نشریه علوم دامی
(پژوهش و سازندگی)

شماره ۱۲۲، بهار ۱۳۹۸
ص‌ص: ۲۶۳~۲۷۸

ارزیابی پیشرفت ژنتیکی صفات رشد در بز کرکی رایینی

- **رضا بهمرام** (نویسنده مسئول)
استادیار دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، گروه علوم دامی، دانشگاه محقق اردبیلی
- **مریم اسرافیلی تازه کند محمدیه**
دانش آموخته کارشناسی ارشد، گروه ژنتیک و اصلاح نژاد دام و طیور، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه محقق اردبیلی

تاریخ دریافت : اردیبهشت ۱۳۹۷ تاریخ پذیرش : خرداد ۱۳۹۷

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۴۴۶۲۱۰۴۰
Email: behmaram.reza@yahoo.ca

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22092/asj.2018.121673.1690

چکیده

برای ارزیابی پیشرفت ژنتیکی صفات رشد از اطلاعات شجره ۱۲۱٤۰ رأس بز کرکی رایینی مربوط به سال‌های ۱۳٦۹ تا ۱۳۸۹ در مرکز پرورش و اصلاح نژاد بز کرکی رایینی استفاده شد. صفات مورد بررسی شامل وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی بود. مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات با روش حداکثر درستنمایی محدود شده و شش مدل حیوانی مختلف با استفاده از نرم افزار Wombat برآورد شد. وراثت‌پذیری مستقیم صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی به ترتیب ۰/۲٤، ۰/۲۹، ۰/۳۳، ۰/۳۵ و ۰/۳۷ بود. ارزش اصلاحی دام‌ها برای هر صفت، با استفاده از بهترین مدل دام تک صفتی برآورد گردید. روند فنوتیپی، ژنتیکی و محیطی صفات به ترتیب از طریق تابعیت میانگین فنوتیپی، میانگین ارزش اصلاحی و تفاوت ارزش اصلاحی از ارزش فنوتیپی بر سال تولد برآورد شد. روند ژنتیکی صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک-سالگی به ترتیب ۱٦/۷۱، ۸۵/۸۳، ۱۰۵/۱٦، ۱۲۳/٦۷ و ۱۲۲/۵۳ گرم در سال محاسبه شد (p<۰/۰۱). میزان پیشرفت ژنتیکی صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی به ترتیب ۰/٤۸۳، ۰/۵٦۱، ۱/۷٦۷، ۱/٦٤۷ و ۱/٤٦۵ کیلوگرم برآورد شد. با توجه به روندهای ژنتیکی مثبت برآورد شده برای صفات رشد در بزهای رایینی، به نظر می‌رسد برنامه انتخاب دام‌ها بر مبنای ارزش اصلاحی در این نژاد منجر به پیشرفت ژنتیکی قابل مناسبی شده و باید این راهکار ادامه یابد.

واژه‌های کلیدی: ارزش اصلاحی، پارامترهای ژنتیکی، روند ژنتیکی، روند فنوتیپی، صفات رشد

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 122 pp: 263-278

Genetic progress evaluation of growth traits in Raeini chashmere goat

By: Reza Behmaram[*1], Maryam Esrafili Tazeh Kand Mohammadiyeh[2]

1-Assistant Professor Faculty of Agricultural Sciences and Natural Resources, Department of Animal Sciences, University of Mohaghegh Ardabili, Iran
2-Graduated MS.C, Department of Animal and Poultry Breeding Genetics, Faculty of Agricultural Sciences and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Iran.

Received: May 2018 **Accepted: June 2018**

For genetic progress evaluation of growth traits, the pedigree information of 12140 Raeini Cashmere goats in Raeini Chashmere goats breeding station from 1990 to 2010 were used. Investigated traits were included birth weight, weaning weight, 6 month weight, 9 month weight and 1 year weight. Variance components and genetic parameters of each trait was estimated by restricted maximum likelihood and six animal models using Wombat software. Direct heritability of birth weight, weaning weight, 6 month weight, 9 month weight and 1 year weight were 0.24, 0.29, 0.33, 0.35 and 0.37 respectively. Breeding values of animals for each trait was estimated using univariate animal model. Phenotypic, genetic and environmental trends of traits were estimated via regression of phenotypic value, breeding value and difference of breeding value from phenotypic value on the year of birth. Genetic trend of birth weight, weaning weight, 6 month weight, 9 month weight and 1 year weight were estimated 16.71, 85.83, 105.16, 123.67 and 122.53 gr/year respectively ($p<0.01$). The genetic gain of traits including birth weight, weaning weight, 6 month weight, 9 month weight and 1year weight were estimated 0.483, 0.561, 1.767, 1.647 and 1.465 Kg respectively. Regarding to positive genetic trends estimated for growth traits for Raeini goats, the livestock selection program, based on the breeding value in this breed, seems to lead to a good genetic improvement and this strategy should continue.

.

Key words: Breeding value, genetic parameters, genetic trend, phenotypic trend, growth traits..

مقدمه

به طور عمده در کشورهای در حال توسعه نژادهای بومی نشخوار-کنندگان کوچک توسط چوپان‌های محلی و تحت سیستم‌های تولیدی کم نهاده نگهداری می‌شوند و بهبود وضع اقتصادی صاحبان گله بستگی به ارتقاء راندمان تولید در این سیستم‌ها دارد (Mokhtari و همکاران، ۲۰۱۴). بنابراین، اقدامات هماهنگ شیوه‌های مدیریتی و برنامه‌های بهبود ژنتیکی در این نژادها از اهمیت بسزایی برخوردار است (Kosgey and Okeyo، ۲۰۰۷).

بز می‌تواند در سیستم‌های مختلف تولیدی و محیط‌هایی که در آن دیگر گونه‌های حیوانی برای ماندگاری و تولید با مشکل مواجه‌اند، پرورش یابد (Oliveira و همکاران، ۲۰۱۶). حدود ۳۰ میلیون رأس بز کرکی در سراسر جهان وجود دارد که ۴/۵ تا ۵ میلیون رأس از آن‌ها (حدود ۲۰ درصد بزهای جهان) در ایران پرورش داده می‌شود (Baghizadeh و همکاران، ۲۰۰۹).

بز رایینی از مهم‌ترین نژادهای بز در ایران است که نقش مهمی در زندگی عشایر ایران دارد (Mokhtari و همکاران، ۲۰۱۷). این بز به واسطه تولید کرک مرغوب و با کیفیت مطلوب از ارزش اقتصادی بالایی برخوردار می‌باشد و به صورت خالص در مناطق

کوهستانی و مرتفع استان کرمان پرورش داده می‌شود. مهم‌ترین هدف ایستگاه اصلاح نژاد بز کرکی رایینی پرورش و توزیع بزهای نر برتر بین دامداران بوده و انتخاب دام‌ها بر اساس رنگ، میزان و ظرافت کرک تولیدی انجام شده و بزهای رنگی از گله حذف می‌شوند، اگر چه انتخاب بر اساس رنگ کرک موجب یکنواختی و بازار پسندی کرک می‌شود (شمسی الدینی نژاد و بحرینی بهزادی، ۱۳۹۵).

یکی از اهداف اصلی برنامه‌های اصلاح نژاد بالا بردن میانگین ارزش اصلاحی مهم صفات اقتصادی می‌باشد که به این تغییرات ایجاد شده در میانگین جمعیت تحت انتخاب، اصطلاحاً پیشرفت ژنتیکی گفته می‌شود. پیشرفت ژنتیکی زمانی حاصل می‌شود که حیوانات انتخاب شده به عنوان نسل آینده توانایی بالاتری نسبت به دیگران برای انتقال ژن‌های مطلوب به نتاج را داشته باشند. بنابراین انتخاب یک حیوان به عنوان والدین نسل آینده نباید فقط بر اساس ارزش فنوتیپی بوده، بلکه در واقع باید بر اساس ارزش اصلاحی باشد (Gjerdem، ۲۰۰۵).

برآورد دقیق پارامترهای ژنتیکی صفات رشد همواره مورد توجه کارشناسان اصلاح نژاد بوده است. این پارامترها اغلب پس از تصحیح برای عوامل محیطی به منظور پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی، شاخص بهتری از پتانسیل ژنتیکی حیوان بوده و یکی از بهترین ابزارهای اصلاحی جهت به حداکثر رساندن پیشرفت ژنتیکی می‌باشد (Jurado و همکاران، ۱۹۹۴؛ Hossein and Ardalan zadeh، ۲۰۱۰). در جوامعی تحت انتخاب که جفت‌گیری بین حیوانات با توجه به آن برنامه‌ریزی می‌شود لازم است تغییرات میانگین ارزش اصلاحی جامعه در اثر انتخاب بررسی شود تا کارآمدی یا ناکارآمدی برنامه اصلاح نژادی مشخص گردد (رشیدی و آخشی، ۱۳۸۷).

