

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد و تولیدمثل و روند ژنتیکی صفات رشد در گوسفند نژاد زل تحت سیستم روستائی

حسین محمدی^{۱*} و مصطفی صادقی^۲

۱، ۲، دانشجوی کارشناسی ارشد و استادیار پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران
(تاریخ دریافت: ۸۹/۵/۶ - تاریخ تصویب: ۸۹/۹/۳)

چکیده

در این تحقیق از تعداد ۱۵۷۲۳، ۱۲۱۰۸ و ۵۲۳۶ رکورد مربوط به صفات وزن تولد، شیرگیری و شش ماهگی گوسفندان زل که در فاصله سالهای ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۸ که توسط سازمان جهاد کشاورزی استان مازندران جمع‌آوری شده بود، استفاده گردید. وراثت‌پذیری مستقیم و مادری صفات رشد با تجزیه تک‌صفتی با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده و برازش شش مدل حیوانی مختلف با افزودن و حذف آثار ژنتیکی افزایشی مادری و محیطی دائمی مادری، برآورد شدند. آزمون نسبت درست‌نمایی نشان داد که مدل دارای آثار ژنتیکی مستقیم و ژنتیکی افزایشی مادری، بدون در نظر گرفتن کوواریانس بین آنها برای وزن تولد و شیرگیری و مدل دارای آثار ژنتیکی مستقیم و محیطی دائمی مادری برای وزن شش ماهگی مناسب بود. برآورد وراثت‌پذیری صفات تولیدمثلی با تجزیه چند صفتی پایین و در دامنه بین ۰/۰۵ برای تعداد بچه متولد شده به ازای هر میش در معرض امیزش تا ۰/۱۴ برای کل وزن تولد در هر زایمان به دست آمد. روند ژنتیکی مستقیم وزن تولد، شیرگیری و شش ماهگی با استفاده از تجزیه تک‌صفتی و چندصفتی به ترتیب $۱/۹۱ \pm ۰/۰۷$ و $۲/۵۳ \pm ۱/۱$ ، $۱۰/۴۰ \pm ۱/۵$ و $۹۸/۵ \pm ۲۵/۲$ ، $۱۰۵/۳۸ \pm ۲۱/۲$ و $۷۳/۲۳ \pm ۳۳/۴$ و $۷۸/۴۶ \pm ۳۳/۴$ گرم در سال بود. روند ژنتیکی مادری صفت وزن تولد از تجزیه تک‌صفتی و چند صفتی به ترتیب $۲/۹۴ \pm ۱/۲۱$ و $۳/۰۷ \pm ۲/۴۹$ گرم در سال برآورد شدند.

واژه‌های کلیدی: پارامترهای ژنتیکی، رشد، تولیدمثل، روند ژنتیکی، گوسفند زل.

مقدمه

نژاد در مناطق شمالی ایران و عمدتاً در استان‌های مازندران و گیلان پرورش داده می‌شود و هدف عمده پرورش این نژاد تولید گوشت می‌باشد. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد برای مشخص کردن معیارها و اهداف انتخاب، برآورد ارزش‌های اصلاحی و استفاده از آن در برنامه‌های انتخاب و همچنین برای پیش بینی پاسخ مورد انتظار در نتیجه انتخاب بر اساس یک یا چند صفت ضروری است (Matika et al., 2003).

در حال حاضر، مهم‌ترین دلیل پرورش گوسفند در ایران استفاده از آن برای تولید گوشت می‌باشد. در حال حاضر بیش از ۴۲٪ کل گوشت قرمز تولیدی که نزدیک به ۲۹۳ هزار تن در سال است توسط ۲۷ نژاد گوسفند سازگار با مناطق مختلف کشور تولید می‌شود (Vatankhah et al., 2004). گوسفند زل یکی از نژادهای بومی ایران بوده که تنها گوسفند بی‌دنبه ایران است، این

(2008) فاصله روند ژنتیکی وزن تولد، شیرگیری و شش ماهگی را در طی سال‌های ۱۳۷۱ تا ۱۳۷۸ در نژاد کردی به ترتیب 2.0 ± 0.9 ، 3.5 ± 1.0 و 4.6 ± 1.4 گرم در سال گزارش نموده‌اند. (Sargolzaei & Edriss, 2008) روند ژنتیکی وزن تولد، شیرگیری و شش ماهگی را در طی ۸ سال در نژاد بختیاری به ترتیب $4.9 \pm 1.2/7$ ، $4.4 \pm 1.5/6$ و $7.7 \pm 1.8/21$ گرم در سال گزارش کرده‌اند. (Shaat et al., 2004) روند ژنتیکی وزن شیرگیری و شش ماهگی را در طی سال‌های ۱۹۷۰ تا ۱۹۹۹ در نژاد رحمانی به ترتیب 2 ± 92 و 3 ± 135 گرم در سال و در نژاد اوسیمی به ترتیب 4 ± 21 و 5 ± 21 گرم در سال گزارش نمودند. تا کنون هیچ پژوهشی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد و صفات تولیدمثل و ارزیابی کارآمدی برنامه انتخاب بر بهبود عملکرد صفات رشد و تعیین میزان اثرات مادری بر صفات مورد بررسی در گوسفند زل انجام نشده است. از اینرو این پژوهش با هدف برآورد پارامترهای مورد نظر و برآورد روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی صفات رشد در گوسفند زل و همچنین تعیین میزان اهمیت اثرات مادری بر این صفات انجام شده است.

مواد و روش‌ها

اطلاعات مربوط به شجره و رکوردهای وزن تولد، شیرگیری و شش ماهگی که از سال ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۸ توسط سازمان جهاد کشاورزی استان مازندران از گله‌های روستائی تحت رکوردبرداری، تحت نظارت موسسه تحقیقات علوم دامی کشور جمع آوری شده بود، به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد و تولیدمثل و برآورد میزان تغییر ژنتیکی و روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی مورد استفاده قرار گرفت. آمار توصیفی صفات مورد بررسی در جدول ۱ نشان داده شده است.

به منظور شناسائی اثر عوامل ثابت مؤثر بر صفات مورد بررسی و تست نرمال بودن آنها و وارد کردن آنها در مدل، ابتدا داده‌ها بوسیله تجزیه واریانس بررسی شدند که مدل آماری مورد استفاده شامل اثرات ثابت جنس (نر و ماده)، سال تولد (۱۳ سال)، نوع تولد (تک قلو یا دوقلو)، اثر گله (۲۹ کلاس)، تنها گله‌های وارد مدل

