

مقالات

ژنتیک و اصلاح نژاد دام و طیور

نگرشی بر وضعیت حال و آینده اصلاح نژاد دام در ایران

محمود وطن خواه*

دانشیار بخش علوم دامی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی شهرکرد

vatankhah_mah@yahoo.com* شهرکرد، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی، صندوق پستی ۴۱۵.

چکیده

کشور ایران با داشتن ۱۱۸ میلیون واحد دامی یکی از کشورهای غنی از حیث تنوع دامی می باشد. به منظور استفاده از این تنوع در داخل و بین نژادها، برنامه های اصلاحی مجزائی به تفکیک دام های مختلف به منظور شناسائی، حفظ و اصلاح نژاد طی سالیان گذشته اجرا شده است. نتایج ارزیابی این برنامه ها نشان می دهد که اگرچه ظرفیت ژنتیکی اغلب نژادها مورد شناسائی قرار گرفته است، ولی میزان پیشرفت ژنتیکی حاصل شده در حد رضایت بخشی نبوده و بخصوص در مورد گوسفند و بز، انتقال بهبودی حاصله به گله های مردمی نیز انجام نشده است. بنظر می رسد به منظور کارآمد کردن برنامه های اصلاح نژاد دام در آینده بایستی در جهت تدوین سیاست های کلان بخش دامپروری کشور، تدوین برنامه های اصلاح نژاد ملی به تفکیک نوع دام و سیستم پرورشی، اجرای کامل برنامه های ملی و ارزیابی آنها اقدام نمود.

واژگان کلیدی: اصلاح نژاد دام، روند ژنتیکی، ایران

وضعیت پرورش دام در ایران

کشور ایران با داشتن ۱۱۸ میلیون واحد دامی یکی از کشورهای غنی از حیث تعداد و تنوع دامی محسوب می شود. گوسفند و بز بیش از ۷۱ میلیون واحد دامی (۶۰/۳۹ درصد) و گاو حدود ۴۳ میلیون واحد دامی (۳۶/۲۸ درصد) را بخود اختصاص می دهند. تعداد بهره برداران بخش دام و طیور کشور ۲۳۳۳ هزار نفر می باشند که ۹۴/۸۱ درصد آنان (۲۲۱۲ هزار نفر) در زیر بخش دام فعالیت دارند و سالیانه بیش از ۹۳۳ هزار تن گوشت قرمز و ۱۰ میلیون تن شیر تولید می نمایند. گاو نژاد هلشتاین با جمعیت یک میلیون رأسی خود ۲۲/۴۰ درصد از کل واحد دامی گاو و گوساله و ۸/۱۳ درصد از کل واحد دامی کشور را داراست که عمدتاً به صورت صنعتی پرورش یافته و سالانه با تولید ۷۲ هزار تن گوشت قرمز و ۳۲۷۶ هزار تن شیر به ترتیب ۷/۷۰ و ۳۱/۹۸ درصد از کل تولیدات این محصولات در کشور را بخود اختصاص می دهد (۱). بر این اساس عمده جمعیت دامی کشور تحت سیستم های غیر صنعتی (روستایی، مزرعه ای و عشایری) پرورش داده می شوند که از جمله ویژگی های مهم حاکم بر پرورش دام در این سیستم های تولیدی، بی سواد و کم سواد گله داران، کوچک بودن اندازه گله ها و عدم اتصال ژنتیکی بین گله ها در مورد گوسفند و بز، تنوع بسیار زیاد در نوع دام و نحوه مدیریت و پرورش، وابسته بودن به پوشش گیاهی مراتع و شرایط اقلیمی، سخت و پرهزینه بودن رکوردگیری (شجره و صفات)، نوسانات بسیار زیاد در قیمت نهاده ها و تولیدات و نداشتن تشکلهای صنعتی (انجمن های نژادی، تعاونی ها و اتحادیه ها) می باشند.

وضعیت اصلاح نژاد دام در کشور

در چند دهه گذشته برای شناسائی، حفظ و اصلاح گاوهای بومی تعداد ۱۱ ایستگاه در کشور راه اندازی شد که در حال حاضر تعداد ۳ ایستگاه فعال و مابقی غیر فعال هستند. به منظور جلوگیری از تلاقی های بی رویه پروژه آمیخته گری بین گاوهای بومی و

هلشتاین آغاز و هنوز هم ادامه دارد. اگرچه اطلاعات با ارزشی در خصوص شناسایی ظرفیت گاوهای بومی از گله‌های ایستگاه‌ها حاصل شد ولی در خصوص حفظ و اصلاح نژاد گاوهای بومی از طریق بهبود عملکرد در گله‌های ایستگاه‌ها و انتقال آن به گله‌های اقماری موفقیت چندانی ایجاد نشد. همچنین پروژه آمیخته‌گری بنحوی در کشور گسترش یافت که سبب شد جمعیت گاوهای آمیخته طی سال‌های اخیر افزایش چشمگیری یابد. اگرچه این پروژه توانست سهم قابل توجهی از افزایش تولید شیر طی سال‌های گذشته را به خود اختصاص دهد، ولی اگر برخی از نژادهای گاو بومی را که ظرفیت تولید گوشت بیشتری داشتند (مثل گاو سیستانی) به سمت آمیخته‌های گوشتی سوق می‌یافت، مناسب تر می بود. در مورد گاو هلشتاین نیز بعد از توقف واردات تلیسه، علاوه بر واردات اسپرم، برنامه رکوردگیری و ثبت مشخصات به منظور شناسایی گاوهای نر برتر از طریق آزمون نتاج در مرکز اصلاح نژاد دام شروع و همچنین هم ادامه دارد. حاصل این برنامه در بخش گاو هلشتاین توسط افراد مختلف در دوره های زمانی متفاوت بررسی و به صورت روند ژنتیکی صفات تولیدی و تولید مثلی گزارش شده است. نتایج برخی از مطالعات اخیر (جدول ۱) نشان می دهد که متوسط روند ژنتیکی صفات تولید شیر، چربی و پروتئین به ترتیب $4/103$ ، $0/87$ و $1/11$ کیلوگرم می باشد.

جدول ۱- روند ژنتیکی (کیلوگرم در هر سال) صفات تولیدی در گاوهای هلشتاین ایران

منبع	درصد پروتئین	درصد چربی	تولید پروتئین	تولید چربی	تولید شیر
۳	-	-	۱	۰/۷۴	۳۳/۸۴
۷	-۰/۰۰۲	-۰/۰۰۶	۰/۹۴	۰/۷۱	۳۵/۴۳
۶	-	-	۱/۳۸	۱/۱۶	۵۳/۵۴

در مورد گوسفند و بز نیز از چهار دهه گذشته اقدام به راه اندازی تعداد ۱۰ ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند و ۴ ایستگاه برای بز به منظور شناسایی ظرفیت تولیدی، حفظ نژاد، بهبود عملکرد صفات تولیدی و تولید مثلی و انتقال بهبودی حاصله به گله‌های مردمی شد که برخی از آن‌ها در حال حاضر غیر فعال هستند. همچنین یک طرح ملی ده‌ساله به منظور بهبود عملکرد صفات تولیدی از طریق تولید قوچ‌های برتر باتمام رسید و با اندکی تغییرات دوره ده‌ساله دوم این طرح در برخی از استان‌ها در حال اجرا می باشد، که در حال حاضر تحت الشعاع تلقیح مصنوعی در گوسفند قرار گرفته است. نتایج مطالعات نشان می دهد که انجام طرح های پژوهشی و پایان نامه های دانشجویی متعدد بر روی داده های جمع آوری شده در ایستگاه‌های گوسفند و بز، توانست ضمن شناسایی ظرفیت صفات تولیدی و تولیدی مثلی نژادهای مختلف گوسفند و بز، دست مایه‌ای برای تربیت متخصصین اصلاح نژاد دام در کشور باشد. تعیین روند ژنتیکی صفات مختلف مهمترین عامل در ارزیابی بازدهی طرح‌های اصلاح نژادی بشمار می رود. نتایج برخی از مطالعات مختلف به عنوان نمونه در جدول ۲ آورده شده است. این ارقام حاکی از موفقیت نسبی در گله‌های ایستگاه‌ها می باشند ولی در انتقال آن به گله های مردمی موفقیت آنچنانی حاصل نشده است.

جدول ۲- روند ژنتیکی (گرم در هر سال) صفات وزن بدن بره‌ها و بزغاله‌های متولد شده در برخی از ایستگاه‌ها

نژاد	ایستگاه	سال‌های	تولد	شیرگیری	۶ ماهگی	۹ ماهگی	۱۲ ماهگی	منبع

۲	۸۸	۷۷	۷۲	۵۵	۰/۷	۸۵ تا ۶۱	عباس آباد	بلوچی
۸	-	-	۹۸/۵	۲/۵	۱/۹	۸۸ تا ۷۳	طرح محوری	زل
۴	-	-	۱۱۹	۱۱۸	۱۸	۷۸ تا ۷۱	طرح محوری	کردی
۹	۱۵۶	۸۱	۹۱	۱۲۵	۲	۸۵ تا ۷۲	شهر بابک	کرمانی
-	۳۸۱	۳۴۹	۳۰۶	۱۹۱	۲۲	۸۹ تا ۶۸	شولی	لری بختیاری
۵	۱۷۰	۱۱۴	۴۵	۴۰	۳	۸۱ تا ۷۱	بز مرخز	مرخز

مراحل مختلف یک برنامه اصلاح نژادی

اصلاح نژاد به صورت هنر استفاده از علوم مختلف (ژنتیک، آمار، کامپیوتر) برای تغییر ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها به منظور نیل به هدف تعریف می‌گردد. در اغلب کشورها و برای اکثر دام‌ها، هدف افزایش سود می‌باشد. اصلاح نژاد دارای دو ابزار انتخاب حیوانات برتر و طراحی آمیزش بین آن‌ها می‌باشد. با توجه به این که بیش از یک صفت در سودآوری موثر هستند، اولین مرحله در یک برنامه اصلاح نژادی، تعیین تابع هدف یا همان ژنوتیپ تجمعی (H) است.

$$H = v_1g_1 + v_2g_2 + \dots + v_ng_n = \mathbf{v}'\mathbf{g}$$

که g_i ، ارزش ژنتیکی افزایشی واقعی i امین صفت و v_i ، ارزش اقتصادی برای i امین صفت هستند. همه صفاتی که (۱) دارای یک اثر مستقیم بر درآمد یا هزینه های تولید باشند (۲) در جمعیت دارای تنوع ژنتیکی باشند، بایستی در این تابع قرار گیرند. در عمل ارزش های ژنتیکی واقعی (ارزش های اصلاحی واقعی) صفات مختلف مشخص نیستند، بلکه فنوتیپ افراد برای صفات مختلف در دسترس می باشند که می توانند در داخل یک شاخص انتخاب (I) ترکیب شوند. پس دومین مرحله تعیین شاخص انتخاب برای رتبه بندی حیوانات می باشد.

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_mx_m = \mathbf{b}'\mathbf{x}$$

که x_j ، j امین مشاهده فنوتیپی به صورت انحراف از میانگین جمعیت و b_j ، ضریب یا وزن شاخص انتخاب برای j امین صفت می باشند. صفاتی در شاخص انتخاب وارد می شوند که (۱) بطور ساده و با هزینه کم بر روی حیوانات مورد اندازه گیری قرار گیرند. (۲) دارای ضریب وراثت پذیری خیلی پایینی نباشند. (۳) حتی الامکان در ابتدای دوران زندگی حیوان قابل اندازه گیری باشند. (۴) یکی از صفات موجود در تابع هدف باشند یا دارای همبستگی ژنتیکی متوسط تا بالا با یک یا تعداد بیشتری از صفات موجود در تابع هدف اصلاحی باشند. با توجه به این که برخی از فرضیات استفاده از شاخص انتخاب کلاسیک در داده‌های مربوط به اصلاح نژاد دام تامین نمی‌شوند (تصحیح برای اثرات ثابت، استفاده از یک نوع خویشاوندی) در عمل ارزیابی ژنتیکی چندصفتی صورت گرفته و به صورت زیر میزان افزایش سود در هر حیوان مشخص و انتخاب حیوانات براساس این شاخص صورت می‌گیرد.

$$I\$ = \sum_{i=1}^n Blup\_EBV_i \times v_i \xrightarrow{or} \hat{I} = \mathbf{u}'\mathbf{v}$$

که $\mathbf{u}$ بردار ارزش های اصلاحی صفات حاصل از تجزیه چندصفتی با استفاده از مدل‌های حیوانی و $\mathbf{v}$ بردار ضرایب یا وزن های اقتصادی صفات می باشند. در این صورت انتظار می‌رود که بطور متوسط در هر ده سال به میزان یک انحراف استاندارد فنوتیپی شاخص انتخاب، سودآوری افزایش یابد. نتایج طرح‌های اصلاح نژادی نیز میزان پاسخ تحقق یافته را بین ۰/۵ تا ۳ درصد میانگین

کل گزارش کرده‌اند. در ضمن شدت انتخاب در نرها و ماده‌ها بایستی بگونه‌ای باشد که میزان همخونی در هر نسل نیز کمتر از یک درصد باشد. البته استفاده از داده‌های مولکولی سبب می‌شود که صحت پیش بینی ارزش‌های اصلاحی و در نتیجه میزان پاسخ به انتخاب افزایش یابد. همچنین انتخاب ژنومیک نیز از طریق کاهش فاصله نسل و افزایش صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی سبب افزایش پاسخ به انتخاب خواهد شد. با توجه به این که معمولاً نمی‌توان همه حیوانات یک نژاد را تحت پوشش رکوردگیری و ارزیابی ژنتیکی قرار داد، معمولاً اصلاح نژاد در بخشی از حیوانات صورت می‌گیرد و سپس بهبودی حاصل با یک تا دو نسل تاخیر به کل جمعیت انتشار می‌یابد. بنابراین سومین مرحله از یک برنامه اصلاحی انتخاب یک ساختار اصلاحی مناسب (مثل هسته‌های باز، بسته، پدران مرجع و ...) برای انتقال بهبودی به کل جمعیت می‌باشد.

آینده اصلاح نژاد دام در کشور

برای این که بتوان پیشنهادات کاربردی و واقع بینانه‌ای برای مسیر آینده اصلاح نژاد در کشور ارائه نمود بایستی ابتدا به مقایسه وضعیت موجود با مورد انتظار پرداخته شود. با توجه به موارد ذکر شده در بالا می‌توان دریافت که اصلاح نژاد گاو فقط منحصر به گاوهای هلشتاین (۲۲/۴ درصد از کل گاوها) بوده است و در مورد سایر گاوها بخصوص گاوهای آمیخته که بخش قابل توجهی از جمعیت گاوی در کشور را بخود اختصاص می‌دهند، برنامه مدونی اجرا نشده است. با توجه به تنوع بسیار زیاد بین نژادها و همچنین سیستم‌های مختلف تولیدی در کشور نیاز است که در آینده به تفکیک هر نژاد و سیستم‌های تولیدی رایج برنامه اصلاحی تدوین و به اجرا درآید و انتقال بهبودی حاصل در گاوهای هلشتاین، به کل جمعیت گاوی کشور مناسب نیست زیرا که اهداف اصلاحی متفاوتی خواهند داشت. نکته دیگری که بایستی مورد توجه قرار گیرد، عدم تعیین تابع هدف و استفاده از ارزیابی چندصفتی و برآورد شاخص انتخاب اقتصادی برای رتبه‌بندی و انتخاب والدین می‌باشد. نتایج آورده شده برای روند ژنتیکی صفات تولیدی در گاوهای هلشتاین، نشان می‌دهد که ظاهراً معیار انتخاب منحصر به صفات تولیدی (شیر، چربی یا هر دو) و تیپ بوده است و تمامی صفات موثر بر سودآوری در نظر گرفته نشده است. در یک پژوهش تحت عنوان اهداف اصلاحی در گاوهای هلشتاین ایران، گزارش شد که تعداد ۱۲ صفت در سودآوری موثر بوده و به عنوان اهداف اصلاحی در این نژاد معرفی شده‌اند (۱۰). در همین مطالعه میانگین اهمیت نسبی صفات تولیدی، ماندگاری و بهداشتی و تولید مثلی برای گاوهای هلشتاین ایران به ترتیب ۵۰، ۱۴ و ۳۶ درصد بدست آمد در حالی که متوسط این مقادیر برای کشورهای صادر کننده اسپرم به ترتیب ۴۱، ۳۷/۵ و ۲۱/۵ درصد می‌باشد، و نگارندگان معتقدند به لحاظ تفاوت عمده در این ضرایب، استفاده از اسپرم‌های وارداتی ممکن است منجر به کاهش پیشرفت ژنتیکی پایدار در کشور گردد. با مقایسه روندهای ژنتیکی گزارش شده در بالا و میزان پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار (هر ده سال یک انحراف استاندارد)، مشاهده می‌گردد که بازدهی برنامه های اصلاحی اجرا شده در گاوهای هلشتاین کمتر از ۳۰ درصد می‌باشد. برای مثال انتظار می‌رفت که روند ژنتیکی برای صفات تولید شیر، چربی و پروتئین به ترتیب ۱۴۰، ۵/۴ و ۳/۸ کیلوگرم در هر سال باشند در حالی که این مقادیر بطور متوسط ۴۱/۰۳، ۰/۸۷ و ۱/۱۱ کیلوگرم برآورد می‌شوند.

در برنامه های اصلاحی اجرا شده در ایستگاه های گوسفند و بز نیز یا معیار انتخابی وجود نداشته یا محدود به صفت وزن شیرگیری بوده است و تابع هدف برای نژادهای مختلف گوسفند و بز تعریف نشده و یا برای نژادهایی که تعیین شده است، مورد استفاده قرار نگرفته است. برای مثال در تعیین اهداف اصلاحی گوسفندان نژاد لری بختیاری همانند سایر نژادهای داخلی و خارجی، صفات تولید مثل (آبستنی، تعداد بچه متولد شده و شیرگیری شده در هر زایمان میش) دارای بالاترین ضرایب اقتصادی هستند ولی در معیار انتخاب بکار گرفته شده برای این نژاد در نظر گرفته نشده‌اند. همچنین در مورد روندهای ژنتیکی برای

گله‌های موجود در ایستگاه‌های گوسفند و بز نیز میزان بازدهی پایین (کمتر از ۴۰ درصد) می‌باشد، برای مثال انتظار می‌رفت روند ژنتیکی برای صفت وزن شیرگیری که معمولاً به عنوان معیار انتخاب برای اکثر گله‌های موجود در ایستگاه‌های گوسفند مورد استفاده قرار گرفته است، در گله ایستگاه لری بختیاری (شولی) در حد ۵۰۰ گرم در هر سال باشد، ولی این مقدار ۱۹۱ گرم برآورد شده است. همان گونه که در بالا نیز آورده شده است، یکی از اهداف احداث ایستگاه‌های اصلاح نژاد گوسفند و بز، انتقال بهبودی حاصل به گله‌های مردمی بوده است. در این خصوص اولاً میزان بهبودی در گله‌های ایستگاه در حد رضایت بخش نیست و ثانیاً در اکثر ایستگاه‌ها تلاشی برای انتقال بهبودی به گله‌های مردمی صورت نگرفته است. شاید بتوان از جمله مهمترین دلایل بازدهی پایین در برنامه‌های اصلاح دام در کشور را نبود سیاست‌های مدون در مورد هر گونه دامی، نبود برنامه کامل اصلاحی، عدم تاکید بر شاخص انتخاب یکسان طی سال‌های متوالی، عدم دقت در رکوردگیری از صفات و شجره دام‌ها و ... دانست. با توجه به مطالب ذکر شده برای داشتن برنامه‌های اصلاح نژادی موثر و کارآمد در آینده به منظور دست یابی به پیشرفت‌های ژنتیکی مطلوب و افزایش سودآوری در دام‌های مختلف به ترتیب اولویت موارد زیر پیشنهاد می‌گردد. (۱) تدوین سیاست‌های کلان و خط و مشی‌های کلی برای دامپروری در کشور: دستگاه‌های مختلف دولتی (معاونت بهبود تولیدات دامی، مراکز پژوهشی و آموزشی) و غیر دولتی (انجمن علوم دامی کشور) هر کدام بنا به وظایف خود متصدی بخشی از امورات مرتبط با دامپروری کشور هستند ولی سیاست‌های کلان این بخش که مورد توافق همه این دستگاه‌ها بوده و برنامه‌های خود را با آن‌ها تراز نمایند، نامشخص است. برخی از سوالاتی که بایستی در این خصوص پاسخ داده شوند عبارتند از: هدف گذاری کمی و کیفی در بخش دامپروری به تفکیک گونه‌های مختلف در میان مدت و بلند مدت چیست؟ سطح اتکا به تولیدات داخلی چقدر است؟ سیاست دولت در قبال حمایت از تولیدات داخلی چیست؟ (۲) تدوین برنامه‌های ملی و جامع اصلاح نژاد: در راستای سیاست‌های کلان بایستی برنامه‌های اصلاح نژادی جامع (تعیین تابع هدف، شاخص انتخاب و ساختار اصلاح نژادی) به تفکیک سیستم‌های مختلف پرورشی برای هر نژاد تدوین گردد. برنامه‌های اصلاحی بایستی به نحوی تدوین گردند که با ویژگی‌های حاکم بر سیستم‌های تولیدی سازگاری داشته باشند، مهمترین چالش پیش‌روی برنامه‌های اصلاحی سخت و پرهزینه بودن رکوردگیری از صفات تولیدی و شجره است، در تدوین برنامه‌های اصلاحی بایستی همه متخصصین مشارکت و هم‌افزایی داشته باشند. (۳) اجرای کامل برنامه‌های ملی: برنامه‌های ملی تدوین شده بایستی بطور کامل اجرا گردند. اجرا نکردن هر برنامه‌ای بهتر از اجرای ناقص آن است. اجرای برنامه‌های اصلاحی نیاز به متخصصین کارآمد دارد. ساختار کنونی نیروی انسانی دولتی، ظرفیت و توان اجرای برنامه‌های اصلاحی را ندارد و نیاز است بخش‌های خصوصی کارآمد و متخصص ایجاد و اجرای برنامه‌ها به آن‌ها واگذار گردد. (۴) ارزیابی برنامه‌های اجرا شده: هر برنامه‌ای که اجرا شد بایستی مورد ارزیابی قرار گیرد تا نقاط ضعف آن شناسایی و برطرف گردد. اساساً اصلاح نژاد دام شامل برنامه ریزی، اجرا و ارزیابی مداوم می‌باشد.

منابع

- ۱ - بی نام. ۱۳۸۹. آمار نامه کشاورزی. وزارت جهاد کشاورزی. ۴۴۹ ص.
- ۲ - حسنی، س.، ح. دلتنگ سفید سنگی، ا. رشیدی، م. آهنی آذری. ۱۳۸۸. برآورد روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی صفات رشد در گوسفند بلوچی. مجله علوم کشاورزی و منابع طبیعی. جلد شانزدهم، ویژه‌نامه ۱-الف.
- ۳ - رزم کبیر، م. ا. نجاتی جوارمی، م. مرادی شهربابک، ا. رشیدی، م. ب. صیادنژاد. ۱۳۸۸. برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی در گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران. دوره ۴۰، شماره ۱، ص. ۷-۱۱.

- ۴ - رشیدی، ا.، ح. آخشی. ۱۳۸۶. برآورد روند ژنتیکی و محیطی صفات رشد در یک گله از گوسفند نژاد کردی. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۳۸، شماره ۲، ص. ۳۲۹-۳۳۵.
- ۵ - رشیدی، ا.، م. رمضانیان، ر. واعظ ترشیزی. ۱۳۸۴. برآورد روند ژنتیکی و محیطی صفات اقتصادی در بزهای مرخز. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۳۶، شماره ۵، ص. ۱۱۲۳-۱۱۳۰.
- ۶ - رکوعی، م.، ر. واعظ ترشیزی، م. مرادی شهر بابک، م. سرگلزائی، ا. کریستین سورنسن. ۱۳۹۰. اثر هم خونی بر پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی و تولید مثل و روند ارزش های اصلاحی گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران. دوره ۴۲، شماره ۱، ص. ۱۰ - ۱.
- ۷ - صاحب هنر، م.، م. مرادی شهر بابک، س. ر. میرائی آشتیانی، م. ب. صیادنژاد. ۱۳۸۹. برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی و تعیین برخی عوامل تاثیرگذار بر آن در گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران. دوره ۴۱، شماره ۲، ص. ۱۸۴-۱۷۳.
- ۸ - محمدی، ح.، م. صادقی. ۱۳۸۹. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد و تولید مثل و روند ژنتیکی صفات رشد در گوسفند نژاد زل تحت سیستم روستائی. مجله علوم دامی ایران. دوره ۴۱، شماره ۳، ص. ۲۴۱-۲۳۱.
- 9- Mokhtari, M. S., A. Rashidi. 2010. Genetic trends estimation for body weights of Kermani sheep at different ages using multivariate animal models. Small Rumn. Res. 88: 23-26.
- 10- Sadeghi-Sefidmazgi, A., M. Moradi-Shahrehabak, A. Nejati-Javaremi, S. R. Miraei-Ashtiani, P. R. Amer. 2012. Breeding objectives for Holstein dairy cattle in Iran. J. Dairy Sci. 95: 3406-3418.

A vision at the present and future of animal breeding in Iran
Mahmood Vatankhah*

Associate Prof. Department of Animal Science

*P. O. Box 415, Department of Animal Science, Agriculture and Natural Resources Research Center, Shahrekord, Iran. vatankhah_mah@yahoo.com

Abstract

Iran, with having 118 millions animal units is one of the rich countries in animal diversity. In order to use of this variation exist within and between breeds of animal, during recent years some breeding programs separate to different animal has been implemented to the identification of genetic potential, conservation and breeding improvement. The results obtained from these breeding programs shows that although, the genetic potential of most breeds have been identified, but the genetic progress achieved was not satisfactory and especially in sheep and goat the resulting improvement is not transferred to the flocks of people. It seems that to efficient livestock breeding programs in the future should be provide the national policies of animal husbandry sector, national breeding programs to develop different types of livestock and production systems, full implementation of national programs and their evaluation of the action.

Keywords: Animal breeding, Genetic trend, Iran.

مروری بر برآورد ارزش اقتصادی صفات در ایران

عبدالاحد شادپرور

گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان

shad@guilan.ac.ir; shadparvar@yahoo.com

چکیده

از سال ۱۳۷۶ که اولین برآورد ارزش اقتصادی صفات در ایران منتشر شد تا کنون تحقیقات زیادی برای تعریف هدف اصلاح نژاد گاو، گوسفند و سایر دام ها انجام شد که در این مقاله به جنبه های نظری نتایج حاصل از آن ها پرداخته می شود. استفاده از مدل زیست اقتصادی، دخالت دادن انواع محدودیت های سیستم تولید، نوع توزیع صفات، تفاوت صفات از نظر زمان و تعداد دفعات ظهور از نظر فنی برای محققان ایرانی امکان پذیر است. با این وجود کمبودهایی نظری شامل تشخیص نوع تابعیت سود از صفات، تعیین متغیرهای مدیریتی یک سیستم تولید بهینه، دخالت عدم قطعیت قیمت ها در شرایط آینده و نیازهای یک سیستم تولیدی پایدار وجود دارند.

واژگان کلیدی: ارزش اقتصادی - تابع سود - مدل زیست اقتصادی - مدیریت بهینه

مقدمه

تعیین هدف اصلاح نژاد اولین مرحله در هر برنامه بهبود ژنتیکی است. تا هنگامی که اصلاح کننده نداند به دنبال چه حیوانی است، نه انتخاب بهترین حیوانات و نه حذف بدترین آن ها امکان پذیر نیست (۳۱). مشخص نبودن اهداف اصلاحی به عنوان مهمترین عامل موثر بر عدم پیشرفت ژنتیکی در نژاد های گوسفند در ایران محسوب می شود (۱۹).

در اصلاح نژاد حیوانات معمولاً چندین صفت حایز اهمیت هستند. یکی از روش های انتخاب حیوانات از نظر چند صفت، استفاده از شاخص انتخاب است که نسبت به روش انتخاب هر صفت در یک دوره زمانی و روش انتخاب همزمان صفات براساس سطوح حذف مستقل برای هر صفت کارایی بیشتری در ایجاد رشد ژنتیکی دارد (۲۷).

اصول ژنتیکی تشکیل شاخص انتخاب بنحوی که منجر به حداکثر رشد ژنتیکی شود اولین بار توسط هیزل در سال ۱۹۴۳ ارائه شد (۲۶) که ارزش اقتصادی یک صفت را به صورت مقدار تغییر در سود سیستم تولید که در اثر یک واحد افزایش در میانگین صفت بوجود می آید تعریف نمود.

پس از ارائه اولین تعاریف از مفهوم هدف اصلاح نژاد و ارزش اقتصادی صفات در نیمه اول دهه ۱۹۴۰، تحولات بسیاری از نظر تعریف و نحوه محاسبه آن ها بوجود آمد. امروزه دیگر هدف اصلاح نژاد فقط برای انتخاب افراد یک جمعیت بکار نمی رود بلکه علاوه بر آن برای انتخاب بهترین نژاد ها در یک برنامه آمیخته گری و برای ارزیابی اقتصادی سرمایه گذاری در یک برنامه اصلاح نژاد دام کار برد دارد (۲۳). از طرف دیگر تغییر در سود سیستم تنها تعریف پذیرفته شده برای ارزش اقتصادی صفات نیست و تغییر در کارایی اقتصادی سیستم تولید یا نسبت هزینه به درآمد، نیز می تواند مورد نظر قرار بگیرد (۲۵).

برای برآورد ارزش اقتصادی صفات روش های مختلفی وجود دارد که یکی از آن ها استفاده از تابع سود است. در این روش سود به صورت تابعی از ارزش ژنتیکی صفات مختلف تعریف شده و با محاسبه مشتق درجه اول آن بر حسب هر صفت، ارزش اقتصادی آن صفت بدست می آید (۲۱):

$$v_i = \frac{\partial P}{\partial A_i}$$

روش دیگر برآورد ارزش اقتصادی صفات استفاده از مدل زیست-اقتصادی است. مدل زیست اقتصادی مجموعه ای از معادلات است که درآمد ها و هزینه های سیستم تولید را به صورت تابعی از صفات مختلف تعریف می کنند. در این روش برای برآورد ارزش اقتصادی صفت i ابتدا با استفاده از میانگین صفات مختلف از جمله صفت i ، سود سیستم تولید به ازای هر حیوان (P_{μ_i}) بدست می آید. سپس به مقدار Δ میانگین ژنتیکی آن صفت اضافه کرده و در حالی که سایر صفات در حد میانگین خود باقی مانده اند سود سیستم در حالت جدید ($P_{\mu_i+\Delta}$) محاسبه می شود. آنگاه ارزش اقتصادی یک صفت برابر خواهد بود با:

$$v_i = \frac{P_{\mu_i+\Delta} - P_{\mu_i}}{\Delta}$$

دیدگاه های مختلفی در باره هدف انتخاب و نوع محدودیت سیستم تولید وجود دارد که پیروی از هر یک از آن ها می تواند به برآورد متفاوتی از ارزش اقتصادی یک صفت منجر شود. هدف انتخاب می تواند حداکثر کردن سود یا حداقل کردن نسبت هزینه به درآمد باشد. سیستم تولید ممکن است از نظر تعداد دام مولد، مقدار نهاده یا مقدار محصول محدودیت داشته باشد. پیروی از هر یک از این دیدگاه ها می تواند بر برآورد ارزش اقتصادی صفات اثر بگذارد، هر چند که تحت شرایطی از جمله وجود رقابت آزاد در بازار، مقادیر برآورد ارزش اقتصادی صفات در دیدگاه های مختلف یکسان می شوند (۲۱).

تاریخچه برآورد ارزش اقتصادی صفات در ایران

در جدول ۱ خلاصه ای از برخی از تحقیقات انجام شده در زمینه برآورد ارزش اقتصادی صفات در گاو شیری نشان داده شده است. برای نخستین بار در ایران شادپرور در سال ۱۳۷۶ به مسئله برآورد ارزش اقتصادی صفات پرداخت و بوسیله یک معادله سود مناسب برای پرورش گاو شیری در ایران ارزش اقتصادی صفات تولید شیر، درصد چربی و طول عمر را برای وقتی که هدف انتخاب حداکثر کردن سود یا حداقل کردن نسبت هزینه به ازای واحد درآمد باشد و تحت محدودیت های مختلف سیستم تولید شامل ثابت بودن تعداد گاو شیری، محدود بودن مقدار نهاده و محدود بودن مقدار محصول بدست آورد (۵).

