$h_m^2$	$pe^2$	$c^2$	$r_{a,m}$	$h_t^2$	DIC
1	$\sigma_a^2$	6±1				26±1	32	0.19±0.03					0.19	-1033
2	$\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2$	6±1				25±1	33	0.18±0.03		0.07			0.18	-1059
3	$\sigma_a^2 + \sigma_m^2$	5±1	3±1			25±1	33	0.15±0.04	0.08				0.19	-1048
4	$\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{a,m}$	6±1	3±1			25±1	33	0.18±0.05	0.10			-1.1	0.17	-1052
5	$\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_m^2$	6±1	2±1	1±0.9		26±1	33	0.15±0.04	0.07	0.04			0.18	-1060
6	$\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{a,m}$	6±1	2±1	1±0.8		24±1	33	0.19±0.05	0.08	0.05		-1.2	0.17	-1067
7	$\sigma_a^2 + \sigma_c^2$	6±1			0.8±0.3	26±1	33	0.18±0.03			0.02		0.18	-1034
8	$\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_c^2$	6±1		2±1	0.7±0.3	25±1	33	0.17±0.03			0.02		0.17	-1056
9	$\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_c^2$	5±1	2±1		0.5±0.3	25±1	33	0.15±0.04	0.07		0.02		0.18	-1048
10	$\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_c^2 + \sigma_{a,m}$	6±1	3±1		0.6±0.4	25±1	33	0.19±0.05	0.09		0.02	-0.17	0.16	-1055
11	$\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_m^2 + \sigma_c^2$	5±1	2±1	1±0.8	0.5±0.3	24±1	33	0.15±0.03	0.06	0.04	0.02		0.18	-1058
12	$\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_m^2 + \sigma_c^2 + \sigma_{a,m}$	6±1	2±1	1±0.7	0.6±0.3	24±1	33	0.19±0.05	0.07	0.04	0.02	-0.16	0.16	-1070

‡ همه اجزای (کو) واریانس در  $10^3$  ضرب شده‌اند.

$\sigma_a^2$ : واریانس ژنتیکی افزایشی دام،  $\sigma_m^2$ : واریانس ژنتیکی افزایشی مادر،  $\sigma_{pe}^2$ : واریانس محیطی دائمی مادری،  $\sigma_c^2$ : واریانس ژنتیکی سیتوپلاسمی،  $\sigma_e^2$ : واریانس باقیمانده،  $\sigma_p^2$ : واریانس پدیدگانی،  $h_a^2$ : وراثت‌پذیری مستقیم،  $h_m^2$ : وراثت‌پذیری مستقیم مادری،  $pe^2$ : نسبتی از واریانس پدیدگانی که ناشی از محیط دائمی مادر است،  $c^2$ : نسبتی از واریانس پدیدگانی که ناشی از اثر سیتوپلاسمی است،  $r_{a,m}$ : ارزش‌های اصلاحی مستقیم و مادری،  $h_t^2$ : وراثت‌پذیری کل، DIC: معیار اطلاعات انحراف.

‡ Each variance component multiplied by  $10^3$

$\sigma_a^2$ : Animal additive variance,  $\sigma_m^2$ : maternal additive variance,  $\sigma_{pe}^2$ : permanent environment variance,  $\sigma_c^2$ : cytoplasmic variance,  $\sigma_e^2$ : residual variance,  $\sigma_p^2$ : phenotype variance,  $h_a^2$ : direct heritability,  $h_m^2$ : maternal heritability,  $pe^2$ : permanent/phenotype variance ratio,  $c^2$ : cytoplasmic/phenotype variance ratio,  $r_{a,m}$ : additive and maternal genetic breeding values correlation,  $h_t^2$ : total heritability, DIC: deviance information criterion.

یکسالگی به‌طور عمده تحت کنترل اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم خود حیوان و عامل‌های محیطی است. اثر سیتوپلاسمی، ژنتیکی افزایشی مادری و محیط دائمی مادری تأثیر کمتری بر پدیدگان دارند که سهم اثر ژنتیک افزایشی مادر نسبت به اثر سیتوپلاسمی و محیط دائمی مادری بیشتر است. اما با توجه به معنی‌دار شدن اثر سیتوپلاسمی، در صورت در دسترس بودن الگوریتم استخراج رگه‌های مادری از شجره‌های از پیش ثبت شده، لحاظ کردن این اثر در مدل‌های ارزیابی به نیت تصحیح اثر اصلی توصیه می‌شود. پس می‌توان نتیجه گرفت که با بهبود شرایط محیطی پرورش و انتخاب بر پایه توان ژنتیکی مستقیم و تا حدودی اثر ژنتیکی مستقیم مادری می‌تواند بر بهبود عملکرد صفت یادشده تأثیرگذار باشد.