از طرف دیگر پژوهش‌های متعدد نشان داده‌اند که اثرات مادری یک منبع تنوع برای صفات رشد به خصوص در سنین پایین محسوب می‌شود و لحاظ نکردن این عامل در مدل سبب برآورد اریب پارامترهای ژنتیکی خواهد شد (Naderi et al., 2007; Sargolzaei et al., 2004; Matika et al., 2003). صفات تولیدی در موجودات اهلی در اکثر موارد با یکدیگر همبستگی دارند. از جمله موارد کاربرد همبستگی‌های ژنتیکی، در پیش بینی پاسخ به انتخاب و برآورد ارزش‌های اصلاحی افراد در تجزیه چند صفی می‌باشد. توجه به بازده تولیدمثل به منظور افزایش بهره وری در گوسفند از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است در واقع یکی از اجزای بیولوژیکی مهم در تولید گوشت علاوه بر صفات رشد صفات تولیدمثل بوده، لذا بازده پرورش گوسفند به مقدار زیادی تابع توان تولیدمثل می‌شود. در جامعه‌ای دامی که انتخاب انجام شده و جفتگیری بین حیوانات با توجه به خصوصیات ژنتیکی آنها برنامه‌ریزی می‌گردد، لازم است تغییرات حاصل در میانگین ارزش اصلاحی و فنوتیپی جامعه در اثر انتخاب بررسی شود تا کارآمدی و یا ناکارآمدی آن برنامه اصلاح نژادی مشخص گردد. از این رو معمولاً روند ژنتیکی برای مرحله انتخاب مورد بررسی قرار می‌گیرد (Rashidi et al., 2007). برآورد روند ژنتیکی و محیطی در یک جمعیت ارزیابی روش‌های انتخاب را امکان‌پذیر نموده و نقش عوامل محیطی از قبیل تغذیه، بهداشت و تولیدمثل و غیره را آشکار می‌کند (Jurado et al., 1994). نگهداری جمعیت شاهد یکی از روش‌های برآورد روند ژنتیکی است ولی به علت هزینه زیاد آن و کوچک شدن جمعیت اصلی استفاده از این روش مناسب نیست (Legates et al., 1988). مناسب‌ترین روش پیش‌بینی ارزش اصلاحی و برآورد روند ژنتیکی با استفاده از مدل حیوانی است که دارای خاصیت بهترین پیش‌بینی نا اریب خطی (BLUP) می‌باشد. چون ارزش‌های اصلاحی حیوانات در طول زمان به صورت تجمعی است لذا میانگین ارزش اصلاحی حیوانات در هر سال بیانگر سطح ژنتیکی در آن سال است (Naderi et al., 2007; Sargolzaei et al., 2004). انتخاب برای صفات رشد گوسفند در جمعیت‌های مختلف نتایج متفاوتی داشته است. Rashidi & Akhshi

جدول ۱- آمار توصیفی صفات مورد بررسی

صفات	تعداد دام	تعداد دام با رکورد	میانگین و انحراف معیار (kg)	دامنه (kg)	ضریب تنوع (%)	تعداد پدر	تعداد مادر	دامنه اطمینان
وزن تولد	۱۸۶۵۲	۱۵۰۰۳	۲/۷۹±۰/۱۹	۱/۰۰-۲/۷۰	۱۷/۴۱	۳۷۹	۹۳۴	۰/۹۰-۴/۰۷
وزن شیرگیری	۱۴۵۴۳	۱۱۷۸۵	۱۵/۵۷±۲/۰۱	۸/۰۰-۲۴/۳۰	۲۳/۲۲	۲۵۶	۷۴۸	۶/۸۰-۲۴/۰۰
وزن شش ماهگی	۷۰۵۶	۴۹۳۲	۲۴/۹۶±۳/۵۲	۱۱/۰۰-۴۱/۰۰	۲۴/۰۰	۱۷۹	۴۱۲	۱۲/۴۷-۴۷/۱۲

شد. مدلی که دارای بیشترین مقدار لگاریتم درستنمایی بود به عنوان مناسبترین مدل انتخاب شد و در صورت غیرمعنی دار شدن تفاوت بین مدل‌ها، از ساده‌ترین مدل برای برآورد مؤلفه‌های واریانس استفاده شد. معیار همگرایی برای توقف تکرارها در تجزیه و تحلیل 10^{-8} در نظر گرفته شد.

جدول ۲- مؤلفه‌های واریانس و کوواریانس مدل‌های مختلف حیوانی برازش شده برای تجزیه صفات مورد بررسی

مدل	پارامتر	اجزای (کو)واریانس
۱	h^2_d	σ^2_e, σ^2_a
۲	$h^2_d + pe^2$	$\sigma^2_e, \sigma^2_{pe}, \sigma^2_a$
۳	$h^2_d + h^2_m$	$\sigma^2_e, \sigma^2_m, \sigma^2_a$
۴	$h^2_d + h^2_m + r_{am}$	$\sigma^2_e, \sigma_{am}, \sigma^2_m, \sigma^2_a$
۵	$h^2_d + h^2_m + pe^2$	$\sigma^2_a, \sigma^2_{pe} + \sigma^2_m, \sigma^2_e$
۶	$h^2_d + h^2_m + r_{am} + pe^2$	$\sigma^2_a, \sigma^2_{pe} + \sigma^2_m, \sigma_{am}, \sigma^2_e$

σ^2_a : واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم؛ σ^2_m : واریانس ژنتیکی افزایشی مادری؛ σ^2_{pe} : واریانس محیطی دائمی مادری؛ σ_{am} : کوواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری؛ σ^2_e : واریانس باقیمانده؛ σ^2_p : واریانس فنوتیپی - h^2_d : وراثت‌پذیری مستقیم؛ h^2_m : وراثت‌پذیری مادری؛ pe^2 : نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی؛ r_{am} : همبستگی بین اثر ژنتیکی مستقیم و مادری.

صفات میش

به‌منظور برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی از روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) و به صورت تجزیه چند صفتی تحت مدل حیوانی زیر استفاده گردید:

$$y_i = Xb + Za + W_{pe} + e$$

که y_i ، a ، b ، pe و e به ترتیب بردار مشاهدات، عوامل ثابت (اثر سن میش و سال جفتگیری برای همه صفات، اثرجنس بره برای کل وزن تولد و شیرگیری و متغیر کمکی تعداد روزهای شیرخوارگی برای کل وزن از شیرگیری) همچنین به علت متفاوت بودن گله‌ها اثر قوچ مورد تجزیه قرار گرفت و به علت معنی‌دار بودن آن از مدل حذف گردید، عوامل تصادفی ژنتیکی افزایشی، عوامل تصادفی محیطی دائمی میش و اثر عوامل

شدند که دارای ارتباط ژنتیکی بودند)، سن مادر (۲ تا ۷ سالگی) و متغیر کمکی تعداد روزها از تولد تا زمان رکورد گیری هر یک از صفات پس از تولد بود. هیچ یک از اثرات متقابل عوامل ثابت معنی‌دار نبودند، لذا این اثرات متقابل بین عوامل ثابت در مدل نهائی منظور نشدند. برای آماده کردن و ویرایش اطلاعات از نرم‌افزار FOXPRO (2.6) استفاده شد و آنالیز حداقل مربعات با استفاده از رویه (GLM) نرم‌افزار SAS (9.1) انجام شد. مؤلفه‌های واریانس و کوواریانس و پارامترهای ژنتیکی با استفاده از نرم‌افزار ASREML (Glimour et al., 1999) برآورد گردید. به منظور بررسی اثرات مادری بر صفات رشد مورد بررسی مؤلفه‌های واریانس با شش مدل حیوانی تک‌متغیره مختلف برآورد گردید که اجزای آن در جدول ۲ ارائه شده است.

