

"Research Paper"

Genetic Analysis of Kaliber Ratio Traits based on the Information of Autosomal and Sex-linked Chromosomes in Markhoz Goat

Yousef Naderi¹ and Meysam Latifi²

1- Associate Professor, Department of Animal Science, Astara Branch, Islamic Azad University, Astara, Iran, (Corresponding author: Yousef.Naderi@iau.ac.ir)

2- Independent Researcher (PhD in genetics and Animal Breeding from university of Kurdistan, Kurdistan, Iran)

Received: 10 November, 2022 Accepted: 1 February, 2023

Extended Abstract

Introduction and Objective: Estimates of genetic and environmental parameters of different component traits related to growth are needed to develop a proper selection program. The Kleiber ratio (KR) is defined as average daily gain as a proportion of metabolic body weight. Most studies conducted in KR ignored the effect of sex-linked chromosomes and assumed that direct genetic effects were influenced by autosomal chromosomes. Therefore, the purpose of this study was to estimate (Co)variance components of both autosomal and sex-Linked chromosomes for KR in Markhoz goat.

Material and Methods: In the present study, the data were collected from 1992 to 2014 at Markhoz goat breeding station in Kurdistan province, Iran. The traits were kleiber ratio from birth to weaning (KR₁), kleiber ratio from weaning to six months of age (KR₂), kleiber ratio from weaning to six months of age (KR₂), kleiber ratio from six to nine months of age (KR₃) and kleiber ratio from nine to twelve months of age (KR₄). The GLM procedure of the SAS software was used to determine significant fixed effects. The model accounting for fixed effects included year, sex, birth type and age of doe. In addition, random effects included direct additive genetic effects of autosomal chromosomes, direct additive genetic effects of sex-linked, maternal genetic effects, maternal permanent environmental effects and residual effects. (Co)variance components and genetic parameters were estimated using six different single-trait analysis via Average Information algorithm of Restricted Maximum Likelihood method using WOMBAT software. Akaike's Information Criterion (AIC) test was applied to select the most appropriate model for each trait.

Results: The most suitable model for KR₁, KR₂, KR₃ and KR₄ traits were the sixth, first, fourth and first models, respectively. Based on the best models, the estimated direct autosomal heritabilities were 0.410, 0.019, 0.172 and 0.020 for KR₁, KR₂, KR₃ and KR₄, respectively. The estimated sex-linked direct heritabilities were 0.008, 0.021, 0.049 and 0.023 for KR₁, KR₂, KR₃ and KR₄, respectively. The maternal heritability for KR₁ and KR₃ were 0.106 and 0.057, respectively. The maternal permanent environmental effect of 0.064 was estimated for KR₁. The autosomal, sex-chromosome and phenotypic correlations between traits were ranged from -0.518 to 0.901, -0.943 to 0.652 and -0.001 to 0.312, respectively.

Conclusion: The results of this study showed that a considerable ratio of the phenotypic variance is explained by sex-linked chromosome effects. Therefore, including the sex-linked chromosome effect in the model may lead to a more precise estimates of direct autosomal heritability.

Keywords: Genetic parameter, Genetic correlation, Heritability



"مقاله پژوهشی"

تجزیه و تحلیل ژنتیکی صفات نسبت کلیبر مبتنی بر اطلاعات کروموزم‌های اتوزومی و وابسته به جنس در بز مرخز

یوسف نادری^۱ و میثم لطیفی^۲^۱- دانشیار، گروه علوم دامی، واحد آستارا، دانشگاه آزاد اسلامی، آستارا، ایران، (نویسنده مسئول: Yousef.Naderi@iau.ac.ir)
^۲- محقق مستقل (دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام)
 تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۸/۱۹ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۱/۱۲
 صفحه: ۷۸ تا ۸۴

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: برای ایجاد یک برنامه انتخابی مناسب، برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی، اجزای مختلف صفات مربوط به رشد، مورد نیاز است. نسبت افزایش وزن روزانه به وزن متابولیکی را نسبت کلیبر می‌گویند. در بیشتر مطالعات انجام شده در این صفت، اثر کروموزم‌های وابسته به جنس نادیده گرفته شده و فرض می‌شود که اثرات مستقیم ژنتیکی، تحت تاثیر کروموزم‌های اتوزومی است. بنابراین، هدف از مطالعه‌ی حاضر برآورد مولفه‌های (کو)وارپانس کروموزم‌های اتوزومی و وابسته به جنس در صفات کلیبر در بز نژاد مرخز بود.