#### سپاسگزاری

این مقاله از نتایج طرح پژوهشی شماره ۹۳۱/۱۶ مصوب دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان استخراج شده است. لذا از معاونت محترم پژوهشی دانشگاه به‌خاطر حمایت مالی و معنوی و همچنین از تمامی پرسنل و مدیریت ایستگاه اصلاح نژاد بز مرخز به‌خاطر ثبت رکوردها و در اختیار قرار دادن آنها، تشکر و قدردانی می‌گردد.

Salehi *et al.* (2006) در پژوهشی روی گوسفند،

میزان وراثت‌پذیری سیتوپلاسمی را برای وزن بدن و وزن پشم نشسته در گوسفندان بلوچی، به ترتیب برابر ۰/۰۴ و ۰/۰۲ برآورد کردند.

در پژوهشی دیگر محققان با بررسی اثر وراثت سیتوپلاسمی بر صفات تولیدی ۴۴۶۱ رأس از گاوهای هلشتاین کارولینای شمالی در دوره اول شیردهی، گزارش کردند، اثر سیتوپلاسمی ۲ درصد از واریانس تولید شیر و ۳/۵ درصد از واریانس چربی شیر را توجیه می‌کند (Berg *et al.*, 1985). پژوهشگران در پژوهشی روی گوسفند Polypay اثر سیتوپلاسمی را بر چهار صفت وزن تولد، وزن شیرگیری، میزان الیاف تولیدی و تیپ تولد بررسی کرده و گزارش کردند، اثر سیتوپلاسمی بر صفات یادشده تأثیر مهم و قابل توجهی نداشت (Van vleek *et al.*, 2004) که با نتایج به‌دست‌آمده از بهترین مدل در این پژوهش همخوانی نداشت. در مورد استفاده از روش آماری بیزی، محققان در نتایج بررسی‌های خود چنین عنوان کردند، روش بیزی بسیار دقیق و پرهزینه است و فراسنجه‌های ژنتیکی را با دقت بالایی پیش‌بینی می‌کند (Deimi Ghias Abadi *et al.*, 2012).

#### نتیجه‌گیری

نتایج به‌دست‌آمده در این پژوهش نشان داد، وزن بیده

#### REFERENCES

1. Baghchehmaryam, M. B., Moradi shahrehabak, M., Miraei-Ashtiani, S. R., Rashidi, A. & Sheykh Ahmadi, M. (2010). Estimation of Genetic and Phenotypic Parameters for Some Economic Traits in Markhoz Goat. *Animal Production Research*, 1, 15-11. (in Farsi)
2. Barazandeh, A., Moghbeli, S. M., Hossein-Zadeh, N. G. & Vatankhah, M. (2012). Genetic evaluation of growth in Raini goat using random regression models. *Livestock Science*, 145(1), 1-6.
3. Bell, B. R., McDaniel, B. T. & Robison, O. W. (1985). Effects of Cytoplasmic Inheritance on Production Traits of Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science*, 68, 2038-2051.
4. Berg, A., Mayer, R. & Yu, J. (2004). Deviance Information Criterion for Comparing Stochastic Volatility Models. *Journal of Business & Economic Statistics*, 22(1), 107-120.
5. Brown, W. M., George M. & Wilson, A. C. (1979). Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceeding of National Academic Science*, 76, 1967-1971.
6. Deimi Ghias Abadi, P., Alijani, S., Shodja Ghias, J. & Pirani, N. (2012). Comparison of tow restricted maximum likelihood (REML) and bayesian statistical methods for estimating genetic parameter of some economically important traits in Fars native chickens. *Research on Animal Production*, 3 (5), 1-13.
7. Dixit, S. P., Dhillon, J. S. & Singh, G. (2001). Genetic and non-genetic parameters for growth traits of Bharat Merino lambs. *Small Ruminant Research*, 42, 101-104.
8. Fathi, M. H. & Farhang Far, H. (2009). The nutrition of goats. *National Conference on Animal fibers*, 1, 205-207. (in Farsi)
9. Gibson, J. P., Freeman, A. E. & Boettcher, P. J. (1997). Cytoplasmic and mitochondrial inheritance of economic traits in cattle. *Livestock Production Science*, 47, 115-124.
10. Hanford, K. J., Snowden, G. D. & Van Vleck, L. D. (2003). Models with nuclear, cytoplasmic, and environmental effects for production traits of Columbia sheep. *Journal of Animal Science*, 81, 1926-1932.