همچنین شکل ماتریسی مدل‌های مورد استفاده به صورت زیر بود:

$$y = Xb + Z_1a + e \quad (1)$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_3c + e \quad (2)$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + e \quad \text{Cov}(a, m) = 0 \quad (3)$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + e \quad \text{Cov}(a, m) = A\sigma_{am} \quad (4)$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e \quad \text{Cov}(a, m) = 0 \quad (5)$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e \quad \text{Cov}(a, m) = A\sigma_{am} \quad (6)$$

در مدل‌های فوق y بردار مشاهدات، X ، Z_1 ، Z_2 و Z_3 ماتریس‌هایی هستند که مشاهدات را به ترتیب به اثرات عوامل ثابت، اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثر تصادفی محیطی دائمی مادری و اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مادری ربط می‌دهند. بردارهای a ، b ، c ، m و e به ترتیب در برگزیده اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثر عوامل ثابت، اثر محیطی دائمی مادری، اثر ژنتیکی افزایشی مادر، و باقی‌مانده هستند. برای تعیین بهترین مدل آماری برای برآورد پارامترها و مؤلفه‌های واریانس- کوواریانس از آزمون لگاریتم نسبت درستنمایی استفاده

محیطی دائمی میسر ربط می‌دهند. میانگین، انحراف معیار و ضریب تغییرات صفات تولیدمثلی گوسفندان زل در جدول ۳ نشان داده شده است.

تصادفی باقی‌مانده می‌باشند. X ، Z و W ماتریس‌هایی هستند که مشاهدات را به ترتیب به اثرات عوامل ثابت، اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثر تصادفی

جدول ۳- تعداد، میانگین، انحراف معیار و ضریب تغییرات صفات تولیدمثلی گوسفندان زل

ضریب تغییرات (%)	انحراف معیار	میانگین	تعداد	علامت اختصاری	صفت
۲۶/۱۰	۰/۱۰	۰/۸۹	۵۱۰۲	CR	میزان آبستنی
۲۳/۱۵	۰/۲۵	۱/۰۸	۴۳۴۳	NLB/EL	تعداد بزه های متولد شده در هر زایمان
۳۵/۵۴	۰/۲۳	۱/۰۲	۴۳۴۳	NLW/EL	تعداد بزه های شیرگیری شده در هر زایمان
۲۲/۴۳	۰/۲۵	۱/۰۸	۴۱۳۹	NLBL/EL	تعداد بزه های زنده متولد شده در هر زایمان
۳۵/۶۵	۰/۲۳	۱/۰۲	۴۱۳۹	NLWL/EL	تعداد بزه های زنده شیرگیری شده در هر زایمان
۱۵/۹۱	۱/۰۸	۲/۳۵	۴۱۰۸	TLBW/EL	کل وزن تولد در هر زایمان
۲۵/۶۵	۹/۳۷	۱۸/۳۲	۴۱۰۸	TLWW/EL	کل وزن شیرگیری در هر زایمان میسر
۱۵/۴۷	۱/۰۲	۲/۴۱	۴۰۸۵	TLBWL/EL	کل وزن زنده تولد در هر زایمان
۲۴/۸۷	۹/۳۵	۱۸/۳۰	۴۰۸۵	TLWWL/EL	کل وزن زنده شیرگیری در هر زایمان
۳۷/۲۱	۰/۴۰	۱/۰۰	۵۱۰۲	NLB/EJ	تعداد بزه متولد شده به ازای هر میسر در معرض آمیزش
۴۶/۸۲	۰/۲۴	۰/۹۲	۵۱۰۲	NLW/EJ	تعداد بزه شیرگیری به ازای هر میسر در معرض آمیزش
۴۵/۲۵	۱/۰۷	۲/۸۲	۴۹۴۷	TLBW/EJ	کل وزن تولد به ازای هر میسر در معرض آمیزش
۳۷/۵۸	۱۱/۷۵	۱۵/۶۲	۴۹۴۷	TLWW/EJ	کل وزن شیرگیری به ازای هر میسر در معرض آمیزش

روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی

صفتی و بر اساس مناسب‌ترین مدل برای هر صفت برآورد گردیدند (Kovac et al., 1990). واریانس‌های مورد نیاز برای تجزیه چندصفتی از نتایج تجزیه و تحلیل تک صفتی استخراج شده و کوواریانس‌های مورد نیاز با توجه به اجزاء واریانس برآورد شده در حالت تک صفتی و ضریب همبستگی تقریبی بین صفات تعیین شد (Neser et al., 2000).

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس صفات مورد بررسی نشان داد که اثر عوامل ثابت سال زایش، نوع زایش، فصل زایش، جنس و سن مادر بر کلیه صفات مورد بررسی معنی‌داری بود ($P < 0.01$) که با نتایج مطالعات دیگر مطابقت دارد (Rashidi et al., 2008; Matika et al., 2003). اثر ثابت گله نیز در تمام صفات مورد بررسی معنی دار بود ($P < 0.05$) و با نتایج Mohammadi et al. (2008) در گوسفند افشاری در ۳۱ گله مطابقت داشت. اثر سال به صورت تغییرات آب و هوایی، مدیریت و چگونگی پرورش مادران و میزان تغذیه بزه‌ها بر عملکرد حیوانات تأثیر گذار است. نوع تولد به شدت اوزان بعد از

ارزیابی ژنتیکی و پیش بینی ارزش‌های اصلاحی حیوانات با استفاده از مدل حیوانی تک متغیره و چند متغیره انجام شد. پس از تجزیه و تحلیل داده‌ها و پیش بینی ارزش‌های اصلاحی حیوانات، روند ژنتیکی صفات رشد با استفاده از تابعیت میانگین ارزش‌های اصلاحی بر سال تولد برآورد شد. پیشرفت ژنتیکی کل صفات مختلف بر اساس تفاوت میانگین ارزش‌های اصلاحی دام‌ها در سال‌های ابتدا و انتها به دست آمد. همچنین برای برآورد روند فنوتیپی از تابعیت میانگین عملکرد صفات مختلف بر سال تولد استفاده شد. برای برآورد روند محیطی ابتدا تفاوت میانگین ارزش‌های اصلاحی از میانگین فنوتیپی هر سال محاسبه شد و سپس از تابعیت مقدار حاصل بر سال تولد برای برآورد روند محیطی استفاده گردید. روندهای چند صفتی براساس تجزیه چند صفتی با مدل مناسب هر صفت برآورد شد. از مدل‌های تجزیه و تحلیل تابعیت نرم افزار SAS (9.1) برای آزمون معنی‌داری ضرائب تابعیت استفاده شد. همچنین برآورد همبستگی‌های ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی بین صفات در قالب تجزیه و تحلیل‌های چند

محیطی از قبیل جفت، تغذیه جنین به وسیله مادر و غیره می‌باشد. بنابراین عوامل محیطی مؤثر در رشد مادر مخصوصاً کمیت و کیفیت مواد خوراکی و ذخیره غذایی بدن مادر می‌تواند رشد جنین را تحت تأثیر قرار می‌دهد. نتایج نشان می‌دهد با افزایش سن وراثت‌پذیری مستقیم روندی صعودی دارد و این به دلیل افزایش بروز تأثیر ژن‌هایی با منشاء ژنتیکی افزایشی مستقیم بر رشد دام و کاهش اثرات مادری می‌باشد. وراثت‌پذیری مستقیم وزن شیرگیری ۰/۲۶ برآورد شد که در دامنه برآوردهای برخی از پژوهشگران قرار دارد (Nasholm & Danell, 1996; Neser et al., 2000). نسبت واریانس محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی برای وزن از شیرگیری ۰/۱۲ برآورد گردید که با برآوردهای گزارش شده مطابقت دارد (Nasholm & Danell, 1996; Neser et al., 2000). مقدار وراثت‌پذیری مستقیم وزن شش ماهگی با مدل ۲، ۰/۲۸ برآورد گردید که با نتایج گزارش شده توسط Shaat et al. (2004) در گوسفندان اوسیمی به میزان ۱۸٪ مطابقت دارد. نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی برای وزن شش ماهگی ۰/۰۴