مواد و روش‌ها: در این تحقیق، از داده‌های مورد استفاده توسط مرکز اصلاح نژاد بز نژاد مرخز که در بین سال‌های ۱۳۷۱ الی ۱۳۹۳ گردآوری شده بود، استفاده شد. صفات مورد بررسی شامل: نسبت کلیبر از تولد تا شیرگیری (KR_1)، از شیرگیری تا شش ماهگی (KR_2)، از شش تا نه ماهگی (KR_3) و از نه تا دوازده ماهگی (KR_4) بود. تعیین اثرات ثابت با استفاده از، رویه GLM نرم افزار SAS انجام شد. اثرات ثابت مدل شامل سال تولد، جنسیت، تیپ تولد و سن مادر بود. همچنین، اثرات تصادفی شامل اثرات ژنتیکی مستقیم افزایشی کروموزم‌های اتوزومی، اثرات ژنتیکی افزایشی کروموزم جنسی، اثرات ژنتیکی مادری، اثرات محیطی دائمی مادری و اثرات باقی‌مانده بود. برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی با الگوریتم میانگین اطلاعات بیشترین درست‌نمایی محدود شده و با شش مدل حیوانی برآورد شد. از آزمون معیار اطلاعات آکاییک (AIC) برای انتخاب مناسب‌ترین مدل برای هر صفت، استفاده شد.

یافته‌ها: مناسب‌ترین مدل، برای صفات KR_1 ، KR_2 ، KR_3 و KR_4 به‌ترتیب مدل‌های ششم، اول، چهارم و اول بود. براساس بهترین مدل، وراثت‌پذیری‌های مستقیم اتوزومی برای صفات KR_1 ، KR_2 ، KR_3 و KR_4 به‌ترتیب، برابر $0/41$ ، $0/19$ ، $0/172$ و $0/20$ بود. وراثت‌پذیری‌های مستقیم وابسته به کروموزم جنسی به‌ترتیب برابر $0/08$ ، $0/21$ ، $0/49$ و $0/23$ بود. وراثت‌پذیری‌های مادری برآورد شده برابر صفات KR_1 و KR_3 به‌ترتیب $0/106$ و $0/57$ بود. اثر محیطی دائمی مادری برای صفت KR_1 ، $0/064$ برآورد شد. همبستگی‌های ژنتیکی اتوزومی، کروموزم‌های وابسته به جنس و فنوتیپ، به‌ترتیب در دامنه‌ی $0/52$ تا $0/90$ ، $0/943$ تا $0/652$ و $0/01$ تا $0/312$ - متغیر بود.

نتیجه‌گیری: نتایج این مطالعه نشان می‌دهد، بخشی از واریانس فنوتیپی تحت تاثیر واریانس کروموزم جنسی می‌باشد. بنابراین، وارد کردن اثر کروموزم جنسی به مدل ممکن است، منجر به تخمین دقیق‌تری از وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی می‌شود.

واژه‌های کلیدی: پارامتر ژنتیکی، وراثت‌پذیری، همبستگی ژنتیکی

مقدمه

در طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی به‌منظور حفظ نژادهای بومی، برآورد پارامترهای ژنتیکی و اهمیت نسبی اثر عوامل ژنتیکی، درک بهتر مکانیسم ژنتیکی صفات مختلف، پیش‌بینی ارزش اصلاحی و پیش‌بینی پاسخ موردانتظار ضروری می‌باشد (۵،۲۳). موفقیت در برنامه‌های اصلاح نژادی می‌تواند با اندازه‌گیری پیشرفت ژنتیکی صفات مورد مطالعه در طی اجرای برنامه اصلاح نژاد مشخص شود (۱). برآورد دقیق پارامترهای ژنتیکی نیازمند طراحی مدل بهینه از نظر وجود اثرات ژنتیکی مستقیم، اثرات ژنتیک مادری و اثرات محیطی دائمی مادری می‌باشد (۳). بیشتر مطالعات با این پیش‌فرض که اثرات مستقیم ژنتیکی، تحت تاثیر کروموزم‌های اتوزومی بوده، انجام شده است و اثر کروموزم‌های وابسته به جنس نادیده گرفته شده است. در این راستا، لاش گزارش داد که حدود ۵٪ از کل واریانس ژنتیکی تحت تاثیر کروموزم وراثت‌وابسته به جنس می‌باشد (۲۱). همچنین، فرناندو و گروسمن نشان دادند که روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی علاوه بر، اثرات کروموزم‌های اتوزومی می‌تواند اثرات کروموزم جنسی را برآورد کند (۱۰). نتایج سایر محققین نیز نشان داده است، اثر مستقیم کروموزم وابسته به جنس، همانند اثر ژنتیکی مادری دارای واریانس می‌باشد و وارد کردن این اثر به مدل،

می‌تواند پیش‌بینی دقیق‌تری از وراثت‌پذیری مستقیم کروموزم اتوزومی را حاصل نماید (۱۶،۱۷،۱۸،۳۰،۳۱).