انتخاب حیوانات بر اساس ارزش‌های اصلاحی و برآورد صحیح پارامترهای ژنتیکی صفات مهم اقتصادی برای طراحی استراتژی‌های بهینه اصلاح نژادی حیوانات مزرعه‌ای ضروری است (Kosgey و همکاران، ۲۰۰۶؛ Safari و همکاران، ۲۰۰۵). برآورد روند ژنتیکی و محیطی در یک جمعیت دامی، ارزیابی روش‌های انتخاب را امکان پذیر نموده و نقش عواملی از قبیل تغذیه، بهداشت، تولیدمثل را آشکار می‌سازد (Hanford و همکاران، ۲۰۰۶). به دلیل اینکه ارزش‌های اصلاحی حیوانات در طول زمان به صورت تجمعی است، بنابراین میانگین ارزش اصلاحی در هر سال سطح ژنتیکی حیوان را در آن سال نشان می‌دهد (سرگلزایی و ادریس، ۱۳۸۳).

در واقع روند ژنتیکی مهم‌ترین معیار ارزیابی بازدهی طرح‌های اصلاح نژاد است و می‌توان با مقایسه پیشرفت ژنتیکی حاصل از برنامه‌های اصلاح نژاد، استراتژی‌های مختلف اصلاحی را با هم مقایسه نمود و اطلاعات لازم را برای گسترش برنامه‌های اصلاح نژاد کارآمدتر در آینده فراهم نمود. این پژوهش با هدف برآورد روند ژنتیکی و میزان پیشرفت ژنتیکی مربوط به صفات رشد شامل وزن‌های تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی انجام شد.

مواد و روش‌ها

برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد بزهای رایینی، از اطلاعات شجره و صفات رشد (وزن‌های تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی) حیوانات موجود در مرکز پرورش و اصلاح نژاد بز کرکی رایینی واقع در شهرستان بافت استان کرمان استفاده شد. این ایستگاه در سال ۱۳۴۴ با ۱۸۰ رأس بز شامل ۱۲۰ رأس بز ماده، ۸ رأس بز نر و ۵۲ رأس بزغاله کار خود را شروع کرد که هدف از تأسیس این ایستگاه تعیین وراثت‌پذیری صفات در جمعیت اصلاح نژاد بز، توسعه و بهبود صفات اقتصادی این نژاد از نظر کمی و کیفی، ایجاد بانک ژن و نگهداری بز کرکی در شرایط منطقه و ایجاد یک هسته مرکزی به منظور جلوگیری از اختلاط نژاد این دام با بزهای معمولی بود. آمیزش‌ها تا سال ۱۳۸۰ به صورت جفت‌گیری طبیعی و بعد از آن به صورت تلقیح مصنوعی بوده است.

در این پژوهش از تعداد ۱۴۰۰ رکورد وزن تولد، ۱۲۶۵ رکورد وزن شیرگیری، ۱۱۵۰ رکورد وزن شش ماهگی، ۱۰۲۵ رکورد وزن نه ماهگی و ۹۲۱ رکورد وزن یک‌سالگی که طی ۲۸ سال

(۱۳۶۲ تا ۱۳۸۹) جمع آوری شده بود، استفاده شد. اطلاعات مورد استفاده شامل شماره بزغاله، شماره پدر و مادر، جنس بزغاله، نوع تولد، وزن تولد، سن مادر هنگام زایش و رکوردهای وزن بدن در سنین مختلف بود که تحت عنوان فایل داده در نرم افزار Excel ذخیره شدند. اطلاعات شجره پس از ویرایش اولیه (شامل تصحیح و حذف رکوردهای تکراری مربوط به دوره‌های مختلف تولید یک حیوان و خطا) مورد استفاده قرار گرفت. مشخصات شجره داده‌های مورد استفاده در پژوهش حاضر با استفاده از نرم‌افزار CFC 1.0 (Sargolzaei و همکاران، ۲۰۰۶) بدست آمده و در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱- اطلاعات مربوط به شجره بزهای کرکی رائینی

شرح	تعداد
تعداد کل حیوانات جمعیت	۱۲۱۴۰
تعداد حیوانات با والدین معلوم	۴۷۶۲
ماده	۴۳۶۶
نر	۳۹۶
تعداد حیوانات بدون نتاج	۷۳۷۸
تعداد حیوانات دارای نتاج	۶۱۲۵
تعداد جمعیت پایه	۲۹۷۰

ویرایش داده‌ها با استفاده از نرم افزار Excel و Microsoft Visual FoxPro 9.0 انجام شد. در طی مرحله ویرایش داده‌ها با توجه به کم بودن تعداد بزغاله‌های سه قلو، رکورد این بره‌ها و رکوردهای دیگری که اطلاعات آن‌ها دقیق یا کامل نبود از فایل داده‌ها حذف شدند.

برای شناسایی اثرات ثابت مؤثر بر صفات مورد نظرو وارد کردن آن‌ها در مدل، ابتدا تمامی اثرات در مدل آماری قرار داده شدند. سپس آزمون معنی‌داری این اثرات روی صفات مورد بررسی با استفاده از رویه‌ی GLM نرم افزار SAS 9.2 (SAS، ۲۰۰۸) انجام شد. اثرات ثابت در مدل شامل سال تولد (۲۸ سال)، سن مادر هنگام زایش (۲ تا ۷ سال)، جنس (نر و ماده) و تیپ تولد (تک قلو و دو قلو) بودند. مدل آماری مورد استفاده به شرح زیر بود:

$$Y_{ijklm} = \mu + Y_i + A_j + S_k + LS_l + e_{ijklm}$$

که در این مدل: Y_{ijklm} رکورد مربوط به صفات مورد نظر، μ اثر میانگین جامعه، Y_i اثر سال تولد، A_j اثر سن مادر هنگام زایش، S_k اثر جنس، LS_l اثر تیپ تولد و e_{ijklm} اثر تصادفی باقیمانده می‌باشد.

برای برآورد مؤلفه‌های (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات مورد نظر از نرم افزار Wombat 1.0 (Meyer، ۲۰۰۷) و روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) با استفاده از شش مدل حیوانی تک صفتی زیر استفاده شد (Jafaroghli و همکاران، ۲۰۱۰):

مدل ۱	$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \boldsymbol{Z_1 a} + \boldsymbol{e}$
مدل ۲	$\mathbf{y} = \boldsymbol{Xb} + \mathbf{Z_1}\boldsymbol{a} + \boldsymbol{Z_2}\mathbf{c} + \mathbf{e}$
مدل ۳	$\mathbf{y} = \boldsymbol{Xb} + \mathbf{Z_1}\boldsymbol{a} + \boldsymbol{Z_3}\mathbf{m} + \mathbf{e}$ Cov (a,m)= 0
مدل ۴	$\mathbf{y} = \boldsymbol{Xb} + \mathbf{Z_1}\boldsymbol{a} + \boldsymbol{Z_3}\mathbf{m} + \mathbf{e}$ Cov(a,m)= $\boldsymbol{A\sigma_{am}}$
مدل ۵	$\mathbf{y} = \boldsymbol{Xb} + \mathbf{Z_1}\boldsymbol{a} + \boldsymbol{Z_2}\mathbf{c} + \boldsymbol{Z_3}\mathbf{m} + \mathbf{e}$ Cov (a,m)= 0
مدل ۶	$\mathbf{y} = \boldsymbol{Xb} + \mathbf{Z_1}\boldsymbol{a} + \boldsymbol{Z_2}\mathbf{c} + \boldsymbol{Z_3}\mathbf{m} + \mathbf{e}$ Cov(a,m)= $\boldsymbol{A\sigma_{am}}$

در مدل‌های بالا y بردار مشاهدات برای صفات مورد مطالعه، بردارهای b، a، m، c و e به ترتیب در برگیرنده اثرات ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، اثرات محیطی دائمی مادری و اثرات باقیمانده می‌باشد. X، Z_1، Z_2 و Z_3 ماتریس‌های ضرایب می‌باشند که مشاهدات را به ترتیب به اثرات ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات محیطی دائمی و اثرات ژنتیکی افزایشی مادری مربوط می‌کنند. Cov (a,m) کواریانس اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و افزایشی مادر می‌باشد.

مناسب‌ترین مدل از رابطه آکائیک به صورت زیر تعیین شد:

$$AIC_i = -2\ Log\ L_i + 2P_i$$

در این رابطه: AIC_i معیار آکائیک، $Log\ L_i$ لگاریتم حداکثر درستنمایی و P_i تعداد پارامترهای موجود در مدل است. مدلی که کمترین معیار آکائیک را داشت به عنوان مناسب‌ترین مدل در نظر گرفته شد.

وراثت پذیری کل، رگرسیون اثرات ژنتیکی افزایشی کل (انفرادی و مادری) به فنوتیپ را نشان می‌دهد و برای صفات مورد بررسی از رابطه زیر برآورد گردید (Mohammadi و همکاران، ۲۰۱۰):

$$h^2{}_t = \frac{\sigma_a{}^2 + 0.5\ \sigma_m{}^2 + 1.5\ \sigma_{am}}{\sigma_p{}^2}$$

که در این رابطه، $h^2{}_t$ وراثت پذیری کل، $\sigma_a{}^2$ واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم، $\sigma_m{}^2$ واریانس ژنتیکی افزایشی مادری، σ_{am} کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری و $\sigma_p{}^2$ واریانس فنوتیپی می‌باشد.

پس از آنالیز داده‌ها با استفاده از مدل‌های حیوانی تک صفتی و پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی حیوانات، روند ژنتیکی صفات از تابعیت میانگین ارزش‌های اصلاحی آن‌ها بر سال و روند فنوتیپی از تابعیت میانگین عملکرد صفات بر سال بدست آمد. برای برآورد روند محیطی ابتدا تفاوت میانگین ارزش‌های اصلاحی از میانگین فنوتیپی محاسبه شد و سپس از تابعیت مقدار حاصل بر سال استفاده گردید. پیشرفت ژنتیکی برای هر صفت از تفاوت میانگین ارزش-های اصلاحی جمعیت در انتهای دوره از مقدار آن در ابتدای دوره محاسبه شد.