11. Hohenboken W. D. (1985). Maternal effect. In: *World Animal Science. General and quantitative genetics* (AB Chapman, ed), Elsevier, Amsterdam, 135-149.
12. Kheirabadi, K., Alijani, S., Rafat, S. A. & Moghaddam, Gh. (2014). Comparison of two different statistical methods in estimation of (co)variance components of milk production traits of Iranian Holstein cows. *Journal of Ruminant Research*, 1 (4), 127-142. (in Farsi)
13. Klvndy, A. S., Qazykhanyshad, A. S. & Shokrollahi, B. (2011). Estimation of genetic parameters for growth traits and fleece weight one year of the goat Markhoz. *Journal of Veterinary Medicine, Islamic Azad University*. 5(2), 52-47. (in Farsi)
14. Meyer, A. (1994). DNA technology and phylogeny of fish. In: A.R. Beaumont (Ed), *Genetics and evolution of aquatic organisms*. Chapman and Hall, London.UK.
15. Misztal, I. (2008). BLUPF90: a flexible mixed model program in Fortran 90. Available at. <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/>>. Accessed on: 08 Oct. 2014.
16. Pun, A., Goyache, F., Cervantes, I. & Gutiérrez, J.P. (2012). Cytoplasmic line effects for birth weight and preweaning growth traits in the Asturiana de los Valles beef cattle breed. *Livestock Science*, 143, 177-183.
17. Rashidi, A., Kashan, N., Miraei-Ashtiani, S. R., Rahimi, Sh. & Vaeztrshyzy, R. (2000). Variance-covariance estimate of components and genetic parameters for body weight at Goats Markhoz. *Journal of Agricultural Sciences Iran*, 3, 262-255. (in Farsi)
18. Rashidi, A., Ramezani, M. & Vaztrshyzy, R. (2005). Estimation of genetic and environmental economics Markhoz goats. *Iranian Journal of Agricultural Science*, 36(5), 1130-1120. (in Farsi)
19. Rostami, E. (2015). Estimation of genetic parameters for growth traits and mohair yield of Markhoz goat by Bayesian method. Thesis for Master of Science genetic and animal breeding. Ramin University. (in Farsi)
20. Roughsedge, T., Brotherstone, S. & Visscher, P. M. (2001). Bias and power in the estimation of a maternal family variance component in the presence of incomplete and incorrect pedigree information. *Journal of Dairy Science*, 84, 944-950.
21. Salehi, A., Gharahvaisi, S. & VaezTorshizi R. (2005). Cytoplasmic inheritance of production traits of Baluchi sheep. *Research and development in animal breeding and aquaculture*. 73, 195-188. (in Farsi)
22. Salehi, A. & James, J. W. (1997). Detection of cytoplasmic effects on production: the influence of number of years of data. *Genetic Selection Evolution*, 29, 269-277.
23. Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., & Colleau, J. (2006). CFC, contribution, inbreeding (F), coancestry. Release 1. <http://agrews.agr.niigata-u.ac.jp/~iwsk/cfc.html>.
24. Sataei Mokhtari, M., Rashidi, A., Barazandeh, A., Domari, H. & Molaei, S. (2009). Genetic analysis of wool weight in Kermani sheep. *Proceedings of the National Conference on Textile Fiber*. Tabriz. Iran. 13-15. (in Farsi)
25. Schenkel, F. S., Schaeffer, L. R. & Boettcher, P. J. (2002). Comparison between estimation of breeding values and fixed effects using Bayesian and empirical BLUP estimation under selection on parents and missing pedigree information. *Genetic Selection Evolution*, 34, 41-59.
26. Snowden, G. D., Hanford, K. J. & Van Vleck, L. D. (2004). Comparison of models including cytoplasmic effects for traits of Rambouillet sheep. *Livestock Production Science*, 90, 159-166.
27. Southwood, O. L., Kennedy, B. W., Meyer, K. & Gibson, J. P. (1989). Estimation of additive maternal and cytoplasmic genetic variances in animal models. *Journal of Dairy Science*, 72, 3006-3012.
28. Spiegelhalter, D. J., Best, N. G., Carlin, B. P. & van der Linde, A. (2014). The deviance information criterion: 12 years on (with discussion). *Journal of the Royal Statistical Society*, 76 (3), 485-493.
29. Van Vleck, L. D., Hanford, K. J. & Snowden, G. D. (2004). Lack of evidence for cytoplasmic effects for four traits of Polypay sheep. *Faculty Papers and Publications in Animal Science*. Paper 213.
30. Willham, R. L. (1972). The role of maternal effects in animal breeding. III Biometrical aspects of maternal effects in animals. *Journal of Animal Science*, 35, 1288-1293.