شیرگیری را تحت تأثیر قرار می‌دهد زیرا بره‌های تک قلو در رحم مادر و در هنگام تولد از وضعیت تغذیه بهتری نسبت به بره‌های دو قلوزا برخوردارند. اثر معنی‌دار جنس بر صفات رشد به علت تفاوت‌های فیزیولوژیکی و هورمونی در جنس نر و ماده می‌باشد.
وراثت‌پذیری صفات رشد
 برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس، پارامترهای ژنتیکی و لگاریتم درستنمایی از مدل‌های مختلف در جداول ۴، ۵ و ۶ نشان داده شده است. براساس آزمون نسبت درستنمایی مدل ۵ مناسب‌ترین مدل برازش شده برای صفات وزن تولد و شیرگیری و مدل ۲ به عنوان مناسب‌ترین مدل برای وزن شش ماهگی تشخیص داده شد. کمترین مقدار توارث‌پذیری مربوط به وزن تولد بود که می‌تواند به دلیل تنوع زیاد اثرات مادری بر جنین باشد که با نتایج گزارش شده (Duguma et al. (2002) در گوسفندان مرینو، Hanford et al. (2006) در گوسفندان تارگی و Matika et al. (2003) در گوسفندان سابی مطابقت دارد.
 رشد و تکامل جنین تحت تأثیر عوامل ژنتیکی و

جدول ۴- برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفت وزن تولد با تجزیه تک صفتی

با مدل‌های مختلف دامی با استفاده از روش REML

مدل	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pe}^2	σ_{am}^2	σ_e^2	σ_p^2	h_d^2	h_m^2	pe^2	r_{am}	Log L
۱	۰/۱۵۶	-	-	-	۰/۲۱۸	۰/۳۷۴	۰/۴۱۷±۰/۰۳	-	-	-	۱۷۴/۰۵۶
۲	۰/۰۸۱	-	۰/۰۶۴	-	۰/۲۲۵	۰/۳۶۱	۰/۱۹۸±۰/۰۱	-	۰/۱۷۸±۰/۰۴	-	۲۰۹/۹۰۳
۳	۰/۰۶۸	۰/۰۷۰	-	-	۰/۲۳۹	۰/۳۶۹	۰/۱۸۴±۰/۰۲	۰/۱۹۱±۰/۰۱	-	-	۲۱۳/۰۴۹
۴	۰/۰۶۶	۰/۰۶۶	-	۰/۵۱	۰/۲۴۱	۰/۳۶۹	۰/۱۷۸±۰/۰۲	۰/۱۷۹±۰/۰۳	-	۰/۴۸±۰/۰۱	۲۱۳/۱۴۶
۵	۰/۰۶۲	۰/۰۵۱	۰/۰۴۷	-	۰/۲۳۰	۰/۳۶۲	۰/۱۷۲±۰/۰۱	۰/۱۴۰±۰/۰۲	۰/۱۳۱±۰/۰۱	-	۲۲۲/۹۵۴
۶	۰/۰۶۰	۰/۰۴۰	۰/۰۴۷	۰/۲۴	۰/۲۳۱	۰/۳۶۲	۰/۱۶۸±۰/۰۴	۰/۱۱۴±۰/۰۳	۰/۱۳۰±۰/۰۲	۰/۳۶±۰/۰۴	۲۲۱/۹۸۷

* لگاریتم درستنمایی مدل مناسب به صورت برجسته نشان داده شده است.

جدول ۵- برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفت وزن شیرگیری با تجزیه تک صفتی

با مدل‌های مختلف دامی با استفاده از روش REML

مدل	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pe}^2	σ_{am}^2	σ_e^2	σ_p^2	h_d^2	h_m^2	pe^2	r_{am}	Log L
۱	۳/۷۱	-	-	-	۵/۹۲	۹/۶۳	۰/۳۸±۰/۰۳	-	-	-	-۱۱۳۴/۲۲
۲	۲/۵۹	-	۱/۲۳	-	۵/۶۸	۹/۵۰	۰/۲۷±۰/۰۳	-	۰/۱۳±۰/۰۵	-	-۱۱۲۵/۳۹
۳	۲/۵۷	۱/۲۷	-	-	۶/۲۰	۹/۵۴	۰/۲۶±۰/۰۲	۰/۱۳±۰/۰۱	-	-	-۱۱۲۹/۱۰
۴	۳/۱۸	۱/۹۸	-	۱/۰۰	۵/۴۶	۹/۶۲	۰/۳۳±۰/۰۳	۰/۲۱±۰/۰۲	-	۰/۴۰±۰/۰۶	-۱۱۲۹/۹۲
۵	۲/۴۹	۱/۰۶	۱/۱۱	-	۵/۷۴	۹/۵۰	۰/۲۶±۰/۰۱	۰/۱۱±۰/۰۱	۰/۱۲±۰/۰۴	-	-۱۱۲۳/۱۳
۶	۳/۱۲	۰/۹۸	۱/۱۱	۰/۵۰	۵/۳۵	۹/۵۶	۰/۳۳±۰/۰۱	۰/۱۰±۰/۰۱	۰/۱۲±۰/۰۴	۰/۴۱±۰/۰۷	-۱۱۲۷/۳۴

* لگاریتم درستنمایی مدل مناسب به صورت برجسته نشان داده شده است.

جدول ۶- برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفت وزن شش ماهگی با تجزیه تک صفتی

با مدل‌های مختلف دامی با استفاده از روش REML											
مدل	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pe}^2	σ_{am}^2	σ_e^2	σ_p^2	h_d^2	h_m^2	pe^2	r_{am}	Log L
۱	۴/۵۱	-	-	-	۱۰/۰۳	۱۴/۵۳	۰/۳۱±۰/۰۳	-	-	-	-۳۴۹۸/۵۸
۲	۴/۱۵	-	۰/۶۳	-	۹/۹۳	۱۴/۴۳	۰/۲۸±۰/۰۲	-	۰/۰۴±۰/۰۱	-	-۳۴۸۵/۷۱
۳	۳/۲۵	۰/۹۱	-	-	۱۰/۲۱	۱۴/۳۷	۰/۲۲±۰/۰۴	۰/۰۶±۰/۰۲	-	-	-۳۴۸۸/۱۸
۴	۲/۸۶	۰/۳۹	-	-۰/۹۱	۱۰/۳۶	۱۴/۴۲	۰/۱۹±۰/۰۳	۰/۰۲±۰/۰۱	-	-۰/۸۸±۰/۰۶	-۳۴۸۷/۰۴
۵	۳/۲۶	۰/۸۹	۰/۱۵	-	۱۰/۳۱	۱۴/۳۷	۰/۲۲±۰/۰۳	۰/۰۶±۰/۰۲	۰/۰۴±۰/۰۱	-	-۳۴۸۵/۱۸
۶	۲/۹۶	۰/۲۶	۰/۲۴	-۰/۸۸	۱۰/۳۲	۱۴/۴۳	۰/۲۰±۰/۰۳	۰/۰۱±۰/۰۰	۰/۰۴±۰/۰۱	-۰/۸۶±۰/۰۴	-۳۴۸۴/۳۹

* لگاریتم درست‌نمایی مدل مناسب به صورت برجسته نشان داده شده است.