با استفاده از معادلات مشابه مدل ارائه شده در (۵) تحقیقاتی برای برآورد ارزش اقتصادی صفت درصد پروتئین علاوه بر تولید شیر، درصد چربی و طول عمر گله انجام شد (۶، ۱۵، ۱۶). در یکی از این تحقیقات (۱۶) ارزش اقتصادی درصد چربی برخلاف برآورد اولیه (۵) مثبت بود که علت آن افزایش قیمت چربی اضافی از ۵ ریال به سطح ۲۰ ریال بود.

در حال حاضر استفاده از مدل زیست اقتصادی در برآورد ارزش اقتصادی در ایران متداول شده است (مانند ۱ و ۸). این مدل امکان برآورد ارزش اقتصادی برای صفاتی نظیر وزن بدن و بقا علاوه بر صفاتی که در تحقیقات قبلی بررسی شده بودند را فراهم کرد. یکی از صفاتی که بوسیله مدل زیست اقتصادی و شبیه سازی سیستم های تولیدی مختلف برآورد شد، ارزش اقتصادی تداوم شیردهی بود (۱۲). در این تحقیق مشخص شد که منحنی تغییرات سود سیستم تولید در مقابل تغییرات مقدار تداوم شیردهی غیر خطی بوده و در ازای مقداری مشخص از تداوم شیردهی به حداکثر مقدار خود می رسد، یعنی تداوم شیردهی (بر اساس تعریف ارائه شده در همان تحقیق) دارای یک نقطه بهینه است. در سال ۱۳۹۱ برای اولین بار علاوه بر صفاتی که بطور معمول در تحقیقات قبل مورد توجه قرار گرفتند، ارزش اقتصادی سلول های سوماتیک در کنار صفاتی که دارای توزیع آستانه ای هستند شامل ورم پستان، سخت زایی (مستقیم و مادری)، مرده زایی و نرخ عدم برگشت در روز ۵۶ پس از تلقیح، برآورد شدند (۳۳) و

برای نخستین بار در ایران تعداد دفعات ظهور تنزیل یافته هر یک از صفات طی یک افق زمانی ۲۰ ساله برآورد شد. استفاده از این ضرایب باعث تصحیح ارزش های اقتصادی صفات از نظر زمان ظهور و تعداد دفعات ظهور می شود. بدلیل فقدان برخی از ورودی های مورد نیاز در محاسبه ارزش اقتصادی صفاتی نظیر سخت زایی، این محققین از مقادیر گزارش شده در منابع خارجی استفاده کردند.

جدول ۱- معرفی برخی از تحقیقات انجام شده در ایران در زمینه برآورد ارزش اقتصادی صفات در گاو شیری

منبع	روش برآورد	صفات مورد بررسی
شادپور، ۱۳۷۶	مشتق گیری از توابع سود و نسبت هزینه به درآمد	L, f%, M
شادپور و همکاران، ۱۳۸۳	مشتق گیری از تابع سود	L, p%, f%, M
میرمهدوی و همکاران، ۱۳۸۵	مشتق گیری از نسبت هزینه به درآمد	L, p%, f%, M
میرمهدوی و همکاران، ۱۳۸۶	مشتق گیری از تابع سود	L, p%, f%, M
صادقی و همکاران، ۱۳۸۷	مشتق گیری از توابع سود، نسبت هزینه به درآمد و کارایی اقتصادی	L, P, F, M
زحمتکش و همکاران، ۱۳۸۷ الف	مشتق گیری از تابع سود	P, F, M
صحراگرد احمدی و همکاران، ۱۳۸۹	مدل زیست اقتصادی	.BW, M, ADG2, ADG1
اطهری مرتضوی و همکاران، ۱۳۸۹	مدل زیست اقتصادی	.BW, M, ADG2, ADG1
فلاحپور و همکاران، ۱۳۸۹	مدل زیست اقتصادی	CI, MP, M
صادقی و همکاران، ۲۰۱۱	مدل زیست اقتصادی-روش صفات آستانه ای-	.SC, P, F, M
روشن جریان ژن NR56	روش جریان ژن	.SB, CD, MT

M= تولیدشیر، f%= درصد چربی، p%= درصد پروتئین، F= مقدار چربی، P= مقدار پروتئین، L= طول عمر، BW= وزن تولد، ADG1= اضافه وزن روزانه قبل از شیرگیری، ADG2= اضافه وزن روزانه پس از شیرگیری، MP= تداوم شیردهی، CI= فاصله بین دو زایش، SC= سلول های سوماتیک، MT= ورم پستان، CD= سخت زایی، SB= مرده زایی، NR56= نرخ عدم برگشت

پس از انتشار اولین تحقیق در زمینه برآورد ارزش اقتصادی صفات در ایران (۵) تحقیقات متعددی نیز در زمینه برآورد ارزش اقتصادی صفات در گوسفند انجام شد. اولین بار در سال ۱۳۸۳ و با استفاده از یک مدل زیست اقتصادی اقتباس شده از یک تحقیق در مورد گوسفندان کنیا (۲۹) ارزش اقتصادی صفات مربوط به وزن بدن و تولید مثل در گوسفندان گیلانی برآورد شد (۲). نتیجه چنین تحقیقاتی برآورد ارزش اقتصادی صفات رشد، تولید مثل، تولید پشم، درصد لاشه و نرخ آبستنی در نژادهای مختلف گوسفند و بز کشور بود (۳، ۹، ۱۳، ۱۴، ۱۸، ۲۰ و ۲۴). برآورد ارزش اقتصادی و تعریف هدف اصلاح نژاد به گاو شیری و گوسفند محدود نبود و در مورد حیواناتی دیگر از جمله طیور (مانند ۱۰) و کرم ابریشم (مانند ۱۱) نیز تحقیقاتی در زمینه های مشابه انجام شد.

با اینکه استفاده از مدل زیست اقتصادی برای برآورد ارزش اقتصادی در ایران نسبت به روش های دیگر غلبه دارد اما تجاری نیز در زمینه محاسبه سود عمر برای حیوانات یک جامعه به عنوان یک صفت و سپس برآورد ارزش اقتصادی صفات بوسیله معادلات رگرسیون سود به صفات تولیدی، تولید مثلی و عملکردی انجام شده است (۱۷ و ۳۴). این روش در صورتی قابل استفاده است که رکورد قابل اعتماد برای همه این صفات و در همه گله ها وجود داشته باشد.

چالش های کنونی در برآورد ارزش اقتصادی صفات

الف- غیر خطی بودن سود

در اکثر موارد سود یک تابع غیر خطی از صفات است. در اینصورت ارزش اقتصادی صفت به میانگین صفات در جامعه بستگی خواهد داشت:

$$v_i = \frac{\partial P}{\partial A_i} [\mu]$$

اگر چه در مدل زیست اقتصادی می توان یک تابع سود بر حسب اجزای مختلف درآمد و هزینه تصور کرد اما این معادله آنقدر پیچیده است که نمی توان در عمل مشتق جزئی تابع سود را بر حسب یک صفت بدست آورد. به همین دلیل در مدل زیست اقتصادی ارزش اقتصادی یک صفت با شبیه سازی تغییر سود سیستم در اثر یک مقدار تغییر در میانگین صفت (Δ) برآورد می شود. اگر تابع سود بر حسب میانگین صفت غیر خطی باشد، تنها در صورتی که تغییر در میانگین صفت بسیار کوچک باشد برآورد حاصله با مقدار مورد انتظار از مشتق جزئی برابر خواهد بود. بدلیل اینکه تا کنون تحقیقی در زمینه تشخیص نوع تابعیت سود از صفات مختلف در ایران انجام نشده است، نمی توان مشخص کرد که برای برآورد نا اریب ارزش اقتصادی یک صفت میزان تغییر در میانگین صفت تا چه اندازه باید کوچک باشد.

ب- شرایط سیستم تولید

با مراجعه به تحقیقات انجام شده در ایران در زمینه ارزش های اقتصادی صفات معلوم می شود که بسته به شرایط گله های مختلف یا شرایط یک گله در زمان های مختلف مقادیر برآورد شده ارزش های اقتصادی متفاوت خواهد بود. این موضوع نشان می دهد که سود تابعی است همزمان از میانگین صفات و عوامل مدیریتی مختلف.

$$P = f(\mu, m)$$

در اینصورت ارزش اقتصادی یک صفت برابر خواهد بود با:

$$v_i = \frac{\partial P}{\partial A_i} [\mu, m]$$

در صورت تشکیل یک شاخص انتخاب در سطح ملی، لازم است برآوردی متناسب با یک سیستم مشخص بدست آید. بدیهی است که هر قدر پارامترهای این سیستم به میانگین جامعه نزدیکتر باشند برآورد حاصل مناسب تر خواهد بود. در این جا سه چالش بر سر راه محققان ایرانی وجود دارد. یکی از این چالش ها عدم دسترسی به اطلاعات فنی و اقتصادی بسیاری از دامداری ها است که خود معلول عواملی چون فقدان ارتباط منطقی بین بخش تولید و تحقیق و نیز فقدان سیستم ثبت منظم و قابل استفاده از عملکرد فنی و اقتصادی در آن هاست. چالش دوم نامعلوم بودن شرایط آینده سیستم های تولیدی در ایران است. از آنجا که منظور از اصلاح نژاد تولید حیواناتی است که باید در شرایط آینده بهتر از نسل فعلی تولید کنند، در هر کشوری دانستن شرایط آینده از نظر متغیرهای مدیریتی سیستم تولید مانند سیاست های حذف، جایگزینی، فروش، نیروی انسانی و غیره ضروری است. بهینه نبودن سیستم تولید چالش سوم در برآورد ارزش اقتصادی صفات است. بدلیل دراز مدت بودن اثر اصلاح نژاد، لازم است که آنرا نه برای سیستمی های غیر بهینه بلکه برای سیستم های بهینه اجرا نمود. نا بهینه بودن سیستم تولید به برآورد اریب از ارزش های اقتصادی منجر می شود (۲۲). در ایران تا کنون یک تحقیق از کاربرد برنامه ریزی پویا در بهینه سازی سیاست های حذف و جایگزینی در گاو شیری منتشر شده است (۲۸).

ج-عدم قطعیت در برآورد قیمت ها

بدلیل تغییرات قیمت ها در طول زمان، نوعی عدم قطعیت در برآورد ارزش های اقتصادی صفات بوجود می آید که با توجه به آینده نگر بودن اصلاح نژاد، مخاطره آمیز است. اگر چه بطور رسمی ثابت شده است که خطرات ناشی از عدم قطعیت نسبت به قیمت های آینده نباید بزرگنمایی شود و ارزش حاصل از رشد ژنتیکی نسبت به خطاهای کوچک در برآورد ارزش اقتصادی صفات حساس نیست و در ایران نیز به طور تجربی نشان داده شده (۵) اما معلوم نیست که خطا تا چه حد کوچک باشد قابل صرف نظر کردن است. بررسی های انجام شده نشان می دهد که برآورد ارزش اقتصادی با در نظر گرفتن مخاطرات مربوط به تغییر قیمت ها با حالت معمولی تفاوت قابل توجهی دارد. این تفاوت به واریانس قیمت ها در طول زمان و نیز به نحوه مواجه شدن دامداران با مخاطره وابسته است، اما در هر حال نادیده گرفتن آن می تواند حتی به جهت گیری غلط در اصلاح نژاد منجر شود (۳۰). در اکثر تحقیقات انجام شده در ایران برای بررسی میزان تاثیر پذیری ارزش های اقتصادی صفات به تغییر قیمت ها آزمون حساسیت انجام می شود اما تا کنون تجربه ای منتشر شده از برآورد ارزش های اقتصادی با منظور کردن این عدم قطعیت وجود ندارد.

د-سیستم تولید پایدار

یک سیستم تولید در صورت سازگاری با اکوسیستم و محیط زیست و رعایت تنوع زیستی موجود در طبیعت، از نظر اخلاقی و اقتصادی پایدار خواهد بود. در تمام تحقیقاتی که در زمینه ارزش اقتصادی در ایران انجام شده است، هدف اولیه حداکثر کردن سود تولید کننده بوده است و در صورت استفاده موثر از شاخص های انتخاب که محصول چنین مطالعاتی هستند تخریب خصوصیات عملکردی حیوانات امری اجتناب ناپذیر است، حتی اگر صفات عملکردی در تعریف هدف اصلاح نژاد دخالت داده

شوند. برخی از محققان دخالت دادن یک عامل تحت عنوان ارزش غیر پولی برای بعضی از صفات عملکردی که مبتنی بر ملاحظات اجتماعی است را در کنار ارزش پولی که به طور معمول برای صفات در نظر گرفته می شود را پیشنهاد داده اند (مانند ۳۲). توجه بیشتر به چنین تحقیقاتی چه در سطح ملی و چه در سطح بین المللی نیاز است. یکی از چالش های عملی در ایران عدم ارتباط منطقی بین تولید کنندگان و محققان اصلاح نژاد است. بوجود آوردن این ارتباط مستلزم ایجاد زیر ساخت مناسب سازمانی در بین تولید کنندگان، اتخاذ سیاست هایی دراز مدت برای پایداری شرایط تولید، ایجاد زمینه برای تشویق بخش خصوصی به سرمایه گذاری بیشتر در دامپروری، ایجاد فضای رقابتی در اصلاح نژاد در داخل کشور و برنامه ریزی دراز مدت برای دستیابی به سهم ملی از بازار جهانی است.

منابع

۱. اطهری مرتضوی ب.، شادپرور ع.، میرمهودی چابک س. و مهدی زاده م. ۱۳۸۹. برآورد ضرایب اقتصادی برخی از صفات گاو بومی استان گیلان در سیستم پرورش میان بند. چهارمین کنگره علوم دامی ایران. ص ۲۹۲.
۲. خدایی م. ۱۳۸۳. تعیین اهداف اصلاح نژاد گوسفند گیلانی از طریق برآورد ضرایب اقتصادی صفات تولیدی. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشگاه گیلان.
۳. زحمتکش ر.، بوستان ع.، فروتنی فر ص. و شادپرور ع. ۱۳۸۷. تاثیر فصل زایش بر میزان سوددهی و ضرایب اقتصادی صفات گوسفند قره گل در سیستم های پرورشی استان فارس. سومین کنگره علوم دامی کشور. ص ۲۴۸.
۴. زحمتکش ر.، شادپرور ع.، عشایری زاده الف و افشار منش ع. ۱۳۸۷. برآورد ضرایب اقتصادی صفات تولیدی گاو هولشتاین در استان فارس. سومین کنگره علوم دامی کشور. ص ۲۴۸.
۵. شادپرور ع. ۱۳۷۶. تعیین مناسب ترین هدف اصلاح نژاد گاو هلشتاین در ایران. رساله دوره دکتری دانشکده کشاورزی تربیت مدرس. تهران.
۶. شادپرور ع.، ب. محمودی و م. اسکندری نسب. ۱۳۸۳. تعیین ضرایب اقتصادی صفات تولیدی و طول عمر جهت شاخص انتخاب گاوهای هلشتاین ایران. مجموعه مقالات اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور. جلد دوم: ۷۵۶-۷۵۹.
۷. صادقی سفید مزگی ع. مرادی شهر بابک م. نجاتی جورمی ا. شادپرور ع. ۱۳۸۷. برآورد ارزش اقتصادی برای صفات تولیدی و طول عمر در گاوهای هولشتاین. علوم کشاورزی ایران. ۳۹. (۲). ۲۳۵-۲۲۷.
۸. صحراگرد احمدی س.، شادپرور ع. و اسدالهی ص. ۱۳۸۹. برآورد ضرایب اقتصادی صفات تولید شیر و وزن بدن در گاوهای آمیخته استان لرستان. چهارمین کنگره علوم دامی ایران. ص ۳۰۹.
۹. طالبی علی آبادی م. ۱۳۸۸. شاخص انتخاب برای بهبود صفات رشد و ترکیب لاشه در گوسفندان لری بختیاری. رساله دکتری. دانشگاه تهران.
۱۰. غضنفر زاده، الف. و ع. شادپرور. ۱۳۸۳. بررسی ضرایب اقتصادی در مرغان مادر گوشتی. مجموعه مقالات اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور. جلد دوم: ۶۶۱-۶۶۳.
۱۱. غنی پور م.، شادپرور ع.، میرحسینی س. ض. و صیداوی ع. ۱۳۸۶. برآورد ارزش اقتصادی صفات تولیدی و تولید مثلی سه لاین تجاری کرم ابریشم ایران در گرایش حداقل هزینه. پژوهشنامه علوم کشاورزی. ج ۱، شماره ۷: ۴۵-۵۷.

۱۲. فلاچپور س.، شادپرور ع.، قوی حسین زاده ن. و مهدی زاده اسطوخ کوهی م. ۱۳۸۹. برآورد ضرایب اقتصادی تداوم شیردهی در گاوهای هلشتاین استان گیلان. چهارمین کنگره علوم دامی ایران. ص ۳۱۰.
۱۳. مولایی ص.، شادپرور ع.، برازنده الف. و مختاری م. ۱۳۸۷. تشکیل شاخص انتخاب با چند صفت برای بز کرکی راینی. سومین کنگره علوم دامی کشور. ص ۲۳۹.
۱۴. مولایی مقبلی ص. ۱۳۸۴. توسعه یک مدل زیستی-اقتصادی برای بز کرکی راینی. پایان نامه کارشناسی ارشد دامپروری. دانشگاه گیلان.
۱۵. میر مهدوی چابک س. الف.، اسکندری نسب م.، شادپرور ع. و قربانی الف. ۱۳۸۵. برآورد ضرایب اقتصادی تولید شیر و طول عمر در گرایش حداقل هزینه و در محدودیت کل نهاده در سه گاو داری هلشتاین. علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی. ج ۱۰، شماره ۲: ۱۶۹-۱۷۹.
۱۶. میر مهدوی چابک س. الف.، شادپرور ع.، اسکندری نسب م. و قربانی الف. ۱۳۸۶. برآورد ضرایب اقتصادی تولید شیر، درصد چربی و پروتئین و طول عمر گله در گرایش حداکثر سود با استفاده از معادله سود. مجله دانش کشاورزی ج ۱۷، شماره ۲: ۱۴۵-۱۵۶.
۱۷. نیک بین س. و شادپرور ع. ۱۳۸۵. برآورد درآمد خالص نسبی و ارتباط آن با صفات تولیدی در گاوهای شیری کشت و صنعت مغان. علم و فناوری. ج ۵، شماره های ۱ و ۲: ۷۳-۸۲.
۱۸. وطن خواه م. ۱۳۸۴. ارائه مدل مناسب اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری در سیستم روستایی. رساله دکتری. دانشگاه تهران.
۱۹. وطن خواه م. م. مرادی شهر بابک، الف. نجاتی جوارمی، س. ر. میرایی آشتیانی و ر. واعظ ترشیزی. ۱۳۸۳. مروری بر اصلاح نژاد گوسفند در ایران. اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور. جلد دوم: ۵۹۱-۵۹۸.
20. Abdollahy H., S. Hasani, S. Zerehdaran, A. A. Shadparvar, B. Mahmoudi. 2012. Determination of economic values for some important traits in Moghani sheep. Small Rumin. Res. Vol. 105: 161-169.
21. Brascamp E. W., C. Smith, and D. R. Guy. 1985. Derivation of economic weights from profit equations. Anim. Prod. Vol. 40:175-180.
22. Dekkers, J.C.M. 1991. Estimation of economic values for dairy cattle breeding goals: bias due to sub-optimal management policies. Livest. Prod. Sci. 29:131-149.
23. Goddard M. E. 1998. Consensus and debate in the definition of breeding objectives. J. Dairy Sci. Vol. 81(2):6-18.
24. Haghdooost A., A. A. Shadparvar, M. T. Beigi Nasiri and J. Fayazi. 2008. Estimate of economic values for traits of Arabic sheep in village system. Small Rumin. Res. Vol. 80: 91-94.
25. Harris D. L. 1970. Breeding for efficiency in livestock production: Defining the economic objectives. J. Anim. Sci. Vol. 30:860-865.
26. Hazel L. N. 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. Genetics. Vol. 28:476-490.
27. Hazel L. N. and J. L. Lush. 1943. The efficiency of three methods of selection. J. Hered. Vol. 33:393-399.
28. Kalantari A. S., H. Mehrabani-Yeganeh, M. Moradi, A. H. Sanders and A. De Vries. 2010. Determining the optimum replacement policy for Holstein dairy herds in Iran. J. Dairy Sci. Vol. 93:2262-2270.

29. Kosgey I. S., Van Arendonk J. A. M. and Baker R. L. 2004. Economic values for traits in breeding objectives for sheep in the tropics: impact of tangible and intangible benefits. *Livest. Prod. Sci.* 88, 143-160.
30. Kulak K., J. Wilton, G. Fox and J. Dekkers. 2003. Comparisons of economic values with and without risk for livestock trait improvement. *Live. Prod. Sci.* Vol. 79:183-191.
31. Lush J. L. 1937. *Animal Breeding Plans* (1st Ed.) The Collegiate Press, Ames, Iowa.
32. Nielsen H. M., L. G. Christensen and A. F. Groen. 2005. Derivation of sustainable breeding goals for dairy cattle using selection index theory. *J. Dairy Sci.* Vol. 88:1882-1890.
33. Sadeghi-Sefidmazgi A., M. Moradi-Sharbabak, A. Nejati-Javaremi, S. R. Miraei-Ashtiani and P. R. Amer. 2012. Breeding objectives for Holstein dairy cattle in Iran. *J. Dairy Sci.* Vol. 95:3406-3418.
34. Shadparvar A. A. and S. Nikbin. 2008. Optimum model for analyzing lifetime profitability of Holstein cows. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* Vol. 21, No. 6: 769-775.

A review on estimation of economic values for traits in Iran
Shadparvar A. A.

Animal Sci. Dept., Agriculture fac., University of Guilan.
Email:shad@guilan.ac.ir;shadparvar@yahoo.com

Abstract:

Since 1997, when the first estimation of economic value of traits in Iran was published, a lot of researches have been conducted on definition of breeding objectives for cow, sheep and other animals, and theoretical aspects of their results are discussed in this paper. Application of bio-economic models and consideration of various restrictions on production system, distribution type of traits as well as differences of traits in term of time and number of expressions is now technically possible in Iran. Nevertheless, some theoretical points are still to be examined, including identification of the type of profit function, determination of optimum management parameters, consideration of uncertainty in prices in future and the characteristics of a sustainable production system.

Key words: Economic value –Profit function -Bio economic models –Optimum management

حال و آینده تحقیقات بیوتکنولوژی دامی کشور

محمد رضا نصیری - دانشیار دانشگاه فردوسی مشهد

nassiryr@um.ac.ir

چکیده:

امروزه توسعه کمی و کیفی هر کشور در گرو به کارگیری نکتونولوژیهای نوین است که بیوتکنولوژی از جمله این تکنولوژیها می باشد. بیوتکنولوژی در شاخه های مختلف در حال گسترش است. شاخه بیوتکنولوژی حیوانی یکی از شاخه های مهم این تکنولوژی نوین محسوب می شود که در سطح جهانی در حال گسترش و توسعه است. تولید پروتئینهای نو ترکیب مثل آنزیمها، واکسنها، اسیدهای آمینه و آنتی بادیهای نو ترکیب، توسعه روشهای تشخیص مولکولی، توسعه مباحث انتخاب ژنومی و GWAS از جمله مباحثی است که در چارچوب بیوتکنولوژی حیوانی در حال گسترش هستند. البته تولید حیوانات ترانس ژنیک و مطالعات فیزیولوژیک دامهای اهلی نیز در این حوزه قابل بررسی می باشند. در کشور ما نیز در چهارچوب موضوعات فوق تحقیقاتی در حال انجام است ولی با توجه به عدم تمرکز و پراکنده کاری هنوز جایگاه واقعی بیوتکنولوژی حیوانی بطور موثر مشخص نیست.

مقدمه:

بیوتکنولوژی را می توان مجموعه ای از روش ها و فنونی دانست که در آن از ارگانیسم های موحود زنده و یا قسمتی از آنها برای تولید ، تغییر فرآورده ها، بهینه سازی گیاهان یا حیوانات و تولید میکروارگانیسم های جدید استفاده می شود. بیوتکنولوژی یکی از امیدهای قرن آینده برای رفع بسیاری از نیازهای مختلف بشر و راه حلی برای تامین امنیت غذایی جمعیت روبه رشد جهان به شمار می رود و یکی از ۷ رشته کلیدی فناوری جهان در قرن حاضر محسوب می شود که می تواند با تکیه بر مباحث کلیدی زیر جوابگوی بسیاری از مشکلات حال حاضر بخش کشاورزی ایران و دنیا باشد:

- ایجاد محصولات با تولید بالاتر
- کاهش هزینه های بخش تولید
- تولید محصولات با کیفیت بالاتر
- تولید محصولات با ارزش افزوده بالاتر
- کاهش خسارت محصول و ضایعات غذا
- ارتقاء کشاورزی پایدار و کاهش فشار بر محیط زیست
- عمده ترین کاربردهای بیوتکنولوژی در کشاورزی را می توان به دسته های زیر تقسیم کرد:
- ایجاد دامهای تراریخته که دارای خصوصیات ویژه ای مانند تولید شیر زیاد یا گوشت کم چربی
- ایجاد جانورانی که بعنوان کارخانه تولید آنتی بادی و واکسن و دارو عمل کنند
- ایجاد ماهیها و سایر دامهایی که با سرعت زیاد رشد می کنند
- تشخیص تقلب در مواد غذایی و خواک دام و طیور
- تولید مواد غذایی غنی شده بیولوژیکی

بیوتکنولوژی نوین در ایران با یک یا دو دهه تاخیر نسبت به کشورهای پیشرفته یعنی از اواسط دهه ۱۳۶۰ آغاز شده است. اما شروع این فعالیتها و توجه جدی به این تکنولوژی در سالهای اخیر انجام گرفته است. به هر روی می توان چهارچوب مباحث مطروحه در زمینه بیوتکنولوژی حیوانی را به شکل زیر دسته بندی نمود.

نشانه های مولکولی:

تمامی تفاوت های ژنتیکی موجود میان افراد، لاین ها، جمعیتها، گونه ها، نژادها و یا سویه های مختلف را که باعث تمایز بین آنها شود را می توان به عنوان نشانگر ژنتیکی در نظر گرفت (۱).

تاکنون انواع متعددی از نشانگرها شناسایی و بکار گرفته شده اند و کاربردهای متنوعی برای آنها پیشنهاد شده است. پیشرفتهای اخیر در زمینه ژنتیک مولکولی نشانگرهای جدیدی را معرفی کرده که سطوح بالایی از چندشکلی را نشان می دهند و بخوبی برای آنالیز تنوع ژنتیکی در داخل و بین جمعیتها مناسب می باشند (۱).

در حال حاضر نشانگرهای DNA مبتنی بر PCR کاربرد بسیار بیشتری دارند. از انواع نشانگرهای DNA مبتنی بر PCR می توان به چندشکلی طول قطعات حاصل از هضم آنزیمهای محدودگر (RFLP)، تکثیر تصادفی DNA چند شکل (RAPD)، چند شکلی طول قطعات تکثیر شده (AFLP)، چند شکلی شکل فضایی رشته های منفرد (SSCP)، تکرارهای متوالی کوتاه (STR) و چند شکلی های تک نوکلئوتیدی اشاره کرد. چند شکلی های تک نوکلئوتیدی یکی از بهترین و پر کاربردترین مارکرها های مولکولی می باشد که در تحقیقات حوزه ژنومیکس انسانی و حیوانی بخوبی در حال استفاده است. امروزه مباحث انتخاب ژنومیک و مطالعه ارتباط ژنومی مرتبط با مارکر چند شکلی های تک نوکلئوتیدی می باشد (۲).

در صورتی که صنعت، انتخاب ژنومیک را قبول کند و انتخاب ژنومیک به طور صحیح به کار گرفته شود، انتظار بر این است تا پیشرفت ژنتیکی بیشتری نسبت به گذشته برای گاوهای شیری به دست آید. ما انتظار داریم که نرخ پیشرفت ژنتیکی سالانه در اکثر صفات مهم حداقل ۳۰٪ و شاید بیش از ۵۰٪ افزایش یابد. بعضی از منابع از صرفه اقتصادی ۱,۳۶ تا ۲,۵۹ برابری انتخاب ژنومیک نسبت به انتخاب کلاسیک گزارش داده اند (۳).

در طی سالهای اخیر کاربرد تمامی این نشانگرها در علوم دامی در آزمایشگاه بیوتکنولوژی حیوانی دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد بهینه شده است. ازجمله آنها می توان به استفاده از آنها در تشخیص پلی مورفیسم ژنهای اقتصادی تشخیص بیماری های ژنتیکی و غیر ژنتیکی تشخیص گونه های حیوانی و تقلبات غذائی اشاره کرد. سایر دانشگاههای کشور و مراکز تحقیقاتی نیز در این بخش فعال هستند.

چندشکلی های تک نوکلئوتیدی (SNP):

از مباحث جالب حوزه ژنتیک مولکولی مطالعات چند شکلی های ژنتیکی تک نوکلئوتیدی می باشد که اصطلاحاً SNP یا Snip خوانده می شود. مطالعه بر روی چند شکلی های تک نوکلئوتیدی از اهمیت ویژه ای برخوردار است زیرا رایج ترین حالت تنوع ژنتیکی در انسان می باشد و حدود ۹۰ درصد تنوع ژنتیکی را پوشش می دهند. حدود ۱۰ میلیون SNP در ژنوم انسان و گاو وجود دارد که بین ۵۰ تا ۲۵۰ هزار از آنها دارای تاثیر بیولوژیک می باشند. امروزه به کمک روش های آماری ارتباط خوبی بین SNP ها با احتمال ابتلا به بیماری ها، تشخیص هویت، بیماری های ژنتیکی، مطالعات فارماکوژنتیک و مطالعات QTL برقرار شده است. با مطالعه بر روی SNP ها می توان به اطلاعاتی در زمینه ی ژنتیکی افراد برای ابتلا به یک بیماری خاص، دست یافت و یا تشخیص یک بیماری ژنتیکی را تایید کرد. از آنجایی که SNP ها در سراسر ژنوم به وفور یافت می شوند احتمال اینکه حداقل

یکی از این مارکرها با تنوع موجود در جایگاه موثر بر صفت کمی پیوسته باشند، بسیار زیاد می باشد؛ بنابراین تنوع موجود در جایگاه صفت کمی به کمک تنوع موجود در SNP قابل ردیابی می باشد. در حال حاضر فن آوری های توالی یابی نسل جدید بهترین مسیر شناسایی SNP می باشند (۴).

کنترل کیفی مواد غذایی و خوراک دام:

در سالهای اخیر شناسایی تقلب در گوشت گونه های حیوانی و ماهی، تشخیص ژنتیکی میوه ها و سبزیجات در غذاهای فرآوری شده صنعتی، شناسایی منشأ جغرافیایی روغن زیتون و برنج باسماتی از غیر باسماتی، شناسایی کمی مقادیر بافت های عصبی و ضایعات لاشه در محصولات فرآوری شده صنعتی با استفاده از روش های مبتنی بر PCR مقدور گشته است (۵). بنابراین توسعه روشهایی که بتواند حضور انواع گونه های حیوانی استفاده شده در مواد غذایی را ردیابی و اثبات نماید جهت کنترل مواد غذایی تولید شده ضروری به نظر می رسد.

پیشرفت چشمگیر علم بیوتکنولوژی در سالهای اخیر و دقت بسیار بالای تکنیکهای مولکولی مبتنی بر PCR، اعمال روشهایی که بتواند با سرعت زیاد و دقت بسیار بالا در تشخیص تقلبات و شناسایی انواع گونه های حیوانی (گاو، گوسفند، بز، اسب سانان و خوک سانان) در فرآورده های پروتئینی مورد استفاده در تغذیه انسان مانند سوسیس، کالباس، گوشت چرخ کرده و در خوراک دام و طیور از قبیل انواع پودر ماهی، شدت قابل لمس نموده و فقدان آن مشهود است. بر همین مبنا جهت حمایت از حقوق مصرف کنندگان باید از روشهای مولکولی مبتنی بر PCR جهت بررسی اعمال تقلب در مواد غذایی و محصولات جانبی فرآورده های دامی و خوراک دام و طیور به بهترین نحو ممکن بهره جست. در سالهای اخیر، تکنیک های مولکولی بویژه نشانگرهای DNA به یاری متخصصین مربوطه آمده و به ابزاری قابل اعتماد و مناسب جهت مطالعات مربوط به تشخیص گونه های استفاده شده در مواد غذایی و خوراک دام و تشخیص تقلبات تبدیل گردیده اند. در کشور ما نیز تحقیقات متنوعی در این بخش صورت گرفته است که این مهم در دانشگاه فردوسی مشهد بخوبی در جهت تشخیص تقلبات در مواد غذایی و خوراک دام برقرار است (۶).

