ژنتیک نوین
دوره سیزدهم، شماره ۱، بهار ۱۳۹۷
صفحه ٦١ - ٥٥

عدم اختلاط واریانس‌های ژنتیکی غالبیت و افزایشی در صفات تولید مثل ترکیبی گوسفند زندی

No confounding between dominance and additive genetic variances for composite reproduction traits of Zandi sheep

حیدر قیاسی[۱]، مرتضی ستائی مختاری[*۲]

۱- استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه پیام نور، ایران
۲- استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جیرفت، ایران

Ghiasi H[1], Sattaei Mokhtari M[*2]

1- Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Payame Noor, Iran
2- Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Jiroft, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: msmokhtari@ujiroft.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹٦/٤/۲۳ - تاریخ پذیرش: ۹٦/۱۲/۱۳)

چکیده

هدف این پژوهش بررسی وجود اختلاط بین واریانس‌های ژنتیکی غالبیت و افزایشی برای دو صفت تولید مثلی ترکیبی در میش‌های زندی بود. داده‌های این مطالعه شامل مجموع وزن بره‌های متولد شده و نیز مجموع وزن بره‌های شیرگیری شده به ازای هر راس میش تحت آمیزش در زایش نخست با استفاده از رکوردهای جمع‌آوری شده طی سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۸ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند زندی می‌باشد. از دو مدل دارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و دارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و غالبیت برای برآورد اجزای واریانس این صفات استفاده شد. برای هر دو صفت تفاوت در مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی برآورد شده تحت هر دو مدل ناچیز بود که بیانگر عدم اختلاط بین واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و غالبیت در ارزیابی ژنتیکی این صفات می‌باشد. مقدار برآورد شده واریانس ژنتیکی غالبیت برای هر دو صفت بیشتر از مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی بود. همبستگی رتبه‌ای بین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده تحت مدل دارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و مدل دارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت و نیز همبستگی رتبه‌ای بین ارزش ژنتیکی کل و ارزش اصلاحی در مدل دارنده اثرات ژنتیکی غالبیت برای هر دو صفت به‌ترتیب پایین و متوسط به‌دست آمدند. نتایج این پژوهش نشان داد علی‌رغم این که بین واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و غالبیت این دو صفت در میش‌های زندی اختلاطی وجود ندارد رتبه‌بندی حیوانات در دو مدل متفاوت می‌باشد. نتایج آزمون نکویی برازش نشان داد برای هر دو صفت مورد مطالعه، مدل دارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت سبب افزایش صحت ارزش‌های اصلاحی برآورد شده می‌شود که این امر می‌تواند سبب افزایش میزان پاسخ به انتخاب ژنتیکی در اثر انتخاب در طولانی مدت گردد. هم‌چنین با استفاده از مدل دارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت می‌توان ارزش ژنتیکی کل را برآورد نمود که در انتخاب جفت در طراحی سیستم‌های جفت‌گیری می‌تواند مورد استفاده قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی

واریانس غیر افزایشی
ارزیابی ژنتیکی
عملکرد تولید مثلی
گوسفند

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-21]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.6.3]

مقدمه

هدف اولیه هر برنامه اصلاح نژادی حداکثر کردن پیشرفت ژنتیکی صفات مهم از لحاظ اقتصادی می‌باشد. از این رو، برآوردهای صحیح پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصادی مانند صفات تولید مثلی و رشد در نژادهای مختلف گوسفند برای طراحی و توسعه برنامه‌های اصلاح نژادی کارآمد ضروری است (Safari et al. 2005). صفات تولید مثلی به‌عنوان مهم‌ترین عوامل تاثیرگذار بر سودآوری سامانه‌های پرورش گوسفند می‌باشند (Matos et al. 1997). از این رو بهبود بازدهی عملکرد میش به‌عنوان یکی از مهم‌ترین اهداف اصلی در اصلاح نژاد گوسفند می‌باشد که تا حدود زیادی می‌توان با افزایش تعداد بره‌های شیرگیری شده و وزن بره‌های شیرگیری شده از هر میش به آن دست یافت (Duguma et al. 2002). کارایی پرورش بره‌ها تحت تاثیر عملکرد تولید مثلی و توانایی‌های مادری میش‌ها و نیز قابلیت رشد و زنده مانی بره‌ها می‌باشد (Dickerson 1970). مجموع وزن بره‌های شیرگیری شده از هر میش از جمله صفات اقتصادی است که به‌عنوان معیاری از قابلیت کلی پرورش بره می‌باشد (Bromley et al. 2001) زیرا این صفت ترکیبی از قابلیت باروری میش، زنده مانی قبل از شیرگیری و میزان رشد بره‌ها است (Boujenene et al. 1991). مجموع وزن بره‌های متولد شده توانایی میش برای ایجاد وزن بره در زمان تولد بدون در نظر گرفتن تعداد آن را نشان می‌دهد. از طرف دیگر، مجموع وزن بره‌های شیرگیری شده یک میش نیز صفتی ترکیبی است که رشد بره و زنده‌مانی آن از تولد تا شیرگیری و نیز قابلیت مادری میش را در برمی‌گیرد (Vatankhah et al. 2008).