محیطی و همبستگی محیطی است که می‌تواند در انتخاب مفید باشد. با توجه به همبستگی ژنتیکی بالا بین صفات می‌توان نتیجه گرفت که انتخاب بر اساس یکی از صفات فوق باعث پیشرفت در صفات دیگر نیز می‌شود. همبستگی منفی بین اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری در نتیجه برآورد مدل‌های ۴ یا ۶ نمی‌تواند از لحاظ بیولوژیکی صحیح باشند. این برآوردها به وضوح نشان می‌دهد که داده‌های مورد استفاده از نظر متوسط تعداد نتاج هر مادر و همچنین تعداد مادران دارای ساختار مناسبی برای بررسی آن صفات مورد بررسی را نداشته است.

وراثت‌پذیری صفات تولیدمثل

برآورد مؤلفه‌های واریانس، وراثت‌پذیری، نسبت واریانس محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی در جدول ۸ نشان داده شده است. دامنه ضریب تغییرات صفات تولیدمثلی از ۱۵/۴۷ برای کل وزن زنده تولد در هر زایمان تا ۴۶/۸۲ برای تعداد بچه شیرگیری به ازای هر میش در معرض آمیزش متغیر بود که نشان‌دهنده بالا بودن تنوع در این صفات در گوسفندان زل است که همانند ضریب تغییرات بالا صفات تولیدمثلی در سایر نژادهای گوسفند است که سایر محققین نیز گزارش کرده‌اند. به طوری که Fogarty (1995) میانگین وزنی ضریب تغییرات صفات تعداد بچه متولد شده در هر زایمان میش، تعداد بچه

برآورد گردید که با برآورد گزارش شده توسط Naderi et al. (2007) در نژاد مغانی ۰/۰۷ گزارش کردند، مطابقت دارد. وراثت‌پذیری مادری برای صفات وزن تولد و شیرگیری به ترتیب ۰/۱۴ و ۰/۱۱ برآورد گردید، با وارد شدن اثرات مادری به مدل، واریانس فنوتیپی به اجزای بیشتری تفکیک می‌شود در نتیجه از ارباب بودن نتایج جلوگیری می‌نماید. وراثت‌پذیری مادری برآورد شده در این مطالعه با نتایج Ghafouri-Kesbi et al. (2008) بر روی گوسفند مهربان مطابقت دارد ولی کمتر از نتایج به دست آمده Mousa et al. (1996) و Nasholm & Danell (1996) است. (1999) بود که احتمالاً به دلیل تغذیه ناکافی میش‌ها و در نتیجه عدم توانایی بروز کامل پتانسیل ژنتیکی و تولید شیر ناکافی باشد (Naderi et al., 2007). برآورد همبستگی‌های ژنتیکی مستقیم و مادری، فنوتیپی و محیطی بین صفات در جدول ۷ ارائه شده است.

همبستگی ژنتیکی مستقیم بین صفات مثبت بود که مطابق با نتایج به دست آمده توسط سایر پژوهشگران بود (Gizaw et al., 2007; Notter, 1998). همبستگی ژنتیکی بالایی بین وزن شیرگیری و شش ماهگی به دست آمد که مطابق با نتایج Kargar et al. (2006) در گوسفند کرمانی می‌باشد. همبستگی‌های فنوتیپی هم جهت با همبستگی‌های ژنتیکی و کمتر از همبستگی ژنتیکی است که این امر احتمالاً به دلیل تأثیر عوامل

جدول ۷- برآورد همبستگی‌های ژنتیکی مستقیم و مادری، فنوتیپی و محیطی بین صفات مورد بررسی

صفت ۱	صفت ۲	r_{g12}	r_{p12}	r_{e12}	r_{gm12}
وزن تولد	وزن شیرگیری	۰/۶۸±۰/۰۵	۰/۳۵±۰/۱۰	۰/۱۹±۰/۰۵	۰/۳۳۵±۰/۰۳
وزن شش ماهگی	وزن شش ماهگی	۰/۵۰±۰/۰۳	۰/۱۹۵±۰/۰۴	۰/۲۷۷±۰/۰۰	۰/۳۱۹±۰/۰۵
وزن شیرگیری	وزن شش ماهگی	۰/۹۴±۰/۰۶	۰/۶۵±۰/۰۱	۰/۶۷±۰/۰۴	۰/۳۰±۰/۰۵

* r_{gm12} و r_{e12} ، r_{p12} ، r_{g12} به ترتیب همبستگی‌های ژنتیکی، فنوتیپی، محیطی و همبستگی ژنتیکی مادری.

که بره‌ها چند هفته بعد از تولد علاوه بر شیر مادر به غذای تکمیلی نیز دسترسی دارند و همچنین ناشی از ژنهای متفاوت موثر بر صفات باشد که بخشی از تغییرات در وزن شیرگیری ناشی از تفاوت در استفاده از غذای کمکی و ژنوتیپ خود بره‌ها می‌باشد. صفت کل وزن شیرگیری به ازای هر میش در معرض آمیزش نیز بیان‌کننده توان میش در تولید وزن از شیرگیری بره به ازای هر میش در معرض قوچ می‌باشد و تحت تأثیر میزان آبستنی، تعداد بره شیرگیری شده و رشد بره‌ها، بقاء بره و توانایی میش از زمان آمیزش تا شیرگیری می‌باشد (Ercanbrack & Knight, 1998). وراثت‌پذیری آن کمتر از کل وزن تولد به ازای هر میش در معرض آمیزش می‌باشد. کم بودن وراثت‌پذیری این صفت را می‌توان به توزیع غیرمعمول آن و همچنین عوامل محیطی بیشتر نسبت داد، همچنین نحوه مدیریت و پرورش میش در طول دوره پرورش سالانه یک جنبه مهمی از اثرات محیطی اعمال شده بر روی بره از طریق مادرش است. با توجه به اینکه این صفت بهره‌وری و یا تولید کل میش را برای یک چرخه تولید نشان می‌دهد می‌تواند از اهداف انتخاب مورد استفاده قرار گیرد.