تنوع زیستی:

در سالهای اخیر در کشور تحقیقات متنوعی در این بخش و در گونه های مختلف از قبیل گاو گوسفند اسب و طیور کشور صورت گرفته است که اکثراً از مارکر میکروساتلایت استفاده نموده اند. در یکی از کارهای انجام شده توسط ما بررسی تشخیص انسب در اسب اصیل ترکمن ایران با استفاده از چهار جایگاه نشانگر ریزماهوره (HMS02، HMS03، HMS07 و AHT04) مورد بررسی قرار گرفت. نتایج این تحقیق مشخص نمود که این ۴ جایگاه با توجه به چند شکلی و احتمال حذف بالای مشاهده شده، می توانند به عنوان یک نشانگر ملکولی مناسب در تست انسب در اسبهای اصیل ترکمن مورد استفاده قرار گیرند (۷). بررسی تنوع زیستی در جمعیت قوچ و میش پارک ملی تندوره نیز از جمله کارهای دیگری بود که ما بر روی آن کار کردیم (۸).

شناسایی بیماریهای ژنتیکی:

بررسی و شناسایی بیماریهای ژنتیکی در جوامع انسانی و دامی از اهمیت ویژه ای برخوردار است و در این راستا استفاده از روش های نوین مولکولی در تشخیص ژن های مغلوب نهفته و اتوزومال در افراد هتروزیگوت ما را در جلوگیری از تشخیص ژن های مغلوب در اجتماع یاری می کند. چندین ژن مغلوب اتوزومال در نژاد های مختلف گاو شناسایی شده اند که باعث مرگ و میر گوساله های تازه متولد شده و یا جنین آنها می گردند. هدف از این تحقیق، بررسی و شناسایی حاملین بیماریهای ژنتیکی نقص در ژن تولید کننده آنزیم یوریدین منوفسفات سنتاز (DUMPS) و نقص در چسبندگی گلبولهای سفید (BLAD) در گاوهای بومی نژاد سرابی بود (۹). نتایج حاصل از بررسی الگوهای هضمی برای دو بیماری BLAD و DUMPS نشان داد که هیچ یک از دام های موجود در ایستگاه تحقیقاتی گاو سرابی حامل ژن های جهش یافته نبودند. این موضوع عدم استفاده از اسپرم های خارجی و اصیل بودن دام های این ایستگاه را تایید می نماید. نتایج حاصل از این تحقیق نشان دادند که لزوم استفاده از تکنیک های مولکولی به منظور شناسایی ناقصین این بیماری ها چه در سطح گله و چه در سطح اسپرم های وارداتی و تولیدی مراکز اصلاحی داخل کشور امری غیر قابل انکار می باشند (۹).

مطالعه ای دیگر با هدف شناسایی حاملین بیماریهای ژنتیکی (DUMPS) و پیچیدگی ستون فقرات (CVM) در گاو های نر هلشتاین ایرانی انجام گرفت. این بیماریها، یک اختلال نهفته ارثی در گاوهای هلشتاین می باشد. نتیجه این پژوهش نشان داد که هیچ ناقلی از بیماریهای CVM و DUMPS در گاوهای نر هلشتاین ایرانی موجود در این مراکز وجود نداشت (۱۰).

پروتئین های نو ترکیب:

با پیشرفت تکنولوژی نو ترکیب در اواخر سال ۱۹۷۰، استفاده از پروتئین های نو ترکیب در علم درمان به عنوان یک استراتژی جذاب جهت تغییر بیولوژی پیشرفت بیماری ها مورد توجه قرار گرفت. در اوایل ۱۹۷۰، انسولین انسانی نو ترکیب از باکتری *Escherichia coli* اولین داروی نو ترکیبی بود که وارد بازار شد. به دنبال آن پیشرفت چندین هورمون رشد تولید شده در باکتری و تولید آنتی بادی های تولید شده از کلونی ها از قبیل *Infliximab* و *Rituximab* در لاین های سلولی پستانداران اتفاق افتاد. اگرچه تکنولوژی پروتئین های نو ترکیب یک فرصت تجاری مناسب را ایجاد می کند، وارد کردن یک پروتئین نو ترکیب به بازار تجارت نیازمند یک سرمایه گذاری اساسی و قابل توجهی در زمان و منابع دیگر می باشد. به دلیل اینکه فرآیند سنتز و خالص سازی برای هر پروتئین تکنیک های پیچیده و سختی می باشند تخمین منابع و صحت انجام کار می تواند که دچار چالش شود. معمول ترین سیستم های بیان داروهای نو ترکیب باکتری ها (معمولاً *E. coli*)، مخمرها (معمولاً *Saccharomyces cerevisiae*) و یا سلول های پستانداران می باشند. خصوصیات کلیدی این سیستم های بیان، سهولت و کیفیت تولید آنها را تحت تاثیر قرار می دهد. تبدیل شدن از یک تولید آزمایشگاهی یک پروتئین به مقادیر تجاری نیازمند استراتژی ها و انعطاف پذیری خاصی می باشد (۱۱).

امروزه بیوتکنولوژی بیش از ۲۰۰ روش درمانی و واکسن هایی جهت درمان سرطان، دیابت، HIV/AIDS و ناهنجاری های خود ایمنی تولید کرده است. آنتی بادی های مونوکلونال (تک کلونی) انتظار می رود که بزرگترین مشتقات بازار داروهای نو ترکیب در پنج سال آینده باشند و انتظار می رود که ارزشی بالغ بر ۷۹ بلیون دلار آمریکا در سال ۲۰۱۵ داشته باشند. طبق ارزیابی که توسط IMARC انجام شده است هشت فروشنده برتر این داروها کشور های آمریکا، آلمان، ژاپن، فرانسه، ایتالیا، اسپانیا، انگلیس و کانادا می باشند که پیش بینی شده است که در حدود ۷۹ درصد فروش جهانی این محصولات تا سال ۲۰۱۵ در انحصار این کشورها می باشد. پروتئین های نو ترکیب، انسولین، اریتروپوئیتین ها، اینترفرون ها، فاکتورهای محرک کلونی،

ایمیونوگلوبولین ها، فکتورهای نوترکیب خون، هورمون های رشد، آنزیم های نوترکیب، اینترلوکین ها، فاکتورهای رشد، آنتی بادی های مونوکلونال و پروتئین های تخلیص یافته می باشند (۱۲).

در دانشگاه فردوسی مشهد نیز فعالیتهایی در مورد تولید پروتئینهای نوترکیب با اهداف مختلف صورت گرفته است که در ادامه به آنها اشاره می شود. یکی از محورهای تحقیقاتی مورد بررسی در این زمینه طراحی آنتی ژن های ایمنی زا برای بیماری تب برفکی می باشد. در این تحقیق همسانه سازی و بیان پروتئینهای ساختاری P1 و غیر ساختاری 3C ویروس تب برفکی سروتپ O جدا شده از استان خراسان رضوی در مخمر پیشیا پاستوریس و ارزیابی پاسخ ایمنی آنها در خوکچه هندی مورد مطالعه می باشد (۱۳).

علاوه بر آن در زمینه های تولید پروتئینهای نوترکیب فیتاز و سلولاز نیز در حال تحقیق هستیم. شاید بتوان گفت که دانشگاه فردوسی مشهد در این زمینه پیشگام است.

حیوانات ترانس ژنیک:

صنعت بیوتکنولوژی به طور مداوم در حال کشف روش هایی برای تولید فرآورده از ژن هایی است که همسانه سازی (کلون) می شوند. استفاده از اشریشیاکلی در اوایل دهه ۸۰، روش غالب برای تولید بود. سپس، همانطور که تولیدات ژن ها پیچیده تر شد، سیستم کشت بافت های جانوری مورد استفاده قرار گرفت. هزینه تولید هر گرم پروتئین نوترکیب از طریق کشت بافت بالغ بر ۱۰۰۰ دلار است؛ به همین دلیل، لزوم توسعه روش ارزان تر مورد توجه قرار گرفت. روش جایگزین برای تولید پروتئین های نوترکیب، استفاده از حیوانات تراریخته است. با تشخیص پیشبرنده هایی (Promoter) که ژن ها را در اندام های ترشحی تولید می کنند، فرآورده کلون شده می تواند به سمت مایعات بدن مثل خون، شیر، ادرار، لنف یا بزاق هدایت شود. تاکنون پروتئین های آلفا-۱- آنتی تریپسین، آنتی هموفیلیک- فاکتورهای IX و VIII خونی، پروتئین C، آنتی ترومبین III و هورمون رشد انسانی از طریق این تکنولوژی تولید شده اند.

در این بخش و همراه با تلاشهای دنیا محققین کشور ما نیز در پژوهشکده رویان اصفهان تحقیقات ستودنی داشته اند.

بیان ژن:

یکی از بهترین روش های تعیین ویژگی وضعیت عملکرد یک سلول خاص الگوی بیان ژن آن است. سلولهای متعلق به بافتهای مختلف، سلولها در مراحل مختلف رشد و متابولیک، سلولهای تحت تاثیر ترکیبات متفاوت یا سلولهای داخل پروسه سرطانی شدن با تغییر الگوی تظاهر ژنی شان تغییر می کنند و بنابراین به لحاظ موجودی mRNA با هم متفاوتند. تاکنون مهمترین تکنیک برای بیان کمیت دقیق تظاهر ژن روش فلورسانس کمی real time شناخته شده است.

در حال حاضر از این روش به طور گسترده برای آنالیز بیان ژنها با اهداف مختلف استفاده می شود. در یک مطالعه انجام گرفته در دانشگاه فردوسی مشهد از این روش برای بررسی میزان بیان ژن های P53 و VEGF-C در سرطان پستان سگ به عنوان یک مدل حیوانی استفاده شده است (۱۷). همچنین در مطالعه ای به منظور بررسی اثرات متقابل تغذیه و ژنتیک و بررسی محدودیت غذایی و سطوح مختلف انرژی و پروتئین تغذیه ای بر عملکرد و بیان ژن Gherline در جوجه های گوشتی از روش Real-Time PCR استفاده شد (۱۸).

خوشبختانه در این بخش از مطالعات بیوتکنولوژی پیشرفت خوبی بخصوص در بخش تغذیه دام دیده می شود.

مطالعات اپی ژنتیک:

اپی ژنتیک به فرایندی گفته می شود که بدون اثر بر توالی اصلی DNA، الگوهای بیان ژن را تغییر می دهد. در تومورها، تغییرات اپی ژنتیک اغلب به خاموشی نابه جای ژن ها منجر می شود. خاموشی رونویسی نتیجه هماهنگی دو تغییر در ساختار کروماتین است که عبارتند از هیپرمتیلاسیون DNA و اصلاحات هیستونی. بنابراین تغییرات اپی ژنتیک نتیجه این دو فرایند است. درک بهتر فرایند اپی ژنتیک که سبب مهار رونویسی می شود، به محققان امکان می دهد تا عوامل جدیدی را برای درمان مولکولی هدفمند سرطان شناسایی کنند (۱۹).

فرایند تمایز سلول های بنیادی از حالت پرتوان به سلول های متعهد و ویژه، مستلزم بروز تغییرات کلی در الگوی بیان ژن در آنهاست که از شناخته شده ترین آنها تغییرات "اپی ژنتیکی" است. مکانیسم های اپی ژنتیکی شامل متیلاسیون DNA، تغییرات در سطح هیستون ها و تنظیمات وابسته به RNA های غیرکد شونده می شود که به عنوان عوامل اصلی کنترل بیان ژن در طی رشد و نمو سلول مطرح هستند. با توجه به اطلاعات مربوط به توالی ژنوم، بررسی تغییرات اپی ژنتیکی می تواند درک خوبی در خصوص چگونگی امکان بنیادینگی و تمایز هدفمند سلول های بنیادی فراهم کند (۲۰). در دانشگاه فردوسی مشهد نیز تحقیقات جدیدی در زمینه بررسی اپی ژنتیک در ژنتیک حیوانی طرحریزی شده است. در یکی از این تحقیقات روی پروفایل RNA های غیرکدشونده در گاو تحقیقاتی انجام گرفته است که نتایج آن به زودی منتشر خواهد شد.

شناسائی و بهره گیری از ژنهای حیوانات اهلی:

اخیراً توجه ویژه ای به استفاده از پروتئینهای دامی به عنوان عوامل مؤثر دارویی برای پیشگیری و کنترل بسیاری از بیماریها مانند سرطان و تصلب شرایین شده است. به عنوان مثال یک مجله تخصصی علوم شیمی اعلام کرد: شیر شتر برای بهبودی بیماری زخم معده و تصلب شرایین بسیار مفید است. شیر شتر برای تقویت عضله قلب کودکان و جلوگیری از ابتلا به بسیاری از سرطان ها مفید است. آخرین مطالعات علمی نشان می دهد شیر شتر یک شیوه درمان مفید برای مداوای زخم اثنی عشر و جلوگیری از ابتلا به سرطان است. در شیر شتر پروتئین ویژه ای وجود دارد که نقشی مشابه هورمون انسولین دارد که در هر لیتر شیر ۴۰ واحد از آن یافته می شود، این پروتئین میزان کلسترول خون را کاهش داده و مانع تصلب شرایین می شود. چنین کاربردهای نوین برای بیوتکنولوژی می تواند به عنوان بنیانی برای طرح ریزی برنامه های تحقیقاتی آینده در این زمینه مورد توجه قرار گیرد.

مطالعات مولکولی میکرو ارگانسیم ها

در این بخش موضوعات بسیار جالبی جهت تحقیقات وجود دارد که محققین بخوبی می توانند در این حوزه قدم بردارند. همکاران متخصص تغذیه بخوبی می توانند در این قسمت تحقیقات پایه ای را داشته باشند. در کشور نیز این حوزه در حال توسعه است.

بیوانفورماتیک:

سیستم های بیانی مختلفی به وسیله میکروارگانسیم ها، حشرات، گیاهان برای تولید پروتئین های مفید توسعه یافته است. سیستم های قارچی یکی از سیستم های مفید برای بیان بالا می باشد. برای افزایش بهره وری تولید پروتئین با روش های مهندسی

ژنتیک فاکتورهای مختلفی مانند فعالیت پروموتور، میزان ترجمه، گلی کوزیلاسیون، تعداد نسخه های ژن هدف و تخریب به وسیله پروتئازهای قارچی باید مد نظر قرار گرفته شود. مهمترین فاکتور افزایش سطح نسخه برداری است. تمام مطالعات فوق در بستر مطالعات بیوانفورماتیک قابل ردیابی است. در یکی از پروژه های ما ارائه ساختار جدید آنزیم فیتاز به منظور افزایش بیان و پایدار سازی گرمایی بود.

با توجه به اینکه یکی از اهداف اصلی این طرح بالا بردن میزان بیان فیتاز قارچی است دستیابی به یک پروموتور مناسب از اهمیت بالایی برخوردار می باشد. بدین منظور تجزیه و تحلیل های بیوانفورماتیکی بر روی ناحیه بالادست ۴۵ فیتاز قارچی (phy A) و همچنین نواحی ایترونی به عنوان یک ناحیه غیرکدکننده که دارای جایگاه ویژه در تنظیم بیان ژن است، با استفاده از نرم افزارهای مختلف انجام گرفت. نتایج حاصل از این آنالیزها منجر به انتخاب یک ناحیه ایترونی ۱۱۲bp با بالاترین نسبت تعداد موتیف به طول و همچنین ۲ قطعه ۱۰۰bp از ناحیه بالادست گونه *Aspergillus niger* varawamori به دلیل داشتن تراکم بالای موتیف و نواحی غنی از CpG، گردید.

مطالعات متنوعی در دنیا در این حوزه در حال انجام است که ز جمله به مباحث System Biology می توان اشاره کرد. خوشبختانه در کشور ما نیز حرکت های خوبی در این حوزه شروع شده است که از جمله به تحقیقات دانشگاه های لرستان و فردوسی مشهد می توان اشاره کرد. نتیجه گیری:

تحقیقات متنوعی در سرفصل های مختلف حوزه بیوتکنولوژی حیوانی در کشور انجام شده است و یا در حال انجام است که ستودنی است ولی مشکل اساسی در عدم وجود استراتژی مشخص در این بخش می باشد بطوریکه حرکت کلی کشور قابل تشخیص نیست. لذا وظیفه مسئولین و محققین در تبیین مسیر آینده بیوتکنولوژی حیوانی یک ضرورت محسوب می گردد. خوشبختانه دانش بیوتکنولوژی در بخش دام همراه با سایر بخشها از جمله پزشکی و گیاهی توسعه یافته است که خود نیز جای امیدواریست.

در کشور ما دانشگاه های فردوسی مشهد، کشاورزی ساری، شهید باهنر کرمان، تهران، صنعتی اصفهان، گیلان، تربیت مدرس، تبریز، کشاورزی گرگان و زابل در این حوزه فعال هستند که خود قابل توجه است. از طرف دیگر محققین مراکز تحقیقاتی از قبیل مرکز تحقیقات علوم دامی کشور برخی از شعبات مرکز تحقیقات بیوتکنولوژی کشاورزی و پژوهشکده رویان اصفهان نیز در حوزه بیوتکنولوژی حیوانی بشدت در حال فعالیت هستند. البته برخی از واحدهای آموزشی دانشگاه آزاد اسلامی نیز در این زمینه فعالیت محدودی را دارند. قطعاً در صورت قرارگیری مراکز آموزشی و تحقیقاتی در کنار یکدیگر بهره وری بیشتری حاصل خواهد شد.

عمده تحقیقات کشور در غالب تشخیص پلی مورفیسم بصورت تک SNP و ارتباط آن با صفات تولیدی در این بخش قرار دارد که از دیدگاه کلان و در مقایسه با تحقیقات جهانی از جایگاه نازلی برخوردار است لذا ضرورت بازبینی آن ملموس است. در این بین ضرورت تعیین گونه دام اهلی مورد مطالعه نیز از اهمیت خاصی برخوردار است.

منابع:

۱- اسماعیل خانیان، س. ۱۳۸۲. آشنایی با نشانگرهای ژنتیکی. درسنامه کارگاه.

۲- نقوی، م.، ب. قره‌یاضی، و ق. حسینی سالکده. ۱۳۸۴. نشانگرهای مولکولی. انتشارات دانشگاه تهران.

3- <http://www.genome.gov/sequencingcosts/>

۴- نصیری، م. ۱۳۹۱. چندشکلی های تک نوکلئوتیدی. در حال تدوین.

5- Woolfe, M., and S. Primrose. 2004. Food forensics: using DNA technology to combat misdescription and fraud. J. TRENDS in Biotechnology. 22(5): 222-226.

۶- قوتی، ش. ۱۳۸۶. تشخیص تقلبات در محصولات فرآوری شده صنعتی و خوراک دام و طیور با استفاده از توالی DNA میتوکندری. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد.

۷- سموزاد، م. ۱۳۸۹. بررسی امکان تشخیص انسب در اسب اصیل ترکمن ایران با استفاده از ۴ جایگاه نشانگر ریزماهواره. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد.

۸- نصیری، م. ۱۳۸۹. بررسی تنوع زیستی در جمعیت قوچ و میش پارک ملی تندوره با تست DNA. گزارش پروژه تحقیقاتی. دانشگاه فردوسی مشهد.

۹- مهدوی، م. ۱۳۸۸. بررسی بیماریهای ژنتیکی BLAD و DUMPS در گاوهای بومی نژاد سرابی ایران. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد.

۱۰- رضایی خراسانی، ع. ۱۳۸۷. بررسی بیماریهای ژنتیکی CVM و DUMPS در گاوهای نر هلشتاین ایران. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد.

11- White J, The Business of Recombinant Protein Production. 9th annual coference Hilton Baltimor, MD USA, April 2012.

12- <http://www.slideshare.net/anandanlyst83/global-biopharmaceutical-market-report-2010-2015>

۱۳- الشوکانی، ع. ۱۳۹۱. کلونینگ و بیان ژنهای کدکننده نواحی P1 و 3C ژنوم ویروس تب برفکی سروتپ O و بررسی ایمنی‌زایی آنها. پایان نامه دکتری. دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد.

13- Muller, P.Y., H. Janovjak, A.R. Miserez, and Z. Dobbie. 2002. Processing of gene expression data generated by quantitative real-time RT-PCR. BioTechniques 32:1372-1379.

14- Ramakers, C., Ruijter J M., Lekanne Deprez R H., Moorman A F.M. 2003. Assumption-free analysis of quantitative real-time polymerase chain reaction (PCR) data. Neuroscience Letters 339: 62-66

15- Pfaffl, M.W. 2001. A new mathematical model for relative quantification in real-time RT-PCR. *Nucleic Acids Res.* 29:e45.

16- Simon P. 2003. Q-Gene: processing quantitative real-time RT-PCR data. *Bioinformatics*, 19: 1439-1440

۱۷- دوستی، م. ۱۳۸۸. بررسی میزان بیان ژنهای P53 و VEGF-C در سرطان پستان سگ به عنوان یک مدل حیوانی. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد.

۱۸- غضنفری، ش. ۱۳۸۸. بررسی محدودیت غذایی و سطوح مختلف انرژی و پروتئین تغذیه ای بر عملکرد و بیان ژن Gherline در جوجه های گوشتی. پایان نامه دکتری. دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد.

19- Portela1, A., and M. Esteller. 2010. Epigenetic modifications and human disease. *Nature biotechnology*, 28 (10): 1057-1068.

۲۰- توتونچی، م.، م. شاه حسینی، م. مومنی مقدم، و ح. بهاروند. ۱۳۸۶. اپی ژنتیک سلول های بنیادی. یاخته. سال نهم، شماره ۱، صفحات ۵۱-۶۶.

تحلیل مولکولی صفات کمی و نقشه یابی QTL در حیوانات اهلی: وضعیت فعلی و چشم انداز آینده مطالعات ژنومی در ایران

علی اسمعیلی زاده کشکوئی

دانشیار و عضو هیات علمی بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان

پست الکترونیکی: aliesmaili@uk.ac.ir

چکیده

پیشرفت های شگفت انگیز در علوم و فناوریهای نوین ژنومی امکان تحلیل خصوصیات کمی دارای مکانیسم توارثی پیچیده را از دیدگاه مولکولی فراهم نموده است. در این مقاله ضمن اشاره به این فناوریها، گزارشی از تحقیقات انجام شده در خصوص مکان یابی نواحی ژنومی کنترل کننده صفات کمی (QTL) در حیوانات اهلی در شرایط ایران ارائه می شود. بطور خلاصه، اگرچه در بسیاری از کشورهای پیشرفته، مطالعات وسیعی در خصوص نقشه یابی QTL در حیوانات اهلی انجام شده و در حال استفاده از اطلاعات حاصل از پروژه های ژنومی برای تحلیل مولکولی صفات اقتصادی و استفاده از آنها در برنامه های اصلاح نژادی هستند، در ایران مطالعات بسیار محدودی در این زمینه انجام گرفته است. با توجه به امکان دسترسی به حجم عظیمی از اطلاعات ژنومی، برای تامین اهداف ترسیم شده در نقشه جامع علمی کشور در این بخش، برنامه ریزی در جهت استفاده از این اطلاعات در تحقیقات علوم دامی و کاربرد نتایج در آینده ضروری است.

واژه های کلیدی: آنالیز ژنوم - اپی ژنتیک - انتخاب ژنومی - پوشش کل ژنوم - صفات اقتصادی

مقدمه

اکثر صفات اقتصادی در حیوانات اهلی دارای توارث پلی ژنیک و اصطلاحاً "کمی" هستند. این خصوصیات دارای مکانیسم توارثی بسیار پیچیده بوده بطوریکه تعداد زیادی ژن و هر کدام با اندازه و نوع اثر متفاوت بر شکل گیری فنوتیپ حیوان تاثیر دارند. علاوه براین، این خصوصیات متأثر از عوامل محیطی و اثرات متقابل ژنها با همدیگر و محیط می باشند. فناوریهای نوین ژنومی امکان تحلیل این خصوصیات را از دیدگاه مولکولی فراهم نموده است. در این مقاله ضمن اشاره به این فناوریها، گزارشی از تحقیقات انجام شده در خصوص مکان یابی نواحی ژنومی کنترل کننده صفات کمی (QTL) در حیوانات اهلی در شرایط ایران ارائه شده و آینده استفاده از این فناوری ها در تحقیقات مرتبط با دام در کشور ترسیم می گردد.

تحلیل مولکولی صفات کمی

روشهای شناسایی ژنهای مرتبط با صفات کمی را می توان به دو دسته روشهای مبتنی بر فرضیه بیولوژیک (برای مثال، روشهای مطالعه ژن کاندیدا) و روشهای غیر مبتنی بر فرض (برای مثال، پوشش کل ژنوم) تقسیم بندی نمود (جدول ۱). در خصوص روشهای مبتنی بر فرض که در آنها بیولوژی ژن و واکنش های بیوشیمیایی و فیزیولوژیک دخیل در بروز صفت کمی در نظر گرفته شده و قبل از انجام آزمایش یک فرض بیولوژیک تشکیل و پس از جمع آوری داده ها، آزمون فرض آماری برای بررسی ارتباط ژن یا نشانگر با صفت مورد نظر انجام می گیرد. آزمایشاتی نیز که برای تایید تفرق یک یا چند ژن خاص در یک جمعیت تکرار می شوند در این دسته قرار می گیرند. ارتباط صفت با ژن کاندیدا ممکن است مستقیم باشد یعنی SNP های عملکردی (جابه جایی های تک نوکلوتیدی که منجر به جایگزینی اسید آمینه متفاوت در ساختار پروتئین می شوند) مورد آزمون واقع شوند. ممکن است از یک سری SNP ها که عملکردی نبوده بلکه احتمال می رود که دارای عدم تعادل فاز پیوستگی (LD)

با SNP عامل باشند (نشانگر غیر مستقیم یا نشانگر LD) استفاده شوند. در بعضی موارد ممکن است ژن کاندیدای مورد نظر توالی یابی شده و کل واریانت های داخل ژن برای بررسی رابطه ژن و صفت مورد نظر مورد آزمون قرار گیرند (جدول ۱).
جدول ۱. روشهای مختلف مبتنی بر توالی DNA برای تحلیل مولکولی و شناسایی ژن های مرتبط با صفات کمی

روش	داده های ژنومی مورد استفاده	دقت نقشه یابی
۱- روشهای مبتنی بر فرضیه بیولوژیک		
۱-۱ پیوستگی ژن کاندیدا	نشانگرهای ریزماهواره	کم
۱-۲ ارتباط ژن کاندیدا		
۱-۲-۱ مستقیم	SNPهای عملکردی داخل ژن	متوسط
۱-۲-۲ غیر مستقیم (در سطح ژن)	SNPهای غیرعملکردی داخل ژن	زیاد
۱-۲-۳ توالی بازهای ژن	تمام واریانت های ژن داخل ژن	خیلی زیاد
۲- روشهای غیر مبتنی بر فرضیه بیولوژیک		
۲-۱ پوش پیوستگی ژنومی	نشانگرهای ریزماهواره	کم
۲-۲ ارتباط ژنومی در سطح جمعیت		
۲-۲-۱ SNP آرایه	SNPs	زیاد
۲-۲-۲ توالی یابی اگزومی [#]	کل واریانت های کدکننده	خیلی زیاد
۲-۲-۳ توالی یابی کل ژنوم	کل واریانت ها	خیلی زیاد

[#]Exome sequencing (اگزون ها) توالی یابی کل نواحی کدکننده ژنوم

روش مبتنی بر فرضیه بیولوژیک-ارائه یک مثال در شرایط ایران

تأیید ارتباط سه ژن کاندیدای OPN، DGAT1 و PPARGC1A با درصد چربی شیر گاوهای هولشتاین در ایران نمونه ای از روش مبتنی بر فرضیه بیولوژیک است. مطالعات اولیه نقشه یابی QTL بیانگر QTL معنی دار مرتبط با درصد چربی شیر گاوهای هولشتاین روی کروموزوم های ۶ و ۱۴ بود. این سه ژن در محدوده این QTL ها قرار دارند (OPN و PPARGC1A روی کروموزوم ۶ و DGAT1 روی کروموزوم ۱۴) و کدکننده عوامل تنظیمی دخیل در مسیرهای متابولیکی کلیدی در متابولیسم چربی بوده و مطالعات گسترده بیانگر ارتباط این ژن ها با درصد چربی شیر است. مطالعه ارتباط چندشکلی های آللی این سه ژن روی راس گاو هولشتاین در گاوداریهای اطراف تهران و اصفهان نشان داد (۱ و ۳) که ژن های OPN، DGAT1 و PPARGC1A اثر معنی دار ($P < 0.05$) روی درصد چربی داشته و به ترتیب ۱/۴٪، ۳/۱٪ و ۲/۲٪ از واریانس فنوتیپی ($V_p = 0.13$) درصد چربی شیر را بیان می کنند. وقتی هر سه ژن بصورت توأم در مدل وارد شدند، مجموعاً میزان ۶/۱٪ واریانس فنوتیپی را بیان نمودند.

تاکنون عمده مطالعات ارتباط ژن با صفت بر روی حیوانات اهلی در ایران از دسته نشانگرهای مستقیم و غیر مستقیم بوده است. مشکل اکثر این مطالعات عدم تعریف مناسب صفت (قبل از انجام مطالعه رکوردهای دام موجود بوده و چندشکلی های بدست آمده بدون توجه به بیولوژی ژن روی کل صفات بررسی شده اند) و در نتیجه تشکیل نامناسب فرضیه بیولوژیک است. از طرفی، به دلیل محدودیت منابع مالی از اندازه نمونه های اندک استفاده شده است (اکثر آزمایشات از نمونه های کمتر از ۱۰۰ استفاده نموده اند). بسیاری از این آزمایشات در موسسات مختلف تکرار شده اند لذا انجام آنالیز توام داده های این آزمایشات یا انجام آنالیز متا می تواند نتیجه گیری بهتری از این مطالعات ارائه نماید.

تحلیل پیوستگی

در روشهای تحلیل پیوستگی (جدول ۱)، تفرق همزمان صفت با نشانگرهای ژنتیکی در داخل اعضا خانواده (برای مثال، خانواده های ناتنی پدری) مورد بررسی قرار می گیرد. شناسایی ژن های مرتبط با صفات دارای الگوی توارث مندلی (بیماریهای تک ژنی) با استفاده از آنالیز پیوستگی در فامیل های نسبتاً کوچک با موفقیت زیادی همراه است. علاوه براین، انجام مطالعات مورد-شاهدی و استفاده از فناوری ریزآرایه (اندازه گیری تفاوت بیان هزاران ژن در تعداد اندکی فرد مبتلا و سالم) یا آرایه های جرمی (اندازه گیری تفاوت بیان تعداد اندکی ژن در تعداد زیادی فرد سالم و مبتلا) برای تحلیل مولکولی این خصوصیات کارایی بالایی خواهد داشت. در روش تحلیل پیوستگی صفات کمی، ابتدا با پوشش ژنومی نقشه یابی QTL انجام شده و سپس از طریق همسانه سازی موضعی نقشه یابی دقیق QTL در نقاط پیک حاصل از آنالیز پیوستگی و سپس توالی یابی و مطالعه ژن های کاندیدا (از طریق بررسی ارتباط واریانت های احتمالی داخل ژن و صفت یا اندازه گیری تفاوت بیان این ژن ها) در محدوده نقاط پیک صورت می گیرد.

نمونه هایی از طرح های نقشه یابی QTL با استفاده از روش تحلیل پیوستگی در گوسفند، بز و بلدرچین در شرایط ایران در خصوص گوسفند نژاد کرمانی، یک طرح ناتنی پدری شامل شش خانواده مجموعاً دارای ۲۷۶ نتاج در طی دو سال در ایستگاه تحقیقات دامپروری دانشگاه شهید باهنر کرمان اجرا شد. داده های فنوتیپی عبارت بودند از اندازه گیری های وزن تولد، ابعاد بدن پس از تولد، وزن شیرگیری، وزن شش ماهگی، وزن نه ماهگی، دور سینه، طول بدن، ارتفاع جدوگاه و ضخامت و ابعاد دنبه در نه ماهگی. نتایج بیانگر تفرق QTL روی کروموزوم های ۱، ۳ و ۶ برای وزن تولد، کروموزوم ۳ برای وزن شیرگیری، عرض دنبه و دور سینه در ۹ ماهگی، کروموزوم ۱۱ برای دور سینه، طول و ارتفاع بدن و ابعاد دنبه در ۹ ماهگی بود. اخیراً در یک بررسی ژنومیک، سیگنال های انتخاب در سطح ژنوم نژادهای زل و لری بختیاری با استفاده از ۵۰،۰۰۰ نشانگر SNP بیانگر نشانه های انتخاب روی اندازه دنبه در کروموزوم های ۵، ۷ و X بود (۶) اما دو QTL شناسایی شده برای ابعاد دنبه گوسفند کرمانی روی کروموزوم های ۳ و ۱۱ بودند. طرح آزمایشی دیگری در گوسفند نژاد بلوچی انجام شد (۴) و ۲۸۹ سانتی مورگان از ژنوم مورد بررسی قرار گرفت. نتایج بیانگر QTL موثر بر خصوصیات کمی و کیفی پشم روی کروموزوم های ۱ و ۲۵ بود. در یک طرح ناتنی پدری که در بز نژاد رائینی در ایستگاه تحقیقات دامپروری دانشگاه شهید باهنر کرمان انجام شد QTL مرتبط با صفات رشد روی کروموزوم های ۱، ۲ و ۵ و QTL موثر بر تولید کرک روی کروموزوم های ۲ و ۵ شناسایی شدند.