حصول رکورد مصرف خوراک، نیازمند وجود جایگاه انفرادی و افرادی ماهر و آگاه به اهمیت موضوع جهت تعیین خوراک مصرفی انفرادی می‌باشد. با توجه به اینکه سیستم‌های پرورش دام سبک در ایران بیشتر به صورت سنتی می‌باشد، به دست آوردن رکورد خوراک مصرفی که برای محاسبه ضریب تبدیل غذایی مورد نیاز است، سخت می‌باشد (۲۷). بدین منظور، از نسبت افزایش وزن روزانه به وزن متابولیکی ($W^{0.75}$) که نسبت کلیبر گفته می‌شود، استفاده می‌شود (۱۵). این نسبت به‌عنوان، یک معیار برای اندازه‌گیری غیر مستقیم بازده خوراکی تعریف شده است. به علت بالا بودن همبستگی فنوتیپی نسبت کلیبر با بازده خوراک، انتخاب برای صفت نسبت کلیبر منجر به انتخاب غیرمستقیم برای بازده خوراک، بهبود بازده خوراک و صفات رشد می‌شود (۲).

در ایران، بیش از ۱۰ الی ۱۵ نوع نژاد بز گزارش شده است. بز مرخز یکی از مهمترین نژادهای بومی می‌باشد که در منطقه استان کردستان پرورش داده می‌شود. محصولات اصلی این نژاد، گوشت و موهر می‌باشد (۲۶). امروزه، تقریباً ۲۵۰۰ راس از این نژاد موجود می‌باشد و این نژاد در خطر

$$y = Xb + Z_1a + Z_1s + Z_2m + e \quad \text{cov}(a, m) = A\sigma_{am} \quad (4)$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_1s + Z_2m + Z_3pe + e \quad \text{cov}(a, m) = 0 \quad (5)$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_1s + Z_2m + Z_3pe + e \quad \text{cov}(a, m) = A\sigma_{am} \quad (6)$$

در معادلات فوق y , a , b , s , m , pe و e به ترتیب بردار مشاهدات، بردار اثرات ثابت (سال، جنسیت، تیپ تولد و سن مادر)، بردار اثرات ژنتیکی افزایشی کروموزوم اتوزومی، بردار اثرات ژنتیکی افزایشی کروموزوم جنسی، بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، بردار اثر محیط دائمی مادری و بردار اثر عوامل تصادفی باقیمانده می‌باشند. X ، Z_1 ، Z_2 و Z_3 ماتریس‌های ضرایب که به ترتیب اثرات ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی کروموزوم اتوزومی و جنسی، اثرات ژنتیکی مادری و اثر محیط دائمی مادری را به بردار مشاهدات مربوط می‌کنند.

در مورد واریانس‌ها فرضیات ذیل در نظر گرفته شد:

$$V(a) = A\sigma_a^2, V(s) = S\sigma_s^2, V(m) = A\sigma_m^2, V(pe) = V(e) = I_n\sigma_e^2 + I_d\sigma_{pe}^2$$

که A ، ماتریس خویشاوندی برای لوکوس‌های کروموزوم اتوزومی و S ماتریس خویشاوندی برای لوکوس‌های کروموزوم وابسته به جنس می‌باشند. همچنین، I_n و I_d نیز به ترتیب برابر ماتریس‌های یک‌ه برای مادرها و مشاهدات می‌باشند. σ_a^2 ، σ_s^2 ، σ_m^2 و σ_{pe}^2 به ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی برای کروموزوم اتوزومی، واریانس ژنتیکی افزایشی برای کروموزوم وابسته به جنس (۱۰)، واریانس ژنتیکی مادری، واریانس محیط دائمی مادری و واریانس باقیمانده می‌باشند. برای تعیین بهترین مدل از معیار آکائیک (۴) استفاده شد:

$$AIC = -2\log L + 2p \quad (7)$$

که $\log L$ و p ، به ترتیب لگاریتم حداکثر درست نمایی و تعداد پارامترهای موجود در مدل می‌باشد. در نهایت هر مدلی که کمترین مقدار AIC را داشت، به عنوان، بهترین مدل انتخاب شد.

به منظور، برآورد همبستگی‌های ژنتیکی مستقیم اتوزومی، وابسته به جنس، باقیمانده و فنوتیپی بین صفات مورد مطالعه، از تجزیه و تحلیل چند متغیره بر اساس مدل اول استفاده گردید. اثرات ثابت موجود در تجزیه و تحلیل چند متغیره، همان اثرات ثابت در نظر گرفته شده در مدل‌های مختلف حیوانی در آنالیز تک متغیره بود.