صفات تولید مثلی در نژادهای مختلف گوسفند عموماً وراثت‌پذیری کمی دارند (Vatankhah et al. 2008). از این رو بهبود ژنتیکی در این صفات با استفاده از انتخاب مستقیم کارآمد نیست. تفکیک واریانس فنوتیپی به اجزاء واریانس ژنتیکی افزایشی و غیر افزایشی مانند غالبیت به از بین بردن اریبی برخی عوامل مداخله‌گر مانند محیط مشترک مادری در تجزیه و تحلیل ژنتیکی کمک می‌کند (Mrode and Thompson 2005). برآورد واریانس غالبیت امکان برآورد نااریب وراثت‌پذیری، پیش‌بینی صحیح‌تر اثرات ژنتیکی افزایشی و استفاده از اثرات ژنتیکی غالبیت از طریق استراتژی آمیخته‌گری را فراهم می‌کند (Wei and van der Werf, 1993). نتایج به‌دست آمده از برخی پژوهش‌ها نشان داده‌اند که اثرات ژنتیکی غالبیت مشارکت قابل توجهی در تنوع فنوتیپی صفات مرتبط با سازگاری و نیز صفات تولید مثلی دارند (Norris et al. 2006). نتایج یک مطالعه مبتنی بر شبیه‌سازی نشان داد که در کوتاه مدت، پاسخ به انتخاب سریع را می‌توان با در نظر گرفتن اثرات ژنتیکی افزایشی به‌دست آورد ولی در دراز مدت برای حصول پیشرفت ژنتیکی بیش‌تر باید اثرات ژنتیکی غیرافزایشی را نیز در نظر گرفت (Fuerst et al. 1997). در پژوهشی وراثت‌پذیری صفات تولید مثلی در گوسفند زندی با استفاده از مدل‌های خطی و آستانه‌ای مقایر کمی برآورد شدند (Ataollah et al. 2016). نتایج این پژوهش نشان داد که پاسخ به انتخاب مستقیم برای این صفات کم است و نقش عواملی غیر از اثرات ژنتیکی افزایشی بر بروز این صفات بیش‌تر می‌باشد. در پژوهشی دیگر وراثت‌پذیری صفات تولید مثلی در گوسفند لری-بختیاری نیز مقادیر کمی برآورد شدند (Vatankhah et al. 2008). گاهی لحاظ کردن اثر غالبیت در مدل‌های ارزیابی ژنتیکی سبب کاهش سایر اجزای واریانس مانند واریانس افزایشی و واریانس باقی‌مانده می‌شود که به این پدیده اختلاط بین واریانس غالبیت و واریانس ژنتیک افزایش می‌گویند. زمانی که اثر غالبیت در مدل در نظر گرفته نشود، مقدار واریانس غالبیت در اغلب موارد به مقدار واریانس باقی‌مانده افزوده می‌شود (Wei and van der Werf 1993; Nagy et al. 2014)

مواد و روش‌ها

صفات مورد مطالعه در این پژوهش شامل مجموع وزن بره‌های متولّد شده به ازای هر راس میش تحت آمیزش (TLWB1/EE) و مجموع وزن بره‌های شیرگیری شده به ازای هر راس میش تحت آمیزش (TLWW1/EE) در زایش نخست می‌باشند که طی سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۸ در ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند زندی جمع‌آوری شده بودند. اطلاعات موجود در این داده‌ها به‌منظور برآورد اجزای واریانس‌های ژنتیکی افزایشی، ژنتیکی غالبیت و محیط دائمی مادری کافی نبود و مدل مورد استفاده برای تجزیه و