نتایج و بحث:

آماره‌های توصیفی صفات مورد بررسی در جدول ۲ نشان داده شده است.

میانگین صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی بزهای رایینی در مطالعه حاضر به ترتیب ۲/۵۲، ۱۳/۱۵، ۱۳/۴۲، ۱۹/۵۰ و ۲۰/۱۹ کیلوگرم برآورد شد که با مقادیر گزارش شده توسط بهدانی و همکاران (۱۳۸۷) در بز کرکی رایینی مطابقت داشت.

جدول ۲- آماره‌های توصیفی صفات رشد بزهای رایینی

صفات	وزن تولد	شیرگیری	شش ماهگی	نه ماهگی	یک‌سالگی
تعداد رکورد	۱۴۰۰	۱۲۶۵	۱۱۵۰	۱۰۲۵	۹۲۱
میانگین (کیلوگرم)	۲/۲۵	۱۳/۱۵	۱۳/۴۲	۱۹/۵۰	۲۰/۱۹
انحراف معیار (کیلوگرم)	۱/۰۳	۵/۵۰	۳/۱۷	۱۰/۲۹	۴/۸۰
ضریب پراکندگی (٪)	۴۱	۴۲	۲۴	۵۳	۲۴
حداقل (کیلوگرم)	۱	۵/۵۰	۷	۱۳	۱۳
حداکثر (کیلوگرم)	۳/۵۰	۲۱/۵۰	۲۱/۵۰	۲۵	۲۷

جدول ۳ میانگین عملکرد صفات به تفکیک سطوح مختلف اثرات ثابت را نشان می‌دهد.

جدول ۳- میانگین صفات رشد به تفکیک اثرات ثابت مختلف (کیلوگرم)

اثرات ثابت	صفات				
	وزن تولد	شیرگیری	شش ماهگی	نه ماهگی	یک‌سالگی
سال تولد	**	**	**	**	**
سن مادر هنگام زایش	**	**	**	**	**
۲	۱/۹۹ ± ۰/۰۴۷^{e}	۱۳/۰۳ ± ۰/۰۱۱^{e}	۱۲/۸۷ ± ۰/۰۰۹^{f}	۱۹/۰۱ ± ۰/۰۱۵^{f}	۱۹/۴۲ ± ۰/۰۲۲^{e}
۳	۲/۳۷ ± ۰/۰۳۱^{d}	۱۳/۰۰ ± ۰/۰۲۳^{e}	۱۳/۰۳ ± ۰/۰۱۷^{e}	۱۹/۱۴ ± ۰/۰۰۴^{e}	۱۹/۹۹ ± ۰/۰۱۱^{d}
۴	۲/۴۵ ± ۰/۰۱۴^{c}	۱۳/۱۱ ± ۰/۰۵۶^{d}	۱۳/۱۳ ± ۰/۰۷۵^{d}	۱۹/۲۰ ± ۰/۰۳۷^{d}	۲۰/۰۱ ± ۰/۰۰۹^{d}
۵	۲/۵۹ ± ۰/۰۷۵^{b}	۱۳/۲۰ ± ۰/۰۰۷^{c}	۱۳/۴۷ ± ۰/۰۲۷^{c}	۱۹/۳۷ ± ۰/۰۶۲^{c}	۲۰/۴۸ ± ۰/۰۷۴^{c}
۶	۲/۶۰ ± ۰/۰۳۲^{b}	۱۳/۳۱ ± ۰/۰۴۹^{b}	۱۳/۷۹ ± ۰/۰۴۵^{b}	۲۰/۰۳ ± ۰/۰۷۶^{b}	۲۰/۲۲ ± ۰/۰۶۴^{b}
۷	۳/۱۲ ± ۰/۰۷۳^{a}	۱۳/۳۷ ± ۰/۰۴۲^{a}	۱۴/۲۲ ± ۰/۰۱۲^{a}	۲۰/۲۲ ± ۰/۰۵۹^{a}	۲۱/۰۳ ± ۰/۰۷۳^{a}
تیپ تولد	**	**	**	**	**
تک قلو	۲/۸۹ ± ۰/۰۰۹^{a}	۱۴/۰۰ ± ۰/۰۳۷^{a}	۱۳/۹۶ ± ۰/۰۳۳^{a}	۱۹/۹۸ ± ۰/۰۳۲^{a}	۲۱/۰۰ ± ۰/۰۸۶^{a}
دوقلو	۲/۱۵ ± ۰/۰۲۳^{b}	۱۲/۳۰ ± ۰/۰۰۱^{b}	۱۲/۸۸ ± ۰/۰۶۵^{b}	۱۹/۰۲ ± ۰/۰۶۰^{b}	۱۹/۳۸ ± ۰/۰۴۲^{b}
جنس	**	**	**	**	**
نر	۲/۶۳ ± ۰/۰۴۷^{a}	۱۳/۴۲ ± ۰/۰۰۸^{a}	۱۳/۷۵ ± ۰/۰۶۵^{a}	۲۰/۰۰ ± ۰/۰۷۱^{a}	۲۰/۲۹ ± ۰/۰۸۶^{a}
ماده	۲/۴۱ ± ۰/۰۰۳^{b}	۱۲/۸۸ ± ۰/۰۱۱^{b}	۱۳/۰۹ ± ۰/۰۲۱^{b}	۱۹/۰۰ ± ۰/۰۴۳^{b}	۲۰/۰۹ ± ۰/۰۱۷^{b}

** معنی داری در سطح احتمال ۰/۰۱ و حروف مشابه برای سطوح هر اثر ثابت بیانگر عدم وجود تفاوت معنی دار در سطح احتمال ۰/۰۱ است.

اثر سال تولد که متأثر از شرایط محیطی مانند دما، رطوبت و بارندگی است به طور مستقیم و غیر مستقیم عواملی مانند کیفیت و کمیت علوفه‌ی در دسترس، شیوع بیماری‌ها، اشتها و میزان خوراک مصرفی دام‌ها را تحت تأثیر قرار می‌دهد و بر بروز فنوتیپی صفات تأثیر می‌گذارد (Bela and Haile، ۲۰۰۹). بنابراین، اختلاف در سیستم مدیریتی و نوسانات شرایط آب و هوایی در سال‌های متفاوت می‌تواند دلیل اصلی اثر معنی‌دار سال تولد بر صفات مورد مطالعه باشد ($p<۰/۰۱$). که با نتایج گزارش شده در نژادهای کرکی توسط بهدانی و همکاران (۱۳۹۳) و مرخز توسط Rashidi و همکاران، ۲۰۰۸ مطابقت داشت.

اثر سن مادر در هنگام زایش بر کلیه صفات رشد مورد مطالعه معنی‌دار بود ($p<۰/۰۱$)، که اختلاف بین رفتار مادری و نحوه مراقبت از بزغاله‌ها در سنین مختلف بز ماده می‌تواند دلیلی بر معنی‌دار شدن این اثر باشد. همچنین این عامل به میزان تکامل رشد جسمی به ویژه محیط رحم، وزن بدن، دستگاه تناسلی و تولید شیر بیشتر توسط مادر در سنین بالاتر مربوط می‌شود. علاوه بر این، افزایش سن بز ماده بر میزان شیر تولیدی مؤثر بوده و به دلیل وجود شیر کافی برای تغذیه بزغاله، وزن‌های پس از تولد تحت تأثیر قرار گرفته و افزایش می‌یابد (Rashidi و همکاران، ۲۰۰۸؛ Jiang و همکاران،۲۰۱۱)، که با نتایج گزارش شده در نژادهای کرکی خراسانی جنوبی و مرخز همخوانی داشت (بهدانی و همکاران، ۱۳۹۳؛ Rashidi و همکاران، ۲۰۰۸).

در این پژوهش میانگین صفات رشد مورد بررسی در بزغاله‌های تک قلو نسبت به دو قلو بیشتر بود($p<۰/۰۱$)، که با نتایج گزارش

شده در نژادهای کرکی خراسانی جنوبی و مرخز مطابقت داشت (زندی و همکاران، ۱۳۸۹؛ بهدانی و همکاران، ۱۳۹۳؛ Rashidi و همکاران، ۲۰۰۸). بیشتر بودن میانگین صفات رشد در بزغاله‌های تک قلو نسبت به دو قلو را می‌توان مربوط به بهره‌گیری بیشتر بزغاله‌های تک قلو نسبت به دو قلو از قابلیت‌های مادری مانند میزان انرژی، مواد غذایی، فضای رحمی و شیر تولیدی دانست (Rashidi و همکاران، ۲۰۰۸). بنابراین، تقسیم شدن امکانات و قابلیت‌های مادری قبل و بعد از تولد باعث کاهش میانگین صفات رشد در بزغاله‌های دو قلو می‌شود (Shokrollahi and Zandieh، ۲۰۱۲).

