Sari Agriculture Sceinces and Natural Resources University

Research on Animal Production, Vol. 14, No. 40, Summer 2023 p: 78-84

OPEN ACCESS

"Research Paper"

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

Yousef Naderi[1] and Meysam Latifi[2]

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 (KR_1), kleiber ratio from weaning to six months of age (KR_2), kleiber ratio from weaning to six months of age (KR_2), kleiber ratio from six to nine months of age (KR_3) and kleiber ratio from nine to twelve months of age (KR_4). 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 aproppriate model for each trait.

Results: The most suitable model for KR_1, KR_2, KR_3 and KR_4 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 KR_1, KR_2, KR_3 and KR_4, respectively. The estimated sex-linked direct heritabilities were 0.008, 0.021, 0.049 and 0.023 for KR_1, KR_2, KR_3 and KR_4, respectively. The maternal heritability for KR_1 and KR_3 were 0.106 and 0.057, respectively. The maternal permanent environmental effect of 0.064 was estimatedfor 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

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.8.1]

[DOI: 10.61186/rap.14.40.78]

OPEN ACCESS
CC BY NC

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

"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 مسوول: 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 می شود که اثرات مستقیم ژنتیکی، تحت تاثیر کروموزم‌های اتوزومی است. بنابراین، هدف از مطالعه‌ی حاضر برآورد مولفه‌های (کو)واریانس کروموزوم‌های 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 کروموزوم‌های 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 درست نمایی محدودشده و با شش مدل حیوانی برآورد شد. از آزمون معیار اطلاعات آکاییک (AIC) برای انتخاب مناسب ترین مدل برای هر صفت، استفاده شد.

یافته‌ها: مناسب ترین 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 ۰/۴۱، ۰/۰۱۹، ۰/۱۷۲ و ۰/۰۲۰، بود. وراثت‌پذیری‌های مستقیم وابسته به کروموزوم جنسی به‌ترتیب برابر ۰/۰۰۸، ۰/۰۲۱، ۰/۰۴۹ و ۰/۰۲۳ بود. وراثت پذیری‌های مادری برآورد شده برابر صفات KR_1و KR_3 به‌ترتیب ۰/۱۰۶ و ۰/۰۵۷ بود. اثر محیطی دائمی مادری برای صفت KR_1، ۰/۰۶۴ برآورد شد. همبستگی‌های ژنتیکی اتوزومی، کروموزم‌های وابسته به جنس و فنوتیپی ، به‌ترتیب در دامنه‌ی ۰/۵۲- تا ۰/۹۰، ۰/۹۴۳- تا ۰/۶۵۲ و ۰/۰۰۱- تا ۰/۳۱۲- متغیر بود.

نتیجه‌گیری: نتایج این مطالعه نشان می‌دهد، بخشی از واریانس فنوتیپی تحت تاثیر واریانس کروموزوم جنسی می‌باشد. بنابراین، وارد کردن اثر کروموزوم جنسی به مدل ممکن است، منجر به تخمین دقیق‌تری از وراثت پذیری 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 اندازه گیری 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 پیش فرض 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 کروموزوم وراثت وابسته به جنس می‌باشد (۲۱). همچنین، فرناندو و گروسمن نشان دادند که روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی علاوه بر، اثرات کروموزوم‌های اتوزومی می‌تواند اثرات کروموزوم 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 پیش بینی 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 اندازه گیری 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 می شود (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، تقریبا ۲۵۰۰ راس از این نژاد موجود می‌باشد و این نژاد در خطر

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.8.1]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.78]

انقراض قرار دارد (۱۹). مطالعات محدودی در ارتباط با تجزیه ژنتیکی صفات کلیبر 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 کلیبر بز نژاد مرخز، با استفاده از آنالیز تک صفته و چند صفته 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 کلیبر از تولد تا شیرگیری ($\frac{ADG_{0-3}}{WW^{0.75}}KR_1$ =)، نسبت کلیبر از شیرگیری تا شش ماهگی ($\frac{ADG_{3-6}}{BW6^{0.75}}KR_2$ =)، نسبت کلیبر از شش تا نه ماهگی ($\frac{ADG_{6-9}}{BW9^{0.75}}KR_3$ =) و نسبت کلیبر از نه تا دوازده ماهگی ($\frac{ADG_{9-12}}{BW12^{0.75}}KR_4$ =) بود. در معادلات ذکر شده ADG_{0-3}، ADG_{3-6}، ADG_{6-9} و ADG_{9-12}، WW، BW6، BW9 و BW12 به‌ترتیب افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری، افزایش وزن از شیرگیری تا شش ماهگی، افزایش روزانه از شش تا نه ماهگی، افزایش وزن روزانه از نه تا دوازده 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 ($p<۰/۰۱$). 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 صفته به صورت ذیل بودند:

$$y = Xb+Z_1a+Z_1s+e \quad (1)$$
$$y=Xb+Z_1a+Z_1s+Z_3pe \quad (2)$$
$$y=Xb+Z_1a +Z_1s+Z_3pe+e \ \ cov(a, m) =0 \quad (3)$$
$$y=Xb+ Z_1a +Z_1s+Z_2m+e \ cov(a, m)=A\sigma_{am} \quad (4)$$
$$y=Xb+Z_1a+Z_1s+Z_2m+Z_3pe+e \ cov(a, m) =0 \quad (5)$$
$$y=Xb+Z_1a+Z_1s+Z_2m+Z_3pe+ecov(a,m)=A\sigma_{am} \quad (6)$$

در معادلات فوق y، b، a، s، m، pe و e به‌ترتیب بردار مشاهدات، بردار اثرات ثابت (سال، جنسیت، تیپ تولد و سن مادر)، بردار اثرات ژنتیکی افزایشی کروموزم اتوزومی، بردار اثرات ژنتیکی افزایشی کروموزم 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 به‌ترتیب اثرات ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی کروموزم 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:

$$V(a) = A\sigma_a^2,\ V(S) = S\sigma_F^2,\ V(m) = A\sigma_m^2,\ V(pe) = V(e) = I_n\sigma_e^2.و I_d\sigma_{pe}^2$$

که A، ماتریس خویشاوندی برای لوکوس‌های کروموزم اتوزمی و S ماتریس خویشاوندی برای لوکوس‌های کروموزم وابسته به جنس می‌باشند. همچنین، I_d و I_n نیز به‌ترتیب برابر ماتریس‌های یکه برای مادرها و مشاهدات می‌باشند. σ_a^2، σ_F^2، σ_m^2، σ_{pe}^2 و σ_e^2، به‌ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی برای کروموزم اتوزومی، واریانس ژنتیکی افزایشی برای کروموزم 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:

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

که logL و p، به‌ترتیب لگاریتم حداکثر درست نمایی و تعداد پارامترهای موجود در مدل می باشد. در نهایت هر مدلی که کمترین مقدار AIC را داشت، به‌عنوان، بهترین مدل انتخاب شد.

به‌منظور، برآورد همبستگی‌های ژنتیکی مستقیم اتوزوومی، 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.

جدول ۱- آمار توصیفی صفات نسبت کلیبر 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 (٪)

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.8.1]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.78]

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. معنی‌دار بودن اثرات سال و جنس می‌تواند 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 معنی‌دار بود. علت معنی‌دار بودن اثر تیپ تولد و سن مادر، می‌تواند به علت محدود بودن فضای رحمی و رقابت جنین ها برای غذای دریافتی از مادر باشد. معنی‌دار بودن اثرات نامبرده بر صفات کلیبر توسط سایر محققین نیز گزارش شده است (۱۲،۲۴،۲۹). مقادیر AIC بدست آمده برای هر صفت با شش مدل مختلف در جدول (۳) گزارش شده‌است. بهترین مدل بر اساس معیار AIC، برای صفات KR_1، KR_2، KR_3 و KR_4 به‌ترتیب، مدل ششم، اول، چهارم و اول بود. برآورد مؤلفه‌های واریانس–کواریانس و پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورد مطالعه در تحقیق حاضر با بهترین مدل در جدول (۴) گزارش شده است.

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

Table 2. Significantly fixed effects on traits of kleiber ratio (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	Fixed effects اثرات ثابت
**	**	**	**	Year سال
**	**	**	**	Sex جنس
**	**	ns	**	Birth type تیپ تولد
**	ns	ns	ns	Age of doe سن مادر

ns: غیر معنی‌دار؛ **: خیلی معنی‌دار (P<۰/۰۰۱)

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

مقدار وراثت‌پذیری مستقیم برآورد شده برای صفت KR_1 در بز نژاد کشمیری، مرخز و بز حاصل از تلاقی دو نژاد بوئر × سنترال هایلند به‌ترتیب ۰/۰۶، ۰/۲۷ و ۰/۱۸ گزارش شده است (۸،۲۶،۲۹). مقدار وراثت‌پذیری 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 پذیری‌های برآورد شده در تحقیقات مختلف می‌تواند به دلیل متفاوت بودن نژادهای مورد بررسی، متفاوت بودن مدل‌های 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 بز حاصل از تلاقی دو نژاد بوئر × سنترال هایلند با مدل‌های مختلف در دامنه‌ی ۰/۱۷–۰/۰ (۲۹)، در بز نژاد راینی بین ۰/۰۱–۰/۰ (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 دامنه‌ی گزارشات نژادهای نامبرده می‌باشد. بحرینی بهزادی و همکاران بیان کردند که اگر اثرات مادری در صفات مورد بررسی مؤثر باشد و در مدل وارد نشود، برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی شامل حداقل بخشی از واریانس مادری می‌شود و در نتیجه نتایج اریب هستند (۷).

نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی برآورد شده برای صفات KR_1 در بز حاصل از تلاقی دو نژاد بوئر × سنترال هایلند (۰/۱۸)، نژاد بز راینی (۰/۰۴) و بز مرخز (۰/۰۱) بود (۸،۲۶،۲۹). اثر محیط پایدار مادری در تحقیق حاضر، برای صفت KR_1 ۰/۰۶ بود. به‌طور کلی صفات مربوط به وزن بدن مانند صفات رشد، افزایش وزن روزانه و نسبت کلیبر تحت تاثیر ژن‌های فرد، اثرات مادری و اثرات محیطی می‌باشند و استفاده از مدل‌های مناسب جهت تفکیک این اثرات منجر به افزایش صحت ارزیابی می‌شود.

همبستگی ژنتیکی مستقیم اتوزومی و مادری به‌ترتیب در صفت KR_1 و KR_3 مقادیر ۰/۶۶- و ۰/۹۶- برآورد شد، که بیانگر آنتاگونیسم بین اثر ژنتیکی مستقیم اتوزومی و مادری می‌باشد. علت منفی بودن ارزش همبستگی ژنتیکی مستقیم و مادری می‌تواند ناکافی بودن ساختار شجره برای برآورد وراثت‌پذیری مستقیم، وراثت‌پذیری مادری و همبستگی ژنتیکی مستقیم و مادری باشد (۲۰).

جدول ۳- مقادیر AIC بدست آمده برای صفات مورد مطالعه (مناسب ترین مدل برای هر صفت نسبت کلیبر پررنگ نشان داده شده است)

Table 3. AIC values in different models for studied traits (The most suitable model for each traitof kleiber ratio is shown in bold)

Traits صفات				Model مدل
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	
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

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.8.1]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.78]

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

Table 4. (Co) variance components and genetic parameters estimates for traits of kleiber ratio

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_e^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_e^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_e^2 =واریانس باقی مانده، 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 کروموزم اتوزومی، h_m^2 = وراثت پذیری مادری، h_s^2= وراثت پذیری کروموزوم جنسی و c^2= اثر محیط پایدار مادری

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 مقادیرگزارش 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 ۰/۱۵-۰/۱۴ (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 به‌دلیل 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 به‌ترتیب ۰/۰۰۸، ۰/۰۲۱، ۰/۰۴۹ و ۰/۰۲۳ برآورد شد. این نتایج نشان می‌دهد کروموزوم جنسی اثر قابل ملاحظه ای بر صفات KR_2 و KR_4 در بز نژاد مرخز دارد. وراثت‌پذیری مستقیم کروموزم 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 مستیم اتوزوزمی، 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 اتوزمی منفی در بین بعضی از صفات می‌تواند به‌دلیل 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 کروموزم‌های 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 به‌ترتیب ۰/۰۷- و ۰/۰۸- گزارش نمودند که از لحاظ منفی بودن مشابه مطالعه حاضر بود (۱۳).

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.8.1]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.78]

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

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 وراینس فنوتیپی شامل بخشی از واریانس کروموزوم جنسی می باشد، بنابراین، وارد کردن اثر کروموزوم 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.

منابع

1. 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)
2. 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.
3. 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.
4. Akaike, H. 1974. A new look at the statistical model identification. IEEE Trans. Automatic Control, 19: 716-723.
5. Atefi, A. 2021. Genetic analysis of growth traits and kleiber ratios in Mgohani sheep. Research on Animal Production, 12(31): 180-187 (In Persian).
6. 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.
7. 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.
8. Barazandeh, A., S. Molaei-Moghbeli, 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.
9. 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).
10. Fernando, R. and M. Grossman. 1990. Genetic evaluation with autosomaland X-chromosomal inheritance, Theoretical and Applied Genetics, 80: 75-80.
11. Ghafouri-Kesbi, F. 2013. (Co) variance components and genetic parameters forgrowth rate and Kleiber ratio in fat-tailed Mehraban sheep. Archives Animal Breeding, 56: 564-572.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.8.1]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.78]

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 Kliber 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. Shahrebabak, H.M. Shahrebabak, 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).

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-10]
[DOR: 20.1001.1.22518622.1402.14.40.8.1]
[DOI: 10.61186/rap.14.40.78]