یک طرح آزمایشی سه نسلی F2 برای نقشه یابی QTL مرتبط با خصوصیات مختلف زیستی و اقتصادی در بلدرچین ژاپنی در ایستگاه تحقیقات دامپروری دانشگاه شهید باهنر کرمان کرمان اجرا شد (جمعیت نقشه یابی شامل ۴۸۲ پرنده بود) مطالعات

مولکولی در مرکز بین المللی علوم، تکنولوژی های پیشرفته و علوم محیطی انجام شد (۲). بخشی از نتایج طرح در جدول ۲ آمده است.

تحلیل عدم تعادل فاز گامتی-مطالعه ارتباط صفت در سرتاسر ژنوم

مطالعه ارتباط کل ژنوم (GWAS) عبارت است از مطالعه تعداد هزاران یا میلیون واریانت های DNA در تعداد زیادی از افراد به منظور بررسی ارتباط واریانت ها با یک صفت خاص. معمولا GWAS از چند شکلی های تک نوکلئیدی (SNPs) استفاده می نمایند. بر خلاف روشهای مبتنی بر فرضیه بیولوژیک که یک یا تعداد اندکی نواحی ژنومی مورد آزمون قرار می گیرند، GWAS کل ژنوم را مورد مطالعه قرار می دهند. بنابراین، این روش مبتنی بر ژن کاندیدا نیست. بر خلاف روش پویش پیوستگی (آنالیز پیوستگی) ژنومی (جدول ۱)، افراد مورد مطالعه در GWAS غیر خویشاوند بوده و از ساختار فامیلی خاصی استفاده نمی شود و این روش مبتنی بر LD بین جهش عامل و SNP در سطح جمعیت است. در خصوص حیوانات اهلی در حال حاضر امکان استفاده از آراییه های SNPs برای تعیین ژنوتیپ مرغ (SNPs ۵۷۶۳۶)، گربه (۶۲۸۹۷)، اسب (۶۵۱۵۷)، گوسفند (۵۴۰۹) تا (۵۲۲۴۱)، گاو (۳۰۰۰ تا ۷۷۷۹۶۲)، خوک (۶۲۱۶۳) و سگ (۱۷۳۶۶۲) و استفاده از آنها برای انجام GWAS وجود دارد.

جدول ۲. بخشی از نتایج حاصل از یک طرح F2 برای نقشه یابی QTL در بلدرچین ژاپنی

صفت	کروموزوم	موقعیت (cM)	واریانس QTL			اثر QTL به واحد انحراف معیار باقیمانده			آماره F
			a ^۱	d ^۲	i ^۳	a±S.E.	d±S.E.	i±S.E.	
وزن جوجه هنگام هچ	۱	۱۰۳	۲/۴	-	-	۰/۴۴±۰/۱۳	n.s.	n.s.	۱۱/۵**
وزن پنج هفتگی	۱	۹۸	۱/۹	-	-	۰/۳۹±۰/۱۴	n.s.	n.s.	۷/۶*
وزن قبل از کشتار	۱	۹۱	-	۱/۲	-	n.s.	۰/۴۷±۰/۱۹	n.s.	۵/۶*
وزن پیش معده	۱	۲۰۶	۷/۳	-	-	۰/۴۷±۰/۰۸	n.s.	n.s.	۳۵/۰**
وزن کل چربی بدن	۱	۰	-	۱/۸	-	n.s.	-۰/۶۲±۰/۱۶	n.s.	۷/۲**
وزن سینه	۱	۰	-	۲/۰	۲/۲	n.s.	۰/۳۲±۰/۱۴	۰/۳۸±۰/۰۹	۹/۶**
درصد سینه	۱	۲۰۶	-	-	۱/۴	n.s.	n.s.	۰/۳۷±۰/۱۱	۷/۸**
نسبت هتروفیل به لنفوسیت	۱	۱۴۳	-	۲/۴	-	n.s.	-۰/۵۹±۰/۱۹	n.s.	۵/۲*
درصد قلب	۲	۵۱	-	۴/۸	-	n.s.	۰/۰۹±۰/۰۲	n.s.	۱۰/۵**
درصد روده	۲	۰	-	۴/۷	-	n.s.	۰/۹۲±۰/۲۰	n.s.	۱۱/۱**
وزن جوجه هنگام هچ	۳	۵	۲/۷	-	-	-۰/۴۰±۰/۱۱	n.s.	n.s.	۱۱/۶**
وزن جوجه هنگام هچ	۳	۳۱	-	۱/۷	-	n.s.	۰/۴۸±۰/۱۳	n.s.	۸/۱**
وزن یک هفتگی	۳	۳۱	-	۱/۷	-	n.s.	-۰/۴۶±۰/۱۳	n.s.	۶/۵**
درصد کبد	۳	۰	۲/۵	۲/۰	-	۰/۴۱±۰/۱۰	-۰/۵۲±۰/۱۶	n.s.	۱۰/۶**

^۱ درصد واریانس فنوتیپی ناشی از اثر افزایشی QTL، ^۲ درصد واریانس فنوتیپی ناشی از اثر غلبه QTL، ^۳ درصد واریانس فنوتیپی ناشی از اثر ایمپریتینگ QTL، a، d و i به ترتیب بیانگر اثر افزایشی، غلبه و ایمپریتینگ QTL. ^{***} به ترتیب اثر معنی دار QTL در سطوح ۵٪ و ۱٪ کروموزومی، n.s. عدم اثر معنی دار QTL

تلفیق داده های اومیک و GWAS برای تحلیل مولکولی صفات کمی

اغلب SNPهایی که از طریق GWAS بر روی صفت کمی معنی دار شناخته می شوند در داخل هیچ ژنی قرار ندارند و لذا تفسیر بیولوژیکی نتایج مشکل خواهد بود. در این حالت، برای یافتن واریانت های عامل، لازم است از روشهای محاسباتی و ابزارهای بیوانفورماتیک برای اولویت بندی SNPs بر اساس عملکرد بالقوه آنها استفاده شود. موقعیت ژنومی SNP، تاثیر SNP بر بیان ژن، تاثیر احتمالی SNP بر جایگزینی اسید آمینه در ساختار و عملکرد پروتئین و ارتباط SNPهای شناسایی شده با سایر فنوتیپ ها معیارهایی هستند که توسط این ابزارهای بیوانفورماتیک استفاده می شوند. علاوه بر این، تلفیق داده های GWAS با داده های اومیک (ترانسکریپتوم یا داده های بیان ژن، پروتئوم، متابولوم یا داده های مربوط به متابولیت ها) برای بررسی نقش عملکردی SNPهای شناسایی شده می تواند موثر باشد. داده های اومیک در واقع صفات کمی مولکولی (حاصل واکنش های بیوشیمیایی حدواسط دخیل در شکل گیری فنوتیپ) بوده و بیانگر تنوع در فنوتیپ مورد نظر می باشند. واریانت های شناسایی شده مرتبط با صفت کمی ممکن است ژن های مرتبط بر صفات کمی را در سطح RNA (eQTL)، در سطح پروتئین (pQTL) یا در سطح متابولیت ها (mQTL) متاثر سازد. استفاده از این روشهای مختلف، در نهایت امکان شناسایی شبکه ژنی عامل تنوع در صفات کمی را فراهم می سازد.

مطالعات ژنومی و معمای وراثت پذیری گمشده

میزان وراثت پذیری برآورد شده برای وزن بدن بر اساس آنالیز ساده تنی ها و ناتنی ها در جمعیت نقشه یابی بلدرچین (جدول ۲) بین ۰/۴۳ (وزن یک هفتگی) تا ۰/۷۹ (وزن ۵ هفتگی) بود. این درحالیست که واریانس بیان شده بوسیله اثرات افزایشی QTLهای شناسایی شده برای این صفات بسیار کم بود (درصد واریانس فنوتیپی بیان شده در نسل F₂ بوسیله اثر افزایشی QTL برای وزن ۵ هفتگی فقط ۱/۹٪ بود، جدول ۲) و عمده اثرات مشاهده شده بصورت غلبه ژنی بود که این میتواند توجیه مولکولی بخشی از اثرات هتروزیس باشد چون نتایج آمیخته گری دو سویه سفید و وحشی مورد مطالعه در این تحقیق بیانگر هتروزیس پرندگان F₁ و F₂ نسبت به میانگین والدین برای وزن بدن بین ۵ تا ۹٪ (P<۰/۰۱) بود. معمای وراثت پذیری گمشده صفات کمی موضوع بحث تحقیقات اخیر در برآوردهای وراثت پذیری صفات کمی به روشهای ژنومیک است. مطالعات انجام شده نشان داده که اثر تجمعی جایگاههای ژنی شناسایی شده از طریق GWAS تنها بخش اندکی از وراثت پذیری صفات کمی را بیان می کنند. برای مثال، بر اساس آنالیز شجره و مطالعه دوقلوها میزان وراثت پذیری ۸۰٪ برای صفت قد انسان (یک صفت کمی کلاسیک که به راحتی و با دقت زیاد قابل اندازه گیری است) برآورد شده است. با استفاده از GWAS حدود ۴۰ جایگاه ژنی برای این صفت شناسایی شده که مجموعاً فقط حدود ۵٪ واریانس فنوتیپی مربوط به این صفت را بیان می کنند. این درحالیست که اندازه نمونه برای چنین مطالعاتی ده ها هزار فرد بوده و از آرایه های متراکم SNPs استفاده شده است. سؤال اساسی این است که عامل بقیه تنوع ژنتیکی افزایشی این صفت چیست؟ ممکن است تعداد زیادی واریانت معمول با اثر کم وجود داشته باشند که شناسایی نشده اند. علاوه بر این، واریانت های نادری که احتمالاً اثر آنها خیلی زیاد است و با آرایه های موجود SNP قابل شناسایی نیستند عامل بخشی از وراثت پذیری گمشده باشند (آرایه های موجود، SNPهایی را که فراوانی ۵٪ یا بیشتر در

جمعیت دارند، در بر می گیرند). تنوع های ساختاری همچون تنوع در تعداد کپی (CNVs) یا چندشکلی در تعداد کپی (CNPs) (چندشکلی های حذف یا اضافه با طول بیش از یک کیلوباز)، تنوع خشی در تعداد کپی (مثل، وارونگی و ترانسلوکاسیون) و ایندل ها (چندشکلی های حذف یا اضافه با طول کمتر از یک کیلوباز) منابع احتمالی وراثت پذیری گمشده باشند. ایندل ها عبارت از عناصر متحرک چندشکل و کپی های اضافه شده در داخل ژن هستند که قادر به تغییر ساختار و ممانعت از عملکرد و بیان ژنهای مهم هستند. استفاده از تکنیک های نسل جدید توالی یابی با سرعت و کارایی بالا برای توالی یابی اگزوم ها و کل ژنوم (جدول ۱) ضروری است تا تصویر جامعی از واریانت های پنهان شده در توالی DNA بدست آید. این به نوبه خود امکان بررسی حداقل بخشی از وراثت پذیری گمشده در مطالعات ژنومی را فراهم خواهد کرد. البته واریانس بیان شده بوسیله یک واریانت ممکن است در بسیاری از کاربردها اهمیت چندانی نداشته باشد بلکه هدف شناخت نقش بیولوژیکی واریانت و مسیرهای متابولیکی شکل دهی فنوتیپ باشد. برای مثال، در خصوص بیماریهای دارای مکانیسم توارثی پیچیده یکی از اهداف کشف داروی مناسب برای درمان یا پیشگیری از بیماری ژنتیکی است.

اثر ایمپرینتینگ QTL روی وزن سینه در بلدرچین ژاپنی - مثالی از مکانیسم های خارج از توالی DNA (اپی ژنتیک) عدم بیان آلل به ارث رسیده از پدر یا مادر در هتروزیگوتها می تواند در فرزندان هتروزیگوت (Qq) تفاوت فنوتیپی ایجاد نماید. در طرح های F_2 حاصل از تلاقی سویه های ناخالص (جدول ۱) امکان انجام آزمون آماری برای اثرات ایمپرینتینگ وجود دارد بدین صورت مقایسه عملکرد افراد هتروزیگوتی که آلل Q (برای مثال) را از والد پدری دریافت کرده اند با آنهایی که این آلل را از والد مادری دریافت کرده اند، انجام می شود. باید توجه داشت که توالی DNA این جایگاه در دو گروه افراد یکسان است بنابراین تفاوت معنی دار در عملکرد آنها (برای مثال وزن سینه، جدول ۱) را باید در مکانیسم هایی خارج از توالی DNA دو گروه جستجو نمود. باید توجه داشت که تمام فرآیند تنظیم بیان ژن در توالی DNA کد نمی شود. مکانیسم های اپی ژنتیک شامل میکرو RNA ها (miRNAs)، تغییرات هیستون و متیلاسیون در تنظیم بیان برخی ژنها دخیل هستند. miRNAs عبارتند از مولکول های کوچک (تقریباً ۲۲ نوکلئوتیدی) تک رشته ای RNA که نقش تنظیمی داشته و بیان ژن های خاصی را کاهش می دهند. این روش خاموش شدن ژن در ابتدا در کرم نماتد *C.elegans* کشف شد اما مشخص شده که این مکانیسم در بیشتر حیوانات وجود دارد. miRNAs منشا داخل هسته ای دارند و از روی DNA هسته بصورت مولکول های نسبتاً بزرگ RNA نسخه برداری می شوند و پس از فرآیند شدند تبدیل به miRNAs بالغ شده که قادر به کاهش دادن میزان بیان ژن هدف یا تحلیل رفتن mRNA مربوط به ژن هدف می باشند. تاکنون بیش از یک هزار miRNAs در انسان شناسایی شده است. از آنجا که miRNAs بخش عمده ای از ژن های پستانداران را تحت تاثیر قرار می دهند، ممکن است یکی از مکانیسم های اصلی در تنظیم بیان ژن باشند. این مولکول ها تقریباً در تمام فرآیندهای سلولی شامل تکثیر، تمایز و مرگ سلولی و فرآیندهای تکامل و کنترل چرخه سلولی نقش دارند. با توجه به نقش تنظیمی این مولکول ها، بنظر می رسد که بخشی از وراثت پذیری گمشده ناشی از اثر این مولکول ها باشد.

نقش تغییر هیستون

پروتئین های هیستون، پروتئین های اصلی کروماتین هستند و چهار هیستون اصلی (H_4 و H_3 , H_{2B} , H_{2A}) ممکن است بعد از فرآیند ترجمه دستخوش دامنه ای از تغییرات شامل استیلاسیون، متیلاسیون، فسفوریلاسیون، ریبوزیلاسیون آدنوزین دی فسفات و... شوند که به نوبه خود می تواند نسخه برداری از ژن را تحت تاثیر قرار دهد. برای مثال، متیلاسیون هیستون H_3 روی لیزین های ۴ و ۳۶ (H_3K_4 و H_4K_{36}) عموماً منجر به تشکیل ساختار یوکروماتین باز و در نتیجه فعال شدن فرآیند نسخه برداری از

ژن می شود در حالیکه متیلاسیون هیستون H_3 روی لیزین های ۹ و ۲۷ (H_3K_9 و H_4K_{27}) عموماً منجر به تشکیل ساختار هتروکروماتین بسته و در نتیجه خاموش شدن ژن می شود. بنابراین، مکانیسم های تغییر هیستون که بر بیان ژن های موثر بر صفات کمی اثر می گذارند، می توانند عامل بخشی از وراثت پذیری گمشده باشند.

نقش متیلاسیون DNA

متیلاسیون DNA شناخته شده ترین تغییر اپی ژنتیک است که شامل اضافه شدن یک گروه متیل به سیتوزین ها در داخل جفت های سیتوزین-گوانین (CpG) است. این فرآیند با تنظیم بیان ژن در ارتباط است. متیلاسیون این مکان های CpG در جزایر CpG واقع در نواحی پروموتور برخی از ژنها بغیر اتفاق افتاده و باعث اختلال در اتصال عوامل رونویسی و جذب پروتئین های باند شونده گروه متیل شده و از این طریق باعث خاموش شدن ژن و فشردگی کروماتین می شود. مطالعات انجام شده روی انسان نشان داده که تغییرات متیلاسیون ژن ها با برخی از بیماریها از جمله دیابت، چاقی، بیماریهای قلبی و ناهنجاریهای ذهنی و برخی انواع سرطان در ارتباط است. متیلاسیون DNA در مراحل جنینی اتفاق می افتد و تاثیر عوامل محیطی در دوران جنینی می تواند از طریق این مکانیسم بر عملکرد حیوان در مراحل بعدی تاثیر بگذارد. بعبارت دیگر، عوامل محیطی می تواند در مراحل جنینی باعث تغییر متیلاسیون ژن ها شده و در نتیجه در زمان بلوغ بیان ژن ها را تحت تاثیر قرار دهد.

ژنوم حیوانات اهلی و توان بالقوه روشهای نسل جدید توالی یابی

توالی یابی کل ژنوم تعداد زیادی از گونه های حیوانات اهلی به اتمام رسیده است و طول ژنوم این حیوانات بین ۰/۲۳۶ تا ۲/۹۱ گیگابایت متغیر است (جدول ۳). فناوریهای نسل جدید توالی یابی (NGS) قادرند حجم زیادی از داده را در مدت زمان کوتاهی ایجاد نماید. برای مثال، فناوری HiSeq (<http://www.illumina.com>) قادر است در ظرف ۸ روز بین ۱۵۰ تا ۲۰۰ گیگابایت داده (متوسط طول هر بار خواندن برابر ۱۰۰ جفت باز) تولید کند. هزینه توالی یابی روند نزولی داشته و در آینده نزدیک از داده های توالی اگزوم (یا حتی کل ژنوم) به راحتی می توان در ارزیابی های ژنتیکی استفاده نمود. نتایج شبیه سازی نشان داده که صحت پیش بینی ارزشهای ژنتیکی در استفاده از داده های توالی در مقایسه با استفاده از تعداد SNPs ۳۰۰۰۰ به میزان ۴۰٪ افزایش می یابد. مهمتر اینکه با استفاده از داده های توالی یابی، صحت پیش بینی ارزشهای ژنتیکی با گذشت زمان ثابت می ماند بطوریکه حتی وقتی جمعیت مرجع و تأیید ۱۰ نسل فاصله داشتند، صحت پیش بینی مشابه حالتی بود که جمعیت مرجع و تأیید مربوط به یک نسل هستند (۵).

جدول ۳. اندازه ژنوم گونه هایی از حیوانات اهلی که توالی یابی آنها انجام شده است (<http://www.ensembl.org>)

گونه	اندازه	سال	گونه	اندازه	سال	گونه	اندازه	سال	گونه	اندازه	سال
سگ	۲/۴۰	۲۰۰۳	گوسفند	۲/۷۸	۲۰۰۸	خرگوش	۲/۶۷	۲۰۰۹	ماهی ماکا	۰/۷۰	۲۰۱۱
مرغ	۱/۰۵	۲۰۰۴	گاو	۲/۹۱	۲۰۰۹	خوک	۲/۲۰	۲۰۰۹	زنبور عسل	۰/۲۳۶	۲۰۱۱
گربه	۱/۶۴	۲۰۰۶	اسب	۲/۴۷	۲۰۰۹	بوقلمون	۱/۰۸	۲۰۰۹	شتر	۲/۲۰	۲۰۱۱

نتیجه گیری و چشم انداز آینده تحقیقات ژنومی در ایران

علوم و فناوری در عرصه ژنومیک در سطح جهان پیشرفت شگفت انگیزی داشته و انتظار می رود با داده برداری در سطح کل ژنوم و تلفیق آن با سایر داده ها، بسیاری از مکانیسم های مولکولی دخیل در شکل گیری صفات کمی شناسایی و در نتیجه نگرش جدیدی در فرآیند پرورش (اصلاح نژاد، رشد، تغذیه و سلامت) حیوانات اهلی ایجاد شود. بنابراین، ژنومیک نه تنها می تواند منجر به افزایش صحت انتخاب، کاهش هزینه ها و افزایش بازدهی اصلاح نژاد شود بلکه می تواند منجر به بهبود امنیت و کیفیت محصولات دامی نیز گردد. در شرایط ایران، تحقیقات ژنومی و مطالعات خارج از سطح توالی DNA (اپی ژنتیک) می تواند هم برای تحلیل مولکولی صفات اقتصادی (بدون در نظر گرفتن کاربرد خاصی از نتایج در کوتاه مدت) جهت دهی شوند و هم برای اصلاح نژاد مولکولی با استفاده از استراتژی انتخاب ژنومی مبتنی بر تئوری ژنتیک کمی برای افزایش صحت انتخاب و افزایش پیشرفت ژنتیکی خصوصا برای صفاتی که رکوردبرداری از آنها مشکل و پرهزینه (برای مثال، خصوصیات کیفی لاشه) است. اگرچه با پیدایش نسل جدید روشهای توالی یابی کل اگزونها یا کل ژنوم، هزینه مطالعات ژنومی نسبت به پروژه های اولیه ژنومی بیش از ۱۰ هزار برابر کاهش یافته است، بی شک تمامی مطالعات ژنومی در شرایط کشور ما هزینه بر بوده و عدم وجود زیرساخت مناسب اصلاح نژادی در دام (عدم وجود سیستم ثبت مشخصات و رکوردبرداری مناسب خصوصا در گوسفند و بز بومی) مانع از کاربرد کوتاه یا حتی میان مدت نتایج خواهد بود. از طرفی، انجام چنین مطالعاتی منطبق با نقشه جامع علمی کشور در زمینه دستیابی به علوم و فناوری های نوین خواهد بود. سرمایه گذاری در زمینه چنین پروژه هایی و انجام تحقیقات دانشجویی در قالب طرح های هدفمند ملی و حتی مشارکت های بین المللی می تواند گامی در جهت شکوفایی و نقش محوری ایران در این زمینه تحقیقاتی در منطقه باشد. در صورت عدم سرمایه گذاری و برنامه ریزی در این بخش، با کمال تاسف محققین و دانشجویان ناگزیر به ادامه تمرین پژوهش و بایگانی نمودن نتایج پژوهش های پراکنده خود خواهند بود.

منابع

۱. پسندیده، م. ۱۳۸۹. ارتباط ژن های OPN و PPARGC1A با ترکیب و تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه شهید باهنر کرمان.
۲. سهرابی، س.، ع. اسمعیلی زاده کشکوئی، م. ع. امامی میبدی، ح. شیبانی، م. طالبیان و ح. مرادیان. ۱۳۸۹. گزارشی از یک طرح F₂ برای نقشه یابی QTL مرتبط با خصوصیات زیستی و اقتصادی بلدرچین ژاپنی. مجموعه مقالات چهارمین کنگره علوم دامی کشور، مهرماه ۱۳۸۹، کرج-ایران.
۳. خراتی، ح. ۱۳۸۹. بررسی چندشکلی ژن DGAT1 و میزان ارتباط آن با صفات تولید و ترکیب شیر در گاوهای هلشتاین ایران، پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه شهید باهنر کرمان.
4. Dashab, G.R., A.A. Aslaminejad, M.R. Nasiri, A.K. Esmailizadeh and D.A. Saghi. 2011. Quantitative trait loci study in Baluchi sheep. Book of Abstracts of the 62nd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, 29 August-2 September, Stavanger, Norway.

5. Meuwissen T. and M. Goddard. 2010. Accurate prediction of genetic values for complex traits by whole-genome resequencing. *Genetics* 185: 623–631.
6. Moradi, M.H., A. Nejati-Javaremi, M. Moradi-Shahrbabak, K. G. Dodds and J. C. McEwan. 2012. Genomic scan of selective sweeps in thin and fat tail sheep breeds for identifying of candidate regions associated with fat deposition. *BMC Genetics*. 13:10.

Molecular dissection of quantitative traits and QTL mapping in farm animals: Current status and the future perspective of genomic studies in Iran

Esmailizadeh K. Ali

Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran

Email: aliesmaili@uk.ac.ir

Abstract

Recent advances in genomic science and technologies have made it possible to dissect the molecular basis of the quantitative traits inheritance. In this paper, pointing out these technologies, farm animal quantitative trait loci (QTL) mapping studies in Iran are reviewed. Briefly, while a large number of QTL mapping studies have been carried out in the developed countries and these countries are using information from the genomic projects for molecular analysis of economic traits in animals and exploiting this information in animal breeding programs, limited studies have been conducted in this area in Iran. Considering the availability of the large amount of genomic resources, to meet the goals of the Iran Scientific Comprehensive Map in this area of research, planning to use these resources in animal science research and application of the results is necessary.

Keywords: Genome analysis – Epigenetics - Genomic selection - Whole genome scan - Economic traits.

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن قبل از شیرگیری در گوسفند زندی

کیوان کرمی^{۱*}، حسین مرادی شهربابک^۲، علی قاضی خانی شاد^۱ و ابراهیم میرزا محمدی^۳

۱- دانشجو و استادیار گروه علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد ساوه

۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران (کرج)

۳- دانش آموخته دانشگاه کردستان

* نویسنده مسئول: کیوان کرمی، karamikeyvan@yahoo.com

چکیده

این پژوهش به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفند زندی با استفاده از اطلاعات شجره ای و رکوردهای وزن بدن که طی سال های ۱۳۷۲ تا ۱۳۸۷ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند زندی استان تهران (ایستگاه خجیر) جمع آوری شده بود، انجام شد. صفات مورد مطالعه شامل وزن تولد، وزن شیرگیری، افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری و نسبت کلیر از تولد تا شیرگیری بود. جهت بررسی عوامل محیطی از رویه Glm برنامه SAS استفاده شد. و همچنین مؤلفه های واریانس با روش Reml و تجزیه تک صفتی نرم افزار ASReml برآورد شد. اثر سال تولد، جنس بره، نوع تولد و سن مادر در هنگام زایش بر تمامی صفات معنی دار بود ($p < 0.001$). ضرایب وراثت پذیری مستقیم برای صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، افزایش وزن روزانه و نسبت کلیر به ترتیب 0.09 ± 0.03 ، 0.06 ± 0.03 ، 0.05 ± 0.03 و 0.05 ± 0.02 برآورد شد. مقادیر ضریب وراثت پذیری مادری برای وزن تولد، وزن شیرگیری و افزایش وزن روزانه به ترتیب 0.03 ± 0.02 ، 0.05 ± 0.02 و 0.05 ± 0.03 برآورد شد و نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی برای وزن تولد 0.09 برآورد گردید. واژگان کلیدی: صفات وزن بدن- نسبت کلیر- افزایش وزن روزانه- وراثت پذیری.

مقدمه

گوسفند زندی یکی از نژادهای بومی ایران می باشد. که سویه ای از گوسفند قره گل است این نژاد در مناطق مرکزی ایران در استان های تهران، قم و مرکزی پرورش داده می شود. این نژاد از گروه گوسفندان پوستی محسوب شده ولی با توجه به کاهش تقاضا برای پوست و افزایش نیاز به گوشت هدف اصلی پرورش این نژاد تولید گوشت می باشد (۲). افزایش تولید و بازدهی بیشتر در حیوانات با بهبود محیط و ساختار ژنتیکی گله میسر می شود. انتخاب مهمترین استراتژی اصلاح نژاد میباشد که باعث تغییر ترکیب ژنتیکی گله می شود، بنابراین در طول زمان در جمعیت هایی که انتخاب صورت می گیرد پارامترهای ژنتیکی تغییر می کند. لذا برآورد پارامترهای ژنتیکی جهت تصمیم گیری برای برنامه اصلاح نژاد ضرورت دارد. اگر چه پژوهشگران مختلف پارامترهای ژنتیکی را برای نژاد های مختلف گزارش کرده اند اما بدلیل اینکه پارامترهای ژنتیکی تابع مکان و زمان می باشد برآورد پارامترهای ژنتیکی برای هر جمعیت در بازه زمانی مشخصی ضرورت دارد. بنابراین با توجه به اهمیت تولید گوشت در

ایران و ضرورت برآورد پارامترهای ژنتیکی جهت بهبود ژنتیکی صفات رشد به عنوان معیار مناسب برای بهبود راندمان تولید گوشت هدف از این پژوهش برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن در گوسفند زندی می باشد.

مواد و روش‌ها

رکورد های مورد استفاده در این پژوهش طی سال های ۱۳۷۲ تا ۱۳۸۷ توسط ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد خجیر گوسفند زندی تهران جمع آوری شده است. آمار توصیفی داده های مورد استفاده در این پژوهش در جدول ۱ نشان داده شده است. صفات مورد مطالعه شامل وزن تولد، وزن شیرگیری، افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری و نسبت کلیبر از تولد تا شیرگیری (به صورت نسبت افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری به وزن متابولیکی در زمان شیرگیری) بود.

جدول ۱: آمار توصیفی داده های مورد استفاده در این پژوهش

صفات	تعداد رکورد	میانگین	انحراف معیار	ضریب تنوع	حداقل	حداکثر
وزن تولد	۴۰۸۶	۴/۲۰	۰/۷۲	۱۴/۴۹	۱/۷۰	۶/۳۰
وزن شیرگیری	۳۵۰۱	۲۰/۴۱	۴/۰۳	۱۵/۹۵	۸/۵۰	۳۳/۰۰
افزایش وزن روزانه	۲۹۹۷	۱۷۶/۵۷	۴۱/۵۷	۱۹/۱۷	۵۳/۴۱	۳۰۰/۰۰
نسبت کلیبر	۲۹۷۸	۱۸/۲۸	۲/۰۳	۹/۴۵	۳/۸۷	۲۴/۸۰

عوامل ثابت در مدل شامل جنس (نر و ماده)، سال تولد (۱۵ سال)، نوع زایش (تک قلو و دو قلو)، سن مادر در هنگام زایش (۲ تا ۷ سال) بودند. جهت آماده کردن و ویرایش اطلاعات از نرم افزار (Excel (2010 و Microsoft visual FoxPro 9.0 استفاده شد. آماده سازی فایل شجره نیز با نرم افزار (sargolzaei et al., 2006) CFC 1.0 انجام شد. بررسی عوامل محیطی مؤثر بر صفات مورد مطالعه با استفاده از رویه GLM نرم افزار SAS 9.1 انجام شد. مولفه های واریانس و پارامترهای ژنتیکی با روش REML و آنالیز تک صفت با نرم افزار ASReml برآورد شدند جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی از مدل های زیر استفاده شد.

$$y = Xb + Z_a a + e \quad \text{مدل ۱}$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_c c + e \quad \text{مدل ۲}$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e \quad \text{Cov (a,m) = 0} \quad \text{مدل ۳}$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e \quad \text{Cov (a,m) = A}\sigma_{am} \quad \text{مدل ۴}$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e \quad \text{Cov (a,m) = 0} \quad \text{مدل ۵}$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e \quad \text{Cov (a,m) = A}\sigma_{am} \quad \text{مدل ۶}$$

که در این مدل ها y = بردار مشاهدات، b = بردار اثرات عوامل ثابت، a = بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، m = بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، c = بردار اثرات محیطی دائمی مادری و e = بردار اثرات باقیمانده است. A = ماتریس رابطه خویشاوندی است، Z_a ، Z_c و Z_m = ماتریسهای طرح هستند که ارتباط اثرات ثابت، ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات محیطی دائمی مادری،

اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، را با بردار مشاهدات برقرار می کنند. همچنین σ_{am} = کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی افزایشی مادری را نشان می دهد.

همچنین جهت تعیین مناسب ترین مدل از رابطه $AIC_i = -2 \log L_i + 2 \pi i$ استفاده شد، که در این رابطه: AIC_i = معیار آکایک، $\log L_i$ = نسبت لگاریتم درستنمایی، πi = تعداد پارامترهای موجود در مدل. در نهایت مدلی که کمترین مقدار آکایک را داشت به عنوان مناسب ترین مدل در نظر گرفته شد.