بزغاله‌های نر در تمامی صفات نسبت به بزغاله‌های ماده برتری داشتند و اختلاف بین دو جنس نیز معنی‌دار بود ($p<۰/۰۱$)، که نشان دهنده تأثیر زیاد جنسیت بر صفات رشد بزغاله‌های رایینی است. این تأثیر معنی‌دار می‌تواند به دلیل تفاوت در نوع و میزان ترشح هورمون‌های جنسی که مؤثر در رشد حیوانات باشد. به عنوان مثال هورمون استروژن روی استخوان‌های دراز در جنس ماده اثر محدود کننده‌تری دارد که این امر می‌تواند یکی از دلایل کوچک‌تر بودن جثه و کمتر بودن وزن بزغاله‌های ماده نسبت به بزغاله‌های نر باشد (Jafaroghli و همکاران، ۲۰۱۰)، که با نتایج گزارش شده در نژادهای کرکی خراسانی جنوبی و مرخز مطابقت داشت (زندی و همکاران، ۱۳۸۹؛ بهدانی و همکاران، ۱۳۹۳؛ Rashidi و همکاران، ۲۰۰۸). با توجه معنی‌دار نبودن اثرات متقابل بر عوامل ثابت، هیچ کدام از آن‌ها در مدل نهایی استفاده نشد.

مدل‌های بررسی شده برای صفات مورد بررسی با استفاده از معیار آکائیک (AIC)، با یکدیگر مقایسه شد و مدلی که کمترین معیار آکائیک را داشت به عنوان مناسب‌ترین مدل انتخاب شد. این معیار نشان می‌دهد که استفاده از یک مدل آماری به چه میزان باعث از دست رفتن اطلاعات می‌شود. به عبارت دیگر، این معیار تعادلی میان دقت مدل و پیچیدگی آن بر قرار می‌کند (Farhang far و همکاران، ۲۰۱۰). کوچک‌تر شدن معیار آکائیک مدل ۵ برای صفت وزن تولد و شیرگیری، دلیلی بر تأثیر همزمان ژنتیک مادر و محیط دائمی مادری بر این صفات بود. به عبارت دیگر این صفات تحت تأثیر پتانسیل ژنتیکی خود دام، مادر دام و محیطی دائمی مادری قرار می‌گیرد. نتایج پژوهشی دیگر نشان داد که مادر نه تنها از طریق انتقال ژنتیک برتر خود به نتاج، بلکه با تأثیر بر محیط پرورش نتاج و فراهم آوردن مواد غذایی قبل و بعد از تولد (شرایط رحمی و شیر دادن) نیز بر بروز فنوتیپی برخی صفات مؤثر می‌باشد (Duguma و همکاران، ۲۰۰۲). جدول ۴ اطلاعات مربوط به معیار آکائیک مدل‌های مختلف را نشان می‌دهد.

جدول ٤- معیار آکائیک برای صفات (مناسب‌ترین مدل پررنگ نوشته شده است)

مدل	صفات				
	وزن تولد	شیرگیری	شش ماهگی	نه ماهگی	یک‌سالگی
۱	-۶۲۷/۱۳۲	-۸۵۹/۳۴۹	-۱۱۲۷/۰۷۳	-۱۵۵۹/۰۳۵	**-۲۵۵۷/۱۲۲**
۲	-۶۲۹/۰۶۴	-۸۶۰/۴۳۶	-۱۱۲۷/۱۳۸	**-۱۵۵۹/۳۰۱**	-۲۵۵۷/۰۱۱
۳	-۶۲۶/۸۸۹	-۸۶۱/۰۳۱	**-۱۱۲۹/۸۶۰**	-۱۵۵۳/۹۷۲	-۲۵۵۵/۰۷۳
۴	-۶۲۷/۴۶۲	-۸۵۹/۹۸۹	-۱۱۲۸/۲۸۹	-۱۵۵۴/۲۷۴	-۲۵۵۴/۱۳۷
۵	**-٦٢٩/١٣٤**	**-٨٦١/٦٣٧**	-۱۱۲۹/۰۱۶	-۱۵۵۷/۵۹۱	-۲۵۵۶/۱۸۲
۶	-۶۲۸/۹۲۸	-۸۶۰/۰۵۱	-۱۱۲۹/۱۴۵	-۱۵۵۵/۷۳۱	-۲۵۵۶/۶۳۱

مؤلفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات مورد مطالعه در جدول ۵ نشان داده شده است. نتایج نشان می‌دهد که با افزایش سن، وراثت پذیری مستقیم صفات روند صعودی دارد که به دلیل افزایش بروز تأثیر ژن‌هایی با منشأ ژنتیکی افزایشی مستقیم بر رشد دام و کاهش اثرات مادری می‌باشد. افزایش وراثت پذیری برای سنین بیشتر می‌تواند ناشی از کاهش سایر اجزای واریانس به خصوص، واریانس‌های ناشی از اثرات مادری در سنین بالاتر و پراکنده بودن ساختار اطلاعات و کاهش رکوردها برای سنین پایانی باشد (اعتقادی و همکاران، ۱۳۹۴؛ Fischer و همکاران، ۲۰۰۴).

جدول ۵- برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات مورد مطالعه

پارامترها	صفات				
	وزن تولد	شیرگیری	شش ماهگی	نه ماهگی	یک‌سالگی
مدل مناسب	۵	۵	۳	۲	۱
$\sigma_a{}^2$	۰/۰۶	۱/۷۹	۳/۲۲	۴/۱۸	۴/۵۶
$\sigma_m{}^2$	۰/۰۳	۰/۶۲	۰/۸۷	-	-
$\sigma_{pe}{}^2$	۰/۰۴	۱/۳۲	–	۰/۶۷	-
$\sigma_e{}^2$	۰/۱۲	۲/۴۴	۵/۶۶	۷/۸۲	۷/۷۶
$\sigma_p{}^2$	۰/۲۵	۶/۱۷	۹/۷۵	۱۱/۹۶	۱۲/۳۲
σ_{am}	-	-	-	-	-
$h_a{}^2 \pm SE$	۰/۰۷ ± ۰/۲۴	۰/۰۱ ± ۰/۲۹	۰/۰۲ ± ۰/۳۳	۰/۰۴ ± ۰/۳۵	۰/۰۳ ± ۰/۳۷
$h_m{}^2 \pm SE$	۰/۰۴ ± ۰/۱۲	۰/۰۳ ±۰/۱۰	۰/۰۱ ± ۰/۰۹	۰/۰۷ ± ۰/۰۶	-
$c^2 \pm SE$	۰/۰۱ ± ۰/۱۶	۰/۰۱ ±۰/۲۱	–	-	–
$h_t{}^2$	۰/۳۲	۰/۲۹	۰/۳۷	۰/۳۵	۰/۳۷

$\sigma_a{}^2$: واریانس ژنتیکی افزایشی حیوان، $\sigma_m{}^2$: واریانس ژنتیکی افزایشی مادر، $\sigma_{pe}{}^2$: واریانس محیطی دائمی مادری، $\sigma_e{}^2$: واریانس باقی مانده، $\sigma_p{}^2$: واریانس فنوتیپی، σ_{am}: کواریانس ژنتیکی مستقیم و مادری، $h_a{}^2$: وراثت پذیری مستقیم، $h_m{}^2$: وراثت پذیری مستقیم مادری، c^2: نسبتی از واریانس فنوتیپی که ناشی از محیط دائمی مادری است، $h_t{}^2$: وراثت پذیری کل.

میزان وراثت پذیری مستقیم وزن تولد ۰/۲۴ بدست آمد که با نتایج گزارش شده در نژاد بوئر مطابقت داشت (Zhang و همکاران، ۲۰۰۹). همچنین نسبت به مقادیر گزارش شده در نژاد-های رایینی، مرخز و کوتوله (رضوان نژاد و همکاران، ۱۳۸۹؛ کلوندی و همکاران، ۱۳۹۰؛ Basso، ۲۰۰۶)، بیشتر و نسبت به مقادیر گزارش شده در نژادهای شیری برزیل، اماراتی، کرکی، کرکی خراسانی جنوبی و مرخز (Ribeiro و همکاران، ۲۰۰۰؛Al-Shorepy و همکاران، ۲۰۰۲؛ نبی حسنی و همکاران، ۱۳۸۹؛ بهدانی و همکاران؛ ۱۳۸۹، زندی و همکاران، ۱۳۸۹؛) کمتر بود. دلیل این تفاوت‌ها ممکن است مربوط به اجزای (کو)واریانس ژنتیکی و فنوتیپی متفاوت به خصوص نسبت آن‌ها در نژادهای مختلف باشد که تحت تأثیر انتخاب، شرایط رکورد-گیری، تغییرات محیطی و مدل‌های مورد استفاده برای آنالیز صفات مورد مطالعه تغییر می‌کنند.

وراثت پذیری وزن شیرگیری ۰/۲۹ بدست آمد که با مقدار گزارش شده در نژاد مرخز مطابقت داشت (زندی و همکاران، ۱۳۸۹). همچنین نسبت به مقادیر گزارش شده در نژادهای رایینی، کرکی خراسان جنوبی و بوئر (رضوان نژاد و همکاران، ۱۳۸۷، بهدانی و همکاران، ۱۳۹۳؛ Zhang و همکاران، ۲۰۰۹) بیشتر و نسبت به مقدار گزارش شده در نژاد اماراتی (Al-Shorepy و همکاران، ۲۰۰۲) کمتر بود. دلیل این تفاوت را می‌توان ناشی از

تفاوت رکوردها، واریانس ژنتیکی، شرایط مدیریتی و تغذیه‌ای گله‌های مورد بررسی دانست.