شیرگیری شده در هر زایمان میش، تعداد بره متولد شده به ازای هر میش در معرض آمیزش، تعداد بره شیرگیری شده به ازای هر میش در معرض آمیزش، کل وزن شیرگیری در هر زایمان میش و کل وزن شیرگیری به ازای هر میش در معرض آمیزش را به ترتیب ۳۶، ۵۱، ۵۸، ۷۳، ۵۱ و ۴۳ درصد جمع‌بندی کرده است. ضرایب وراثت‌پذیری صفات تولیدمثلی پایین به دست آمد. کمتر بودن برآورد وراثت‌پذیری تعداد بره شیرگیری شده در هر زایمان میش در مقایسه با برآورد وراثت‌پذیری تعداد بره متولد شده در هر زایمان میش می‌تواند به علت مرگ و میر بره‌ها از تولد تا شیرگیری باشد که تحت تأثیر عوامل محیطی و ژنوتیپ خود بره‌ها است و کمتر به ژنوتیپ میش مربوط می‌شود. وراثت‌پذیری کل وزن تولد در هر زایمان میش 0.14 ± 0.01 به دست آمد که با مقادیر گزارش شده در سایر نژادها در مقاله مروری مطابقت دارد (Fogarty, 1995). وراثت‌پذیری کل وزن از شیرگیری در هر زایمان 0.10 ± 0.01 بود که با نتایج Matika et al. (2003) مطابقت دارد. وراثت‌پذیری کل وزن شیرگیری کمتر از وراثت‌پذیری صفت کل وزن تولد در هر زایمان می‌باشد، و این می‌تواند به این دلیل باشد

جدول ۸- برآورد مؤلفه‌های واریانس، پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدمثل در گوسفندان زل

صفت	σ_a^2	σ_{pe}^2	σ_e^2	σ_p^2	h_d^2	pe^2
CR	۰/۰۰۱۷	۰/۰۰۸۵	۰/۰۸۹۱	۰/۰۹۹۳	۰/۰۱۷±۰/۰۱	۰/۰۸۵±۰/۰۱
NLB/EL	۰/۰۱۵۶	۰/۰۰۹۵	۰/۱۱۷۴	۰/۱۴۲۵	۰/۱۰±۰/۰۱	۰/۰۶±۰/۰۱
NLW/EL	۰/۰۱۶۷	۰/۰۰۸۷	۰/۱۴۸۱	۰/۱۷۳۵	۰/۰۹±۰/۰۱	۰/۰۵±۰/۰۱
NLBL/EL	۰/۰۱۴۸	۰/۰۰۹۶	۰/۱۱۷۲	۰/۱۴۱۶	۰/۱۰±۰/۰۱	۰/۰۶±۰/۰۱
NLWL/EL	۰/۰۱۳۵	۰/۰۰۵۳۰	۰/۱۳۴۴	۰/۱۵۳۲	۰/۰۸±۰/۰۱	۰/۰۳±۰/۰۱
TLBW/EL	۰/۲۳۱۱	۰/۱۲۱۵	۱/۲۰۱۵	۱/۵۵۴۰	۰/۱۴±۰/۰۱	۰/۰۷±۰/۰۱
TLWW/EL	۵/۵۱۲۱	۳/۶۱۴۳	۴۳/۵۷۴	۵۲/۷۰۵	۰/۱۰±۰/۰۱	۰/۰۶±۰/۰۱
TLBWL/EL	۰/۱۹۳۴	۰/۱۱۹۵	۱/۱۹۳۶	۱/۵۰۶۵	۰/۱۲±۰/۰۱	۰/۰۷±۰/۰۱
TLWWL/EL	۴/۸۰۳۵	۳/۱۰۸۵	۴۳/۹۱۲	۵۱/۸۲۴	۰/۰۹±۰/۰۱	۰/۰۵±۰/۰۱
NLB/EJ	۰/۰۱۲۱	۰/۰۲۰۷	۰/۱۶۹۶	۰/۲۰۲۴	۰/۰۵±۰/۰۱	۰/۱±۰/۰۱
NLW/EJ	۰/۰۲۱۵	۰/۰۲۶۵	۰/۳۰۶۹	۰/۳۵۹۴	۰/۰۶±۰/۰۱	۰/۰۷±۰/۰۱
TLBW/EJ	۰/۱۳۸۸	۰/۱۱۹۷	۰/۸۱۶۰	۱/۰۷۴۵	۰/۱۲±۰/۰۱	۰/۱۱±۰/۰۱
TLWW/EJ	۳/۱۵۴۴	۱/۹۹۵۴	۴۱/۳۳۶	۴۶/۴۸۶	۰/۰۶±۰/۰۱	۰/۰۳±۰/۰۱

روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی

نبودند ($P > 0.05$). اما در برآورد روند ژنتیکی بر اساس تجزیه چند صفتی افزایش روند ژنتیکی برآورد شده نسبت به تجزیه و تحلیل تک صفتی مشاهده شد که نشان دهنده اثر همبسته انتخاب صفات مختلف بر یکدیگر است و مطابق با نتایج برآورد روند ژنتیکی در

مقادیر برآورد شده روندهای ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی با استفاده از تجزیه تک صفتی و چند صفتی در جدول ۹ ارائه شده است. روندهای فنوتیپی و محیطی کلیه صفات در تجزیه تک صفتی و چند صفتی معنی دار

علت اصلی کاهش میانگین ارزش اصلاحی وزن شیرگیری در سال‌های ۸۴ و ۸۵ ورود تعداد زیاد میش‌های جدید با ارزش اصلاحی کم در گله و حذف تعداد زیادی از میش‌های برتر سال‌های قبل به علت پیری و شرایط نامناسب محیطی می‌باشد. اما بعد از سال ۸۵ به بعد با تعیین قوچ‌های برتر و جوان و توزیع متعادل در گله و عدم ورود میش‌های جدید به گله‌ها ارزش اصلاحی افزایش یافت. مقادیر برآورد شده روند فنوتیپی و محیطی صفات مورد بررسی نشان می‌دهد که عوامل محیطی نامساعد بوده است که همین امر سبب محدود شدن بروز ژنوتیپ حیوان می‌گردد و از طرفی گله پس از شیرگیری در مرتع به سر می‌برد از این رو بیشتر تحت تأثیر عوامل محیطی قرار گرفته است (Rashidi & Akhshi, 2007; Sargolzaei & Edriss, 2004).

نوسان‌های سالانه کلیه صفات در بره‌ها ممکن است ناشی از تغییرات شرایط آب و هوایی، سطح تغذیه و بهداشت در گله باشد. از این رو باید تلاش شود در اجرای برنامه‌های اصلاح نژادی شرایط محیطی بهینه برای بروز ظرفیت ژنتیکی گله‌ها فراهم شود تا بدین طریق روند فنوتیپی با روند ژنتیکی گله همسو گردد (Rashidi & Akhshi, 2007; Sargolzaei & Edriss, 2004). همانطور که مشاهده می‌شود روند فنوتیپی منفی می‌باشد که ناشی از روند منفی در عوامل محیطی است، بنابراین فنوتیپ میانگین حیوانات بیشتر تحت تأثیر عوامل محیطی است. تأثیر سوء عوامل محیطی، استفاده از قوچ‌های با ارزش اصلاحی پایین و عدم توجه به جفت‌گیری‌های کنترل شده در گله از جمله عوامل پایین بودن روند ژنتیکی در سال‌های مذکور می‌باشد.