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-21]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.6.3]

تحلیل ژنتیکی به همگرایی نرسید به‌همین دلیل فقط از رکوردهای زایش اول هر میش (در ۲ سالگی) استفاده شد. از دو مدل در بردارنده اثرات ژنتیکی افزایشی (مدل ۱) و اثرات ژنتیکی افزایشی و غالبیت (مدل ۲) برای برآورد اجزای واریانس این دو صفت استفاده شد:

$y = Xb + Za + e$ (مدل ۱)

$y = Xb + Z_a a + Z_d d + e$ (مدل ۲)

y بردار مشاهدات، b بردار اثرات ثابت (سال زایش)، a بردار اثرات ژنتیک افزایشی، e بردار اثرات باقی‌مانده، d بردار اثرات غالبیت، X، Z_a و Z_d ماتریس‌های ضرایب می‌باشند که رکوردها را به‌ترتیب به اثرات ثابت، ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت مرتبط می‌کنند. اندازه بردارهای a و d برابر تعداد حیوانات موجود در شجره برای هر صفت می‌باشد. لازم به ذکر است که رکوردهای مربوط به وزن تولد و شیرگیری بره‌ها برای اثر جنس بره و تیپ تولد تصحیح شدند. در این مدل‌ها cov(a,e) و cov(a,d) برابر صفر می‌باشد و این فرضیات در نظر گرفته شده‌اند:

$a \sim N(0, A\sigma_a^2)$, $d \sim N(0, D\sigma_d^2)$, $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$

A و D به‌ترتیب ماتریس روابط خویشاوندی افزایشی و غالبیت، I ماتریس واحد ، σ_a^2، σ_d^2 و σ_e^2 به‌ترتیب واریانس ژنتیک افزایشی، واریانس ژنتیکی غالبیت و واریانس باقی‌مانده می‌باشند. از نرم‌افزار ASReml (Gilmour et al. 2009) برای برآورد اجزای واریانس استفاده شد. در این نرم‌افزار به‌منظور برآورد هم‌زمان σ_a^2 و σ_d^2 لازم است در معکوس ماتریسA و معکوس ماتریس D عناصر قطر اصلی و عناصر غیر صفر پایین قطر اصلی در دو فایل جداگانه با پسوند giv. ذخیره شود. برای ایجاد فایل‌های giv. از نرم‌افزار Nadiv (Wolak 2012) در محیط R استفاده شد. آمار توصیفی صفات بررسی شده در این پژوهش در جدول ۱ ارائه شده‌اند.

نتایج و بحث

صفات مجموع وزن بره‌های متولد شده به ازای هر راس میش تحت آمیزش در زایش نخست و مجموع وزن بره‌های از شیرگیری شده به ازای هر راس میش تحت آمیزش در زایش نخست از ضرب کردن این صفات، محاسبه شده با مبنای میش زایش کرده، در میزان آبستنی به‌دست می‌آیند. در پژوهش کنونی میزان آبستنی ۰/۸۵ به‌دست آمد. این دو صفت از جمله مهم‌ترین صفات تولید مثلی ترکیبی می‌باشند و به‌عنوان مناسب‌ترین معیار برای اندازه‌گیری توان تولید مثلی میش می‌باشند و در نظر گرفتن این صفات در اهداف اصلاحی باعث بهبود عملکرد تولید مثلی می‌شود (Snyman et al. 1997; Rosati et al. 2002) زیرا صفاتی مانند وزن تولّد و وزن شیرگیری بره‌ها در زایش نخست میش، تعداد بره‌های متولد شده و شیرگیری شده از هر میش در زایش نخست، زنده مانی بره‌ها از تولد تا شیرگیری و نیز میزان آبستنی را در خود دارند. اجزای واریانس، وراثت‌پذیری و نسبت واریانس ژنتیکی غالبیت به واریانس فنوتیپی (d^2) برای صفات بررسی شده در این پژوهش تحت دو مدل شامل مدل در بردانده اثرات ژنتیکی افزایشی (مدل ۱) و مدل دربردارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و غالبیت (مدل ۲) در جدول ۲ ارائه شده‌اند.