نتایج و بحث

میانگین صفات وزن تولد، وزن شیرگیری و متوسط افزایش وزن روزانه و نسبت کلیبر به ترتیب 0.72 ± 0.20 ، 4.20 ± 0.33 ، 20.41 ، 41.57 ± 17.57 ، 2.03 ± 18.28 برآورد شد. اثر سال تولد، جنس بره، نوع تولد و سن مادر در هنگام زایش بر تمام صفات مورد مطالعه معنی دار بود ($p < 0.001$) که با نتایج سایر پژوهشگران مطابقت دارد (۸ و ۴). دلایل تاثیر عوامل محیطی تفاوت بین سن میش ها از نظر ظرفیت و گنجایش رحم و میزان تولید شیر (اثر سن مادر) رقابت بین بره های چند قلو در مقایسه با تک قلو ها در استفاده از شرایط رحم در زمان آبستنی و میزان شیر دریافتی از مادر بعد از تولد (اثر نوع تولد) تفاوت در خصوصیات فیزیولوژیکی و سیستم اندوکرینی به خصوص نوع و میزان ترشح هورمون های جنسی (اثر جنس بره) و نیز تغییرات در شرایط اقلیمی (میزان بارندگی سالانه رطوبت و دمای محیط) در سال های مختلف و سایر عوامل ناشناخته دیگر می باشد (۴). پارامترهای ژنتیکی برآورد شده برای صفات مختلف با استفاده از مناسب ترین مدل در جدول شماره ۲ نشان داده شده است. نتایج حاصل از مقایسه مدل های مختلف با استفاده از معیار آکایک نشان داد که مدل مناسب برازش شده برای صفت وزن تولد مدل ۵ است، این مدل شامل اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی مادری و اثر محیطی دائمی مادری می باشد. برای وزن سه ماهگی و افزایش وزن روزانه مدل ۳ مدل مناسب می باشد که شامل اثرات ژنتیکی مستقیم و اثرات ژنتیکی مادری بدون کواریانس بین آنها می باشد. مدل مناسب برای نسبت کلیبر مدل ۱ می باشد که شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم بدون در نظر گرفتن اثرات ژنتیکی مادری است. مقادیر ضریب وراثت پذیری مستقیم برای صفات وزن تولد، وزن سه ماهگی و افزایش وزن روزانه و نسبت کلیبر به ترتیب 0.03 ± 0.09 ، 0.03 ± 0.06 ، 0.03 ± 0.05 و 0.02 ± 0.05 برآورد شد. ضریب وراثت پذیری برآورد شده وزن تولد در این مطالعه در راستای گزارش سایر پژوهشگران داخل کشور (۴، ۶) و خارج کشور (۸) بود. مقدار ضریب وراثت پذیری مستقیم و مادری برای وزن تولد به ترتیب 0.09 و 0.05 و نسبت واریانس ناشی از اثر محیطی دائمی مادری (ظرفیت رحم، سطح تغذیه در اواخر آبستنی و رفتار مادری میش) به واریانس فنوتیپی (Pe^2) نیز معادل 0.09 بود. ضریب وراثت پذیری برآورد شده وزن شیر گیری در این پژوهش کمتر از ضریب وراثت پذیری وزن تولد بود. ضریب وراثت پذیری وزن شیرگیری مطابق با سایر گزارش ها بود (۱، ۸، ۴، ۶)، در این پژوهش ها مقدار ضریب وراثت پذیری در دامنه 0.09 تا 0.17 گزارش شده است. ضریب وراثت پذیری افزایش وزن روزانه نیز مطابق با سایر پژوهش های صورت گرفته بود (۱، ۴، ۶). برآورد ضریب وراثت پذیری نسبت کلیبر مطابق با گزارش های سایر پژوهشگران بود (۱، ۴). مقادیر ضریب وراثت پذیری مادری برای وزن تولد، وزن شیرگیری و افزایش وزن روزانه به ترتیب 0.03 ± 0.05 ، 0.02 ± 0.05 و 0.02 ± 0.03 بود این مقادیر کمتر از ضریب وراثت پذیری مستقیم می باشد که نشان دهنده اهمیت اثرات ژنتیکی مستقیم نسبت به اثرات ژنتیکی مادری برای این صفات می باشد. ضریب وراثت پذیری مادری برآورد شده برای وزن تولد با نتایج سایر پژوهش ها مطابق است (۱، ۶). ضریب وراثت پذیری مادری برآورد شده برای وزن شیرگیری مطابق با برخی از گزارش ها (۱، ۴) و مغایر با برخی دیگر از پژوهش ها

بود (۶، ۸). ضریب وراثت پذیری مادری افزایش وزن روزانه نیز مغایر با دیگر پژوهش ها بود (۱، ۶)، محمدی و همکاران (۲۰۱۰) در گوسفند سنجابی مقدار ۰/۲۳ را برای این ضریب گزارش کرده اند. برآورد کمتر این ضریب می تواند به علت ضعیف بودن مراتع و تغذیه ناکافی میش ها و در نتیجه عدم توانایی بروز کامل پتانسیل ژنتیکی و تولید شیر ناکافی باشد.

جدول ۲: پارامترهای ژنتیکی صفات قبل از شیرگیری گوسفند زندی*

صفات	مدل مناسب	σ_p^2	$h_d^2 \pm SE$	$h_m^2 \pm SE$	$Pe^2 \pm SE$	h_t^2	AIC
وزن تولد	مدل ۵	۰/۳۷	۰/۰۳ ± ۰/۰۹	۰/۰۳ ± ۰/۰۵	۰/۰۲ ± ۰/۰۹	۰/۱۱	- ۴۳,۷
وزن شیرگیری	مدل ۳	۱۰/۲۲	۰/۰۳ ± ۰/۰۶	۰/۰۲ ± ۰/۰۵	-	۰/۰۹	۱۰۱۵۸/۲
افزایش وزن روزانه	مدل ۳	۱۱۴۸	۰/۰۳ ± ۰/۰۵	۰/۰۲ ± ۰/۰۳	-	۰/۰۷	۴۰۳۷/۴۸
نسبت کلیبر	مدل ۱	۲/۹۹۳	۰/۰۲ ± ۰/۰۵	-	-	۰/۰۵	۶۳۰۴/۲۴

* σ_p^2 = واریانس فنوتیپی، h_d^2 = وراثت پذیری مستقیم، h_m^2 = وراثت پذیری مادری، Pe^2 = نسبت اثر محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی،

SE = انحراف استاندارد، h_t^2 = وراثت پذیری کل $h_t^2 = (\sigma_a^2 + 0.5\sigma_m^2 + 1.5\sigma_{am}) / \sigma_p^2$ ، AIC = مقدار آکایک.

منابع

1. Abegaz, S., JB. VanWyk and JJ. Olivier. Model comparisons and genetic and environmental parameter estimates of growth and the Kleiber ratio in Horro sheep. S. Afr. J. Anim. Sci. 2005. 35: 30-40.
2. Ghafori kesb, F., M. Eskandari nasab and A. Hassanabadi. Estimation of genetic parameters for lamb weight at various ages in mehraban sheep. Italian journal of animal science. 2008. Vol. 7. No. 11: 95-103.
3. Gilmour, A.R., Gogel, B.J., Cullis, B.R., Thompson, R. 2009. ASReml User Guide Release 3.0 VSN International Ltd, Hempstead, HP1 1ES, UK.
4. 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 Rumin. Res. 91, 170-177.
5. Microsoft office. FoxPro: version 9.0.
6. Mohamadi, Y., Rashide, A., Mokhtari, M.S. and Esmailizadeh, A.K. 2010. Quantitative genetic analysis of growth traits and Kleiber ratios in Sanjabi sheep. Small Rumin. Res. 93, 88-93.
7. SAS, 2004. Version 9.1 SAS Institute Inc. Cary, NC.
8. Thiruvenkadan, A. K., Karunanithi, k., Muralidharan, j. and Narendra Babu, R. 2011. Genetic Analysis of Pre-weaning and Post-weaning Growth Traits of Mecheri Sheep under Dry Land Farming Conditions. Asian-Aust. J. Anim. Sci. Vol. 24, No. 8 : 1041 - 1047.

Estimation of genetic parameters for pre weaning weight traits in zandi sheep by using univariate animal model

Keyvan Karami^{1*}, Hossein Moradi Shahrehabak² Ali Ghazikhani Shad¹ Ebrahim Mirzamohamadi³

¹Department of animal science, Saveh branch, Islamic Azad university, Saveh, Iran

²Department of animal science, University of Tehran, Karaj, Iran

³University of Kordestan, Sanandaj, Iran

* Keyvan Karami: karamikeyvan@yahoo.com

Abstract:

The present study was carried out to estimate genetic parameters for pre weaning weight traits in zandi sheep, using pedigree information and body weight records which collected from 1993 to 2008 at zandi sheep breeding station (khojir station). Studied traits were birth weight (bw, n=4086), weaning weight (ww, n=3501), average daily gain from birth to weaning (ADG, n=2997) and Kleiber ratio from birth to weaning (KR, n=2978). Test of significance for the fixed effects carried out using GLM procedure of SAS program. Also variance components estimated based on univariate animal model by REML method, using ASREML v.3 computer program. Birth year, lamb's sex, type of birth and dam age had a significant effect on all traits. Direct heritability estimate for BW, WW, ADG and KR, were 0.09 ± 0.03 , 0.06 ± 0.03 , 0.05 ± 0.03 , 0.05 ± 0.02 respectively. Maternal heritability estimate for BW, WW and ADG were 0.05 ± 0.03 , 0.05 ± 0.02 and 0.03 ± 0.02 respectively. Ratio of maternal permanent environmental effect to phenotypic variance were 0.09 for BW.

Keywords: Body weight traits- Average daily gain- Kleiber ratio- Genetic parameters.

بررسی تأثیر گاو نر، فصل زایش، سن مادر و جنس گوساله بر وزن تولد گوساله‌های نژاد هلشتاین

راضیه ساقی^{۱*}، علیرضا شهدادی^۲ و عطیه رحیمی^۱

۱ - دانشجویان کارشناسی ارشد دانشگاه فردوسی مشهد و ۲ - دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی

گرگان

*نویسنده مسئول: saghi9099@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق، تأثیر گاو نر (اسپریم مصرفی)، فصل زایش، سن مادر و جنس گوساله بر وزن تولد گوساله‌های هلشتاین ایران مورد بررسی قرار گرفت. داده‌های مورد استفاده شامل وزن تولد ۳۲۵۸ رأس گوساله نر و ماده بوده که توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور بین سال‌های ۱۳۸۸-۱۳۸۳ جمع‌آوری گردیده بود. برای تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها از نرم‌افزار آماری SAS نسخه ۹/۱ و با رویه GLM استفاده شد. نتایج نشان داد که گاو نر (اسپریم مصرفی) تأثیر معنی‌داری بر وزن تولد گوساله‌ها داشت ($P < 0/01$). گوساله‌های متولد شده در فصل زمستان سنگین‌تر از گوساله‌های متولد شده در سایر فصول بودند ($P < 0/01$). با افزایش سن مادر تا پنجمین زایش، روند صعودی در وزن تولد گوساله‌ها مشاهده گردید و پس از آن تغییرات قابل توجهی وجود نداشت. تأثیر جنس بر وزن تولد گوساله‌ها معنی‌دار نبود ($P < 0/01$). میانگین وزن تولد برای گوساله‌های نر و ماده به ترتیب $40/03 \pm 0/62$ و $37/24 \pm 0/44$ کیلوگرم برآورد شد. باتوجه به یافته‌های بدست آمده چنین نتیجه‌گیری می‌شود که اثرات گاونر، فصل زایش، سن مادر و جنس گوساله بر وزن تولد گوساله‌های هلشتاین معنی‌دار نبوده و می‌توان از این عوامل برای انتخاب تلیسه‌های جایگزین و گاونر مورد استفاده در گله استفاده نمود. واژگان کلیدی: وزن تولد - گاو نر - فصل زایش - سن مادر - جنس - گوساله هلشتاین.

مقدمه

آینده هر واحد پرورش گاو شیری بستگی به میزان موفقیت آن در برنامه‌های مربوط به پرورش گوساله و تلیسه دارد، پرورش گوساله از مهمترین و حساسترین فعالیتهای متداول در گاوداری‌ها است (۱). وزن تولد در گوساله‌ها نقش اقتصادی بسیار مهمی را در هر واحد پرورش گاو شیری بازی می‌کند، زیرا وزن تولد با آسان‌زایی، وزن از شیرگیری، افزایش وزن روزانه قبل از شیرگیری و عملکرد گوساله یا تلیسه در آینده ارتباط زیادی دارد. همچنین می‌تواند به عنوان شاخصی برای پیش‌بینی وزن از شیرگیری باشد که در گاوهای گوشتی نسبت به گاوهای شیری دارای اهمیت بیشتری است (۴). عوامل گوناگونی بر وزن تولد گوساله‌ها تأثیرگذار می‌باشند، مهمترین این عوامل شامل اثرات تصادفی مربوط به وزن پدر، سن مادر، فصل تولد، نحوه تولد گوساله، میزان تولید مادر در شکم‌های قبلی و در نهایت شرایط محیطی و تغذیه‌ای مؤثر بر گاوهای ماده آبستن می‌باشند (۶). تولد گوساله‌های نر به طور معنی‌داری بیشتر از گوساله‌های ماده است. در نژادهای شیری تفاوت وزن تولد بین جنس‌ها متغیر و از ۰/۵ تا ۳/۶ کیلوگرم و به طور متوسط ۲ کیلوگرم در گوساله‌های نر بیشتر گزارش شده است (۹). به طور کلی، وزن تولد گوساله با افزایش سن مادر تا ۸-۶ سالگی افزایش می‌یابد و تغییرات وزن بین زایش‌های اول و دوم دیده می‌شود. در حالت کلی مادران سنگین‌تر، گوساله‌های سنگین‌تری متولد می‌کنند (۶). معمولاً وزن تولد گوساله‌ها در فصول پاییز و زمستان بیشتر از فصول بهار و

تابستان است، دلیل این اختلاف وزن را می توان وضعیت علوفه مصرفی یا طول دوره آبستنی در گاو ماده باشد (۹). در این تحقیق به بررسی تأثیر گاو نر، فصل زایش، سن مادر و جنس گوساله بر وزن تولد گوساله های هلشتاین ایران پرداخته شده است.

مواد و روش ها

داده های مورد استفاده در این تحقیق مربوط به وزن تولد ۳۲۵۸ رأس گوساله متولد شده بین سال های ۱۳۸۸-۱۳۸۰ بوده که توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور جمع آوری شده بود. برای ویرایش و تنظیم داده ها از نرم افزار های EXCEL و FOXPRO نسخه ۲/۶ استفاده شد. داده ها با استفاده از نرم افزار آماری SAS نسخه ۹/۱ با رویه GLM مورد تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفت (۱۰). مقایسه میانگین ها بین سطوح مختلف هر عامل توسط آزمون چند دامنه آیدانک صورت گرفت. بررسی عوامل مؤثر بر وزن تولد با استفاده از مدل زیر انجام گردید:

$$Y_{ijkl} = \mu + S_i + Sn_j + Age_k + Sex_l + e_{ijkl}$$

که در آن،

Y_{ijkl} : وزن تولد گوساله،

μ : میانگین وزن تولد گوساله،

S_i : اثر گاو نر بر وزن تولد گوساله،

Sn_j : اثر فصل زایش بر وزن تولد گوساله،

Age_k : اثر سن مادر بر وزن تولد گوساله،

Sex_l : اثر جنس بر وزن تولد گوساله،

e_{ijkl} : اثر باقیمانده می باشد.

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تحلیل آماری داده ها نشان داد که تأثیر کلیه عوامل بر وزن تولد گوساله ها معنی دار شده است ($P < 0.01$). اثر گاو نر: بر اساس نتایج، اثر گاو نر (اسپریم مصرفی) تأثیر معنی داری بر وزن تولد گوساله ها داشت ($P < 0.01$) (جدول ۱). گاو های نر ۵۰٪ ارزش اصلاحی خود را به فرزندان منتقل می کنند، لذا اثر گاو نر بر خصوصیات ژنتیکی و فنوتیپی نتاج بسیار مشهود است. ناگت و همکاران (۸) گزارش نمودند که اثر پدر بر خصوصیات فنوتیپی گوساله و وزن تولد آن معنی دار بوده است. در یک بررسی دیگر اثر پدر بر وزن تولد گوساله معنی دار شده است (۱۱).

جدول ۱- تجزیه واریانس مربوط به اثر عوامل مختلف بر وزن تولد گوساله های هلشتاین

منابع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	F	سطح احتمال
گاو نر	۲۶۳	۸۲۵۱/۵۰۱۳	۱/۸۴۵۶	۰/۰۱
فصل زایش	۳	۲۱۱۳/۱۳۰۱	۱۹/۷۲۱۱	۰/۰۱
سن مادر	۹	۱۴۸۲/۱۰۴۱	۳/۹۸۹۵	۰/۰۱

جنس گوساله	۱	۲۹۱۸/۹۱۶۵	۱۳۱/۵۰۷۹	۰/۰۱
خطا	۲۹۸۱	۵۲۱۹۷/۱۷۸۱		
کل	۳۲۵۷	۶۷۹۶۲/۸۳۰۱		

اثر فصل زایش: نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که بین میانگین وزن تولد گوساله‌های متولد شده در فصول بهار، تابستان، پائیز و زمستان تفاوت معنی‌داری وجود دارد ($P < 0/01$). وزن تولد گوساله‌ها در فصل زمستان بیشترین مقدار (۴۰/۹۸۳ کیلوگرم) و در فصل تابستان کمترین مقدار (۳۷/۳۵۱ کیلوگرم) را داشت (جدول ۲). در فصل تابستان، تنش گرمایی بر رشد جنین در اواخر دوره آبستنی تأثیر منفی دارد. افزایش درجه حرارت محیط سبب کاهش اشتهای دام شده، لذا سرعت متابولیسم پایه در گاوهای آبستن کاهش می‌یابد (۳). کاهش میزان ماده خشک مصرفی و کاهش فعالیت غدد تیروئید و فوق کلیوی باعث کاهش خورندگی به رحم می‌شود، لذا رشد جنین دچار اختلال شده و منجر به تولد نوزادان کوچکتر می‌گردد. جانسون و برگر (۷) بیان نمودند گوساله‌هایی که در فصل زمستان متولد می‌شوند، به دلیل اینکه وزن بالاتری نسبت به گوساله‌های متولد شده در فصل تابستان دارند، با احتمال ۳۶ درصد بیشتر دچار سخت‌زایی و مرگ و میر می‌شوند. گارتنر و همکاران (۶) گزارش نمود که گوساله‌های متولد شده در پائیز نسبت به گوساله‌های متولد شده در زمستان و بهار دارای وزن تولد بیشتری بودند.

جدول ۲- میانگین وزن تولد گوساله‌های هلشتاین در فصول مختلف سال (کیلوگرم)

فصل	تعداد	میانگین [†]	انحراف معیار
بهار	۸۵۶	۳۹/۰۰۱ ^b	±۰/۴۹۳
تابستان	۷۶۳	۳۷/۳۵۱ ^c	±۰/۵۶۱
پائیز	۸۹۲	۳۸/۷۰۲ ^b	±۰/۵۸۴
زمستان	۷۴۷	۴۰/۹۸۳ ^a	±۰/۵۹۱

[†] حروف غیر مشابه بیانگر اختلاف معنی‌دار در سطح $P < 0/01$ هستند.

سن مادر: اثر سن مادر بر وزن تولد گوساله‌ها معنی‌دار بود ($P < 0/01$). بدین ترتیب که میانگین وزن تولد گوساله‌های متولد شده در زایش‌های اول تا پنجم افزایش یافته و پس از آن تغییرات قابل ملاحظه‌ای مشاهده نگردید (جدول ۳). گاو شیری در سن ۵-۶ سالگی به سن بلوغ فیزیولوژیکی می‌رسد، تا قبل از این سن گاو آبستن به دلیل اینکه در حال رشد است با جنین خود برای کسب مواد مغذی مورد نیاز جهت رشد بدن در رقابت می‌باشد (۲). لذا توصیه شده است که احتیاجات نگهداری گاوهای شیری در زایش اول و دوم به ترتیب ۲۰ و ۱۰ درصد باشد. گارتنر و همکاران (۶) گزارش نمودند که گاوهای ماده با سن کمتر از ۳/۵ سال سبک‌ترین گوساله‌ها را متولد نموده‌اند.

جدول ۳- میانگین وزن تولد گوساله‌های هلشتاین در زایمان‌های مختلف (کیلوگرم)

زایش	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰
تعداد	۴۹۹	۴۸۳	۴۱۰	۴۰۳	۳۹۸	۳۱۳	۲۸۲	۲۰۲	۱۷۵	۹۳

میانگین	۸۶۷ ^c	۹۱۸ ^c	۰۱۲ ^b	۴۶۳ ^b	۰۹۱ ^{ab}	۷۶۶ ^a	۹۶۲ ^a	۱۷۰ ^a	۸۵۸ ^{ab}	۴۰۹ ^{bc}
†	۳۴	۳۵	۳۷	۳۷	۳۸	۳۸	۳۸	۳۹	۳۸	۳۶
انحراف	±۰/۵۱۸	±۰/۴۸۳	±۰/۴۱۵	±۰/۵۱۰	±۰/۶۲۳	±۰/۷۰۱	±۰/۸۲۱	±۰/۸۸۵	±۰/۹۴۱	±۰/۹۷۹
معیار										

†حروف غیر مشابه بیانگر اختلاف معنی‌دار در سطح $P < 0.01$ هستند.

جنس گوساله: در تحقیق حاضر جنس گوساله تأثیر معنی‌داری بر وزن تولد گوساله‌ها داشته است ($P < 0.01$). نتایج نشان می‌دهد که از نظر آماری بین میانگین وزن تولد گوساله‌های نر و ماده اختلاف معنی‌داری وجود دارد (جدول ۴). در مرحله جنینی و کمتر از ۱۰۰ روز آبدستی مشخص شده است که گوساله‌های نر از گوساله‌های ماده سنگین‌تر بوده و پس از آن نیز رشد بیشتری دارند (۶). به طور کلی، دوره آبدستی گاو هنگامیکه جنین نر در رحم خود دارد طولانی‌تر بوده که این خود منجر به سنگین‌تر شدن گوساله نر می‌شود (۵). ناگت و همکاران (۸) میانگین وزن تولد گوساله‌ها را ۴۱/۴ کیلوگرم گزارش کرده و اظهار داشتند که گوساله‌های نر ۸/۵ درصد سنگین‌تر از گوساله‌های ماده هستند. جانسون و برگر (۷) اعلام نمودند که گوساله‌های نر به دلیل سنگین‌تر بودن ۲۵ درصد بیشتر از گوساله‌های ماده در هنگام تولد به مراقبت و کمک‌های زمان تولد نیاز دارند.

جدول ۴- میانگین وزن تولد گوساله‌های هلشتاین به تفکیک جنس (کیلوگرم)

جنس	تعداد	میانگین [†]	انحراف معیار
نر	۱۰۷۴	۴۰/۰۳۱ ^a	±۰/۶۲۱
ماده	۲۱۸۴	۳۷/۲۴۳ ^b	±۰/۴۴۵

†حروف غیر مشابه بیانگر اختلاف معنی‌دار در سطح $P < 0.01$ هستند.

منابع

- ناصریان ع، صارمیب، باشتنی م، فروغیغ. ۱۳۸۴. مدیریت، تغذیه و پرورش گوساله. چاپ اول، انتشارات دانشگاه.
- فردوسی مشهد.
- Berglund, B., J. Philipsson. 1987. The influence of relative birth weight and certain other factors on calving performance in Swedish dairy cattle breeds. *Animal Reproduction Sci.* 15: 81-93.
- Braude, R., D.M. Walker. 1949. Mortality, weight, and body measurements at birth of dairy Shorthorn calves. *J. Agr. Sci.* 39: 156.
- DeMattos, D., I. Misztal, J.K. Bertrand. 2000. Variance and covariance components for weaning weight for Herfords in 3 countries. *J. Anim. Sci.* 78: 33-37.
- Frandsen, R.D. 1981. *Anatomy and physiology of farm animals* (3rd Ed). Lea and Febiger, Philadelphia.
- Gaertner, S.J., F.M. Rouquette, C.R. Long, J.W. Turner. 1992. Influence of calving season and stocking rate on birth weight and weaning weight of Simmental – sire calves from Brahman – Hereford F1 dams. *J. Anim. Sci.* 70: 2296-2303.
- Johanson, J.M., P.J. Berger. 2003. Birth weight as a predictor of calving ease and prenatal mortality in Holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 86: 3745-3755.

8. Nugent, R.A., D.R. Notter, W.E. Beal. 1991. Body measurements of newborn calves and relationship of shape to sire breeding values for birth weight and calving ease. J. Anim. Sci. 69: 2413-2421.
9. Robert, M., R.T. Clark. 1985. Influence of sex, season of birth and age of dam on economic traits in range beef cattle. J. Anim. Sci. 17: 342.
10. SAS User's Guide: Statistics, Version 9.1th edition. 1989. SAS Inst., Inc., Cary, NC.
11. Setshwaelo, L.L., L.V. Cundiff, G.E. Dickerson. 1990. Breed effect on crossbred cow-calf performance. J. Anim. Sci. 68: 1577-1587.

Effect of sire, season of parturition, age of dam and sex on birth weight of Holstein calves

Razieh Saghi^{*1}, Ali Reza Shahdadi² and Atieh Rahimi¹

1- Ferdowsi University of Mashhad and 2- Agricultural Sciences and Natural Resources University of Gorgan

* Corresponding author: saghi9099@yahoo.com

Abstract

The effect of sire, season of parturition, age of dam and sex of calf on birth weight of Iranian Holstein calves was investigated. The data used in this study was obtained from the birth weight of 3258 male and female calves born during years of 2004 – 2009. These data were collected by animal breeding center of Iran. Data were analyzed by SAS 9.1 with GLM procedure. Results showed that the effect of sire on birth weight of calves was significant ($P < 0.01$). Birth weight in winter was significantly ($P < 0.01$) higher than other seasons. The birth weight of calves was increased, as the age of dam increased (until 5th calving), after that significant changes were not observed. The birth weight of male calves was significantly ($P < 0.01$) higher than female calves (40.03 ± 0.62 Kg vs. 37.24 ± 0.44 Kg, respectively). According to the results of this study, the effects of sire, season of parturition, age of dam and sex of calf on birth weight of Iranian Holstein calves were significant and thus can be used in selection of the best replacement heifers or breeding bulls in the herd.

Keywords: birth weight- sire- season of parturition- age of dam- sex- Holstein calves.

بررسی تاثیر اندازه هسته بر پیشرفت ژنتیکی و تاخیر ژنتیکی با استفاده از شبیه‌سازی طرح اصلاح نژادی هسته‌باز

حشمت‌الله عسکری‌همت^{۱*} و عبدالاحد شادپرور^۲

۱. دانشجوی دوره دکتری اصلاح نژاد دام، دانشگاه گیلان و عضو هیات علمی گروه علوم دامی، دانشگاه شهید باهنر کرمان

۲. عضو هیات علمی گروه علوم دامی، دانشگاه گیلان

* کیلومتر ۵ جاده رشت-تهران، دانشگاه گیلان، دانشکده کشاورزی haskarih@yahoo.com

چکیده

در شبیه‌سازی یک طرح دولایه هسته‌باز اصلاح نژادی در گوسفند، با افزایش اندازه هسته تا میزان ۰/۱۱۷، پیشرفت ژنتیکی افزایش و سپس کاهش یافت. حساسیت پیشرفت ژنتیکی سالیانه نسبت به کاهش اندازه هسته در نزدیکی های اندازه بهینه بسیار اندک بود. لذا، در شرایط مشابه با تحقیق حاضر، می‌توان بدون ایجاد کاهش معنی‌دار در پیشرفت ژنتیکی، اندازه هسته را ۳۴٪ کوچکتر نمود. زمانی که اندازه هسته به دفعات افزایش یافت، با نرخ انتقال بهینه میش در هر دور افزایش، تاخیر ژنتیکی روندی کاهشی داشت.

واژگان کلیدی: شبیه‌سازی در گوسفند - اندازه هسته - باز - تاخیر ژنتیکی - پیشرفت ژنتیکی

مقدمه

طرح‌های اصلاح نژادی مبتنی بر هسته معمولاً دارای دو لایه به نام هسته و پایه (گله‌های مردمی) می‌باشند. در طرح هسته‌باز جریان ژنی دوطرفه است و از حیوانات ممتاز پایه به عنوان بخشی از جایگزینهای هسته استفاده میشود. در این گونه طرحها، آمیزش جور شده بین لایه‌ای همراه با آمیزش تصادفی درون لایه‌ای منجر به افزایش واریانس ژنتیکی و پیشرفت ژنتیکی بیشتری میشود. در آغاز اجرای طرح از بهترین حیوانات جهت ایجاد یک هسته ممتاز استفاده می‌شود. لذا، در ابتدا اختلاف انتخاب در هسته میتواند زیاد باشد و تا اندازه‌ای باعث افزایش تاخیر ژنتیکی (کمتر بودن ارزش اصلاحی پایه از ارزش اصلاحی هسته) گردد. با توزیع ژنوم دام‌های ممتاز هسته در پایه، این تاخیر ژنتیکی سریعاً جبران می‌گردد (۴ و ۵). در گوسفند و گاو گوشتی پاسخ به انتخاب در یک طرح دولایه هسته‌باز نسبت به طرح هسته‌بسته زمانی که شدت انتخاب در ماده‌ها پایین باشد ۱۵-۱۰ درصد بیشتر است (۳). این نرخ برای صفاتی که فقط در ماده‌ها قابل اندازه‌گیری هستند ۲۵-۱۵ درصد نسبت به طرح هسته‌بسته بیشتر می‌باشد (۲). در طرح هسته‌باز ممکن است دام‌های هسته در گله‌های مختلف حضور داشته باشند که طرح هسته‌باز با هسته غیرمتمرکز نامیده می‌شود (۴). هدف از تحقیق حاضر بررسی چگونگی اثرگذاری اندازه هسته بر روی پیشرفت ژنتیکی طرح هسته‌باز و برخی دیگر از پارامترهای مرتبط می‌باشد.

مواد و روشها

شبیه سازی طرح هسته باز به روش قطعی با ۶ گروه سنی برای میش ها و ۳ گروه سنی برای قوچ ها و با نسل های هم پوشان، ترکیب سنی و فاصله نسل مساوی در هسته و پایه انجام شد. انتخاب جایگزین ها به تناسب جمعیت هر گروه، از بین فرزندان تمام گروه های سنی به عمل آمد. هدف انتخاب، افزایش وزن بیده پشم سالیانه در گوسفند بود. فرض گردید که، تمامی قوچ های مورد نیاز طرح برای جایگزینی در هسته تولید و درصدی از میش های جوان جایگزین در هسته، از پایه تامین می شوند. با تعداد ۱۰ اندازه متفاوت هسته و ۶ نرخ انتقال میش های جایگزین هسته متولد پایه، ۶۰ ترکیب حاصل و سپس مجموعه ای از ۱۰ پارامتر زیر برای هر ترکیب محاسبه گردید که در مجموع منجر به تولید ۶۰ مجموعه پارامتر با ۶۰۰ داده مورد نیاز جهت تجزیه و تحلیل گردید. اندازه های هسته، ابتدا در ۷ مورد به فواصل ۰/۰۲ و در ادامه در ۳ مورد به فواصل ۰/۰۶ بود. کوچکترین اندازه هسته (۰/۰۳۷) حداقل اندازه سازگاز با ساختار سنی گله ها بود.