انقراض قرار دارد (۱۹). مطالعات محدودی در ارتباط با تجزیه ژنتیکی صفات کلیر در بز مرخز وجود دارد که در آنها (۱۴) و (۲۶) اثر کروموزوم جنسی نادیده گرفته شده است. بنابراین، با توجه به مطالب گفته شده، هدف از مطالعه‌ی حاضر برآورد مولفه‌های واریانس و کواریانس کروموزوم‌های اتوزومی و وابسته به جنس در صفات کلیر بز نژاد مرخز، با استفاده از آنالیز تک صفت و چند صفت می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق، از داده‌های مورد استفاده توسط مرکز اصلاح نژاد بز مرخز که در بین سال‌های ۱۳۷۱ الی ۱۳۹۳، گردآوری شده است، استفاده شد. صفات مورد مطالعه شامل نسبت کلیر از تولد تا شیرگیری ($= \frac{ADG_{0-3}}{BW_{9-12}^{0.75}} KR_1$)، نسبت کلیر از شیرگیری تا شش ماهگی ($= \frac{ADG_{3-6}}{BW_{6-9}^{0.75}} KR_2$)، نسبت کلیر از شش تا نه ماهگی ($= \frac{ADG_{6-9}}{BW_{9-12}^{0.75}} KR_3$) و نسبت کلیر از نه تا دوازده ماهگی ($= \frac{ADG_{9-12}}{BW_{12-12}^{0.75}} KR_4$) بود. در معادلات ذکر شده ADG_{0-3} ، ADG_{3-6} ، ADG_{6-9} و ADG_{9-12} BW_9 ، BW_6 ، BW_{12} و BW_{12} به ترتیب افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری، افزایش وزن از شیرگیری تا شش ماهگی، افزایش روزانه از شش تا نه ماهگی، وزن شیرگیری، وزن شش ماهگی، وزن نه ماهگی و وزن یک سالگی بود. آماره توصیفی صفات مورد مطالعه در جدول (۱) آمده است.

تعیین اثرات عوامل ثابت بر صفات مورد بررسی، با رویه‌ی GLM نرم‌افزار SAS 8.2 انجام شد (۲۸). اثرات ثابت مدل شامل سال تولد (۲۲ سطح)، جنسیت (نر و ماده)، تیپ تولد (تک، دو و سه قلو) و سن مادر (در ۶ سطح) بود ($p < 0.01$). به منظور برآورد مولفه‌های واریانس و کواریانس صفات مورد بررسی از روش درست‌نمایی محدود شده و نرم افزار Wombat استفاده شد (۲۲). مدل‌های حیوانی تک صفت به صورت ذیل بودند:

$$y = Xb + Z_1a + Z_1s + e \quad (1)$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_1s + Z_3pe \quad (2)$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_1s + Z_3pe + e \quad \text{cov}(a, m) = 0 \quad (3)$$

جدول ۱- آمار توصیفی صفات نسبت کلیر مطالعه در بز مرخز (گرم)

Table 1. Summary statistics of traits of kleiber ratio used in Markhoz goat (gram)

From nine to twelve months of age از نه تا یکسالگی	From six to nine months of age از شش تا نه ماهگی	From weaning to six months of age از شیرگیری تا شش ماهگی	From birth to weaning از تولد تا شیرگیری	Traits صفات
2762	3168	3502	3852	Number of records تعداد رکورد
224	224	224	225	Number of sire تعداد نرها
1183	1219	1265	1289	Number of does تعداد ماده‌ها
0.94	1.05	1.30	13.99	Average میانگین
-6.46	-7.91	-46.75	5.19	Minimum کمترین
4.49	7.46	8.69	39.40	Maximum بیشترین
100.2	100.8	168.46	18.58	Coefficient of variation(%) ضریب تغییرات (%)

نتایج و بحث

نتایج حاصل از بررسی عوامل ثابت، در هر صفت در جدول (۲) آمده است. برای تمام صفات اثرات سال و جنس معنی دار بود. معنی دار بودن اثرات سال و جنس می تواند به علت تغییرات ناشی از مقدار بارندگی، کمیت و کیفیت علوفه در سال های مختلف، اختلاف در مقدار ترشح هورمون های مسئول رشد در جنس نر و ماده باشد (۸،۱۹). اثر تیپ تولد، در صفات KR_1 ، KR_3 و KR_4 و اثر سن مادر در صفت KR_4 معنی دار بود. علت معنی دار بودن اثر تیپ تولد و سن مادر، می تواند به علت محدود بودن فضای رحمی و رقابت جنین ها

جدول ۲- اثرات ثابت معنی دار در صفات نسبت کلیر (گرم)

Table 2. Significantly fixed effects on traits of kleiber ratio (gram)

From nine to twelve months of age از نه تا یک سالگی	From six to nine months of age از شش تا نه ماهگی	From weaning to six months of age از شیرگیری تا شش ماهگی	From birth to weaning از تولد تا شیرگیری	Fixed effects اثرات ثابت
**	**	**	**	Year سال
**	**	**	**	Sex جنس
**	**	ns	**	Birth type تیپ تولد
**	ns	ns	ns	Age of doe سن مادر

ns: غیر معنی دار؛ **: خیلی معنی دار ($P < 0.001$)

ns: not significant ($P > 0.05$); **: highly significant ($P < 0.001$)

ژنتیکی افزایشی شامل حداقل بخشی از واریانس مادری می شود و در نتیجه نتایج اریب هستند (۷).

نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی برآورد شده برای صفات KR_1 در هر صفت از تلاقی دو نژاد بوئر X سنترال هایلند به ترتیب ۰/۰۶، ۰/۲۷ و ۰/۱۸ گزارش شده است (۸،۲۶،۲۹). مقدار وراثت پذیری مستقیم اتوزومی برای صفت KR_1 ، در این تحقیق ۰/۴۱ برآورد شد که از مقادیر گزارش شده توسط این محققین بیشتر است. علت متفاوت بودن وراثت پذیری های برآورد شده در تحقیقات مختلف می تواند به دلیل متفاوت بودن نژادهای مورد بررسی، متفاوت بودن مدل های آماری استفاده شده، متفاوت بودن تعداد رکوردها و در نهایت متفاوت بودن شرایط محیطی باشد.