جدول۱- آمار توصیفی صفات تولید مثلی ترکیبی بررسی شده و فایل شجره مورد استفاده.

صفت¥	تعداد رکورد	میانگین (کیلوگرم)	انحراف معیار (کیلوگرم)	ضریب تغییرات (درصد)	تعداد حیوانات در شجره	تعداد خانواده‌های تنی
TLWB1/EE	۱۸۳۰	٤/۳۷	۱/۰٤	۱۷/۷۲	۲۰٦۸	٦٥
TLWW1/EE	۱٥٤۱	۲۲/۲٦	٥/۸۷	۲٦/۳۷	۲۰٦۸	٦٥

¥TLWB1/EE= مجموع وزن بره‌های متولد شده به ازای هر راس میش تحت آمیزش در زایش نخست و TLWW1/EE= مجموع وزن بره‌های از شیرگیری شده به ازای هر راس میش تحت آمیزش در زایش نخست.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-21]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.6.3]

جدول۲- اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی تحت دو مدل

صفت¥	مدل	σ_a^2	σ_d^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2± S.E.	d^2± S.E.
TLWB1/EE	۱	۰/۱۹	–	۰/۸۳	۱/۰۲	۰/۱۸ ±۰/۰٤	–
TLWB1/EE	۲	۰/۱۸	۰/۳۹	۰/٤٤	۱/۰۱	۰/۱۷ ±۰/۰۸	۰/۳۸ ±۰/۱٤
TLWW1/EE	۱	۲/۹۳	–	۲۳/۹۰	۲٦/۸۳	۰/۱۰ ±۰/۰٤	–
TLWW1/EE	۲	۲/٦۸	۱۸/۱۰	٦/۲۸	۲۷/۰٦	۰/۰۹ ±۰/۰۵	۰/٦٦ ±۰/۱۲

¥TLWB1/EE= مجموع وزن بره‌های متولد شده به ازای هر راس میش تحت آمیزش در زایش نخست و TLWW1/EE= مجموع وزن بره‌های از شیرگیری شده به ازای هر راس میش تحت آمیزش در زایش نخست

همان‌گونه که در جدول ۲ نشان داده شده‌است تفاوت وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفات در مدل در بردارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و مدل دربردارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت ناچیز می‌باشد به‌طوری که مقادیر وراثت‌پذیری برآورد شده برای TLWB1/EE در مدل در بردارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و در مدل بردارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و غالبیت به‌ترتیب برابر ۰/۱۸ و ۰/۱۷ و برای صفت TLWW1/EE تحت این دو مدل به‌ترتیب برابر ۰/۱۰ و ۰/۰۹ می‌باشند. در مدل در بردارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت مقدار واریانس ژنتیکی غالبیت برای هر دو صفت بیش‌تر از مقدار برآورد شده برای واریانس ژنتیکی افزایشی می‌باشد به گونه‌ای که برای صفات TLWB1/EE و TLWW1/EE مقادیر واریانس‌های ژنتیکی غالبیت به‌ترتیب ۲/۱٦ و ٦/۷۵ برابر بیش‌تر از مقدارواریانس افزایشی برآورد شدند. مقادیر