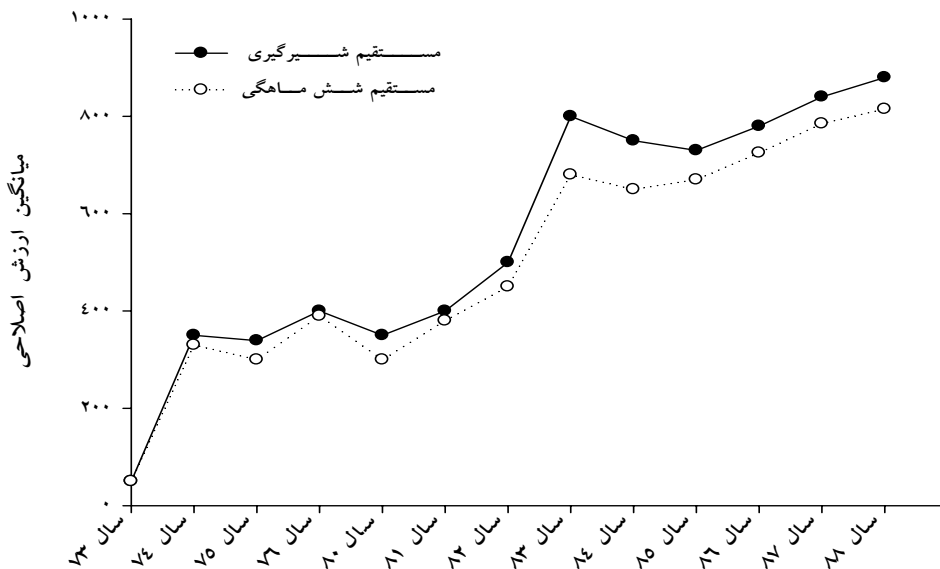
گوسفند تارگی توسط Hanford et al. (2003) و گوسفند پلی‌پی توسط Hanford et al. (2006) بود. در تجزیه چند صفتی از اطلاعات بیش از یک صفت برای برآورد ارزش‌های اصلاحی دام‌ها استفاده می‌شود از این رو ارزش اصلاحی حاصل به دلیل در نظر گرفتن اطلاعات حاصل از صفات دیگر صحت بیشتری دارد. شکل ۱ روندهای ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی مستقیم و مادری صفت وزن تولد را که از تجزیه چند صفتی به دست آمده است، نشان می‌دهد. همان‌گونه که در شکل مشخص است ارزش‌های اصلاحی حیوانات در سال‌های مختلف نوسان داشته است. پیشرفت ژنتیکی مستقیم برای وزن تولد در جامعه مورد مطالعه قابل توجه نمی‌باشد که مطابق با نتایج Mokhtari & Rashidi (2010) در گوسفند کرمانی و Bosso et al. (2007) در گوسفندان دیالونگ است. از این رو می‌توان نتیجه گرفت با وجود روند ژنتیکی مثبت، انتخاب در گله‌ها بر اساس برنامه‌ای مشخص و منظم نبوده و انتخاب دام‌های مولد بر اساس ارزش‌های اصلاحی آنها انجام نشده است که این امر می‌تواند در کم بودن میزان پیشرفت ژنتیکی مؤثر باشد (Rashidi & Akhshi, 2007; Sargolzaei & Edriss, 2004; Jurado et al, 1994).

شکل ۲ روندهای ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی صفات وزن شیرگیری و شش ماهگی را که از تجزیه چند صفتی به دست آمده‌اند، نشان می‌دهد. علت عدم پیشرفت ژنتیکی در سال ۷۵ عدم امکان انتخاب برای بره‌های متولد شده در سال ۷۴ می‌تواند باشد. علت افزایش میانگین ارزش اصلاحی در سال ۸۳ برای صفات شیرگیری و شش ماهگی پیشرفت ژنتیکی خوب میش‌ها و ارزش اصلاحی بالای قوچ‌ها نسبت به سال قبل توزیع متعادل میش‌ها برای جفت‌گیری با قوچ‌ها بود. همچنین

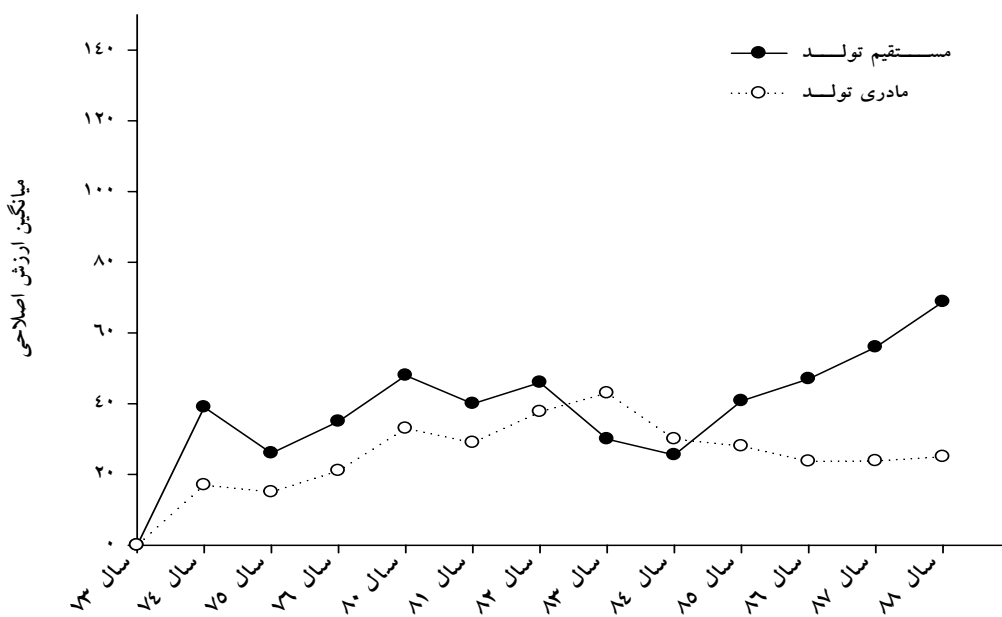
جدول ۹- برآورد روندهای ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی صفات رشد (گرم در سال) با استفاده از تجزیه تک صفتی و چند صفتی

صفت	تجزیه	روند ژنتیکی مستقیم	روند فنوتیپی	روند محیطی	روند ژنتیکی مادری
وزن تولد	تک صفتی	۱/۹۱±۰/۰۷*	-۱۶/۱۵±۲۲/۶۰ ^{ns}	-۲۱/۱±۰/۰۲ ^{ns}	۲/۹۴±۱/۲۱ ^{ns}
	چند صفتی	۲/۵۳±۱/۱*	-۱۵/۷±۲۲/۵۰ ^{ns}	-۲۱/۵±۰/۰۵ ^{ns}	۳/۰۷±۲/۴۹ ^{ns}
وزن شیرگیری	تک صفتی	۹۸/۵±۱۰/۴*	-۱۴۴/۹±۲۵۱ ^{ns}	-۲۴۴±۱۶ ^{ns}	--
	چند صفتی	۱۰۵/۳۸±۲۵/۲*	-۱۴۲/۲±۲۳۹ ^{ns}	-۲۴۷±۱۹ ^{ns}	--
وزن شش ماهگی	تک صفتی	۷۳/۲۲±۲۱/۲۰*	-۲۱۲/۶۰±۴۸ ^{ns}	-۲۸۷±۳۰ ^{ns}	--
	چند صفتی	۷۸/۴۶±۳۳/۴۰*	-۲۱۷/۵۳±۴۵ ^{ns}	-۲۹۵±۲۶ ^{ns}	--

P>0.05 :ns P<0.05 :*



شکل ۱- روند ژنتیکی مستقیم و مادری وزن تولد با تجزیه چند صفتی



شکل ۲- روند ژنتیکی وزن شیرگیری و شش ماهگی با تجزیه چند صفتی

نتیجه‌گیری

عدم وجود اهداف انتخاب مشخص و نبود معیار انتخاب صحیح در گله، از عوامل اصلی پیشرفت ژنتیکی کم می‌باشد. توسعه و تکمیل شاخص انتخاب برای صفات مهم اقتصادی همراه با در نظر گرفتن ضرایب اقتصادی مناسب می‌تواند گام مهمی در پیشرفت ژنتیکی حاصل از صفات مؤثر بر سودآوری در این نژاد باشد.