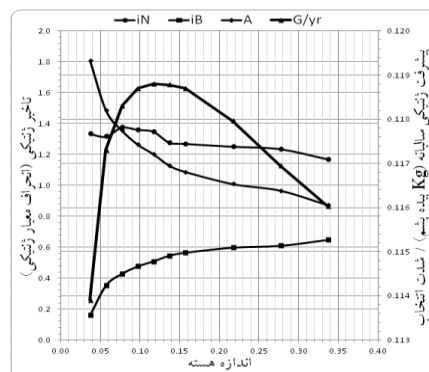
پارامترهای مذکور عبارت بودند از پیشرفت ژنتیکی در واحد سال، میانگین اختلاف انتخاب در هسته و در پایه، تاخیر ژنتیکی در واحد انحراف معیار ژنتیکی، تاخیر ژنتیکی در واحد سال، انواع اختلاف انتخاب مربوط به مسیرهای پنجگانه آمیزشی: نرهای انتخابی هسته برای جایگزینی در هسته، نرهای انتقالی به پایه متولد هسته، ماده های انتخابی هسته برای جایگزینی در هسته، ماده های انتقالی به هسته متولد پایه و ماده های انتخابی پایه برای جایگزینی در پایه. داده های حاصله به منظور مشخص نمودن بالاترین نرخ های پیشرفت ژنتیکی برای اندازه های مختلف هسته مورد بررسی قرار گرفتند. از بین مجموعه پارامترهای ۶۰ گانه نامبرده در بالا، تعداد ۱۰ مجموعه که بالاترین نرخ پیشرفت ژنتیکی سالیانه را دارا بودند جهت بررسی بیشتر انتخاب گردیدند. با توجه به موثر و جیمز (۱۹۸۴)، میانگین برتری ژنتیکی آن دسته از منتخبین مورد استفاده در هر لایه شامل منتخبین در خود لایه و آنهایی که در دیگر لایه گزینش و جهت انتقال به آن لایه منظور شدند به عنوان پیش بینی پیشرفت ژنتیکی سالیانه حاصل از انتخاب در حالت تعادل سیستم منظور شد:

$$G/Y_T = [g C_N + (1-g) C_B] / [g I_N + (1-g) I_B] \quad (1)$$

در اینجا G/Y_T , C_N , C_B , g , I_N و I_B به ترتیب نرخ پیشرفت ژنتیکی در سال، میانگین اختلاف انتخاب قوچ ها و میش ها در هسته، میانگین اختلاف انتخاب میش ها در پایه، سهم هسته از کل تبادلات بین لایه ای قوچ و میش، فاصله نسل هسته و پایه میباشد. میانگین اختلاف انتخاب آن دسته از منتخبین مورد استفاده در لایه مورد نظر اعم از منتخبین در خود لایه و آنهایی که در دیگر لایه گزینش و به آن انتقال داده شدند، به عنوان میانگین اختلاف انتخاب آن لایه (C) منظور گردید. لایه مبدا منتخبین مورد استفاده در لایه مورد نظر، نرخ مشارکت هر گروه منتخب در جایگزینی در آن لایه، صحت و شدت انتخاب در مسیر آمیزشی مربوطه در محاسبه دخالت داده شد. سپس، محاسبه نرخ پیشرفت ژنتیکی سالیانه حالت ثبات برای کل سیستم با استفاده از میانگین "اختلاف انتخاب" های هر لایه در معادله (۱) صورت گرفت. تعدادی از قوچ های جوان جایگزین هسته - متولد هسته، جهت استفاده در هسته، منظور و محاسبه شدت انتخاب مربوط به گروه انتخابی برای پایه به روش موثر و جیمز (۱۹۸۳) انجام شد. اما در پایه، ابتدا میش های جایگزین هسته انتخاب شدند.

برای هر اندازه بخصوص از هسته، با افزایش نرخ انتقال ماده‌های جایگزین هسته - متولد پایه به هسته، پیشرفت ژنتیکی افزایش یافت اما پس از رسیدن به نقطه اوج (میزان بهینه نرخ انتقال) روند کاهشی شروع شد. بهترین اندازه هسته با بهترین نرخ انتقال ماده‌های جایگزین هسته متولد پایه، برای اندازه‌های هسته ۰/۰۳۷ و ۰/۰۵۷ در حد ۰/۳۰ ثابت ماند، سپس برای ۳ اندازه بعدی هسته به ۰/۴۰ افزایش و متعاقب آن به ۰/۳۰ کاهش یافت. دلیل افزایش شدید شدت انتخاب در هسته‌ای با اندازه ۰/۰۷۷ و باقی ماندن آن در سطح بالا برای ۲ اندازه هسته بزرگتر از آن، وجود اثر متقابل بین اندازه هسته و نرخ انتقال ماده‌های جایگزین هسته متولد پایه به هسته میباشد که ضرورتاً به منظور حداکثر شدن پیشرفت ژنتیکی سیستم، برای اندازه هسته یاد شده در بالا نرخ انتقال بالاتری را ایجاب نمود. با افزایش اندازه هسته هیچگونه تغییری در شدت انتخاب نرهای متولد هسته جهت جایگزینی در هسته و ماده‌های متولد هسته جهت جایگزینی در هسته حاصل نشد که علت آن عدم ورود قوچ‌های جوان جهت جایگزینی از پایه میباشد که خود هسته با هر اندازه (به شرط ثابت بودن ساختار سنی آن) قادر به انتخاب جایگزینها با نسبتی ثابت میباشد. اما، به علت اینکه با افزایش اندازه نسبی جمعیت هسته، فشار انتخاب برای قوچ‌های جایگزین شونده در پایه متولد هسته (از بین قوچ‌های جوان مازاد هسته) افزایش یافت، شدت انتخاب در مسیر مربوطه افزایش یافت و پیشرفت ژنتیکی بیشتری در پایه حاصل شد. با توجه به اینکه در هسته ابتدا انتخاب ماده‌های متولد هسته جهت جایگزینی در خود هسته صورت گرفت، به دلیل یاد شده در فوق تغییری در شدت انتخاب ماده‌های متولد هسته جهت جایگزینی در هسته ایجاد نگردید.

به دلیل اینکه بخشی از میش‌های هسته از پایه تامین شد، افزایش اندازه هسته منجر به انتخاب تعداد بیشتری از میش‌های جوان در دسترس جهت جایگزینی در پایه و در نتیجه کاهش شدت انتخاب در مسیر آمیزشی مربوطه شد. بر خلاف بررسی انجام شده توسط عبدالسلام و همکاران (۲۰۱۰) که در آن با افزایش اندازه هسته، بیشتر شدن پیشرفت ژنتیکی گزارش گردیده، در این تحقیق افزایش اندازه هسته فقط تا میزان مشخصی (۰/۱۱۷) افزایش پیشرفت ژنتیکی را در بر داشت که پس از آن، روند یاد شده (در شکل ۱) کاهشی بود.



شکل ۱. تاثیر اندازه هسته بر روی پیشرفت ژنتیکی و تاخیر ژنتیکی با ملاحظه تغییرات شدت انتخاب در هسته و پایه. G/yr : پیشرفت ژنتیکی سالانه طرح، A : تاخیر ژنتیکی، iB : شدت انتخاب پایه و iN : شدت انتخاب هسته.

با توجه به اینکه افزایش اندازه هسته از اندازه بهینه با افزایش هزینه‌های طرح همراه است، فقط کاهش اندازه آن میتواند در شرایطی مورد نظر باشد. اینکه چه میزان کاهش از اندازه بهینه هسته (۰/۱۱۷) کاهش قابل توجهی در پیشرفت ژنتیکی ایجاد نخواهد کرد در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفت. همانگونه که در شکل ۱ ملاحظه میگردد، حداکثر کاهش در پیشرفت ژنتیکی

سالیانه حاصل از اندازه هسته ۰/۰۹۷، تنها ۰/۰۰۱ کیلوگرم، معادل ۰/۰۸٪ بود. کاهش یاد شده برای اندازه‌های هسته ۰/۰۳۷، ۰/۰۵۷ و ۰/۰۷۷ به ترتیب برابر با ۰/۰۴۲٪، ۱/۲۶٪ و ۴/۱۲٪ بود. لذا، به طور کلی، حساسیت پیشرفت ژنتیکی سالیانه نسبت به کاهش اندازه هسته در نزدیکی اندازه بهینه بسیار اندک بود و روندی غیر خطی داشت. بنابراین، میتوان براحتی و بدون کاهش معنی‌دار در پیشرفت ژنتیکی سالیانه، اندازه آنرا ۳۴٪ کوچکتر نموده، به ۰/۰۷۷ تقلیل داد. حداکثر شدن پیشرفت ژنتیکی هسته با حداقل تاخیر ژنتیکی ممکن درپایه، هدف اصلاح کننده دام است. این دو پارامتر هردو وابسته به عواملی من جمله اندازه هسته میباشد که مورد اخیر خود با پارامترهای مختلفی مرتبط است و الزاما حد بهینه‌ای دارد. هم‌چنین، برای هر اندازه بخصوص و ثابت از هسته مرتبط با مجموعه‌ای از نرخهای انتقال، با افزایش نرخ انتقال، تاخیر ژنتیکی در واحد انحراف معیار ژنتیکی روندی افزایشی و سپس در میزان مشخصی از نرخ انتقال روندی کاهشی داشت - به جز برای اندازه هسته ۰/۳۳۷ که پیوسته افزایشی بود. اما، تاخیر ژنتیکی در واحد سال به طور پیوسته از روندی افزایشی و غیر خطی برخوردار بود. نکته قابل توجه اینکه زمانی که روند بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی برای مجموعه‌ای از اندازه‌های بهینه هسته (هر اندازه هسته بهینه مربوط به یک محدوده از نرخهای انتقال میشد) در نظر گرفته شد، با افزایش اندازه هسته بهینه، تاخیر ژنتیکی در واحد انحراف معیار ژنتیکی و در واحد سال، هر دو روندی کاهشی داشتند. به دلیل وجود اثر متقابل بین انواع شدت انتخاب، تاخیر ژنتیکی و پیشرفت ژنتیکی هسته، برآیند این اثرات که شامل اثر حاصل از تغییرات شدت‌های انتخاب مشروحه در فوق نیز میباشد، به صورت ۱/۲ انحراف معیار ژنتیکی و پیشرفت ژنتیکی حداکثر، برای اندازه ۰/۱۱۷ ظاهر گردید. تاخیر ژنتیکی به ساختار سنی پایه، لایه‌ای که جایگزینها از آن برای پایه انتخاب میشوند و نیز به ارزش اصلاحی آنها بستگی دارد. لذا، یکی از راههای کاستن از تاخیر ژنتیکی، کم کردن سن نگهداری قوچ‌ها و میش‌ها در پایه میباشد (۸) که این هدف با بهینه سازی کل سیستم هسته‌باز جهت حصول حداکثر پیشرفت ژنتیکی محقق میگردد.

منابع

1. Abdel-Salam, S.A., A. I. Sayed, Manal Elsayed, S. Abou-Bakr, 2010. Genetic gain in open nucleus breeding scheme to improve milk prod. in Egyptian buffalo. *Livest. Sci.*, 131:162-167.
2. Del Bosque-Gonzales, A. S., 1989. Simulation of nucleus breeding schemes for wool production. Ph.D. thesis, Univ. New England, Australia.
3. James, J. W., 1977. Open nucleus breeding systems. *Anim. Prod.*, 24: 287-305
4. Kinghorn, B. P., 1999. Nucleus breeding schemes. In: *Animal breeding, Use of new technologies. The post graduate foundation in veterinary sci.*, Univ. of Sydney, Australia.
5. Kosgey I. S., 2004. Breeding objectives and breeding strategies for small ruminants in the tropics. *Animal breeding and genetics group. Ph.D. thesis, Wageningen University.*
6. Mueller, J.P. and J. W. James, 1983. Effect of reduced variance due to selection in open nucleus breeding systems. *Aust. J. Agric. Res.* 34: 53-62
7. Mueller, J.P. and J. W. James, 1984. Developments in open nucleus breeding systems. *Proc. of 2nd congress on sheep and beef breeding, Proteria, RSA.* Pp: 204-213
8. Nicholas, F. W., 1987. *Veterinary Genetics*, Oxf. Univ. Press, Walton St., Oxf. OX2 6DP.

Simulation study of effect on genetic gain and genetic lag of nucleus size in an open nucleus breeding scheme

H. Askari-Hemmat^{1,2*} and A.A. Shadparvar²

1. Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid-Bahonar University of Kerman, Iran.

2. Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Guilan, Iran

* haskarih@yahoo.com

Abstract

In a 2-layer sheep open nucleus scheme simulation, increasing the nucleus size by 0.117 resulted in increases in genetic gain beyond which a downturn occurred in the gain. Sensitivity of the genetic gain per year with respect to decrease in the size of nucleus in the vicinity of its optimum value was very low. So, in situations similar to that of the present research, it is possible to make the nucleus size smaller by 34%, making no significant decrease in the genetic gain. Genetic lag had a downward trend as nucleus size increased for a number of times with optimal ewe transfer rate in every round of increase.

Keywords: sheep simulation - open nucleus size – genetic lag – genetic gain

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت چندقلوزایی در گوسفند نژاد ماکویی با مدل آستانه‌ای تکرارپذیری

سیدامین مرتضوی^{۱*}، صادق علیجانی^۲ و سیدعباس رافت^۳، حسین دقیق کیا^۴، میثم لطیفی^۱

۱ - دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام، دانشگاه تبریز

۲ - عضو هیات علمی گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

* نویسنده مسئول: سیدامین مرتضوی، آدرس ایمیل aminmrt@hotmail.com

چکیده

مولفه‌های واریانس صفت چندقلوزایی گوسفندان نژاد ماکویی در طی سالهای ۱۳۷۳ تا ۱۳۹۰ با استفاده از مدل آستانه‌ای تکرارپذیری و به روش بیزی برآورد شدند. بدین منظور دو مدل مختلف حیوانی مورد بررسی قرار گرفت. در یک مدل فقط اثرات ژنتیکی افزایشی و اثرات ثابت مربوطه فرض شد، در حالیکه در مدل دیگر علاوه بر اثرات ذکر شده، اثرات محیطی دائم حیوان هم در نظر گرفته شد. برآورد مولفه‌های واریانس صفت چندقلوزایی توسط نرم‌افزار THRGIBBS1F90 انجام شد. میانگین پسین وراثت‌پذیری افزایشی برآورد شده برای مدل یک و دو به ترتیب ۰/۰۱۳ و ۰/۰۱۱ بودند. و تکرارپذیری مدل دو ۰/۰۱۸ برآورد شد. واریانس محیط دائمی حیوان در این تحقیق ناچیز بود (۰/۰۰۱). کارایی هر دو مدل توسط ملاک انحراف داده‌ای سنجیده شدند، و با توجه به اعداد بدست آمده توسط ملاک انحراف داده‌ای (ملاک ۱۴۷۳/۰۷ برای مدل یک در برابر ملاک ۱۳۴۱/۲۵ برای مدل دو). مدل دو به عنوان مدل برتر برای آنالیز صفت چندقلوزایی شناخته شد. واژگان کلیدی: گوسفند ماکویی - چندقلوزایی - مدل آستانه‌ای تکرارپذیری - روش بیزی.

مقدمه

قسمت عمده‌ی درآمد پرورش گوسفند با تولید بره به دست می‌آید (۴). تولیدمثل به عنوان مهم‌ترین عامل در بهینه بودن سیستم تولید گوشت گوسفندی شناخته شده است. چندقلوزایی درمیش مهمترین معیار انتخاب برای پیشرفت ژنتیکی صفت تولید گوشت است. (۲) صفاتی که از خود توزیع گسسته‌ی فنوتیپی نشان می‌دهند اغلب به عنوان صفات آستانه‌ای یا شبه‌پیوسته نامیده می‌شوند (۵). مسأله‌ی مهمی که می‌بایست در تحلیل صفت چندقلوزایی مدنظر داشت این است که صفت چندقلوزایی ماهیتی دسته‌بندی شده دارد که بر پایه‌ی غیرپیوسته مشاهده می‌شود، بنابراین بایستی با مدل‌های آستانه‌ای آنالیز شود (۷). برای آنالیز صفت چندقلوزایی از مدل تکرارپذیری به‌طور گسترده استفاده شده است (۷). در این مدل همبستگی ژنتیکی بین شکم‌های زایش مختلف یکسان در نظر گرفته می‌شود. بنابراین هدف از این تحقیق برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت چندقلوزایی در گوسفندان نژاد ماکویی با مدل آستانه‌ای تکرارپذیری و به روش بیزی است.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق ۹۲۴۳ رکورد چندقلوزایی در چهار شکم اول زایش گوسفندان نژاد ماکویی مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. این میش‌ها در طی سالهای ۱۳۷۳ تا ۱۳۹۰ زایش داشتند. دو مدل حیوانی زیر برای آنالیز صفت چندقلوزایی انتخاب شدند:

$$Y = Xb + Zu + e \quad \{1\}$$

$$Y = Xb + Zu + Wpe + e \quad \{2\}$$

Y ، متغیرنامری پیوسته مشاهده شده برای صفت چندقلوزایی با نقطه‌ای آستانه‌ای t_1 که بین حساسیت مشاهده شده و دو گروه چندقلوزایی رابطه برقرار می‌کند، b بردار اثرات ثابت، u بردار اثرات افزایشی، Pe بردار اثرات محیطی دائم، e اثرات تصادفی باقیمانده، X ، Z و W هم به ترتیب ماتریس‌های مرتبط با بردارهای b ، u و Pe هستند. با توجه به وجود بیش از یک مشاهده بر روی یک صفت چندقلوزایی در گوسفندان از مدل تکرارپذیری استفاده می‌شود، چرا که دقت رکوردهای تکراری در مقایسه‌ی با حالت تکرارکرد، بیشتر است. به منظور برآورد مولفه‌های واریانس و برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت چندقلوزایی از روش بیزی به صورت آنالیز تکرارپذیری و تحت مدل حیوانی و نرم‌افزار THRGIBBS1F90 استفاده شد. بدین منظور برای اثرات ثابت توزیع پیشین تخت، برای اثرات ژنتیکی افزایشی و اثرات محیطی دائمی حیوان توزیع پیشین نرمال و هم‌چنین برای مولفه‌های واریانس توزیع خی‌دو معکوس در نظر گرفته شد. برای تحلیل صفت چندقلوزایی به روش بیزی ۲۰۰۰۰۰ سیکل محاسباتی و فاصله‌ی بین دوره‌های نمونه‌گیری ۱۰۰ در نظر گرفته شد. ۱۰۰۰۰ نمونه‌ی اولی به عنوان دوره‌های سوخته حذف شدند. از روش نمونه‌گیری گیس برای برآورد میانگین توزیع پسین حاشیه‌ای پارامترهای ژنتیکی صفت چندقلوزایی استفاده شد. برای ارزیابی کارایی دو مدل برای آنالیز صفت چندقلوزایی از فرمول ملاک انحراف داده‌ای (DIC) که معیاری برای مقایسه‌ی بین دو مدل آماری است، استفاده شد.

نتایج و بحث

تعداد کل حیوانات استفاده شده در این تحقیق ۴۰۷۸۳، تعداد کل نرها ۶۸۲، تعداد کل ماده‌ها ۱۴۹۶۸ و از مجموع حیوانات ۱۵۶۵۰ حیوان دارای نتاج بودند. در جدول ۱ آمار توصیفی صفت چندقلوزایی در گوسفندان نژاد ماکویی نشان داده شده است.

جدول یک - آمار توصیفی صفت چندقلوزایی در گوسفندان نژاد ماکویی

صفت	تعداد میانگین	واریانس	انحراف معیار	ضریب تغییرات	تک‌قلوزا	دوقلوزا
چندقلوزایی	۹۲۴۳	۱/۰۹	۰/۰۸۴	۰/۲۹	۲۶/۶۵	۸۴۱۲
						۸۳۱

میانگین صفت چندقلوزایی در میش‌های نژاد راساآراگونسا ۱/۳۵ گزارش شد (۲) که بیشتر از مقدار بدست آمده در این تحقیق می‌باشد (۱/۰۹). اثرات ثابت موثر بر صفت چندقلوزایی شکم زایش، سن مادر هنگام زایش، فصل - سال - گله توسط رویه‌ی LOGISTIC نرم‌افزار SAS9.1 در سطح ($P < 0.05$) مورد آزمون قرار گرفتند و تنها اثرات گله و سال تولد معنی‌دار شدند. معنی‌دار بودن اثرات سال و گله می‌تواند به دلیل متفاوت بودن مدیریت در گله‌ها و تغییرات ناشی از مقدار بارندگی، رطوبت، دمای محیط، کمیت و کیفیت علوفه در طی سالهای مختلف باشد. نتایج برآورد واریانس ژنتیکی مستقیم σ_a^2 ، واریانس محیط دائمی حیوان σ_{pe}^2 ، واریانس خطا σ_e^2 ، واریانس فنوتیپی σ_p^2 ، وراثت‌پذیری مستقیم h_a^2 ، اثر محیط دائمی حیوان C^2 ، تکرار پذیری r و ملاک انحراف داده‌ای DIC در جدول ۲ نشان داده شده است.

جدول ۲- برآورد مولفه‌های واریانس صفت چندقلوزایی با مدل آستانه‌ای تکرارپذیری و به روش بیزی

مدل	σ_a^2	σ_{pe}^2	σ_e^2	σ_p^2	h_a^2	c^2	r	DIC
مدل ۱	۰/۰۰۱	—	۰/۰۷۹	۰/۰۸۰	۰/۰۱۳ ± ۰/۰۰۹	—	—	۱۴۷۳/۰۷
مدل ۲	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۰۷۸	۰/۰۸۰	۰/۰۱۱ ± ۰/۰۰۸	۰/۰۰۸ ± ۰/۰۰۷۹	۰/۰۱۸ ± ۰/۰۱۱	۱۳۴۱/۲۵

توضیحات: σ_a^2 = واریانس ژنتیکی افزایشی، σ_{pe}^2 = واریانس محیط دایمی، σ_e^2 = واریانس باقیمانده، σ_p^2 = واریانس فنوتیپی، h_a^2 = وراثت پذیری افزایشی، c^2 = اثر محیط دایمی حیوان، r = تکرارپذیری، DIC = ملاک انحراف داده ای.

مولفه واریانس‌های برآورد شده در این تحقیق برای هر دو مدل خیلی به هم نزدیک بودند. واریانس ژنتیکی افزایشی و محیط دایمی حیوان برای هر دو مدل در این تحقیق ناچیز و یکسان برآورد شدند (۰/۰۰۱). میانگین پسین وراثت‌پذیری افزایشی و تکرارپذیری برآورد شده در هر دو مدل پایین‌تر از مقادیر گزارش شده توسط دیگر محققان بودند (۲، ۳، ۴، ۶ و ۷). با این حال وراثت‌پذیری برآورد شده در این تحقیق (۰/۰۱) با مقدار وراثت‌پذیری گزارش شده توسط مختاری و همکاران (۲۰۱۰) یکسان بود. در نمودارهای ۱ و ۲ توزیع پسین واریانس ژنتیکی افزایشی و تکرارپذیری مدل ۲ نشان داده شده است. اثر محیط دایمی حیوان در این تحقیق ناچیز برآورد شد (۰/۰۰۸). برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات دارای رکوردهای تکراری (صفت چندقلوزایی)، استفاده از مدل ۲ (مدل تکرارپذیری) نسبت به مدل ۱ ترجیح داده می‌شود. در فرمول ملاک انحراف داده‌ای (DIC)، مدلی که کمترین مقدار از این معیار را بدست آورد به عنوان مدل برتر شناخته خواهد شد. در هر حال با توجه به اعداد بدست آمده توسط ملاک انحراف داده‌ای (ملاک ۱۴۷۳/۰۷ برای مدل یک در برابر ملاک ۱۳۴۱/۲۵ برای مدل دو)، مدل ۲ به عنوان مدل برتر برای آنالیز صفت چندقلوزایی شناخته شد.

نتیجه‌گیری

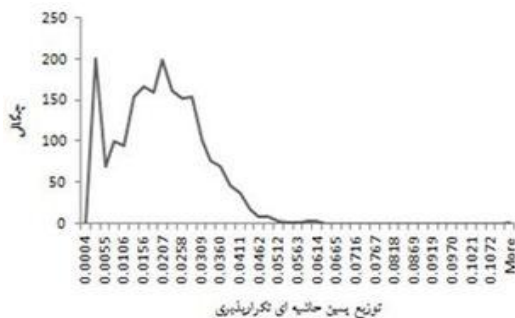
به دلیل محدود به جنس بودن و وراثت‌پذیری پایین محاسبه شده برای صفت چندقلوزایی، انتظار پیشرفت ژنتیکی چندان با انتخاب صفت چندقلوزایی در گوسفندان ماکویی انتظار نمی‌رود. بنابراین توصیه می‌شود برای بهبود صفت چندقلوزایی گوسفندان در طی چندین نسل و به تبع آن افزایش تولید گوشت گوسفندی به سراغ روشهای تغذیه‌ای و مدیریتی (تغذیه‌ی فلاشینگ، سیدرگذاری، همزمان‌سازی فحلی) رفت.

سپاسگزاری

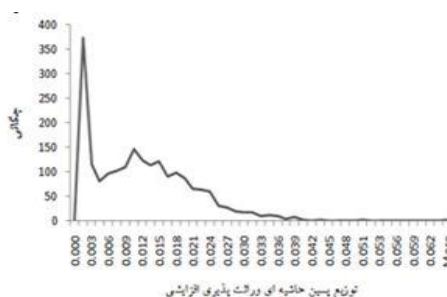
از همکاری‌های جناب آقای شجاع جعفری مسئول محترم مرکز اصلاح‌نژاد گوسفندان نژاد ماکویی شهرستان ارومیه در تهیه و جمع‌آوری داده‌های این تحقیق صمیمانه تشکر و قدردانی می‌شود.



نمودار ۲- توزیع پسین حاشیه ای تکرارپذیری مدل دو



نمودار ۱- توزیع پسین حاشیه ای وراثت پذیری افزایشی مدل



منابع

- ۱ - علی پور، ط، وطن خواه، م، ومیرزایی، ح ر. ۱۳۸۶. مطالعه عملکرد و برآورد فرآسنجه های ژنتیکی صفات تولیدمثلی گوسفند لری بختیاری ایستگاه شولی با استفاده از مدل های خطی و آستانه ای. مجله پژوهش وسازندگی، ۱۳۲-۱۲۶، ۷۶.

- 2- Altarriba, J., Varona, L., Garcia-cortes, L, A., & Moreno, C. 1998. Bayesian inference of variance components for litter size in Rasa Aragonesa sheep. J. Anim. Sci, 76, 23-28.
- 3- Cassellas, J., Caja, J., Ferret, A. & Piedrafita, J. 2007. Analysis of litter size and days to lambing in the Ripollesa ewe. II. Estimation of variance components and response to phenotypic selection on litter size. J. Anim. Sci, 85, 625-631.
- 4- Ekiz, B., Ozcan, M., & Yilmaz, A. 2005. Estimation of phenotypic and genetic parameters for ewe productivity traits of Turkish merino (karacabey merino) Turk, J. Vet. Anim. Sci, 29, 557-564.
- 5- Gianola, D. 1982. Theory and analysis of threshold character. J. Anim. Sci, 98, 1079-1096.
- 6- Hagger, H. 2002. Multitrait and repeatability estimates of random effects on litter size in sheep. J. Anim. Sci, 74, 209-216.
- 7- Mekki, W., Rohe, R., Lewis, R, M., Davis, M. H., Bunger, I., Simm, G. & Hareisign, W. 2010. Comparison of repeatability and multiple trait threshold models in sheep using observed and simulated data in Bayesian analyses. J. Anim Breed and Genet, 127, 261-271.
- 8- Mokhtari, M. S., Rashidi, A., & Esmailzadeh, A. K. 2010. Estimation of phenotypic and genetic parameters for reproductive traits in Kermani sheep. Small. Rumin. Res, 88, 27-31.

Estimation of genetic parameters for litter size trait in Makui sheep using repeatability threshold model

Amin mortazavi^{1*}, Sadegh Alijani², Abbas Rafat², Hossein Daghigh Kia², Mysam Latify¹

^{1,2} Department of genetic and animal breeding and of Tabriz University, Iran

* Corresponding E-mail address: aminmrt@hotmail.com

Abstract:

Genetic parameters for litter size trait in Makui sheep between years of 1373 to 1390 were estimated using Bayesian method and repeatability threshold model. For this purpose two different animal models were examined. In model 1 only direct genetic and fixed effect was included and in the second model effect of permanent environment was added to other effects.

Variance components of litter size trait were estimated by THRGIBBS1F90 software. The Means of the posterior distribution of estimated heritability for model 1 and 2 were as 0.013 and 0.011 respectively. Repeatability for model 2 was obtained as 0.018. Variance of permanent environmental effect was negligible (0.001). The efficiency of the two models was evaluated by Deviance Information Criterion (DIC) and considering the numbers obtained from this criterion, (DIC = 1473.07 for model 1 versus DIC = 1341.25 for model 2), model 2 was introduced as the best model for the genetic analysis of litter size trait in Makui sheep.

Keywords: Makui sheep- Litter size- Repeatability threshold model- Bayesian method.

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر بزهای عدنی ایران با استفاده از تابع کوواریانس چند صفتی

مرمضی، س.*^۱، واعظ ترشیزی، ر.^۱، مسعودی، ع.ا.^۱ و پاکدل، ع.^۲

۱-دانشگاه تربیت مدرس، دانشکده کشاورزی، گروه علوم دامی، ۲-دانشگاه تهران، پردیس کشاورزی، گروه علوم دامی

*نویسنده مسئول: مرمضی، س. آدرس: تهران-تقاطع بزرگراههای جلال آل احمد و شهید چمران-دانشگاه تربیت مدرس-دانشکده

کشاورزی،

E-Mail: morammazi@gmail.com

چکیده:

برای مطالعه پارامترهای ژنتیکی تولید شیر بزهای عدنی ایران با استفاده از تابع کوواریانس و چند جمله‌ای‌های لژاندر درجه سه از تعداد ۱۲۵۹ رکورد روز آزمون مربوط به سه دوره اول شیردهی که در سال‌های ۱۳۸۴ تا ۱۳۹۰ در ایستگاه پرورش بز عدنی سازمان جهاد کشاورزی استان بوشهر ثبت شده بود، استفاده گردید. در این تجزیه و تحلیل، هر دوره شیردهی به عنوان یک صفت در نظر گرفته شد و مقدار واریانس اثرات باقیمانده در طی هر دوره شیردهی ناهمگن فرض شد. براساس نتایج حاصل از این مدل، الگوی وراثت پذیری و تکرارپذیری هر سه دوره شیردهی ابتدا کاهش پیدا کرد و سپس افزایش یافت. مقدار پارامترهای برآورد شده برای هر سه دوره شیردهی در انتها حداکثر بود. مقادیر همبستگی ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی بین روزآزمون‌ها در تمامی موارد مثبت و از همبستگی‌های فنوتیپی بیشتر بودند. برآوردهای حاصل از این تحقیق می‌تواند برای پیش بینی ارزش اصلاحی بزهای عدنی ایران مورد استفاده قرار گیرد.

کلمات کلیدی: تابع کوواریانس - چند جمله‌ای لژاندر - پارامترهای ژنتیکی - رکوردهای روز آزمون شیر - بز عدنی

مقدمه:

تولید شیر جزو صفات تکرار در زمان می‌باشد که بصورت متوالی در طی زمان ثبت می‌شوند (۵). مدل تابعیت تصادفی، که برای آنالیز داده‌های تکرار در زمان استفاده می‌شود (۶) تغییرات تولید شیر را طی دوره شیردهی با بهره‌گیری از ضرایب تابعیت تصادفی هم در سطح ژنتیکی افزایشی و هم در سطح محیطی دائمی در نظر می‌گیرد و ارزش اصلاحی حیوان را به صورت تعدادی ضریب تابعیت تصادفی پیش‌بینی می‌کند. در بیشتر مطالعات انجام شده، از چند جمله‌ای‌های لژاندر استفاده شده است (۵). همچنین از آنجایی که تابع کوواریانس می‌تواند کوواریانس بین دو رکورد در سنین مختلف را در نظر بگیرد در محاسبه پارامترهای ژنتیکی و ارزش‌های اصلاحی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار می‌باشند (۳). برای صفات تولید شیر بز تاکنون ۵ مطالعه با استفاده از مدل تابعیت تصادفی منتشر شده است (۱، ۲، ۴، ۷ و ۸). هدف از مطالعه حال حاضر برآورد پارامترهای ژنتیکی تولید شیر همزمان سه دوره اول شیردهی بزهای عدنی ایران با استفاده از تابع کوواریانس و چندجمله‌ای‌های لژاندر می‌باشد.