d^2 برآورد شده برای صفات TLWB1/EE و TLWW1/EE به‌ترتیب ۰/۳۸ و ۰/٦٦ می‌باشد که این مقادیر به‌ترتیب ۲/۲۳ و ۷/۳۳ برابر بیش‌تر از مقادیر متناظر به وراثت‌پذیری برآورد شده این دو صفت می‌باشند. بالا بودن واریانس ژنتیکی غالبیت و مقادیر d^2 برآورد شده برای TLWB1/EE و TLWW1/EE به این دلیل است که در تعریف این دو صفت تولید مثلی ترکیبی صفات مربوط به شایستگی مانند تعداد بره متولد شده وجود دارد و چون بر اساس تئوری انتخاب طبیعی فیشر (Fisher 1958) صفاتی که مرتبط با شایستگی هستند در اثر انتخاب طبیعی آلل‌های آن‌ها تثبیت شده لذا مقدار واریانس ژنتیکی در جمعیت کاهش می‌یابد، بنابراین انتظار می‌رود واریانس ژنتیکی ناشی از غالبیت جزء مهمی در تنوع ژنتیکی افراد یک جامعه برای این صفات باشد. در پژوهشی با بررسی نقش واریانس ژنتیکی غالبیت بر صفت تعداد نوزاد زنده متولد شده در خرگوش مشخص شد برای رتبه‌بندی و ارزیابی صحیح‌تر حیوانات لازم است جزء واریانس ژنتیکی غالبیت در ارزیابی ژنتیکی صفت تعداد نوزادان زنده متولد شده در خرگوش در نظر گرفته شود (Nagy et al. 2014). با توجه به اینکه در این پژوهش واریانس ژنتیکی غالبیت و نسبت واریانس ژنتیکی غالبیت به واریانس فنوتیپی (d^2) برای صفات مورد بررسی مقادیر بالایی برآورد شدند با این حال در مورد تفسیر این نتایج باید احتیاط کرد زیرا ساختار داده‌ها به‌ویژه تعداد خانواده‌های تنی بر برآورد واریانس غالبیت تاثیر می‌گذارد. در شجره مورد استفاده در این پژوهش فقط ۳/۵ درصد از کل افراد خانواده‌های تنی بودند با این حال زمانی‌که ماتریس رابطه خویشاوندی غالبیت برای شجره مورد استفاده در این مطالعه تشکیل شد اغلب حیوانات با همدیگر رابطه خویشاوندی ناشی از غالبیت داشتند. حداقل رابطه غالبیت یک فرد با خودش یک یا بیشتر از یک می‌باشد. در شجره استفاده شده در این پژوهش، در ۷۲ درصد موارد رابطه خویشاوندی ناشی از غالبیت بین افراد یک بود. هم‌چنین رابطه خویشاوندی ناشی از غالبیت بین ٦٦ درصد افراد موجود در شجره غیر صفر بود. بنابراین علی‌رغم اینکه تعداد کمی از افراد شجره مورد استفاده در این مطالعه متعلق به خانواده‌های تنی بودند میزان قابل توجهی رابطه خویشاوندی ناشی از غالبیت بین افراد مختلف موجود در شجره وجود داشت که در برآورد ناریب برای واریانس غالبیت تاثیر می‌گذارد.