مقدار وراثت پذیری مادری برای صفت KR_1 را در هر صفت از تلاقی دو نژاد بوئر X سنترال هایلند با مدل های مختلف در دامنه های ۰/۰۰-۰/۱۷ (۲۹)، در هر نژاد رایینی بین ۰/۰۰-۰/۰۱ (۷)، در گوسفند نژاد مغانی ۰/۰۸ (۶) و در گوسفند نژاد هورو ۰/۰۸ گزارش شده است (۲). مقدار وراثت پذیری مادری صفت KR_1 در این مطالعه ۰/۱۱ بود که در دامنه های گزارشات نژادهای نامبرده می باشد. بحرینی بهزادی و همکاران بیان کردند که اگر اثرات مادری در صفات مورد بررسی مؤثر باشد و در مدل وارد نشود، برآورد واریانس

جدول ۳- مقادیر AIC بدست آمده برای صفات مورد مطالعه (مناسب ترین مدل برای هر صفت نسبت کلیر پرنک نشان داده شده است)
Table 3. AIC values in different models for studied traits (The most suitable model for each trait of kleiber ratio is shown in bold)

From nine to twelve months of age از نه تا یک سالگی	From six to nine months of age از شش تا نه ماهگی	From weaning to six months of age از شیرگیری تا شش ماهگی	From birth to weaning از تولد تا شیرگیری	Traits صفات	Model مدل
1118.47	3798.36	8067.81	9426.34		1
1120.25	3799.07	8069.55	9409.31		2
1120.49	3800.12	8069.85	9413.03		3
1122.56	3788.49	8070.36	9404.51		4
1122.49	3801.11	8071.61	9410.74		5
1124.41	3788.84	8072.11	9402.96		6

جدول ۴- برآورد مولفه‌ای (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات نسبت کلیبر

From nine to twelve months of age از نه تا یکسالگی	From six to nine months of age از شش تا نه ماهگی	From weaning to six months of age از شیرگیری تا شش ماهگی	From birth to weaning از تولد تا شیرگیری	Traits صفات
1	4	1	6	Model مدل
0.011	0.211	0.071	1.902	σ_a^2
-	0.069	-	0.492	σ_m^2
0.011	0.059	0.078	0.037	σ_s^2
-	-	-	0.298	σ_{pe}^2
0.506	1.011	3.49	2.553	σ_s^2
0.529	1.227	3.642	4.644	σ_p^2
-	-0.114	-	-0.64	σ_{am}
-	-0.963 ± 0.115	-	-0.662 ± 0.110	r_{am}
0.020 ± 0.022	0.172 ± 0.049	0.019 ± 0.020	0.410 ± 0.065	h_a^2
-	0.057 ± 0.026	-	0.106 ± 0.041	h_m^2
0.023 ± 0.021	0.049 ± 0.025	0.021 ± 0.019	0.008 ± 0.020	h_s^2
-	-	-	0.064 ± 0.025	c^2

σ_a^2 = additive genetic variance for autosomal loci, σ_s^2 = additive genetic variance for sex-linked loci, σ_m^2 = maternal additive genetic variance, σ_{pe}^2 = maternal permanent environmental variance, σ_s^2 = residual variance, σ_p^2 = phenotypic variances, σ_{am} = direct autosomal-maternal genetic covariance, r_{am} : direct autosomal-maternal genetic correlation, h_a^2 = direct autosomal heritability, h_s^2 = direct sex-linked heritability, h_m^2 = maternal heritability and c^2 : maternal permanent environmental effect

σ_a^2 = واریانس کروموزوم اتوزومی، σ_s^2 = واریانس کروموزوم جنسی، σ_m^2 = واریانس ژنتیکی مادری، σ_{pe}^2 = واریانس محیط پایدار مادری، σ_p^2 = واریانس فنوتیپی، σ_{am} = کواریانس ژنتیکی مستقیم اتوزومی و مادری، r_{am} = همبستگی ژنتیکی مستقیم اتوزومی و مادری، h_a^2 = وراثت‌پذیری مستقیم کروموزوم اتوزومی، h_m^2 = وراثت‌پذیری مادری، h_s^2 = وراثت‌پذیری فنوتیپی، c^2 = اثر محیط پایدار مادری

اثر قابل ملاحظه‌ای بر صفات KR_2 و KR_4 در بز نژاد مرخز دارد. وراثت‌پذیری مستقیم کروموزوم جنسی برای صفات افزایش وزن روزانه در سنین مختلف در بز مرخز در بازه صفر الی ۰/۰۸ (۱۷)، برای صفات قبل از شیرگیری در گوسفند نژاد مهربانی در بازه‌ی ۰/۰۳ الی ۰/۱۱ (۱۶) و برای صفات رشد در سنین مختلف در بز مرخز در بازه‌ی ۰/۰۰۱ الی ۰/۰۳ (۱۸) گزارش شده است.