مواد و روش‌ها:

داده‌های مورد استفاده در این تحقیق شامل ۱۲۵۹ رکورد روز آزمون شیر متعلق به سه دوره اول شیردهی و ۱۹۹ راس بز عدنی بود که در طی سال‌های ۱۳۸۴ تا ۱۳۹۰ در ایستگاه پرورش بز عدنی توسط معاونت بهبود تولیدات دامی استان بوشهر جمع‌آوری گردید. با در نظر گرفتن کیفیت و ساختار رکوردها، دامنه روزهای شیردهی ۵ تا ۹۰ روزگی در نظر گرفته شد. در این پژوهش برآورد مولفه‌های (کو)واریانس، پارامترهای ژنتیکی و ضرایب تصادفی ارزش‌های

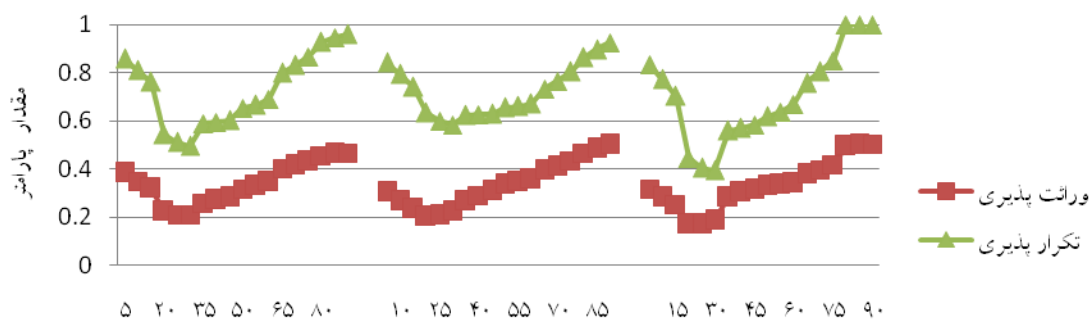
اصلاحی با استفاده از نرم افزار WOMBAT و تابع کوواریانس چندجمله‌ای لژاندر با مرتبه ۳ انجام شد. در این آنالیز هر دوره شیردهی به عنوان یک صفت در نظر گرفته شد. فرم ماتریسی مدل مورد استفاده بصورت زیر می‌باشد:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 & 0 \\ 0 & W_2 & 0 \\ 0 & 0 & W_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} pe_1 \\ pe_2 \\ pe_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

که، ۱، ۲ و ۳ به ترتیب برای نشان دادن تولید شیر دوره اول، دوم و سوم، y ، در برگرفته رکوردهای روزانه تولید شیر، b بردار ضرایب تابعیت ثابت منحنی شیر، سال فصل تولد، تیپ زایش (دو سطح، یک قلو و چند قلو)، سن زایش و ماه رکوردداری، a بردار ضرایب تابعیت تصادفی برای اثرات ژنتیکی افزایشی، pe بردار ضرایب تابعیت تصادفی برای اثرات محیط دائمی، e بردار اثرات تصادفی باقیمانده، و X ، Z و W ماتریس‌های ضرایب هستند. در این مدل واریانس اثرات باقیمانده طی دوره شیردهی ناهمگن فرض شده است. برای این منظور هر دوره شیردهی به ۶ قسمت (هر دو هفته یک قسمت) تقسیم شد. در این آنالیز در ماتریس باقیمانده، کوواریانس باقیمانده بین قسمت‌های مشابه بین صفات نیز در نظر گرفته شد.

نتایج و بحث :

الگو و مقادیر برآورد شده پارامترهای ژنتیکی تولید شیر در روزهای شیردهی دوره اول، دوم و سوم شیردهی در شکل ۱ ارائه شده است. محدوده وراثت پذیری برآورد شده در بین سه دوره اول شیردهی با هم متفاوت می‌باشد. این محدوده برای دوره اول شیردهی بین ۰/۲۰۹ تا ۰/۴۶۶، برای دوره دوم ۰/۲۰۱ تا ۰/۵۰۱ و برای دوره سوم شیردهی ۰/۱۶۷ تا ۰/۵۰۴ می‌باشد. کمترین مقدار وراثت پذیری برابر ۰/۱۶۷ در روز ۲۱ و ۲۲ سومین دوره شیردهی و بیشترین مقدار برابر ۰/۵۰۴ در روز ۹۰ دوره سوم شیردهی بود. در مطالعات قبلی مقدار وراثت‌پذیری تولید شیر براساس مدل تابعیت تصادفی بین ۰/۱۳ تا ۰/۴۰ گزارش شده است (۸۰). روند کلی وراثت‌پذیری در این سه دوره تقریباً مشابه بوده بطوری که در ابتدا دوره شیردهی روند کاهشی است. این روند در دوره اول شیردهی تا روز ۲۹ و در دوره دوم و سوم تا روز ۲۱ شیردهی ادامه یافت. بعد از این کاهش مقادیر وراثت‌پذیری افزایش یافت به بطوری که بیشترین مقادیر وراثت‌پذیری در روز ۹۰ برای هر سه دوره برآورد شد. در بیشتر پژوهش‌های انجام شده، الگوی تغییرات وراثت‌پذیری برآورد شده در طی دوره شیردهی متفاوت است. علت اصلی این تفاوت، مربوط به نوع مدل مورد استفاده برای برآورد مولفه‌های (کو)واریانس و همچنین تنوع در توابع توصیف کننده منحنی شیردهی با درجات برازش متفاوت است.



روز شیردهی به ترتیب در دوره های اول، دوم و سوم

شکل ۱- وراثت‌پذیری و تکرارپذیری سه دوره اول شیردهی برآورد شده با تابع کوواریانس سه صفتی در بزهای عدنی ایران

تکرارپذیری برآورد شده برای صفت تولید شیر نسبتاً بالا بود. این مقدار در دوره اول شیردهی از ۰/۴۹۵ (روز ۳۱ تا ۳۳) تا ۰/۹۶ (روز ۹۰)، در دوره دوم از ۰/۵۸ (روز ۳۳) تا ۰/۹۲۵ (روز ۹۰) و در دوره سوم از ۰/۳۹۳ (روز ۳۰ تا ۳۳) تا یک (روز ۷۷ تا ۹۰) در نوسان بود. در مطالعات قبلی میزان تکرارپذیری برآورد شده با استفاده از مدل تابعیت تصادفی بین ۰/۵۰ تا ۰/۷۱ برآورد شده است (۲ و ۸). مقادیر بالای تکرارپذیری نشان می‌دهد که با اطمینان زیاد می‌توان حیوانات را براساس رکوردهای اولیه دوره شیردهی انتخاب نمود.

مقادیر همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی تعدادی از روزهای شیردهی در جدول ۱ ارائه شده است. مقادیر همبستگی ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی رکوردهای روزآزمون در تمامی موارد مثبت بوده و از همبستگی‌های فنوتیپی بیشتر بوده‌اند. کمترین مقدار همبستگی ژنتیکی افزایشی برابر ۰/۰۷۵ بین روزهای ۵ و ۴۷ شیردهی بود. به طور کلی الگوی همبستگی ژنتیکی نشان می‌دهد که مقدار این پارامتر با افزایش فاصله بین روزهای شیردهی از یکدیگر، کاهش می‌یابد. بالاتر بودن همبستگی ژنتیکی در روزآزمون‌های مجاور در نتیجه اشتراک بیشتر ژن‌های موثر بر صفت تولید شیر در آن دوره زمانی است. نتایج مشابهی نیز برای بز قبلاً گزارش شده بود (۸، ۷، ۲، ۱). این نتایج نشان می‌دهد هر گونه انتخاب براساس رکوردهای ماهانه بر روی عملکرد دیگر رکوردهای ماهانه تأثیر خواهد داشت.

جدول ۱- همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی (پایین قطر)، محیطی دائمی (پایین قطر و در داخل پرانتز) و فنوتیپی (بالای قطر) در تعدادی از

روزهای شیردهی سه دوره اول شیردهی بزهای عدنی ایران

روز آزمون	دوره اول شیردهی					دوره دوم شیردهی					دوره سوم شیردهی				
	۵	۲۵	۴۷	۶۸	۹۰	۵	۲۵	۴۷	۶۸	۹۰	۵	۲۵	۴۷	۶۸	۹۰
۵	۱	۰/۴۸	۰/۲۰۱	۰/۳۶۱	۰/۳۹۸	۱	۰/۵۱۹	۰/۱۷۶	۰/۲۰۳	۰/۳۷	۱	۰/۳۹۸	۰/۱۳۵	۰/۲۸۶	۰/۴۹۳
۲۵	۰/۶۸۴ (۰/۷۵۷)	۱	۰/۴۵۱	۰/۳۳۸	۰/۱۵۳	۰/۵۷۲ (۰/۸۱۵)	۱	۰/۴۹۳	۰/۳۵۴	۰/۱۴۶	۰/۵۴ (۰/۸۸۹)	۱	۰/۳۸۵	۰/۲۹۷	۰/۱۶۵
۴۷	۰/۲۰۷ (۰/۳۳۹)	۰/۸۰۴ (۰/۸۲۲)	۱	۰/۵۵	۰/۲۴۵	۰/۰۷۵ (۰/۳۶)	۰/۸۱۸ (۰/۸۰۷)	۱	۰/۵۴۲	۰/۱۸۸	۰/۰۹۸ (۰/۳۷۸)	۰/۸۳۳ (۰/۷۵۷)	۱	۰/۵۱۴	۰/۲۲۸
۶۸	۰/۳۰۴ (۰/۳۲)	۰/۵۶۵ (۰/۴۹۳)	۰/۸۰۶ (۰/۸۶)	۱	۰/۸۳۱	۰/۲۶۱ (۰/۲۵۸)	۰/۶۱۵ (۰/۴۷۹)	۰/۸۰۴ (۰/۷۷۱)	۱	۰/۶۳۹	۰/۳۷۵ (۰/۳۳۸)	۰/۵۷۵ (۰/۴۸۸)	۰/۷۴۳ (۰/۸۷۱)	۱	۰/۷۴
۹۰	۰/۴۸۷ (۰/۳۹۷)	۰/۲۸۹ (۰/۱۶۴)	۰/۳۶۴ (۰/۲۸۲)	۰/۸۳ (۰/۸۲)	۱	۰/۵۳۹ (۰/۳۳۴)	۰/۳۶۱ (۰/۱۵۲)	۰/۲۵۳ (۰/۳۳۹)	۰/۶۵ (۰/۷۷۱)	۱	۰/۶۰۴ (۰/۴۹۷)	۰/۲۱۵ (۰/۲۹۹)	۰/۲۲۱ (۰/۳۷۸)	۰/۸۰۸ (۰/۸۶۲)	۱

سپاسگزاری:

در این تحقیق از داده‌های جمع آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد بز عدنی جهاد کشاورزی استان بوشهر استفاده شد که بدینوسیله از مسئولین آن، به خصوص آقای مهندس نکيسا، صمیمانه تشکر و قدردانی می‌گردد.

منابع:

1. Breda, F. C., Albuquerque, L. G., Yamaki, M., Filho, J. C. R., Sarmiento, J. L. R., Lopes, P. S. and Rodriguez, M. T. 2006. Genetic parameters for test day milk yield of Alpine goats. *Rev. Brasil. Zootec.* 35:396-404.
2. Menéndez-Buxadera, A., Molina, A., Arrebola, F., Gil, M. J. and Serradilla, J. M. 2010. Random regression analysis of milk yield and milk composition in the first and second lactations of Murciano-Granadina goats. *Journal of Dairy Science.* 93:2718-2726
3. Meyer, K. and Hill, W. G. 1997. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or 'repeated' records by restricted maximum likelihood. *Livestock Production Science* 47:185-200
4. Sarmiento, J. L. R., Filho, J. C. R., de Albuquerque, L. G., Lopes, P. S. and Rodriguez, M. T. 2006. Genetic evaluation of Alpine goats using test day milk yield. *Rev. Brasil. Zootec.* 35:443-451.
5. Schaeffer, L. R. 2004. Application of random regression models in animal breeding. *Livestock Production Science*, 86: 35-45.
6. Schaeffer, L. R. and Dekkers, J. C. M. 1994. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. In *Proceeding of 5th world congress on genetics applied to livestock production*, Guelph, 18: 443-446.
7. Zumbach, B., Peters, K. J., Emmerling, R., and Solkner, J. 2004. Development of a test day model for milk sheep and goats under unfavorable structure conditions in Germany. Abstract no. 555 in *Proc. 55th Annual Meeting of EAAP*, Bled, Slovenia. Wageningen Academic Publishers. Wageningen. the Netherlands.
8. Zumbach, B., Tsuruta, S., Misztal, I. and Peters, K. J. 2008. Use of test day model for dairy goat milk yield across lactation in Germany J. *Animal Breed and Genetics.* 125:160-167.

Estimation of Genetic Parameters for Milk Test Day Records in Adani Goats Using Multi-Traits Covariance Function

Morammazi, S.^{1*}, Vaez-Torshizi, R.¹, Masoudi, A.A.¹ and Pakdel, A.²

1-Animal Science Department, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares University

2- Animal Science Department, Faculty of Agriculture, Tehran University

*E-mail address: morammazi@gmail.com

Abstract:

The objective of this study was to estimate genetic parameters for milk yield based on covariance function and third order Legendre polynomials. For the analysis, 1259 test day records from lactations 1, 2 and 3 obtained between 2005 and 2011 were used. In this study each lactation was considered as a different trait. Residual effect was heterogeneous. Based on these results, the pattern of the heritability and repeatability decreased at early ages and then increase. Genetic parameters were maximum at the end of each lactation. The genetic and permanent environmental correlations were positive and were higher than the phenotypic correlations. The results indicated that random regression can be used for estimation of breeding value in Iranian Adani goats.

Keywords: Covariance Function, Legendre Polynomial, Genetics Parameters, Milk Test Day Records, Adani Goat

برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفت تولید شیر و همبستگی آن با سن اولین زایش در گاوهای هلشتاین آذربایجان شرقی

رحیم علیزاده، حافظعلی دلجو عیسی لو، مرادپاشا اسکندری نسب

دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان

* نویسنده مسئول: رحیم علیزاده، rahim.alizade@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق از اطلاعات مربوط به اولین دوره شیردهی ۲۵۹۷۳ گاو شیری هلشتاین از ۱۰ گله که طی سال‌های ۱۳۷۲ تا ۱۳۸۹ توسط مرکز اصلاح نژاد ایران جمع آوری شده بود، استفاده گردید. به منظور تعیین اثرات عوامل محیطی مؤثر بر صفات مورد بررسی در این پژوهش از رویه (GLM) توسط نرم‌افزار SAS 9.1 استفاده شد و در نهایت عوامل ثابت و همبسته تأثیر گذار بر روی هر یک از صفات مورد بررسی تشخیص داده شدند. برآورد مؤلفه‌های واریانس، کوواریانس و پارامترهای ژنتیکی توسط یک مدل حیوانی دو متغیره با استفاده از روش حداکثر درست نمایی محدود شده (REML) به کمک نرم افزار Wombat انجام شد. در این پژوهش میانگین و انحراف معیار صفات تولید شیر و سن اولین زایش به ترتیب $1666/18 \pm 8010/12$ کیلوگرم و $2/54 \pm 26/2$ ماه محاسبه و وراثت‌پذیری شیر تولیدی و سن اولین زایش به ترتیب $0/328$ و $0/031$ برآورد شد. نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل دو متغیره در این پژوهش نشان داد که همبستگی ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین صفات شیر تولیدی و سن اولین زایش در اولین دوره شیردهی به ترتیب $-0/44$ ، $-0/1$ و $-0/12$ می‌باشد. با توجه به نتایج حاصل از این پژوهش همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی مطلوبی بین صفات شیر تولیدی و سن اولین زایش وجود دارد. این امر نشان می‌دهد گاوهایی که دارای ارزش اصلاحی بالایی برای شیر تولیدی می‌باشند، سن اولین زایش پایین‌تری را دارا خواهند بود که از نظر اقتصادی دارای اهمیت بسیار زیادی می‌باشد.

واژگان کلیدی: پارامترهای ژنتیکی، همبستگی، وراثت‌پذیری، سن اولین زایش، گاو هلشتاین.

مقدمه

در پرورش گاو شیری تولید شیر به عنوان اصلی‌ترین و مهمترین منبع درآمد دامدار محسوب می‌شود. به همین دلیل صفات تولیدی بعنوان اولین معیار انتخاب و اصلاح نژاد در نظر گرفته می‌شود و بیشترین توجه اصلاح‌گران گاو شیری را به خود اختصاص داده است. بر اساس آمار اعلام شده از سوی فائو تولید شیر خام در جهان ۷۱۰ میلیون تن در سال ۲۰۱۰ می‌باشد و ایران در منطقه خاورمیانه از نظر تولید شیر با مقدار ۹/۵ میلیون تن در مقام اول قرار دارد که این رقم برابر ۱/۲ درصد شیر تولید شده در جهان می‌باشد. در گاوهای شیری هر دوره شیردهی پس از زایمان شروع می‌شود بنابراین برای بهبود و افزایش بازدهی تولید شیر لازم است صفات تولید مثلی در یک سطح مناسب حفظ شوند. پس از صفات تولیدی، صفات تولید مثلی از نظر اقتصادی بسیار بااهمیت و مؤثر بر سود دهی گله گاوهای شیری می‌باشد. یکی از مهمترین فاکتورهایی که کارایی تولید مثلی را نشان می‌دهد سن اولین زایش است (فاصله تولد تا زایش). سن اولین زایش یک عامل محیطی تأثیر گذار بر روی میزان تولید شیر و ترکیبات آن است (پیرلو و همکاران، ۲۰۰۰). برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس برای برآورد پارامترهای ژنتیکی مانند وراثت‌پذیری و

همبستگی ژنتیکی، پیش‌بینی ارزش اصلاحی و محاسبه پیشرفت ژنتیکی حاصل از انجام برنامه‌های انتخاب لازم و ضروری می‌باشد. بنابراین لازمه اصلاح نژاد حیوانات از طریق انتخاب، برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش‌بینی ارزش اصلاحی حیوانات برای صفات اقتصادی می‌باشد (سورنسن و کندی، ۱۹۸۴). هدف از انجام این پژوهش برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفت تولید شیر و تعیین همبستگی این صفت با سن اولین زایش است.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از اطلاعات مربوط به اولین دوره شیردهی ۲۵۹۷۳ گاو شیری هلستاین از ۱۰ گله که طی سال‌های ۱۳۷۲ تا ۱۳۸۹ توسط مرکز اصلاح نژاد ایران جمع‌آوری شده بود، استفاده گردید. ویرایش داده‌ها با استفاده از نرم افزار Visual Fox Pro 6.0 صورت گرفت و اطلاعات مربوط به حیواناتی که سن اولین زایش آنها کمتر از ۲۱ ماه و بیشتر از ۳۷ ماه و رکوردهای شیر تولیدی کمتر از ۲۵۰۰ و بیشتر از ۱۳۰۰۰ کیلوگرم بود حذف شدند. به منظور تعیین اثرات عوامل محیطی مؤثر بر صفات مورد بررسی در این پژوهش از رویه (GLM) توسط نرم‌افزار SAS 9.1 استفاده شد و در نهایت عوامل ثابت و همبسته تأثیر گذار بر روی هر یک از صفات مورد بررسی تشخیص داده شدند. برآورد مولفه‌های واریانس، کوواریانس و پارامترهای ژنتیکی توسط یک مدل حیوانی دو متغیره با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) به کمک نرم افزار Wombat انجام شد.

مدل بکار گرفته شده برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت سن اولین زایش عبارت بود از:

$$Y_{ijkl} = \mu + HYS_i + a_k + e_{ijkl}$$

مدل مورد استفاده جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت شیر تولیدی در اولین دوره شیردهی عبارتند از:

$$Y_{ijkl} = \mu + HYS_i + b(Age_j - Age) + a_k + e_{ijkl}$$

علائم در این دو مدل عبارت بود از: Y_{ijkl} : مقدار مشاهده برای هر صفت، μ : میانگین صفت در جامعه، HYS_i : اثر ثابت i امین گله- سال زایش- فصل زایش، b : ضریب تابعیت خطی صفات شیر تولیدی. از سن اولین زایش، Age_j : اثر همبسته j امین سن در زمان زایش، Age : میانگین سن در هنگام اولین زایش، a_k : اثر ژنتیکی افزایشی k امین حیوان، e_{ijkl} : اثر تصادفی عوامل باقیمانده.

نتایج و بحث

نتایج مربوط به واریانس و کوواریانس‌های ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی صفات تولیدی در جداول ۱ و ۲ ارائه شده است. در این پژوهش میانگین تولید شیر 1666 ± 8010 کیلوگرم محاسبه شد که با نتایج توحیدی و همکاران (۱۳۸۶)، خدائی مطلق و همکاران (۱۳۸۳)، ماک و همکاران (۲۰۰۷) و مارتی و فانک (۱۹۹۴) که میانگین تولید شیر را در دامنه ۷۹۶۵ تا ۸۰۲۵ کیلوگرم گزارش دادند، مطابقت دارد. در این تحقیق وراثت‌پذیری برای شیر تولیدی به مقدار $0/328$ برآورد شد که با نتایج تحقیقات تهرانی و همکاران (۱۳۸۷)، حقوقی و همکاران (۱۳۸۶)، هنرور و همکاران (۱۳۸۳)، رزم کبیر و همکاران (۲۰۰۶) و اجانگو و پلوت (۲۰۰۱) مطابقت دارد. اما در پژوهش‌های انجام گرفته توسط لطفی‌نوقابی و همکاران (۱۳۸۷)، آلاری و همکاران (۲۰۰۲)، وراثت-پذیری شیر تولیدی بیشتر از $0/46$ و در مطالعات بختیاری‌زاده و همکاران (۱۳۸۷)، طهماسبی و همکاران (۱۳۸۳) و دی‌گرووت و

همکاران (۲۰۰۲) این مقدار کمتر از ۰/۲۱ برآورد شد که با نتایج حاصل از این پژوهش همخوانی ندارد. تفاوت در مقادیر گزارش شده وراثت‌پذیری می‌تواند ناشی از اختلاف ژنتیکی بین حیوانات و استفاده از مدل‌های مختلف، تعداد رکوردها مورد مطالعه و روش آنالیز اطلاعات باشد.

نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل دو متغیره در این پژوهش نشان داد که همبستگی ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین صفات شیر تولیدی و سن اولین زایش در اولین دوره شیردهی به ترتیب ۰/۴۴-، ۰/۱- و ۰/۱۲۶- می‌باشد. رُیز-سانچز و همکاران (۲۰۰۷) با مطالعه بر روی ۲۴۸۲۳۰ رأس از گاوهای ایالات متحده همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات شیر تولیدی و سن اولین زایش را به ترتیب ۰/۴۴- و ۰/۱۱۱- گزارش دادند. نیلفروشان و ادريس (۲۰۰۴) همبستگی فنوتیپی شیر تولیدی را با سن اولین زایش ۰/۰۸۹- برآورد کردند که با نتایج حاصل از این پژوهش مطابقت دارد. با توجه به نتایج حاصل از این پژوهش همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی مطلوبی بین صفات شیر تولیدی و سن اولین زایش وجود دارد. این امر نشان می‌دهد گاوهایی که دارای ارزش اصلاحی بالایی برای شیر تولیدی می‌باشند، سن اولین زایش پایین‌تری را دارا خواهند بود که از نظر اقتصادی دارای اهمیت بسیار زیادی می‌باشد و با انتخاب گاوها برای تولید شیر بیشتر سن اولین زایش نیز به دلیل همبستگی مطلوب با این صفت کاهش پیدا می‌کند.

جدول (۱) وراثت‌پذیری و مؤلفه‌های واریانس صفات شیر تولیدی و سن اولین زایش

واریانس				
صفت	ژنتیکی	محیطی	فنوتیپی	وراثت‌پذیری
شیر تولیدی	۵۱۸۹۶۵	۱۰۶۲۶۸۰	۱۵۸۱۶۴۵	۰/۳۲۸
سن اولین زایش	۰/۱۱۵۵۲۵	۳/۶۰۶۵۸	۳/۷۲۲۱۰۵	۰/۰۳۱

جدول (۲) کوواریانس‌های ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین صفات شیر تولیدی و سن اولین زایش

کوواریانس			
صفات	ژنتیکی	محیطی	فنوتیپی
شیر و سن اولین زایش	-۱۰۷/۵۱۷	-۱۹۷/۶۰۶	-۳۰۵/۱۲۳

منابع

۱. فرهنگ فر، ه. و ح. نعیمی پور. ۱۳۸۶. بررسی همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی بین صفات تولید و تولید مثل در گاوهای هلستاین ایران با استفاده از مدل حیوانی چند متغیره. مجموعه مقالات دومین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور. کرج، صص. ۱۲۵۱-، ۱۲۴۸.

۲. هنرور، م.، م. مرادی شهر بابک، س.ر. میرائی آشتیانی. ۱۳۸۳. بررسی پارامترهای صفات تولید مثلی و رابطه آن با تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران. مجموعه مقالات اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، تهران، صفحات ۶۸۵-نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان. صفحه ۱۳۲.

4. M.L. Makgahlela, C.B. Banga, D. Norris, K. Dzama and J.W. Ng'ambi, 2007, Genetic correlations between female fertility and production traits in South African Holstein cattle, J. Animal Science 2007, 37 (3).
5. O. Gonzalez-Recio, R. Alenda, Y. M. Chang, K. A. Weigel, and D. Gianola†, 2006. Selection for Female Fertility Using Censored Fertility Traits and Investigation of the Relationship with Milk Production J. Dairy Sci. 89:4438-444.
6. Sajjad Toghiani Pozveh, Abdol Ahad Shadparvar, Mohammad Moradi Shahrababak, Mohammad Dadpasand Taromsari, 2009, Genetic analysis of reproduction traits and their relationship with conformation traits in Holstein cows, Livestock Science 125 (2009) 84-87.

Estimation the genetic and phenotypic parameters of milk yield and its correlation with age at first calving in West Azerbaijan Holstein Dairy Cows

Rahim Alizade*, Hafezali Deljoo Isalo. Moradpasha Eskandarinasab

E-mail address: rahim_alizade@yahoo.com

Abstract

A total of 25973 records from 10 Holstein dairy herds, which were collected by animal breeding center of Iran from 1994 to 2011, were used to estimate genetic and phenotypic parameters of milk production and age at first calving. Data were edited by using Visual Fox Pro 6.0 software. General linear model was used to identify effective factors on traits by SAS 9.1 software. An animal model was used for genetic analysis of traits and variance covariance components were estimated by Restricted Maximum Likelihood (REML) method. Average of milk production and age at first calving were estimated 8010 ± 1666 kg and 26.2 ± 2.54 months respectively. The heritability of traits was estimated 0.328 and 0.031 respectively. Also, genetic, environmental and phenotypic correlations between traits were -0.44, -0.1 and -0.126 respectively. Totally, the results showed that there is fairly suitable negative correlation between traits because animals with lower age at first calving are economically better than animals with higher age at first calving.

Keywords : genetic parameter, correlation, heritability, Age at First Calving, Holstein cows.

ارزش اقتصادی صفات تولید مثل و ماندگاری گاوهای آمیخته استان لرستان

سعید صحراگرد احمدی^۱، عبدالاحد شادپرور^{۲*} و صادق اسدالهی^۳^۱ گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان^۲ مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان

*نویسنده مسئول: رشت دانشگاه گیلان-دانشکده علوم کشاورزی-گروه علوم دامی-

shad@guilan.ac.ir; shadparvar@yahoo.com

چکیده

با استفاده از یک مدل زیست اقتصادی و پارامترهای تولیدی و اقتصادی گله‌های آمیخته استان لرستان در سال ۱۳۹۰ ارزش اقتصادی صفات تولید مثلی (سن نخستین زایش و فاصله گوساله زایی) و صفات ماندگاری (نرخ زنده مانی قبل از شیرگیری، نرخ زنده مانی بعد از شیرگیری و طول عمر تولیدی) برآورد شد. درآمدها و هزینه های سالانه بر اساس گروه های مختلف سنی و جنسی محاسبه و سود سالانه به ازای هر راس گاو مولد برابر ۵۱۲۹۱۲۱ ریال بدست آمد. ارزش اقتصادی هر صفت از طریق افزایش میانگین هر صفت به میزان یک واحد و محاسبه تفاوت سود حاصل از سود در شرایط اولیه برآورد شد. ارزش اقتصادی سن نخستین زایش و فاصله گوساله زایی منفی و به ترتیب برابر ۴۹۷۱- و ۵۳۷۰۷- ریال و ارزش اقتصادی نرخ زنده مانی قبل از شیرگیری، نرخ زنده مانی بعد از شیرگیری و طول عمر تولیدی مثبت و به ترتیب برابر ۶۶۰۵۶، ۹۵۵۱۱، ۹۴۶ ریال برآورد شد. ارزش اقتصادی نسبی صفات تولید مثلی و ماندگاری نسبت به نرخ زنده مانی بعد از شیرگیری به ترتیب برابر ۰/۰۵-، ۰/۵۶-، ۰/۶۹، ۱ و ۰/۰۱ بود.

واژگان کلیدی: ارزش اقتصادی- صفات تولید مثل- صفات ماندگاری -گاوهای آمیخته

مقدمه

ارزش اقتصادی صفات هدف اصلاح نژاد را در عبارت اقتصادی بیان می کنند. در یک هدف اصلاح نژاد ارزش ارثی صفات بوسیله ارزش اقتصادی آنها وزن می شوند و یک شاخص کل را تشکیل می دهند. بنابراین با در نظر گرفتن اهمیت نسبی صفات از لحاظ اقتصادی می توان روش بهینه اصلاح نژاد را بکار گرفت (۱). سود حاصل از یک واحد بهبود ژنتیکی میانگین صفت، در صورتی که سایر صفات در مقادیر میانگین خود ثابت بمانند را ارزش اقتصادی آن صفت می نامند (۵). هدف اصلاح نژاد در شرایط مختلف اقتصادی متفاوت هستند. بنابراین ضروری است که برای شرایط اقتصادی و جمعیت های مختلف، ارزش های اقتصادی به صورت جداگانه محاسبه شود.

جمعیت گاوهای استان لرستان حدود ۲۸۹ هزار رأس گزارش شده است که ۱۵۵,۵۰۰ رأس آن را گاوهای آمیخته تشکیل می دهد. مقدار کل تولید شیر گاوهای آمیخته معادل ۱۹۷,۴۰۰ تن گزارش شده است. استان لرستان از نظر تعداد رأس گاو در کشور در رتبه ۶ قرار دارد و همچنین ۳/۸ درصد تولید شیر کشور را به خود اختصاص داده و در رتبه ۱۳ قرار دارد (۳). بنابراین طراحی یک برنامه اصلاح نژاد برای بهبود ژنتیکی عملکرد این جمعیت ضروری است. برای صفات تولیدمثل و ماندگاری در گاوهای

آمیخته استان لرستان تا کنون ضرایب اقتصادی محاسبه نشده است. لذا هدف از این تحقیق برآورد ارزش اقتصادی صفات تولیدمثلی (سن نخستین زایش و فاصله گوساله زایی) و ماندگاری (نرخ زنده مانی قبل از شیرگیری، نرخ زنده مانی بعد از شیرگیری و طول عمر تولیدی) در گاوهای آمیخته با توارث ۵۰ درصد هولشتاین و ۵۰ درصد بومی استان لرستان است.

مواد و روش ها

برای محاسبه ارزش اقتصادی صفات سن نخستین زایش و فاصله گوساله زایی، نرخ زنده مانی قبل از شیرگیری، نرخ زنده مانی بعد از شیرگیری و طول عمر تولیدی از آمار هزینه‌ها (شامل هزینه علوفه و کنسانتره، نیروی انسانی، سوخت و تعمیرات، بهداشت و درمان، تلقیح و هزینه‌های متفرقه)، آمار درآمدها (شامل فروش شیر، فروش گوساله، تلیسه مازاد، گاو حذفی) و آمار عملکرد (تولید شیر، تولید چربی، وزن بدن) گاوهای آمیخته با توارث ۵۰ درصد هولشتاین و ۵۰ درصد بومی استان لرستان در سال ۱۳۹۰ استفاده شده است. سود سالانه به ازای هر رأس گاو مولد با در نظر گرفتن گروه‌های مختلف سنی و جنسی (شامل گوساله‌ها، تلیسه‌ها و گاوهای مولد) محاسبه شد. برای برآورد ارزش اقتصادی هر صفت، سود حاصل از افزایش یک واحد در میانگین صفت مورد نظر، در صورتی که سایر صفات در مقادیر میانگین خود ثابت بودند محاسبه و از تفاضل این سود از سود اولیه نسبت به مقدار تغییر در میانگین صفت مورد نظر، ارزش اقتصادی مطلق آن صفت برآورد شد. و همچنین ارزش اقتصادی نسبی این صفات نسبت به صفت نرخ زنده مانی پس از شیرگیری برآورد شد.

نتایج و بحث

هزینه‌های جاری سالانه شامل هزینه‌های تغذیه‌ای، بهداشت و تولید مثل، نیروی کار و فروش به ازاء هر رأس گاو مولد ۷۳ درصد از کل هزینه‌ها را به خود اختصاص داد (جدول ۱) که ۶۳ درصد آن هزینه‌های تغذیه‌ای بود. منابع درآمد شامل فروش شیر، دام مازاد و دام حذفی بود که فروش شیر سالانه با ۶۸ درصد بیشترین سهم را در بین منابع درآمد به خود اختصاص داد (جدول ۱). ارزش اقتصادی صفت سن نخستین زایش برابر ۴۹۷۱- ریال برآورد شد (جدول ۱).