در اغلب موارد اثرات واریانس ژنتیکی افزایشی با اثرات غیرژنتیکی مانند واریانس محیط دائمی و نیز واریانس‌های غالبیت و اپیستازی اختلاط پیدا می‌کند که سبب اریبی در برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی می‌شود (Lee et al. 2010). در پژوهش حاضر واریانس افزایشی و هم‌چنین مقدار وارثت‌پذیری برآورد شده

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-21]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.6.3]

برای صفات مورد بررسی تحت هر دو مدل یکسان بودند در حالی‌که مقدار واریانس باقی‌مانده در مدل در بردارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت نسبت به مدل دارنده اثرات ژنتیکی افزایشی بسیار کمتر بود، ولی همان گونه که در جدول ۲ نشان داده شده‌است مقدار واریانس فنوتیپی دو صفت تحت هر دو مدل یکسان بود. نتایج حاصل از این پژوهش نشان داد زمانی که اثرات ژنتیکی غالبیت در مدل ارزیابی ژنتیکی در نظر گرفته نشوند مقدار واریانس ژنتیکی غالبیت به مقدار واریانس باقی‌مانده اضافه می‌شود ولی مقدار واریانس افزایشی تغییر چندانی نمی‌کند، نتایج مشابهی برای صفات پشم در گوسفند مرینوس گزارش شده‌است (Konstantinov et al. 2002). نتایج به‌دست آمده در این پژوهش نشان می‌دهند که بین واریانس ژنتیکی غالبیت و واریانس افزایشی برای TLWB1/EE و TLWW1/EE اختلاطی وجود ندارد و در هنگامی که مدل افزایشی استفاده می‌شود مقدار واریانس غالبیت به واریانس باقی‌مانده اضافه می‌شود. در پژوهشی اختلاط بین واریانس ژنتیک افزایشی و ژنتیکی غالبیت برای صفات تعداد و وزن تخم مرغ در مرغان تخم‌گذار گزارش شده‌است (Wei and van der Werf 1993). این پژوهشگران گزارش کردند که مقدار برآورد شده وراثت‌پذیری صفات تعداد و وزن تخم مرغ در مدل افزایشی کمتر از مقدار وراثت‌پذیری در مدل در بر دارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت می‌باشد که این تفاوت در مقدار وراثت‌پذیری تحت دو مدل به علت اختلاط بین واریانس‌های ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت می‌باشد. در پژوهشی برای صفت وزن بدن در ماهی سالمون اختلاط قابل توجهی بین واریانس ژنتیکی غالبیت و واریانس ژنتیکی افزایشی گزارش شد به گونه‌ای که مقدار واریانس افزایشی در مدل در بر دارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و غالبیت ۵۰ درصد کمتر از واریانس افزایشی برآورد شده تحت مدل افزایشی به‌دست آمد (Rye and Mao 1998). زمانی‌که بین دو اثر اختلاط وجود داشته باشد برای برآورد ناریب و صحیح ارزش‌های اصلاحی باید هر دو اثری که با هم اختلاط دارند در مدل ارزیابی ژنتیکی در نظر گرفته شوند (Pante et al. 2002). در این پژوهش بین واریانس غالبیت با واریانس باقی‌مانده اختلاط وجود دارد چون همان‌طور که در جدول ۲ ملاحظه می‌شود سهم واریانس غالبیت در حالتی که جزء غالبیت در مدل نباشد به واریانس باقی‌مانده افزوده می‌شود. در پژوهش حاضر هیچ اختلاطی بین واریانس ژنتیکی افزایشی و غالبیت مشاهده نشد لذا می‌توان نتیجه گرفت که در برآورد ارزش‌های اصلاحی برای صفات TLWB1/EE و TLWW1/EE در نظر گرفتن جزء غالبیت در مدل ارزیابی ژنتیکی تاثیر چندانی بر برآورد صحیح و ناریب ارزش‌های اصلاحی ندارد. زمانی که جزء غالبیت در مدل در نظر گرفته نشود این که واریانس غالبیت به واریانس افزایشی، واریانس محیط دائمی یا به واریانس باقی‌مانده افزوده شود بستگی به ساختار داده و ماهیت صفت دارد. به‌عنوان مثال برای صفات تعداد و وزن تخم مرغ در مرغان تخم‌گذار در نظر نگرفتن جزء غالبیت در مدل سبب می‌شود که واریانس غالبیت به واریانس افزایشی و واریانس باقی‌مانده افزوده شود (Wei and van der Werf 1993). در حالی‌که برای صفت تعداد نوزادان زنده متولد شده در خرگوش زمانی که جزء غالبیت در مدل در نظر گرفته نشد واریانس غالبیت به واریانس محیط دائمی افزوده شد (Nagy et al. 2014).

برای بررسی میزان تاثیر در نظر گرفتن اثرات ژنتیکی غالبیت در ارزیابی‌های ژنتیکی بر صحّت برآورد ارزش‌های اصلاحی، همبستگی‌های رتبه‌ای بین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده تحت مدل در بردارنده اثرات ژنتیکی افزایشی با ارزش‌های اصلاحی برآورد شده تحت مدل در بردارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت محاسبه شدند و همبستگی‌های رتبه‌ای بین ارزش‌های اصلاحی تحت دو مدل برای صفات TLWB1/EE و TLWW1/EE به‌ترتیب ۰/۰۱ و ۰/۰۲ به‌دست آمدند. پایین بودن مقدار همبستگی رتبه‌ای بین ارزش‌های اصلاحی بیانگر این نکته است که رتبه‌بندی حیوانات بر اساس ارزش‌های اصلاحی برآورد شده تحت دو مدل متفاوت خواهند بود. این نتیجه با نتایج گزارش شده برای صفت تعداد نوزادان در خرگوش (Nagy et al. 2014) و وزن بدن در سالمون (Gallardo et al. 2010) مطابقت ندارد به گونه‌ای که در این پژوهش‌ها همبستگی رتبه‌ای بین ارزش‌های اصلاحی تحت مدل دارنده اثرات ژنتیکی افزایشی با ارزش‌های اصلاحی برآورد شده تحت مدل دارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت ۰/۹۹ گزارش شده‌است. در یک مطالعه

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-21]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.6.3]