همبستگی ژنتیکی مستقیم اتوزومی، وابسته به جنس و فنوتیپی صفات مورد بررسی در جدول (۵) گزارش شده است. همبستگی ژنتیکی مستقیم اتوزومی بین صفات مختلف در دامنه‌ی ۰/۵۲- (برای صفات KR_1 و KR_2) تا ۰/۹۰ (برای صفات KR_2 و KR_4) بود. همبستگی ژنتیکی مستقیم بین صفات نسبت کلیبر در سنین مختلف در گوسفند نژاد مهربانی در دامنه‌ی ۰/۳۲- تا ۰/۹۶ گزارش شده است (۱۱). وجود همبستگی ژنتیکی اتوزومی منفی در بین بعضی از صفات می‌تواند به دلیل مکانیسم متفاوت ژنتیکی صفات مورد بررسی، نامساعد بودن شرایط محیطی و بیان یا خاموش شدن ژن‌ها در یک بازه‌ی زمانی خاص باشد. همبستگی ژنتیکی مستقیم بین صفات کلیبر در سنین مختلف در گوسفند نژاد لری ۰/۹۱ تا یک، در گوسفندان استان گیلان در دامنه‌ی ۰/۴۸- تا ۰/۶۱ گزارش شده است (۹، ۲۴). همبستگی مستقیم کروموزوم‌های وابسته به جنس در مطالعه حاضر در دامنه‌ی ۰/۹۴۳- تا ۰/۶۵۲ برآورد شد. همبستگی فنوتیپی بین صفات مختلف در بز نژاد مرخز منفی و در دامنه ۰/۰۰۱- تا ۰/۳۱۲- بود. همبستگی فنوتیپی صفات نسبت کلیبر در سنین مختلف، در گوسفندان نژاد کردی در دامنه ۰/۰۲- تا ۰/۲۱- بود (۲۷) که با نتایج مطالعه حاضر همخوانی دارد. جعفری و همکاران همبستگی ژنتیکی مستقیم و فنوتیپی بین صفات نسبت KR_1 با KR_4 را در گوسفند نژاد ماکویی به ترتیب ۰/۰۷- و ۰/۰۸- گزارش نمودند که از لحاظ منفی بودن مشابه مطالعه حاضر بود (۱۳).

وراثت‌پذیری مستقیم برای صفت KR_2 در بز مرخز (۰/۱۲)، در بز حاصل از تلاقی دو نژاد بوئر × سنترال هایلند ۰/۰۰، گوسفند نژاد لری (۰/۰۸)، نژاد کردی (۰/۱۴) و نژاد مغانی ۰/۲۳ بود (۶، ۱۴، ۲۴، ۲۷، ۲۹). مقدار وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی برای صفت KR_2 در این مطالعه ۰/۰۲ برآورد شد که در دامنه گزارشات این محققین می‌باشد. وراثت‌پذیری مستقیم برای صفت KR_3 در بز حاصل از تلاقی دو نژاد بوئر × سنترال هایلند ۰/۰۶، بز نژاد مرخز ۰/۳۱، گوسفند نژاد مهربان ۰/۰۸، نژاد مغانی ۰/۰۲ گزارش شده است (۶، ۱۱، ۱۳ و ۲۹). در تحقیق حاضر وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی برای صفت نامبرده ۰/۱۶ برآورد گردید که با مقدار گزارش شده در گوسفند نژاد کردی همخوانی دارد (۲۷). همچنین وراثت‌پذیری مادری برآورد شده برای صفت KR_3 ، ۰/۰۶ بود که از مقادیر گزارش شده در بز حاصل از تلاقی دو نژاد بز بوئر × سنترال هایلند ۰/۱۴ کمتر بود (۲۹).

مقدار وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی برای صفت KR_4 ، ۰/۰۲ بود. مقدار وراثت‌پذیری مستقیم برای نژاد کردی ۰/۲۳ (۲۷)، نژاد ماکویی بین ۰/۱۵- تا ۰/۱۴ (۱۳)، نژاد مغانی ۰/۰۶ گزارش شده است (۶). پایین بودن تنوع ژنتیکی افزایشی اتوزومی در صفات KR_2 ، KR_3 و KR_4 می‌تواند به دلیل بالا بودن اثرات محیطی و برآوردهای بالاتر اثرات ژنتیکی غیرافزایشی باشد. بطور کلی، مقادیر پایین وراثت‌پذیری مستقیم اتوزومی برای صفات نامبرده به این معنی است، که در صورت انتخاب، پیشرفت ژنتیکی کمی برای این صفات میسر می‌شود.