نتایج این پژوهش نشان داد وراثت‌پذیری صفات رشد متوسط و صفات تولیدمثلی مورد بررسی پایین بود. عوامل ژنتیک مادری و عوامل محیطی دائمی مادری بر صفات قبل از شیرگیری و شیرگیری نقش مؤثری داشت. بین صفات رشد قبل و بعد از شیرگیری همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی مثبت وجود داشت.

REFERENCES

1. Bosso, N. A., Cisse, M. F., van der Waaij, E. H., Fall, A. & van Arendonk, J. A. M. (2007). Genetic and phenotypic parameters of body weight in West African Dwarf goat and Djallonke sheep. *Small Ruminant Research*, 67, 271-278.
2. Duguma, G., Schoeman, S. J., Cloete, S. W. P. & Jordan, G. F. (2002). Genetic parameter estimates of early growth traits in the Tygerhoek Merino flock. *South African Journal of Animal Science*, 32(2), 66-75.
3. Ercanbrack, S. K. & Knight, A. D. (1998). Responses to various selection protocols for lamb production in Rambouillet, Targhee, Columbia, and Polypay sheep. *Journal of Animal Science*, 76 (5): 1311-1325.
4. Fogarty, N. M. (1995). Genetic parameters for live weight, fat and muscle measurements, wool production and reproduction in sheep: a review. *Animal Breeding*, 3, 101-143.
5. Ghafouri-Kesbi, F. & Eskandarinasab, M. P. (2008). An evaluation of maternal influences on growth traits: the Zandi sheep breed of Iran as an example. *Animal and Feed Sciences*, 17, 519-529.
6. Gilmour, A. R., Cullis, Welham, S. J. & Thompson, R. (1999). ASREML Reference Manual. NSW, Agriculture. NSW, Australia.
7. Gizaw, S., Sisay, L., Hans, K. & Arendonk, J. A. M. V. (2007). Estimates of genetic parameters and genetic trends for live weight and fleece traits in Menz sheep. *Small Ruminant Research*, 70, 145-153.
8. Hanford, K. J., Van Vleck, L. D. & Snowden, G. D. (2006). Estimates of genetic parameter and genetic trend for reproduction, weight, and wool characteristics of Polypay sheep. *Livestock Science*, 102, 72-82.
9. Hanford, K. J., Van Vleck, L. D. & Snowden, G. D. (2003). Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Targhee sheep. *Journal of Animal Science*, 81, 630-640.
10. Jurado, J. J., Alonso, A. & Alenda, R. (1994). Selection response for growth in a Spanish Merino flock. *Journal of Animal Science*, 72: 1433-1440.
11. Kargar, N., Moradi shahre babk, M., Moravaj, H. & Rokoie, M. (2006). The estimation of genetic parameters for growth and wool traits in Kermani sheep. *Pajouhesh & Sazandegi*, 73, 88-95. (In Farsi).
12. Kovac, M. & Groenveld, E. (1990). Genetic and environmental trends in German swine herd book population. *Journal of Animal Science*, 68, 3523-3535.
13. Legates, J. E. & Myers, R. M. (1988). Measuring genetic change in a dairy herd using a control population. *Journal of Dairy Science*, 71, 1025-1033.
14. Matika, O., van Wyk, J. B., Erasmus, G. J. & Baker, R. L. (2003). Genetic parameter estimates in Sabi sheep. *Livestock Production Science*, 79, 17-28.
15. Mohammadi, A. R., Abbasi, M. A., Moghaddam, A. A. & Zare shahneh, A. (2009). Estimation of Growth Traits in Iranian Afshari Breed under Rural Production System. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 7(8), 1449-1454.
16. Mousa, E., Van Vleck, L. D. & Leymaster, K. A. (1999). Genetic parameters for growth traits for a composite terminal sire breed of sheep. *Journal of Animal Sciences*, 77, 1659-1665.
17. Mokhtari, M. S. & Rashidi, A. (2010). Genetic trends estimation for body weights of Kermani sheep at different ages using multivariate animal models. *Small Ruminant Research*, 88, 23-26.
18. Microsoft office. FoxPro: version 2.6.
19. Naderi, Y., Vaez Torshizi, R., Hafezian, S. H. & Rahimi, Gh. (2007). Maternal effects on growth traits of Moghani sheep. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 38 (2), 233-239. (In Farsi).
20. Nasholm, A. & Danell, O. (1996). Genetic relationships of lamb weight maternal ability and mature ewe weight in Swedish Fine wool sheep. *Journal of Animal Science*, 74, 329-339.
21. Naser, F. W. C., Erasmus, G. J. & Van Wyk, J. B. (2000). Genetic studies on the South African Mutton Merino: growth traits. *South African Journal of Animal Science*, 30 (3), 172-177.
22. Notter, D. R. (1998). Genetic parameters for growth trait in Suffolk and Polypay sheep. *Livestock Production Science*, 55, 205-213.
23. Ozcan, M., Ekiz, B., Yilmaz, A. & 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, 215-222.
24. Rashidi, A., Mokhtari, M. S., Safi Jahanshahi, A. & Mohammad Abadi, M. R. (2008). Genetic parameter estimate of Pre-weaning growth traits in Kermani sheep. *Small Ruminant Research*, 74, 165-171.
25. Rashidi, A. & Akhshi, H. (2007). Estimation of genetic and environmental trends for growth traits in a flock of Kurdi sheep breed. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 38 (2), 329-335. (In Farsi).
26. SAS. (2004). Version9. SAS Institute Inc. Cary, NC.
27. Sargolzaei, M. & Edriss, M. A. (2004). Estimation of phenotypic, genetic and environmental trends of some of the growth traits in Bakhtiari sheep. *Journal of Sciences and Technology in Agriculture and*

- Natural Resources*, 8 (1), 125-133. (In Farsi).
28. Shaat, I., Galal, S. & Mansour, H. (2004). Genetic trends for lamb weights in flocks of Egyptian Rahmani and Ossimi sheep. *Small Ruminant Research*, 51, 23-28.
 29. Tosh, J. J. & Kemp, R. A. (1994). Estimation of variance components for lamb weights in three sheep population. *Journal of Animal Science*, 72, 1184-1190.
 30. Vatankhah, M., Moradi-Shahrehabak, M., Nejati-Javaremi, A., Miraei-Ashtiani, S. R. & Vaez-Torshizi, R. (2004). A review of sheep breeding in Iran, In: Proceedings of the 1st congress of Animal & Aquatic Sciences 31August-2september, university of Tehran, 2: PP591-597. (In Farsi).