شبیه‌سازی نشان داده شد که در نظر گرفتن اثرات ژنتیکی غالبیت در مدل ارزیابی ژنتیکی می‌تواند سبب افزایش صحت ارزش‌های اصلاحی برآورد شده گردد (Toro and Varona 2010). همبستگی رتبه‌ای بین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده حیوانات در مدل دارنده اثرات ژنتیکی غالبیت با ارزش ژنتیکی کل آن‌ها برای هر دو صفت TLWB1/EE و TLWW1/EE به‌ترتیب مقادیر برابر ۰/۸٤ و ۰/۷۳ برآورد شدند. از این رو، می‌توان نتیجه گرفت حیواناتی که ارزش اصلاحی بالایی دارند مقدار ارزش ژنتیکی غالبیت آن‌ها نیز بالا می‌باشد. اهمیت ارزش ژنتیکی کل که از ترکیب ارزش اصلاحی و ارزش ژنتیکی غالبیت تشکیل شده‌است در انتخاب جفت‌های میش و قوچ برای تولید نسل بعد می‌باشد. لذا آمیزش قوچ‌ها و میش‌هایی که ارزش ژنتیکی کل بالایی دارند سبب ایجاد فرزندانی با ارزش فنوتیپی بالا برای صفات TLWB1/EE و TLWW1/EE می‌شود. نتایج حاصل از بررسی میزان نکویی برازش مدل‌ها برای هر کدام از صفات بررسی شده در این پژوهش با دو معیار میانگین مربعات خطا و همبستگی بین مقادیر پیش‌بینی شده توسط مدل و مقادیر مشاهده شده در جدول ۳ ارائه شده‌اند. برای هر دو صفت برازش مدل در بردارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت نسبت به مدل در بردارنده اثرات ژنتیکی افزایشی میانگین مربعات خطای کمتر و همبستگی بین مقادیر پیش‌بینی شده توسط مدل و مقادیر مشاهده شده بیش‌تری را سبب شد.

بر این اساس برای صفات TLWB1/EE و TLWW1/EE مدل در بردارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت (مدل ۲) نسبت به مدل در بردارنده اثرات ژنتیکی افزایشی (مدل ۱) برتری دارد.

صفت[¥]	مدل	MSE[¥¥]	r[¥]
TLWB1/EE	۱	۰/٦۹	۰/۷۰
TLWB1/EE	۲	۰/۱۹	۰/۹۷
TLWW1/EE	۱	۲۱/۲۸	۰/٦۳
TLWW1/EE	۲	۱/٤٦	۰/۹۹

جدول۳- معیارهای نکویی برازش مدل‌ها

[¥]TLWB1/EE= مجموع وزن بره‌های متولد شده به ازای هر راس میش تحت آمیزش در زایش نخست و TLWW1/EE= مجموع وزن بره‌های از شیرگیری شده به ازای هر راس میش تحت آمیزش در زایش نخست، [¥¥]MSE= میانگین مربعات خطا، r= همبستگی بین مقادیر مشاهده شده و پیش‌بینی شده توسط مدل.

نتیجه‌گیری کلی

در پژوهش حاضر مقدار برآورد شده واریانس ژنتیکی غالبیت برای هر دو صفت نسبت به واریانس ژنتیکی افزایشی بیش‌تر بود و بین واریانس ژنتیکی غالبیت و واریانس ژنتیکی افزایشی اختلاطی مشاهده نشد. در نظر نگرفتن اثر غالبیت سبب می‌شود که مقدار واراینس غالبیت به واریانس باقی‌مانده افزوده شود لذا اختلاط بین این دو جزء واریانس در این صفات وجود دارد. همبستگی رتبه‌ای بین ارزش‌های اصلاحی در دو مدل دارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و مدل دارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت بسیار پایین بود ولی همبستگی رتبه‌ای بین ارزش اصلاحی و ارزش ژنتیکی کل برای هر دو صفت مقادیر متوسط تا بالایی به‌دست آمدند. نتایج آزمون نکویی برازش نشان داد برای هر دو صفت مورد مطالعه، مدل دارنده اثرات ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی غالبیت سبب افزایش صحت ارزش‌های اصلاحی برآورد شده می‌شود.

منابع

Attaollah M, Moradi Shahrbabk H, Mokhtari MS (2016) Linear and threshold model comparisons for genotypic and phenotypic parameters estimation on Reproductive traits in Zandi Sheep. Research on Animal Production 7:165-172. (In Farsi).