وارد کردن اثر کروموزوم وابسته به جنس در مدل منجر به برآورد دقیق‌تری از واریانس ژنتیکی اتوزومی می‌شود (۱۶). وراثت‌پذیری کروموزوم وابسته به جنس از صفت KR_1 تا KR_3 روند افزایشی داشت و سپس، در صفت KR_4 کاهش یافت. وراثت‌پذیری کروموزوم وابسته به جنس برای صفات نامبرده با بهترین مدل به ترتیب ۰/۰۰۸، ۰/۰۲۱، ۰/۰۴۹ و ۰/۰۲۳ برآورد شد. این نتایج نشان می‌دهد کروموزوم جنسی

جدول ۵- همبستگی ژنتیکی مستقیم اتوزومی، وابسته به جنس و همبستگی فنوتیپی بین صفات مورد مطالعه (گرم)
Table 5. Estimates of direct autosomal genetic, direct sex-linked and phenotypic correlations between the studied traits (gram)

From six to nine months of age از شش تا نه ماهگی	From weaning to six months of age از شیرگیری تا شش ماهگی	From birth to weaning از تولد تا شیرگیری	Traits صفات
			Autosomal اتوزومی
-	-	-0.518 ± 0.218	From weaning to six months of age از شیرگیری تا شش ماهگی
-	0.603 ± 0.378	-0.377 ± 0.140	From six to nine months of age از شش تا نه ماهگی
0.419 ± 0.404	0.901 ± 0.626	-0.281 ± 0.255	From nine to twelve months of age از نه تا دوازده ماهگی
			Sex-linked وابسته به جنس
-	-	0.363 ± 0.205	From weaning to six months of age از شیرگیری تا شش ماهگی
-	-0.473 ± 0.601	0.625 ± 0.245	From six to nine months of age از شش تا نه ماهگی
0.625 ± 0.666	-0.943 ± 0.618	-0.120 ± 0.102	From nine to twelve months of age از نه تا دوازده ماهگی
			Phenotypic فنوتیپی
-	-	-0.312 ± 0.018	From weaning to six months of age از شیرگیری تا شش ماهگی
-	-0.287 ± 0.018	-0.152 ± 0.020	From six to nine months of age از شش تا نه ماهگی
-0.167 ± 0.021	-0.065 ± 0.020	-0.001 ± 0.022	From nine to twelve months of age از نه تا دوازده ماهگی

جنسی در مدل، منجر به برآورد دقیق‌تری از وراثت پذیری مستقیم اتوزومی می‌شود.

تشکر و قدردانی

نویسندگان مراتب تشکر و قدردانی خود را از مسؤولین محترم مرکز اصلاح نژاد بز مرخز، واقع در شهرستان سنندج اعلام می‌دارند.

نتیجه‌گیری کلی

نتایج این پژوهش نشان می‌دهد، به جزء صفت KR_1 ، وراثت‌پذیری سایر صفات پایین می‌باشد. بنابراین، پیشرفت ژنتیکی کمی در اثر انتخاب برای این صفات حاصل می‌شود. همچنین وراثت فنوتیپی شامل بخشی از واریانس کروموزوم جنسی می‌باشد، بنابراین، وارد کردن اثر کروموزوم

منابع

- Abbasi, M.A. 2015. Effect of missing sire pedigree information on genetic trend and gain of quantitative trait using computer simulation. Research on Animal Production, 6(12): 152-159 (In Persian)
- Abegaz, S., J.B. vanWyk and J.J. Olivier. 2005. Model comparisons and genetic and environmental parameter estimates of growth and the Kleiber ratio in Horro sheep. South African Journal of Animal Science, 35: 30-40.
- Aguirre, E.L., E.C. Mattos, J.P. Eler, A.D. BarretoNeto and J.B. Ferraz. 2016. Estimation of genetic parameters and genetic changes for growth characteristics of Santa Ines sheep. Genetics and Molecular Research, 15(3): 1-12.
- Akaike, H. 1974. A new look at the statistical model identification. IEEE Trans. Automatic Control, 19: 716-723.
- Atefi, A. 2021. Genetic analysis of growth traits and kleiber ratios in Mgohani sheep. Research on Animal Production, 12(31): 180-187 (In Persian).
- Azizi, P., M. Ghaderzadeh, P. Azizi, F. Purbayramian and Z. Zandi. 2013. Genetic analysis of growth traits and Kleiber ratio in Moghani sheep breed. Journal of Livestock Research, 3(3): 35-45.
- Bahreini Behzadi, M.R., F.E. Shahroudi and L.D. Vn Vleck. 2007. Estimates of genetic parameters for growth traits in Kermani sheep. Journal of Animal Breeding Genetics, 124: 296-301.
- Barazandeh, A., S. Molaei-Moghbali, M. Vatankhah and M. Mohammadabadi. 2012. Estimating non-genetic and genetic parameters of pre-weaning growth traits in Raini Cashmere goat. Tropical Animal Health and Production, 44: 811-817.
- Eteqadi, B., N. Ghavi Hossein-Zadeh and A. Shadparvar. 2015. Estimation of genetic parameters for average daily gains and Kleiber ratios in Guilan province sheep, Iranian Journal of Animal Science Research, 7(1): 104-112 (In Persian).
- Fernando, R. and M. Grossman. 1990. Genetic evaluation with autosomal and X-chromosomal inheritance, Theoretical and Applied Genetics, 80: 75-80.
- Ghafouri-Kesbi, F. 2013. (Co) variance components and genetic parameters for growth rate and Kleiber ratio in fat-tailed Mehraban sheep. Archives Animal Breeding, 56: 564-572.