وراثت پذیری وزن شش ماهگی ۰/۳۳ برآورد شد که با مقادیر گزارش شده در نژادهای کرکی و مرخز مطابقت داشت (نبی حسنی و همکاران، ۱۳۸۹؛ زندی و همکاران، ۱۳۸۹). همچنین نسبت به مقادیر گزارش شده در نژادهای کرکی خراسان جنوبی و رایینی (رضوان نژاد و همکاران، ۱۳۸۷؛ بهدانی و همکاران، ۱۳۹۳) بیشتر بود. ممکن است بیشتر بودن وراثت پذیری این صفت نسبت به پژوهش‌های مشابه نشان دهنده افزایش بیان ژن‌هایی باشد که آثار افزایشی بر وزن بدن دارند و همچنین می‌تواند به دلیل کاهش واریانس ناشی از آثار مادری نسبت به واریانس ژنتیکی مستقیم حیوان باشد.

وراثت پذیری وزن نه ماهگی ۰/۳۵ برآورد شد که نسبت به مقادیر گزارش شده در نژادهای رایینی و کرکی (رضوان نژاد و همکاران، ۱۳۸۷؛ نبی حسنی و همکاران، ۱۳۸۹) بیشتر و نسبت به مقدار گزارش شده در نژاد مرخز (زندی و همکاران، ۱۳۸۹) کمتر بود، که احتمال دارد برآورد کمتر وراثت پذیری این صفت مربوط به شرایط مدیریتی، نحوه انتخاب و کم بودن داده‌های مورد بررسی باشد. همچنین ممکن است افزایش واریانس فنوتیپی ناشی از نوسانات مدیریتی و محیطی و عدم تغییر محسوس واریانس ژنتیکی در مقایسه با مقادیر گزارش شده برای سایر جمعیت‌ها باعث کاهش وراثت پذیری شده باشد. علاوه بر این، تغییر و تفاوت در واریانس ژنتیکی بین گله‌ها و نژادهای مختلف و اختصاصی بودن ضریب وراثت پذیری صفات در یک جمعیت که کاملاً مرتبط با واریانس محیطی و ژنتیکی اختصاصی آن گله است، می‌تواند دلیل برآوردهای متفاوت در گله‌های مختلف باشد. وراثت پذیری مادری با افزایش سن کاهش یافت که می‌تواند به دلیل کاهش وابستگی بزغاله به شیر مادر باشد. به همین دلیل اثرات ژنتیکی مادری برای وزن شش ماهگی و نه ماهگی اهمیت کمتری دارند. وراثت پذیری مادری وزن تولد ۰/۱۲ بدست آمد که با مقادیر گزارش شده در نژادهای کرکی خراسانی جنوبی، کوتوله و شیری برزیل (بهدانی و همکاران، ۱۳۹۳؛ Ribeiro و همکاران، ۲۰۰۰؛ Basso، ۲۰۰۶) متفاوت بود، که امکان دارد مربوط به تفاوت‌های بین نژادی باشد.

وراثت پذیری وزن یک‌سالگی ۰/۳۷ بدست آمد که نسبت به مقادیر گزارش شده در نژادهای کرکی خراسانی، رایینی و کوتوله (رضوان نژاد و همکاران، ۱۳۸۷؛ بهدانی و همکاران، ۱۳۹۳؛ Basso، ۲۰۰۶) بیشتر و نسبت به مقدار گزارش شده در نژاد مرخز (زندی و همکاران، ۱۳۸۹) کمتر بود. این پراکندگی در گزارشات می‌تواند ناشی از نژاد، شرایط محیطی، روش برآورد و صحت برآورد مؤلفه‌های واریانس و کواریانس باشد. همچنین می‌تواند نشان دهنده این موضوع باشد که ژن‌های مؤثر بر این صفات در جوامع مختلف فرق داشته و ژن‌های موجود در هر نژاد ارزش ژنتیکی افزایشی متفاوتی دارند (Elfadilli و همکاران، ۲۰۰۰؛ Vleck، ۱۹۹۰).

به طور کلی به دلیل تفاوت در واریانس ژنتیکی درون جمعیت‌ها، سطوح مدیریتی، ظرفیت ژنتیکی دام‌ها و واکنش متفاوت نژادها به شرایط محیطی و مدل‌های مورد استفاده برای آنالیز داده‌ها، وراثت پذیری برای صفات مختلف از یک جمعیت به جمعیت دیگری تغییر می‌کند. از طرفی دیگر، اطلاعات نادرست شجره در برآورد وارثت پذیری ایجاد اریب می‌کند و باعث کاهش میزان برآورد می‌شود (Makgahlela و همکاران، ۲۰۰۸).

به منظور ارزیابی ژنتیکی صفات رشد (شامل وزن‌های تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی) بزهای کرکی رایینی، روندهای ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی این صفات مورد بررسی قرار گرفت. جدول ۶ روند ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی صفات را نشان می‌دهد.

جدول ٦- برآورد روندهای ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی صفات وزن بدن در سنین مختلف (گرم در سال)

صفات	روند فنوتیپی	روند محیطی	روند ژنتیکی مستقیم
وزن تولد	-۷۰/۶۶±۰/۰۳۲ ns	-۸۷/۳۶ ± ۰/۱۳**	۱۶/۱۷ ± ۰/۰۶۴*
شیرگیری	-۵۹/۷۱ ± ۰/۰۲۵**	-۱۲۲/۵۴±۰/۰۱۲ ns	۸۵/۸۳ ± ۰/۰۶۱**
شش ماهگی	۲۳۱/۶۳±۰/۰۳۲ ns	۱۲۲/۴۷±۰/۰۷۳ ns	۱۰۵/۱۶ ± ۰/۰۳۳*
نه ماهگی	۳۶۵/۱۲ ± ۰/۰۴۴*	۲۴۱/۴۵ ± ۰/۰۵۵*	۱۲۳/۶۷ ± ۰/۰۰۴**
یک‌سالگی	۴۲۵/۷۱ ± ۰/۰۲۶**	۳۰۳/۱۸ ± ۰/۰۱۱**	۱۲۲/۵۳ ± ۰/۰۴۹**

ns ،* و ** به ترتیب عدم اختلاف معنی دار و معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

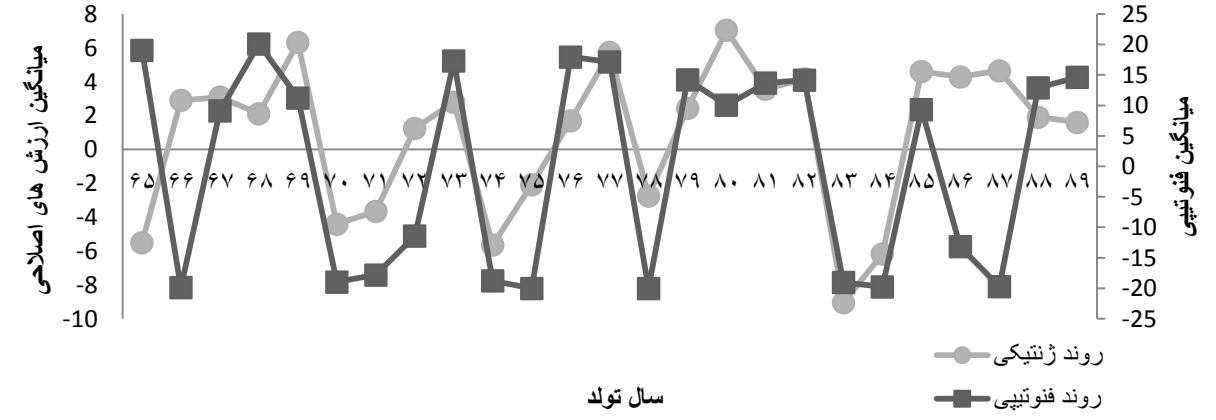
روند محیطی صفات وزن تولد و شیرگیری به ترتیب ۸۷/۳۶- و ۷۰/۶۶- گرم در سال بدست آمد. منفی بودن روند عوامل محیطی در سنین قبل از شیرگیری با نتایج گزارش شده در نژاد راینی (رضوان نژاد و همکاران، ۱۳۸۷) مطابقت داشت، که می‌تواند ناشی از نامناسب بودن عوامل محیطی مؤثر بر این سنین به خصوص عوامل مربوط به مادر باشد که برای بالا بردن روند فنوتیپی می‌توان شرایط محیطی برای مادر را بهبود بخشید.