Boujenane I, Kerfal M, Khallouk M (1991) Genetic and phenotypic parameters for litter traits of D'man ewes. Animal Production 52:127-132.

Bromley CM, Van Vleck LD, Snowder GD (2001) Genetic correlations for litter weight weaned with growth, prolificacy, and wool traits in Columbia, Polypay, Rambouillet, and Targhee sheep. Journal of Animal Science 79:339-346.

Dickerson, GE (1970) Efficiency of animal production-molding the biological components. Journal of Animal Science 30:849-859.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-21]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.6.3]

Duguma G, Schoeman SJ, Cloete, SWP, Jordaan GF (2002) Genetic and environmental parameters for productivity in Merinos. South African Journal of Animal Science 32:154-159.
Fisher, RA (1958) The Genetical Theory of Natural Selection. 2nd rev. ed., Dover, New York.
Fuerst C, James JW, Solkner J, Essl A (1997) Impact of dominance and epistasis on the genetic make-up of simulated populations under selection: A model development, Journal of Animal Breeding and Genetics 114:163-175.
Gallardo FA, Lhorente JP, Neira R (2010) The consequences of including non-additive effects on the genetic evaluation of harvest body weight in Coho salmon (Oncorchynchus kisutch). Genetics Selection Evolution 42:19.
Gilmour A, Cullis B, Welham S, Thompson R (2009) ASREML. Program user manual. NSW Agriculture, Orange Agricultural Institute, Forest Road, Orange, Australia.
Konstantinov KV, Brien FD, Greeff JC (2002) Estimation of additive and dominance variances in wool production traits of western Australian Merino sheep. In: Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD-ROM Communication no. 12, 02, Montpellier, France.
Lee SH, Goddard ME, Visscher PM, van der Werf JH (2010) Using the realized relationship matrix to disentangle confounding factors for the estimation of genetic variance components of complex traits. Genetics Selection Evolution 42:22.
Matos CA, Thoma DL, Gianola D, Tempelman RJ, Young, LD (1997) Genetic analysis of discrete traits in sheep using linear and nonlinear models: I. Estimation of genetic parameters. Journal of Animal Science 75: 76-87.
Mrode R, Thompson R (2005) Linear models for the prediction of animal breeding values, 2nd edn. CABI, USA 193-207.
Nagy I, Farkas J, Curik I, Gorjanc G, Gyovai P, Szendro Z (2014) Estimation of additive and dominance variance for litter size components in rabbits. Czech Journal of Animal Science 59:182-189.
Norris D, Varona L, Visser DP, Theron HE, Vooedewind SF, Nesamvuni EA (2006) Estimation of additive and dominance variances in South African Landrace pigs. South African Journal of Animal Science 36:261-268.
Pante MJR, Gjerde B, McMillan I, Misztal I (2002) Estimation of additive and dominance genetic variances for body weight at harvest in rainbow trout, Oncorhynchusmykiss. Aquaculture 204:383-392.
Rosati A, Mousa E, Van Vleck LD, Young LD (2002) Genetic parameters of reproductive traits in sheep. Small Ruminant Research 43:65-74.
Rye M, Mao IL (1998) Non-additive genetic effects on growth rate in Atlantic salmon. Livestock Production Science 57: 15-22.
Safari E, Fogarty NM, Gilmour AR (2005) A review of genetic parameter estimates for wool, growth meat and reproduction traits in sheep. Livestock Production Science 92:271-289.
Snyman MA, Olivier JJ, Erasmus GJ, Van Wyk JB (1997) Genetic parameter estimates for total weight of lamb weaned in Afrino and Merino sheep. Livestock Production Science 48:111-116.
Toro MA, Varona L (2010) A note on mate allocation for dominance handling in genomic selection. Genetics Selection Evolution 42:33.
Vatankhah M, Talebi MA, Edriss MA (2008) Estimation of genetic parameters for reproductive traits in Lori-Bakhtiari sheep. Small Ruminant Research 74:216-220.
Wei M, van der Werf JH (1993) Animal model estimation of additive and dominance variances in egg production traits of poultry. Journal of Animal Science 71:57-65.
Wolak ME, (2012) Nadiv: An R package to create relatedness matrices for estimating non-additive genetic variances in animal models. Methods in Ecology and Evolution 3:792-796.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-21]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.6.3]