12. Gupta, J.P., D.P. Pandey, H.H. Panchasara and R.R. Shah. 2016. Factors affecting pre- and post-weaning Kleiber ratios and genetic parameters in Mehsana goats. *Indian Journal of Small Ruminants*, 22(1): 100-102.
13. Jafari, S. and S. Razzagzadeh. 2016. Genetic analysis and the estimates of genetic and phenotypic correlation of growth rates, Kleiber ratios, and fat-tail dimensions with birth to yearling live body weight traits in Makuie sheep. *Tropical Animal Health and Production*, 48(3): 667-672.
14. Jahrami, M.A., A. Ghazi Khani Shad and A. Jahanbakhsi. 2016. Genetic analysis of weight, growth and Kleiber Ratio in Markhoz goat breed, *Animal Sciences Journal (Pajouhesh & Sazandegi)*, 18: 21-30 (In Persian).
15. Kleiber, M. 1947. Body size and metabolic rate. *Physiol. Rev.* 27:511-541.
16. Latifi, M. 2018. Genetic analysis of autosomal and sexual chromosomes of pre-weaning traits in Mehraban sheep. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 10(3): 417-424 (In Persian).
17. Latifi, M., M. Almasi and B. Enayati. 2018. Genetic parameter estimates of average daily weight gain traits for autosomal and sex-linked chromosomes in Markhoz goats. *Animal Sciences Journal (Pajouhesh & Sazandegi)*, 31(120): 197-204. (In Persian)
18. Latifi, M., Y. Naderi, A. Mortazavi, M. Bohlouli and S. Sadeghi. 2020. Variation in autosomal and sex-linked genetic effects for growth traits in Markhoz goat using multivariate animal models. *Tropical Animal Health and Production*, 52(6): 2917-2923.
19. Latifi, M., Y. Naderi, M. Bohlouli and S. Sadeghi. 2021. Direct and maternal genetic components for body weight traits in Markhoz goat. *Tropical Animal Health and Production*, 53(2): 234.
20. Lee, J.W., S.B. Choi, Y.H. Jung and J.F. Keown and L.D. Van Vlec. 2000. Parameter estimates for direct and maternal genetic effects on yearling, eighteen-month, and slaughter weights of Korean native cattle. *Journal of Animal Science*, 78: 1414-1421.
21. Lush, J.L. 1945. *Animal Breeding Plans*, Andesite Press, 454 p.
22. Meyer, K. 2013. WOMBAT-A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. *Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale*, 105 pp.
23. Mohammadi, H., M.M. Shahrehabak, H.M. Shahrehabak, A. Bahrami and M. Dorostkar. 2013. Model comparisons and genetic parameter estimates of growth and the Kleiber ratio in Shal sheep, *Archives Animal Breeding*, 56: 264-275.
24. Mohammadi, K., R. Abdollahi-Arpanahib, F. Amraeic, E. MirzaMohamadi and A. Rashidi. 2015. Genetic parameter estimates for growth and reproductive traits in Lori sheep. *Small Ruminant Research*, 131: 35-42.
25. Rashidi, A., M. Ramazanian and R.V. Torshizi. 2006. Genetic Parameter Estimates for Growth Traits and Fleece Weight in Markhoz goats. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil.
26. Rashidi, A., S. Bishop and O. Matika. 2011. Genetic parameter estimates for pre-weaning performance and reproduction traits in Markhoz goats, *Small Ruminant Research*, 100: 100-106.
27. Saghi, D.A. and A.R. Shahdadi. 2016. Estimation of Genetic Parameters of Kleiber Ratio and Growth Traits in Kurdish Sheep. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 8(2): 370-381 (In Persian).
28. SAS Institute. 2001. *SAS /STAT user's Guide: statistics. Release 8.2*. SAS Institute Inc., Cary, NC.
29. Tesema, Z., K. Alemayehu, T. Getachew, D. Kebede, B. Deribe, M. Taye, M. Tilahun, M. Lakew, A. Kefale, N. Belayneh, A. Zegeye and L. Yizengaw. 2020. Estimation of genetic parameters for growth traits and Kleiber ratios in Boer×Central Highland goat. *Tropical Animal Health and Production*, 52: 3195-3205.
30. Vatankhah, M., A. Talebi and H. Blair. 2016. Genetic analysis of Lori-Bakhtiari lamb survival rate up to yearling age for autosomal and sex-linked. *Small Ruminant Research*, 136: 121-126.
31. Zamani, P. and M. Almasi. 2017. Estimation of autosomal and sex-linked heritabilities for growth related traits in Markhoz breed of goats. *Iranian Journal of Animal Science*, 48(1): 109-117 (In Persian).