روندهای فنوتیپی صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی به ترتیب ۷۰/۶۶-، ۵۹/۷۱-، ۲۳۱/۶۳، ۳۶۵/۱۲ و ۴۲۵/۷۱ گرم در سال برآورد شد. رضوان نژاد و همکاران (۱۳۸۷) در نژاد بز راینی روند فنوتیپی این صفات را به ترتیب ۱/۶۳-، ۸۳/۰۶-، ۴۳/۵۵، ۲۸۳/۶۵ و ۵/۸۴ گرم در سال گزارش کردند. درستکار و همکاران (۱۳۸۹) در گوسفند نژاد مغانی روند فنوتیپی این صفات را به ترتیب ۰/۰۳۷۱، ۰/۰۵۳۱، ۰/۰۲۰۶-، ۰/۳۸۳۹- و ۰/۱۴۳- کیلوگرم در سال گزارش کردند. روند فنوتیپی این صفات در گوسفند نژاد کردی ۷/۷۴-، ۱۲۶/۳۲- ، ۴۹۰/۲۱-، ۴۹۳/۶۲- و ۵۹۹/۴۸- گرم در سال توسط شهدادی و ساقی (۱۳۹۶) و ۱۶، ۳۲۸، ۲۲۷، ۲۹۵ و ۴۰۵ گرم در سال توسط نقویان و همکاران (۱۳۹۴) گزارش شده است. تفاوت‌های مشاهده شده میان برآوردهای مختلف می‌تواند ناشی از عواملی مانند نژاد حیوان، تنوع ژنتیکی درون جمعیت، مدیریت و شرایط محیطی، روش برآورد پارامترهای ژنتیکی و اختلافات بین حیوانات (سن، جنس و تیپ تولد) باشد.

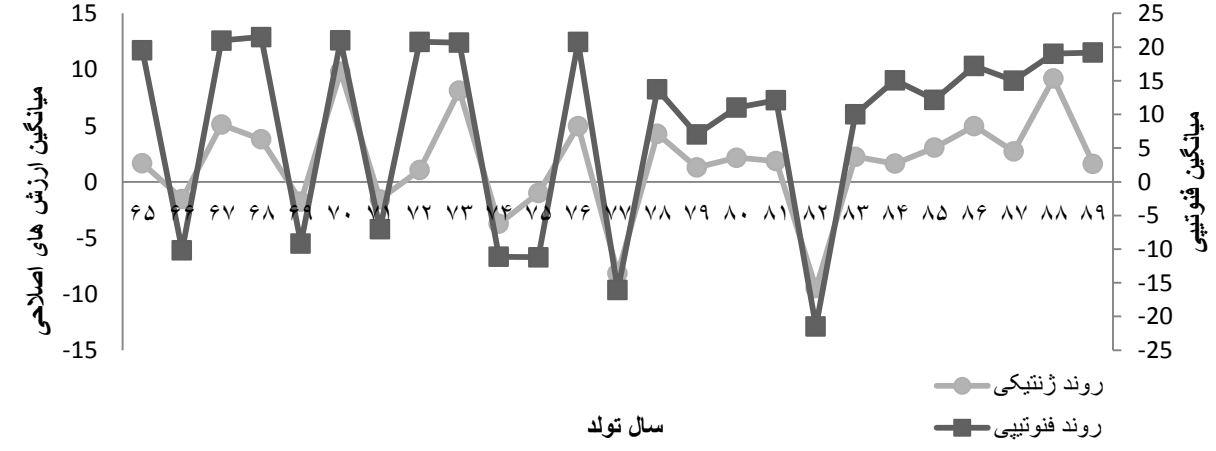
روند فنوتیپی منفی وزن تولد و شیرگیری با نتایج گزارش شده در نژاد بز راینی مطابقت داشت (رضوان نژاد و همکاران، ۱۳۸۷). این روند منفی ممکن است به دلایلی مانند ضعف مدیریتی، نوسانات شرایط محیطی، تغییر در شرایط آب و هوایی و سطح بهداشت در سال‌های مورد بررسی باشد. در شرایط محیطی نامناسب، فنوتیپ حیوان تحت تأثیر محیط قرار گرفته که موجب عدم ظهور پتانسیل ژنتیکی حیوانات می‌گردد. پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی در این شرایط مشکل می‌شود که در نهایت موجب برآورد کمتر از حد واقعی پیشرفت ژنتیکی به ازای هر نسل می‌گردد (Hanford و همکاران، ۲۰۰۵). بنابراین، ضروری است شرایط محیطی مناسب و بهینه به منظور بروز هر چه بیشتر پتانسیل ژنتیکی گله فراهم شود تا به این صورت روند فنوتیپی با روند ژنتیکی همسو گردد.

نمودارهای ۱ تا ۵ روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی را نشان می‌دهد، که با نتایج گزارش شده در نژاد کرکی توسط Junyan و همکاران، ۲۰۰۶ مطابقت نداشت. به طور کلی انتخاب برای صفات وزن بدن مؤثر بوده است و باعث بهبود ژنتیکی این صفات شده است که با نتایج گزارش شده در نژاد کرکی مطابقت داشت (Junyan و همکاران، ۲۰۰۶).

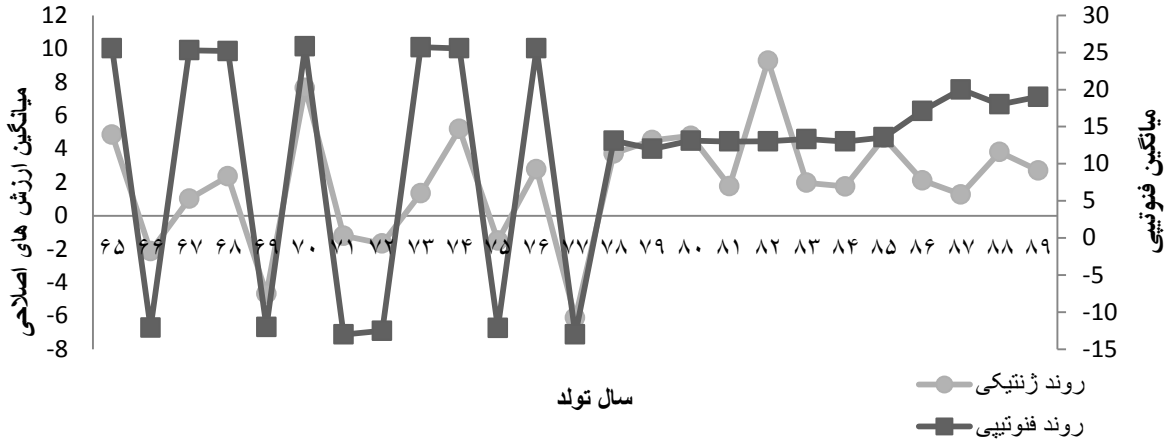
نمودار ۱- تغییرات میانگین ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی وزن تولد



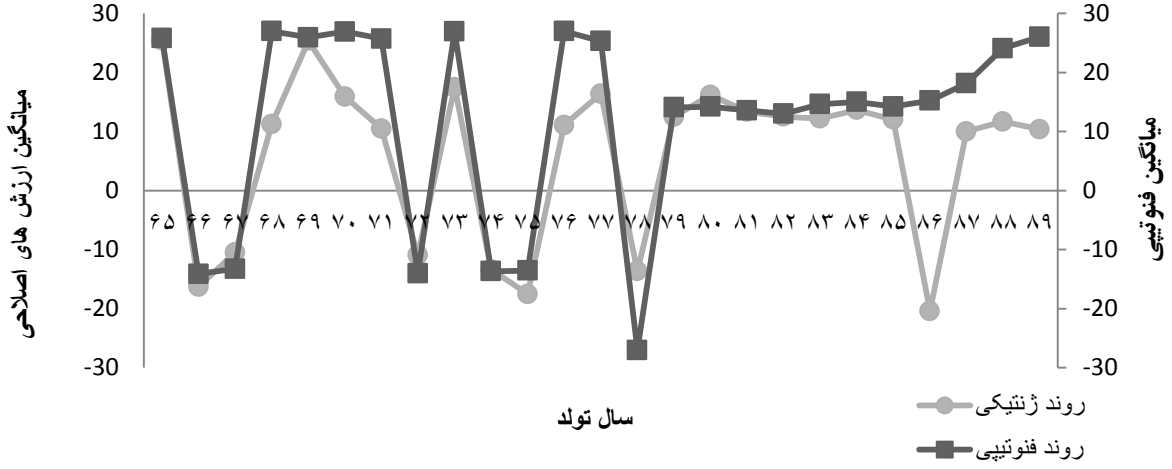
نمودار ۲- تغییرات میانگین ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی وزن شیرگیری



نمودار ۳- تغییرات میانگین ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی وزن شش ماهگی



نمودار ۴- تغییرات میانگین ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی وزن نه ماهگی



نمودار ۵- تغییرات میانگین ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی وزن یک‌سالگی

روند فنوتیپی صفات وزن تولد و شیرگیری دارای نوسانات زیادی بود اما، با افزایش سن نوسانات فنوتیپی صفات کاهش یافت که می‌تواند مربوط به کاهش نوسانات مدیریتی و بهبود شرایط مدیریتی با افزایش سن بره‌ها باشد.

در این تحقیق، روند ژنتیکی صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی به ترتیب ۱۶/۷۱، ۸۵/۸۳، ۱۰۵/۱۶، ۱۲۳/۶۷ و ۱۲۲/۵۳ گرم در سال برآورد شد. رضوان نژاد و همکاران (۱۳۸۷) روند ژنتیکی این صفات را در نژاد رایینی به ترتیب ۰/۰۹، ۳/۰۶، ۱/۹۱، ۱۱/۶۲ و ۰/۱۸ گرم در سال گزارش کردند که نسبت به مقادیر گزارش شده در این پژوهش کمتر بود. از آنجایی که روند ژنتیکی بیانگر بهبود میانگین ارزش اصلاحی حیوانات می‌باشد، برآورد بیشتر روند ژنتیکی صفات در این پژوهش می‌تواند به دلیل توجه بیشتر به این صفت در انتخاب باشد.با توجه به روند ژنتیکی مستقیم وزن‌های بدن در سنین مختلف، به نظر می‌رسد انتخاب در این گله بر اساس برنامه‌ای مشخص و منظم بوده و انتخاب دام‌های مولد بر اساس ارزش‌های اصلاحی آن‌ها انجام شده است

روند ژنتیکی صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی در گوسفند نژاد کرمانی به ترتیب ۲، ۱۲۵، ۹۱، ۸۱ و ۱۵۶ گرم در سال (Mokhtari and Rashidi، ۲۰۱۰)، در گوسفند نژاد زندی ۲/۱، ۹۸/۵، ۸۹/۶، ۲۶/۴ و ۴۱/۵ گرم در سال (محمدی و همکاران، ۱۳۹۰)، در گوسفند نژاد کردی ۴/۱۳،

۱۱۷/۰۱، ۱۴۸/۲۷، ۱۱۰/۰۱ و ۱۲۲/۲۱ گرم در سال (شهدادی و ساقی، ۱۳۹۶) گزارش کردند. تفاوت در مقادیر بدست آمده در روند ژنتیکی این صفات در پژوهش‌های مختلف بستگی به عوامل مختلفی مانند تفاوت در ساختار ژنتیکی جمعیت مورد بررسی و دوره‌های زمانی مختلف برای ارزیابی گله‌ها دارد.

وطن خواه و همکاران (۱۳۸۳)، روند ژنتیکی صفات در گله‌های اصلاح نژادی کشور را کم و در برخی موارد منفی گزارش کردند. دلایل عمده عدم پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار را می‌توان با عواملی مانند مشخص نبودن اهداف اصلاحی برای نژادهای مورد بررسی، عدم استفاده از مدل‌های حیوانی مناسب برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی حیوانات و ارزیابی آن‌ها، کم بودن دقت رکوردگیری از صفات تولیدی و ثبت شجره و همچنین اجرا نشدن کامل برنامه‌های پیش‌بینی شده در گله‌های اصلاحی در ارتباط دانست. علاوه بر این موارد، نوسانات مدیریتی و محیطی نیز می‌تواند عامل دیگری برای ممانعت از پیشرفت ژنتیکی در حد مورد انتظار به شمار رود.

پیشرفت ژنتیکی کل بعد از ۲۸ سال برای صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی به ترتیب ۰/۴۸۳، ۰/۵۶۱، ۱/۷۶۷، ۱/۶۴۷ و ۱/۴۶۵ کیلوگرم برآورد شد. عمو پشت مساری و همکاران (۱۳۹۴) در گوسفند نژاد شال میزان پیشرفت ژنتیکی این صفات را به ترتیب ۱، ۳۱۶، ۴۰۴، ۵۲۲ و ۶۰ گرم گزارش کردند. حسنی و همکاران (۱۳۸۸) در گوسفند نژاد بلوچی میزان پیشرفت ژنتیکی این صفات را به ترتیب ۰/۰۱۱، ۱/۴۸۸، ۲/۰۶۶، ۲/۰۶۲ و ۲/۰۴۳ کیلوگرم گزارش کردند. در نژاد گوسفند کردی پیشرفت ژنتیکی صفات وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی توسط شهدادی و ساقی (۱۳۹۶) به ترتیب ۳۶/۰۹، ۱۰۴۰/۱۵، ۱۳۵۷/۲۷، ۱۰۶۷/۲۷ و ۱۱۵۳/۲۶ گرم و توسط نقویان و همکاران (۱۳۹۶) به ترتیب ۰/۰۱۷، ۰/۰۸۹، ۱/۳۱۹، ۰/۷۲۷ و ۱/۱۹۹ کیلوگرم گزارش شده است.

توسعه شاخص انتخاب برای صفات مهم اقتصادی همراه با ضرایب اقتصادی مناسب می‌تواند گام مهمی در پیشرفت ژنتیکی و افزایش سودآوری در این نژاد باشد. پیشرفت ژنتیکی در گله‌های مختلف گوسفند وابسته به اهداف انتخاب از پیش تعیین شده می‌باشد، از طرفی دیگر معیارهای انتخاب متناسب با آن اهداف، شرایط محیطی و عوامل کلیدی مؤثر در پیشرفت ژنتیکی گله‌ها در محیط‌هایی متفاوت از قبیل تنوع ژنتیکی، صحت انتخاب، فاصله نسلی و شدت انتخاب است، لذا نمی‌توان انتظار داشت که برآورد پیشرفت ژنتیکی برای صفات اقتصادی در گله‌های مختلف یکسان باشد (Piper and Ruviskey، ۱۹۹۷).

نتیجه‌گیری

نتایج این پژوهش نشان می‌دهد که اثرات ژنتیکی مستقیم و محیطی مادر بر روی صفت وزن تولد نقش مهم و معنی‌داری دارد. عوامل محیطی نیز اثرات مهم و مؤثری در بروز توانایی‌های ژنتیکی دام دارد و شرایط نامناسب محیطی پیش بینی ارزش‌های اصلاحی را تحت تأثیر قرار داده و باعث کاهش پیشرفت ژنتیکی می‌شود که لازم است اثر این عوامل نیز در ارزیابی ژنتیکی صفات اقتصادی در نظر گرفته شود.

با توجه به مثبت بودن روندهای ژنتیکی مستقیم و پیشرفت ژنتیکی قابل توجه برآورد شده برای صفات رشد بزهای کرکی رایینی، نتیجه‌گیری می‌شود که اگر انتخاب دام بر اساس ارزش اصلاحی صورت گیرد، پیشرفت ژنتیکی قابل ملاحظه خواهد بود.

منابع

اعتقـادی، ب. قـوی حسـین زاده، ن. و شـاد پـرور ع. ا. (۱۳۹۴). برآورد پارامترهای ژنتیکی افزایش وزن روزانـه و نسـبت کلیـر در گوسفندان استان گیلان. *نشریه پژوهشهای علوم دامی ایران*، شماره۱، ص ص ۱۰۴-۱۱۲.

بهـدانی ، ا.، روشـنفکر، ه.، و راشـدی ده صـحرایی، آ. (۱۳۹۳). تخمین پارامترهای ژنتیکی و اجزای (کو)واریانس برای صـفات رشد و تولید کرک در بز کرکی خراسان جنـوبی. *نشـریه علـوم دامی (پژوهش و سازندگی)*، شماره ۱۰۵، ص ص ۱۱-۲۶.

حسنی، ح. دلتنگ سفید سنگی، ح. رشیدی، ا. و آهنـی آذری، م. (۱۳۸۸). برآورد ژنتیکـی، فنـوتیپی و محیطـی برخـی از صـفات رشد در گوسفند بلوچی. *مجله علوم کشاورزی و منابع طبیعـی*، شماره ۱۶، ص ص ۱۲۶-۱۳۲.

درسـتکار، م. رافـت، س.ع. شـجاع، ج. و پیرانـی، ن. (۱۳۸۹). مطالعـه رونـد ژنتیکـی و فنـوتیپی برخـی از صـفات رشـد در گوسفند مغانی. *مجله پژوهشهای علوم دامی*، شـماره ۴، ص ص ۱۵-۲۵.

رشیدی ا.، و آخشی ح. ۱۳۸۷. برآورد رونـد ژنتیکـی و محیطـی صفات رشد در گوسفند کردی. *مجله علوم کشاورزی*، شـماره ۳۸، ص ص ۳۲۹-۳۳۵.

رضـوان نـژاد، ا. مـرادی شـهر بابـک، م. مـروج، ح. و صـفی جهانشـاهی، ا. (۱۳۸۷). بـرآورد پـارامترهـای ژنتیکـی و رونـد ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی برخی صفات اقتصادی در بز کرکـی رایینی. *مجله پژوهشهای علوم دامی ایران*، شماره ۱، ص ص ۷۳-۸۲.

زندی باغچه مریم، م. ب.، مرادی شهر بابک، م.، میرایی آشتیانی، س. ر.، رشـیدی، ا.، و شـیخ احمـدی، م. (۱۳۸۹). بـرآورد پارامترهای ژنتیکـی و فنـوتیپی صـفات اقتصـادی در بـز مرخـز. *پژوهشهای تولیدات دامی*، شماره ۱، ص ص ۱-۱۵.

سرگلزایی، م. و ادریس، م.ع. (۱۳۸۳). تخمین روندهای فنوتیپی، ژنتیکی و محیطی برخی از صفات مربوط بـه رشـد در گوسـفند بختیاری. *مجله علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی*، شماره ۸، ص ص ۱۲۵-۱۳۲.

شمسـی الـدینی نـژاد، ه.، و بحرینـی بهـزادی، م. (۱۳۹۵). بررسـی تنوع ژنتیکی بز کرکی رایینی با استفاده از روش تحلیل شـجره. *نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان*، شماره ۴، ص ص ۵۵-۷۶.

شـهدادی، ع. ر. و سـاقی، د. ع. (۱۳۹۶). بـرآورد مؤلفـه‌هـای واریانس و روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی صفات وزن بدن در گوسـفند کـردی. *نشـریه علـوم دامـی (پـژوهش و سـازندگی)*، شماره ۱۱۴، ص ص ۱۸۳-۱۹۴.

عمو پشت مساری، ح. شاد پرور، ع. ا. غلامی نیا، ع .ح. و تواتری، ه. (۱۳۹۴). برآورد روند ژنتیکی صـفت وزن بـدن در گوسـفند شال. *تحقیقات تولیدات دامی*، شماره ۴، ص ص ۴۸-۵۷.

کلونـدی، ا.، قاضـی خـانی شـاد، ع.، و شـکرالهی، ب. (۱۳۹۰). برآورد پارامترهای ژنتیکـی صـفات رشـد و وزن بیـده در یـک سالگی در بز مرخـز. مجلـه دامپزشـکی دانشـگاه آزاد اسـلامی، شماره ۲، ص ص ۴۷-۵۲.

محمدی، ح. مرادی شهر بابک، م. و صادقی، م. (۱۳۹۰). بـرآورد ژنتیکی، فنـوتیپی و محیطـی صـفات رشـد در گوسـفند زنـدی. *مجله ژنتیک نوین*، شماره ۶، ص ص ۴۹-۵۷.

نبـی حسـنی، م.، اسـدی فـوزی، م.، اسـماعیلی زاده، ع.، و محمـد آبادی، م. ر. (۱۳۸۹). تجزیه ژنتیکی صفات رشد در بـز کرکـی با استفاده از مدل حیوانی چند متغیره. *مجلـه علـوم دامـی ایـران*، شماره ۴، ص ص ۳۲۳-۳۲۹.

نقویان، س. حسـنی، س. آهنـی آذری، م. خـان احمـدی، ع. ر. و ساقی، د. ع. (۱۳۹۴). برآورد رونـد ژنتیکـی و فنـوتیپی صـفات رشد در گوسفند کردی شـیروان. *پژوهشـهای تولیـدات دامـی*، شماره ۱۲، ص ص ۱۴۵-۱۵۱.

وطن خواه، م. مرادی شـهر بابـک، م. نجـاتی جـوارمی، ا. میرایـی آشتیانی، س ر. و واعظ ترشیزی، ر. (۱۳۸۳). مروری بر اصـلاح نژاد گوسفند در ایـران. مجموعـه مقـالات اولـین کنگـره علـوم دامی و آبزیان کشور. دانشکده کشاورزی کرج.

Al-Shorepy, S.A., Alhadranu, G. A., and Abdul wahab, K. N. (2002). Genetic and phenotypic parameters for early growth traits in Emirati goat. *Small Ruminant Research*, 4: 217-223.

Baghizadeh, A., Bahaaddini, M. ,Mohammad Abadi, M. R., and Askari, N. (2009). Allelic variation in exon 2 of caprine MHC calss II DRB3 gene in Raeini Cashmere goat. *Journal of Livestock Science and Technologies*, 6(4):454-459.

Bela, B., and Haile, A. (2009). Factors affecting growth performance of sheep under village management conditions in the south western part of Ethiopia. *Livestock Research for Rural Development*, 21:145-153.

Bosso, N. A. (2006). Genetic and phenotypic parameters of body weight in west African Dwarf goats and Djallonke sheep. *Small Ruminant Research*, 52: 247-253.

Duguma, G., Schoeman, S., Cloete, S., and Jordaan, G. (2002). Genetic parameter estimates of early growth traits in the Tygerhoek Merino flock. *South African Journal of Animal Science*, 32:66-75.

Elfadilli, M., Michaux, C., Detilleux, J., and Leroy, P. L. (2000). Genetic parameters for growth traits of the Moroccan Timahdit breed of sheep. *Small Ruminants Research*, 37:203-208.

Farhangfar, H., Naeemipour, H., and Zinvand, B. (2007). Application of random regression model to estimate genetic parameters for average daily gains in Lori-Bakhtiari sheep breed of Iran. *Pakistan Journal of Biology Science*, 10:2407-2412.

Fischer, T., Vanderwert, M., Banks, J. H. J., and Ball, J. (2004). Description of lamb growth using random regression on field data. *Livestock Production Science*, 89: 175-185.

Gjedrem, T. (2005). *Selection and Breeding Programs in Aquaculture*. PP. 197–231

Hanford, K. J., Van Vleck, L. D., and Snowder, G. D. (2005). Estimates of genetic parameter and genetic trend for reproduction, weight and wool characteristics of Poly pay sheep. *Livestock Science*, 102: 72-82.

Hanford, K. J., Van Vleck, L. D., and Snowder, G. D. (2006). Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Rambouillet sheep. *Small Ruminant Research*, 57:175–186.

Hossein-Zadeh, N.G., and Ardalan, M. (2010). Comparison of different models for the estimation of genetic parameters of body weight traits in Moghani sheep. *Agricultural and Food Science*, 3:207-213.

Jafaroghli, M., Rashidi, A., Mokhtari, M. S., and Shadparvar, A. A. (2010). (Co) Variance components and genetic parameter estimates for growth traits in Moghani sheep. *Small Ruminant Research*, 91:170-177.

Jiang, D., Zhang, Y., Tinna, K., Liu, L., Xu, X., Zhang, Y., and Zhang, T. (2011). Estimation of (co)variance components and genetic parameters for growth and wool traits of Chinese superfine merino sheep with the use of a multi-trait animal model. *Livestock Science*, 138:278-288.

Junyan, B., Zhang, Q., Jinquan, Li., Dao, E. J., and Xiaoping, J. (2006). Estimates of genetic parameters and genetic trends for production traits of Inner Mongolian White Cashmere goat. *Asian-Aust Journal of Animal Science*, 1:13-18.

Jurado, J. J., Alonso, A., and Alenda, R. (1994). Selection response for growth in Spanish Merino flock. *Journal of Animal Science*, 72:1433–1440.

Kosgey, L. S., Baker, R. L., Udo, H. M. J., and Van Arendonk, J. A. M. (2006). Success and failures of small ruminant breeding programmes in the tropics: a review. *Small Ruminant Research*, 61: 13–28

Kosgey, I. S., and Okeyo, A. M. (2007). Genetic improvement of small ruminants in low-input, smallholder production systems:

technical and infra-structural issues. *Small Ruminant Research*, 70:76–88.

Makgahlela, M. L., Banga, C. B., Norris, D., Dzama, K., and Ngambi, J. W. (2008). Genetic Analysis of Age at First Calving and Calving Interval in South African Holstein Cattle Asian. *Journal of Animal Veterinary Advances*, 3(4):197-205.

Meyer, K. (2006). WOMBAT- A program for mixed model Analyses by Restricted Maximum Likelihood. User Notes Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale, 55pp.

Mohammadi ,Y., Rashidi, A., Mokhtari, M. S., and Esmailizadeh, A. K. (2010). Quantitative genetic analysis of growth traits and kleiber ratios in Sanjabi sheep. *Small Ruminants Research*, 93:88-93.

Mokhtari, M. S., and 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.

Mokhtari, M. S., Moradi Shahrbabak, M., Esmailizadeh, A. K., Abdollahi Arpanahi, R., and Gutierrez, J. P. (2014). Pedigree analysis of Iran Black sheep and inbreeding effects on growth and reproduction traits. *Small Ruminant Research*, 116:14–20.

Mokhtari, M. S., Moghbeli Damaneh, M., and Gutierrez, J. P. (2017). Genetic variability and population structure of Raeini Cashmere goats determined by pedigree analysis. *Journal of Livestock Science and Technologies*, 5(1):43-50.

Oliveira, R. R., Brasil, L. H. A., Delgado, J. V., Peguezuelos, J., Leon, M. J., Guedes, D. J. P., Arandas, J. K. G., and Ribeiro, M. N. (2016). Genetic diversity and population structure of the Spanish Murciano-Granadina goat breed according to pedigree data. *Small Ruminant Research*, 144:170-175.

Piper, L., and Ruviskey, A. (1997). *The genetics of sheep (Ed).* Genetics of morphological traits and inherited disorders. New York: CAB International.

Rashidi, A., Sheikhahmadi, M., Rostamzadeh, J., and Shrestha, J. N. B. (2008).Genetic and Phenotypic Parameter Estimates of Body Weight at Different Ages and Yearling Fleece Weight in Markhoz Goats. Asian-Aust. *Journal of Animal Science*, 21(10):1395-1403.

Rashidi, A., Satataei Mokhtari, M., Safi Jahanshahi, A., and Mohammadabadi, M. R. (2008). Genetic parameter estimates for pre-weaning growth traits in Kermani sheep. *Small Ruminant Research*, 74:165-171.

Ribeiro, C., Ribeiro, S. D. A., and Queiroz, S. A. (2000). Environment and genetic effects on birth weight in dairy goats In Proceedings 7th international conference on goats, 224-225.

Safari, E., Fogarty, N. M., and Gilmour, A. R. (2005). A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science*, 92: 271-289.

Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., and Jacques Colleau ,J. (2006). A software packagefor pedigree analysis and monitoring genetic diversity.

SAS. (2008). User's Guide, Version 9.2., SAS Institute, Cary, NC.

Shokrollahi, B., and Zandieh, M. (2012). Estimation of genetic parameters for body weights of Kurdish sheep in various ages using multivariate animal models. *African Journal of Biotechnology*, 11:2119-2123.

Vleck, L. D. V. (1990). Misidentification in estimating the paternal sib correlation. *Journal of Dairy Science*, 53:1469-1474

Zhang, C., Zhang, Y., Xu, D., Li, X., Su, J., and Yang, L. (2009). Genetic and phenotypic parameter estimates for growth traits in Boer goat. *Livestock Production Science*, 125:25-60.