افزایش میانگین سن نخستین زایش بدون تاثیر بر روی درآمد سالانه منجر به افزایش هزینه پرورش تلیسه‌های جایگزین شامل هزینه تغذیه‌ای، نیروی کار و بهداشت و تولید مثل آنها می‌شود. در تحقیقات دیگر نیز ارزش اقتصادی این صفت منفی گزارش شده است (۲، ۴ و ۶). ارزش اقتصادی صفت فاصله بین دو زایش برابر ۵۳۷۰۷- ریال برآورد شد. با افزایش میانگین این صفت درآمد حاصل از فروش شیر سالانه، گوساله نر و تلیسه مازاد کاهش می‌یابد. همچنین هزینه تغذیه‌ای تولید شیر بدلیل کاهش تولید شیر سالانه و هزینه‌های تغذیه‌ای، نیروی کار، بهداشت و تولید مثل و فروش گوساله نر و تلیسه مازاد بدلیل کاهش تعداد گوساله زاییده شده در سال، کاهش یافته و در نتیجه کل هزینه سالانه کاهش می‌یابد اما بدلیل بیشتر درآمد سالانه نسبت به هزینه سالانه سود سیستم تولید کاهش می‌یابد.

ارزش اقتصادی صفات نرخ زنده مانی قبل و بعد از شیرگیری مثبت و برابر ۶۶۰۵۶ و ۹۵۵۱۱ ریال برآورد شد. با افزایش نرخ زنده مانی تعداد گوساله نر و تلیسه مازاد قابل فروش سالانه افزایش یافته و این منجر به افزایش درآمد سالانه می‌شود و از طرفی افزایش میانگین این صفات منجر به افزایش هزینه پرورش گوساله‌ها و تلیسه‌ها می‌شود. اما چون با افزایش میانگین این صفات درآمد کل نسبت به هزینه کل به مقدار بیشتری افزایش یافته، سود سالانه افزایش می‌یابد. ارزش اقتصادی نرخ زنده مانی بعد از شیرگیری بزرگتر از ارزش اقتصادی نرخ زنده مانی قبل از شیرگیری بود زیرا با افزایش نرخ زنده مانی قبل از شیرگیری هزینه‌ها

بویژه هزینه های تغذیه ای گوساله ها در دوران شیرخوارگی و هزینه نیروی کار، بهداشت و تولیدمثل به مقدار بیشتری افزایش می یابد.

جدول ۱- درآمدها و هزینه های سالانه قبل و بعد از یک واحد بهبود ژنتیکی میانگین صفات و ارزش اقتصادی نسبی صفات سن نخستین زایش، فاصله گوساله زایی، نرخ زنده مانده قبل و بعد از شیرگیری و طول عمر تولیدی نسبت به صفت نرخ زنده مانده بعد از شیرگیری

تغییرات جزئی در درآمدها و هزینه های سالانه بعد از یک واحد بهبود ژنتیکی میانگین

صفت مورد نظر

پارامترها	شرایط اولیه	سن نخستین زایش	فاصله گوساله زایی	نرخ زنده مانده قبل از شیرگیری	نرخ زنده مانده بعد از شیرگیری	طول عمر تولیدی
درآمدها (ریال)						
فروش شیر	۲۲۵۳۳۶۴۰	۰	-۵۲۲۸۲	۰	۰	۰
فروش گوساله نر	۳۶۲۸۳۵۹	۰	-۸۴۱۸	۳۷۷۹۵	۳۸۱۹۳	۰
فروش تلیسه مازاد	۲۷۷۷۱۸۳	۰	-۱۷۲۵۰	۷۷۴۴۷	۷۸۲۶۲	۲۵۷۶
فروش گاو حذفی	۴۲۴۱۸۱۹	۰	۰	۰	۰	-۲۳۴۶
(۱) کل درآمدها	۳۳۱۸۱۰۰۱	۰	-۷۷۹۵۱	۱۱۵۲۴۳	۱۱۶۴۵۶	۲۳۰
هزینه ها (ریال)						
تغذیه گاوها	۸۸۱۰۷۳۸	۰	-۷۹۱۰	۰	۰	-۱۷۳
تغذیه گوساله های نر	۱۰۶۸۴۶۵	۰	-۳۶۷۳	۷۶۱۵۱	۲۰۸۷	۰
تغذیه تلیسه ها	۲۸۹۳۷۲۷	۳۳۷۹	-۶۴۱۶	۳۷۷۹۵	۸۱۴۹	-۳۵۵
نیروی کار	۶۳۵۰۰۵۵	۱۴۱۴	-۴۲۹۲	۱۷۷۲۳	۷۹۹۴	-۱۶۷
بهداشت و تولید-مثل	۱۱۵۷۲۶۴	۱۷۸	-۱۹۰۰	۳۶۸۹	۲۴۷۹	-۲۱
فروش دام	۲۱۲۹۴	۰	-۵۱	۲۳۰	۲۳۲	۱
هزینه های متغیر (a)	۲۰۳۹۳۳۴۶	۰	-۲۴۲۴۴	۴۹۱۸۶۰	۲۰۹۴۴	۰
هزینه های ثابت (b)	۷۶۵۸۵۳۴	۰	۰	۰	۰	-۷۱۶
(۲) کل هزینه ها (a+b)	۲۸۰۵۱۸۸۰	۴۹۷۱	-۲۴۲۴۴	۴۹۱۸۶	۲۰۹۴۴	-۷۱۶
سود سالانه (۲-)	۵۱۲۹۱۲۱					

ارزش اقتصادی	۹۴۶	۹۵۵۱۱	۶۶۰۵۶	-۵۳۷۰۷	-۴۹۷۱
مطلق					

ارزش اقتصادی صفت طول عمر مثبت و برابر ۹۴۶ ریال برآورد شد. نتایج حاصل از این تحقیق با نتایج محققان دیگر مطابقت داشت (۴ و ۶). با افزایش میانگین طول عمر تولیدی نیاز به تعداد تلیسه جایگزین کاسته و بنابراین درآمد حاصل از فروش آنها زیاد می شود، هر چند که با افزایش طول عمر تولیدی درآمد فروش گاو حذفی اندکی کاهش می یابد. از طرفی هزینه های تغذیه ای گاوهای مولد بدلیل استفاده از گاوهای بالغ بیشتری در گله که نیازی به احتیاجات انرژی رشد در زایش اول و دوم را ندارند کاسته می شود. همچنین هزینه تغذیه، نیروی کار، بهداشت و تولید مثل تلیسه ها بدلیل نیاز کمتر به تعداد تلیسه جایگزین کاهش می یابد و این منجر به کاهش هزینه کل می شود.

با توجه به مقادیر برآورد شده ارزش اقتصادی صفات سن نخستین زایش و فاصله گوساله زایی، نرخ زنده ماننی قبل از شیرگیری، نرخ زنده ماننی بعد از شیرگیری و طول عمر تولیدی گاوهای آمیخته (هولشتاین × بومی) استان لرستان پیشنهاد می شود که اصلاح نژاد در جهت کاهش میانگین صفات تولیدمثلی (سن نخستین زایش و فاصله گوساله زایی) که اثر منفی بر سوددهی سیستم تولید دارند انجام گیرد و همچنین انتخاب در جهت افزایش میانگین صفات ماندگاری (نرخ زنده ماننی قبل از شیرگیری، نرخ زنده ماننی بعد از شیرگیری و طول عمر تولیدی) که منجر به افزایش سوددهی گاوهای آمیخته می شود انجام گیرد.

منابع

۱. شادپرور ع. ۱۳۷۶. تعیین مناسب ترین هدف اصلاح نژاد گاو هلشتاین در ایران. رساله دوره دکتری دانشکده کشاورزی تربیت مدرس. تهران
۲. صادقی سفید مزگی ع. مرادی شهر بابک م. نجاتی جورمی ا. شادپرور ع. ۱۳۸۷. برآورد ارزش اقتصادی برای صفات تولیدی و طول عمر در گاوهای هولشتاین. علوم کشاورزی ایران. ۳۹. (۲). ۲۳۵-۲۲۷.
۳. معاونت بهبود تولیدات دامی. ۱۳۹۰. گزارش سالانه سازمان جهاد کشاورزی استان لرستان.
4. Kahi, A. K. and G. Nitter. 2004. Developing breeding schemes for pasture based dairy production systems in Kenya. I. Derivation of economic values using profit functions. Livestock Production Science 88:161-177.
5. Nielsen, H. M., L. G. Christensen and A. F. Groen. 2005. Derivation of sustainable breeding goals for dairy cattle using selection index theory. J. Dairy Science. 88:1882-1890
6. Rewe. O T., I. Douglas, M. K. J. Ojango and A. K. Kahi. 2006. Breeding objectives for the Boran breed in Kenya: Model development and application to pasture-based production systems. Animal Science Journal 77, 163-177.

Economic value for reproduction and longevity traits in crossbred cows of Lorestan province

Sahragard Ahamadi S.¹, Shadparvar A. A.^{1*}, Asadolahi S.²

1-Animal Sci. Dept., Agriculture fac., University of Guilan. 2-Agriculture and natural resources center, Lorestan Province

*Corresponding author: University of Guilan- Rahst-Iran-

Email: shad@guilan.ac.ir; shadparvar@yahoo.com

Abstract:

Using a bio economic mode and economic and production parameters of crossbred cows in the Lorestan province in 2011, the economic values for reproductive traits (age at first calving and calving interval) and longevity traits (pre-weaning survival rate, post-weaning survival rate and herd life) were estimated. Annual revenues and costs based on different sex age groups were calculated and profit per cow and year was estimated to be equal to 5129121 Rials. The economic value for each trait was estimated by increasing the trait average by one unite and calculating the subsequent change in profit. Economic values for Age at first calving and calving interval were negative; -4971 and -53707 Rials, and those for pre-weaning survival rate, post-weaning survival rate and production lifetime were positive; 66056, 95511, 946 Rials, respectively. Relative economic values of reproductive and longevity traits with respect to that of post-weaning survival rate were -0.05, -0.56, 0.69, 1 and, 0.01 respectively.

Key words: Economic value - Reproduction traits - Longevity traits - Crossbred cows

مطالعه همبستگی بین صفات تولید مثلی گاوهای هلشتاین ایران در آب و هوای مختلف با استفاده از مدل تکرارپذیر

رحیم علیزاده، حافظعلی دلجو عیسی لو، مرادپاشا اسکندری نسب

دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان

* نویسنده مسئول: رحیم علیزاده، rahim.alizade@yahoo.com

چکیده

در تحقیق حاضر از ۶۵۸۷۲ داده مربوط به صفات مهم تولید مثلی (فاصله گوساله زایی، روزهای باز و نرخ باروری) مربوطه به پنج دوره شیردهی مختلف، ۱۶ گله بزرگ جمعیت گاو هلشتاین نواحی مختلف سردسیر (استان آذربایجان شرقی)، معتدل (استان زنجان) و گرمسیری (استان یزد) در طی سال‌های ۱۳۶۴ تا ۱۳۸۹ به منظور مقایسه همبستگی ژنتیکی و محیطی صفات باروری استفاده شد. برای عیب یابی شجره‌ها از نرم‌افزار CFC و برای تعیین اثرات از SAS استفاده شد. برآورد مولفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی از مدل دام با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده بی نیاز از مشتق‌گیری و به صورت تجزیه چند صفتی و از مدل تکرارپذیری، با استفاده از نرم‌افزار WOMBAT32 انجام شد. در مدل مذکور اثرات گله-سال-فصل زایش و شکم زایش بعنوان اثرات ثابت و سن مادر بعنوان متغیر کمکی در نظر گرفته شد. صفات تولید مثلی از همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بالایی در هر دو جهت بود. ولی نرخ آبستنی و فاصله گوساله زایی در تمام مناطق کمترین میزان همبستگی فنوتیپی (۰/۰۲۱) را دارد. همچنین برآورد حاصل نشان داد که همبستگی منفی در مناطق گرم‌تر بیشتر از مناطق معتدل و سرد است. واژگان کلیدی: صفات تولید مثلی، همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی، آب و هوای مختلف، گاو هلشتاین

مقدمه

مهمترین دلیل حذف گاوهای شیری در کشور مشکلات تولید مثلی است (شیری و همکاران ۱۳۸۹). که نشان می‌دهد یکی از فاکتورهای مهم در گاوداریها، خصوصیات تولید مثلی است. در سالهای اخیر به علت توجه بیش از حد به صفات تولیدی و توجه کمتر به صفات باروری و در نتیجه همبستگی منفی بین این صفات با صفات تولیدی روند نامطلوبی داشته‌اند. گاوهایی که سریع به سیکل تولید مثلی خود برنمی گردند و زود آبستن نمی‌شوند اغلب به خاطر دوره‌های خشک طولانی و افزایش چربی بدن حذف می‌شوند. زیاد شدن فاصله زایش به میزان یک روز باعث افزایش ۰/۶ روز به روزهای شیردهی و ۰/۴ روز به دوره خشکی می‌گردد (دکرس ۱۹۹۴). روزهای باز (OD) از جمله عوامل مؤثر بر فاصله زایش است. این عامل همبستگی مثبت و بالایی با فاصله زایش دارد ($r = 0.99$) و معیاری است که تلاش می‌شود با کاهش آن فاصله گوساله زایی مطلوب بدست آید. خدایی و همکاران (۱۳۸۳) بین تعداد روزهای باز و فاصله بین دو زایش متوالی همبستگی بالایی (۰/۹۷) برآورد کردند. سارتوری (۲۰۰۲) گزارش کرد که گاوهای شیرده افزایش بیشتری در حرارت بدن در پاسخ به افزایش دمای محیط نسبت به تلیسه‌ها دارند بنابراین عملکرد تولید مثلی در طول تابستان خیلی تغییر نمی‌کند. در تحقیق دیگری کاویان و همکاران (۱۳۹۰) گزارش نمودند که دی و بهمن بیشترین میانگین درصد تلقیح منجر به آبستنی را دارد و مرداد و شهریور کمترین میزان را داشت. بطوری که بین این ماهها و سایر ماههای سال اختلاف معنی داری در سطح یک درصد مشاهده شد. این محقق همبستگی بین نرخ باروری و رطوبت هوا را مثبت و قوی ($r = 0.83$) معنی دار و همچنین همبستگی بین این پارامتر با دمای هوا را منفی و قوی ($r = -0.919$) گزارش نمودند. این گزارشات نشات می‌دهد بین اقلیم مختلف داخل ایران تاثیر دما هوا سایر پارامترهای محیطی می‌تواند پتانسیل ژنتیکی دام‌های

¹ Open Day

هر منطقه تاثیر بالایی داشته باشد. در مطالعه حاضر بر آن شدیم تا تفاوت بین همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات تولید مثلی مانند فاصله گوساله‌زایی، روزهای باز و نرخ آبستنی را بررسی نماییم.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق به منظور برآورد همبستگی ژنتیکی و محیطی صفات تولید مثلی از داده‌های ۶۵۸۷۲ در پنج دوره شیردهی مختلف مربوط به ۱۶ گله بزرگ گاو هلستاین استان‌های مناطق مختلف، سردسیر (آذربایجان شرقی)، معتدل (زنجان)، گرمسیر (یزد) جمع‌آوری شده در طی سال‌های ۱۳۶۴ تا ۱۳۸۹ استفاده شد. ابتداء داده‌ها با استفاده از Excel و Access ویرایش شد و برای تعیین اثر عوامل ثابت، داده‌ها با استفاده از روش GLM برنامه (SAS 1996) مورد تجزیه قرار گرفت. برای بررسی و عیب‌یابی ساختار شجره از نرم‌افزار CFC (سرگلزایی و همکاران، ۲۰۰۶) استفاده شد. برای برآورد همبستگی ژنتیکی و محیطی از مدل تکرارپذیر دام چند صفتی به روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده بی‌نیاز از مشتق‌گیری از نرم‌افزار WOMBAT(2006) استفاده شد.

$$y = Xb + Za + Wpe + e$$

در این مدل y بردار مشاهدات، B بردار اثر عوامل ثابت (شامل اثرات سال- فصل- گله-شکم‌زایش، سن مادر)، a بردار اثرات عوامل تصادفی ژنتیکی افزایشی، Pe بردار اثرات عوامل تصادفی محیطی دائمی، e بردار اثر عوامل تصادفی باقی‌مانده و X, Z, W ماتریس‌های طرح هستند.

نتایج و بحث

نتایج آمار توصیفی در مناطق مختلف در جدول 1 نشان می‌دهد که صفات باروری تفاوت معنی‌داری را در مناطق مختلف ایران داشته و بیشترین میانگین فاصله گوساله‌زایی و روزهای باز و کمترین نرخ آبستنی (27/2، 414/69، 110/66) مربوط به استان یزد است که احتمالاً به دلیل داشتن گله‌های بزرگ است. با توجه به ضریب پراکندگی بالا در تمام صفات در گاوداری‌های استان یزد نشانگر بالا بودن تفاوت در صفات باروری این منطقه و پراکندگی بالای سطوح گله‌ها از لحاظ مدیریتی می‌باشد. ضریب پراکندگی در صفات باروری استان زنجان و تبریز مشابه هم بوده و نشانگر همسان بودن اندازه گله‌های این دو استان با شرایط محیطی باروری می‌باشد. به نظر می‌رسد گاوهای موجود در استان یزد از نظر توان باروری و ژنتیک افزایشی در سطح بالاتری از دو استان دیگر قرار دارد و در سالهای بعدی این ارزش اصلاحی بالا را حفظ کرده به نسل‌های بعدی انتقال داده‌اند. پرایس و همکاران (۲۰۰۰)، وال و همکاران (۲۰۰۳)، کادارمیدن و همکاران (۲۰۰۳) نشان دادند که میانگین برآورد شده برای فاصله بین دو زایش در دامنه ۳۸۳ تا ۳۸۸ است در حالی که مقادیر گزارش شده توسط اوجانگو و همکاران (۲۰۰۴)، وال و همکاران (۲۰۰۵) و گونزالز و همکاران (۲۰۰۵) در بازه ۳۹۵/۴ تا ۴۰۶ است.

استان یزد بیشترین (۱۳/۸ ماه) و استان آذربایجان شرقی کمترین میزان (۱۲/۷ ماه) فاصله گوساله‌زایی را دارند و بازده بالای گله‌های استان آذربایجان شرقی نسبت به دو استان دیگر را نشان می‌دهد. فاصله زایش بیشتر باعث کاهش تعداد گوساله‌های متولد شده در طول عمر تولیدی گاو می‌شود. در یک گله ۵۰۰ راسی با میانگین ۱۵/۵ ماه فاصله زایش، در طول عمر تولیدی خود (۳-۳/۵ سال) تعداد گوساله کمتری نسبت به گاوهای دارای فاصله زایش ۱۲/۸ ماه، تولید می‌کند. کاهش تعداد گوساله باعث کاهش تلسیه جایگزین می‌شود، از طرفی در گله‌هایی که مشکل تولید مثل وجود دارد حذف غیر اختیاری افزایش می‌یابد و درآمد حاصل از فروش گوساله به ازای هر روز از فاصله زایش با افزایش روزهای باز کاهش می‌یابد (رستمخانی ۱۳۸۰). همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی فاصله گوساله‌زایی و نرخ آبستنی در مناطق مختلف ایران منفی و بالا برآورد شد که با برآورد گزنالس و

همکاران (۲۰۰۵) که میزان آن را به ترتیب ۰/۹۹- و ۰/۹۱- گزارش نموده مطابقت دارد. برآوردها نشان داد که در مناطق گرمسیر (استان یزد) این همبستگی منفی بیشتر از مناطق دیگر است و تا حدودی این تفاوت را به عدم آبستنی و کمتر بودن نرخ آبستنی و بالا بودن انحراف معیار آن نسبت به سایر مناطق و در نتیجه افزایش فاصله گوساله زایی می توان ارتباط داد. همچنین همبستگی بین روزهای باز و نرخ آبستنی منفی بالا برآورد شد که بیشترین همبستگی بین این صفات را داشتند. برآورد حاصل نشان داد که همبستگی منفی در مناطق گرمتر بیشتر از مناطق معتدل و سرد است. چون صفت نرخ آبستنی با رابطه خطی از صفت روزهای باز حاصل می شود همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی نزدیک به یک برای آنها منطقی است. و همبستگی مشابه بین فاصله گوساله زایی با نرخ آبستنی و روزهای باز هم نشان دهنده نزدیک بودن این دو صفت باهمدیگر است. تحقیقات نشان می دهد که تنوع ژنتیکی معنی داری در باروری گاوهای ماده وجود دارد که امکان انتخاب برای بهبود این صفات را فراهم می سازد.

جدول (۱) آمار توصیفی صفات تولید شیر گاو هلشتاین استان های نواحی مختلف ایران

صفت			فاصله گوساله زایی			روزهای باز			نرخ آبستنی		
استان	تبریز	یزد	زنجان	تبریز	یزد	زنجان	تبریز	یزد	زنجان	تبریز	یزد
تعداد رکورد	۲۳۸۷۹	۳۰۵۶۹	۲۶۵۸۷	۲۵۱۲۵	۳۱۸۵۲	۲۷۳۴۷	۱۵۸۷۵	۱۸۶۵۹	۲۰۴۷۱	۱۸۶۵۹	۲۰۴۷۱
میانگین	۳۸۵/۴	۴۱۴/۶	۴۰۶/۶	۱۰۷/۴	۱۱۰/۶	۱۱۰/۶	۳۴/۸	۲۷/۲	۳۰/۵	۳۴/۸	۲۷/۲
انحراف معیار	31۸۵	۷۳/۲	۶۹/۸۵	۱۸/۲	۶۱/۶	۵۹/۵	۱۶/۵	۱۷/۷	۱۴/۸	۱۶/۵	۱۷/۷
ضریب تغییرات %	8/۲	۱۷/۶۵	۱۷/۱۶	۱۶/۹	۵۵/۶	۵۳/۸	۴۷/۴	۶۵/۰۷	۴۸/۶	۴۷/۴	۶۵/۰۷

جدول (۲) همبستگی ژنتیکی (بالای قطر) و فنوتیپی (پایین قطر) صفات باروری در مناطق مختلف ایران				
عنوان		فاصله گوساله زایی	روزهای باز	نرخ آبستنی
۱	فاصله گوساله زایی	۰/۰۶۵ (۰/۰۱۱)	۰/۷۰۸	-۰/۷۰۸
	روزهای باز	۰/۱۱	۰/۰۲۴ (۰/۰۰۵)	-۰/۹۹
	نرخ آبستنی	۰/۰۲	-۰/۹۹	۰/۰۱۹ (۰/۰۰۱)
۲	فاصله گوساله زایی	۰/۰۷۵ (۰/۰۱۱)	۰/۶۱	-۰/۶۷
	روزهای باز	۰/۲	۰/۰۲۱ (۰/۰۱۱)	-۰/۹۲
	نرخ آبستنی	۰/۰۵۷	-۰/۷۸	۰/۰۲۲ (۰/۰۰۱)
۳	فاصله گوساله زایی	۰/۰۷۱ (۰/۰۱۱)	۰/۸۱	-۰/۷۵
	روزهای باز	۰/۱۷	۰/۰۲۱ (۰/۰۰۱)	-۰/۸۹
	نرخ آبستنی	۰/۰۲۱	-۰/۹۱	۰/۰۲ (۰/۰۰۱)

منابع

۱. فرهنگ فر، ه. و ح. نعیمی پور. ۱۳۸۶. بررسی همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی بین صفات تولید و تولید مثل در گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل حیوانی چند متغیره. مجموعه مقالات دومین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور. کرج، صص. ۱۲۵۱-۱۲۴۸.
۲. مرتضوی، م. ۱۳۸۷. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولید مثلی گاوهای هلشتاین استان زنجان. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشگاه زنجان
۳. هنرور، م. م. مرادی شهر بابک، س.ر. میرائی آشتیانی. ۱۳۸۳. بررسی پارامترهای صفات تولید مثلی و رابطه آن با تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران. مجموعه مقالات اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، تهران، صفحات ۶۸۵-۶۹۲.
4. M.L. Makgahlela, C.B. Banga, D. Norris, K. Dzama and J.W. Ng'ambi, 2007, Genetic correlations between female fertility and production traits in South African Holstein cattle, J. Animal Science 2007, 37 (3).
5. O. Gonzalez-Recio, R. Alenda, Y. M. Chang, K. A. Weigel, and D. Gianola†, 2006. Selection for Female Fertility Using Censored Fertility Traits and Investigation of the Relationship with Milk Production J. Dairy Sci. 89:4438-4444.
6. Sajjad Toghiani Pozveh, Abdol Ahad Shadparvar, Mohammad Moradi Shahrababak, Mohammad Dadpasand Taromsari, 2009, Genetic analysis of reproduction traits and their relationship with conformation traits in Holstein cows, Livestock Science 125 (2009) 84-87.

Correlation between reproductive traits in Iranian Holstein cows in various climates, using repeatable model

Rahim Alizade*, Hafezali Deljoo Isalo. Moradpasha Eskandarinasab

E-mail address: rahim_alizade@yahoo.com

Abstract

The research data from 65 872 to important reproductive traits ($\rightarrow$ calf calving interval, days open and fertility rates) corresponding to five different lactation, 16 large herd of Holstein cattle in cold regions (East Azarbaijan), moderate (Zanjan province) and Tropical (Yazd Province) during the years 1364 to 1389 to compare the genetic and environmental correlations of reproductive traits were used. Genealogy software for troubleshooting the CFC and to determine the effects of SAS software was used. Component estimate (co) variance and genetic parameters without the need for animal models with restricted maximum likelihood method of differentiation and a multivariate analysis and reproducibility of the model, using the soft ware was WOMBAT32. The finding of the herd - year - season of lambing and calving as fixed effects and maternal age as a covariate abdomen was considered. Reproductive traits of genetic and phenotypic correlations were high in both directions. But the conception rate and phenotypic correlations between calving in all regions of the lowest (0/21) is. The estimates showed that the negative correlation in the warmer areas of temperate and cold.

Keywords : reproductive traits, genetic and phenotypic correlations, different climates, cattle, Holstein.

برآورد ضریب همخوانی و اثر آن بر صفات قبل از شیرگیری در گوسفند مغانی

محمد مهدی غلام بابائیان^{*}، امیر رشیدی، محمد رزم کبیر، ابراهیم میرزا محمدی
گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه کردستان

^{*} نویسنده مسئول: محمد مهدی غلام بابائیان، mehdi.gholambabaeian@uok.ac.ir

چکیده

در این پژوهش از اطلاعات شجره ۱۰۶۴۹ راس بره نژاد گوسفند مغانی که طی سال‌های ۱۳۷۴ تا ۱۳۸۸ از مرکز پرورش و اصلاح نژاد گوسفند مغانی واقع در جعفرآباد مغان جمع آوری شده بود، برای برآورد ضریب همخوانی و ارزیابی اثر آن بر صفات قبل از شیرگیری با در نظر گرفتن ضریب همخوانی در مدل به عنوان متغیر کمکی استفاده شد. میانگین ضرایب همخوانی کل جمعیت ۰/۵۱ درصد و جمعیت همخون که ۲۹ درصد کل حیوانات شجره را شامل می شدند، ۱/۷۴ درصد بود. حداقل و حداکثر ضریب همخوانی به ترتیب صفر و ۲۸/۱۳ درصد بود. میانگین ضریب همخوانی کل جمعیت و جمعیت همخون برای حیوانات دارای رکورد وزن تولد به ترتیب ۰/۶۸ و ۱/۷۳ درصد و برای حیوانات دارای رکورد وزن شیرگیری، افزایش وزن روزانه تا شیرگیری (ADG) و نسبت کلیبر به ترتیب ۰/۶۴ و ۱/۸۹ درصد بود. افزایش ضریب همخوانی در هر سال ۰/۰۲۷ درصد بود که از نظر آماری معنی دار نبود ($P > ۰/۰۵$). تجزیه و تحلیل اثر همخوانی بر صفات مورد نظر با روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) با استفاده از ۱۲ مدل حیوانی انجام شد. مناسب ترین مدل با استفاده از معیار آکایک تعیین شد. ضریب تابعیت وزن تولد، وزن شیرگیری، میانگین افزایش وزن روزانه تا شیرگیری و نسبت کلیبر از ضریب همخوانی به ترتیب $۰/۰۰۴ \pm ۰/۰۰۰$ و $۰/۰۶۸ \pm ۰/۰۰۵$ کیلوگرم، $۰/۰۷۶ \pm ۰/۰۵۲$ گرم و $۰/۰۰۶ \pm ۰/۰۶۳$ و از نظر آماری معنی دار بودند ($P < ۰/۰۱$).

واژه های کلیدی: ضریب همخوانی - وزن تولد - وزن شیرگیری - نسبت کلیبر - گوسفند مغانی

مقدمه

همخوانی در اثر آمیزش بین افرادی که دارای جد مشترک هستند، ایجاد می شود. پیامد اساسی داشتن جدمشترک برای دو فرد، این است که هر دو فرد خویشاوند ممکن است همانندهای یکی از ژنهای موجود در جد مشترک را دارا باشند. بنابراین با آمیزش این افراد ممکن است، این ژنهای همانند را به نتاج خود انتقال دهند (۱). همخوانی موجب کاهش واریانس ژنتیکی داخل یک فامیل، کاهش هتروزیگوسیتی و به تبع آن افزایش هموزیگوسیتی، افزایش ظهور اثرات ژنهای زیان آور، تغییر ساختار ژنتیکی جمعیت و کاهش عملکرد صفات مرتبط با شایستگی و تولید می شود (۳). در پرورش حیوانات مزرعه ای به صورت گله های بسته و کوچک در ایستگاه های تحقیقاتی، احتمال ایجاد همخوانی و مشکلات ناشی از آن وجود دارد. لذا برای حفظ ساختار ژنتیکی هر جمعیت و جلوگیری از آثار زیان بار همخوانی، لازم است که اطلاعات حاصل از شجره حیوانات، نوع آمیزش ها و خصوصیات ژنتیکی آن جمعیت جمع آوری و تجزیه و تحلیل گردد (۱). هدف از این پژوهش، برآورد ضریب همخوانی جمعیت گوسفندان مغانی ایستگاه جعفرآباد مغان و ارزیابی اثر آن بر صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، میانگین افزایش وزن روزانه تا شیرگیری (ADG) و نسبت کلیبر با در نظر گرفتن همخوانی به عنوان متغیر کمکی در مدل های ارزیابی ژنتیکی می باشد.

مواد و روش ها

در این پژوهش از اطلاعات شجره ۱۰۶۴۹ راس بره نژاد گوسفند مغانی که در سال‌های ۱۳۷۴ تا ۱۳۸۸ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد جعفرآباد مغان جمع آوری شده بود، برای برآورد ضریب همخونی و ارزیابی اثر آن بر صفات قبل از شیرگیری استفاده گردید. تعداد رکورد برای صفت وزن تولد ۶۶۰۶ و برای صفات وزن شیرگیری، افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری و نسبت کلیبر ۵۶۹۰ رکورد بود. اطلاعات لازم شامل شماره بره، شماره پدر و مادر، سال تولد، جنس، تیپ تولد، سن مادر و رکورد صفات مورد نظر برای هر بره، در نرم افزار Excel تحت عنوان فایل داده‌ها ذخیره گردید. برای ویرایش داده ها از نرم افزار Microsoft Visual Fox Pro(9.0) استفاده شد. برای محاسبه ضرایب همخونی ابتدا فایل شجره حیوانات گله تشکیل شد. سپس با استفاده از نرم افزار CFC ضرایب همخونی هر حیوان و میانگین ضریب همخونی در کل گله و جمعیت همخون برآورد شد. برای تجزیه و تحلیل اثر همخونی بر صفات مورد نظر از نرم‌افزار Wombat و روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) با استفاده از مدل‌های حیوانی زیر با در نظر گرفتن ضریب همخونی در مدل به عنوان متغیر کمکی استفاده شد.

$y = Xb + Z_a a + e$		مدل ۱
$y = Xb + Z_a a + Z_c c + e$		مدل ۲
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$	$Cov(a, m) = 0$	مدل ۳
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$	مدل ۴
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$	$Cov(a, m) = 0$	مدل ۵
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$	مدل ۶
$y = Xb + Z_a a + Z_l l + e$		مدل ۷
$y = Xb + Z_a a + Z_c c + Z_l l + e$		مدل ۸
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e$	$Cov(a, m) = 0$	مدل ۹
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e$	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$	مدل ۱۰
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_l l + e$	$Cov(a, m) = 0$	مدل ۱۱
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_l l + e$	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$	مدل ۱۲

در این مدل ها y بردار مشاهدات، b بردار اثرات عوامل ثابت (شامل سال تولد، جنس، تیپ تولد و سن مادر)، a بردار اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم، m بردار اثرات ژنتیک افزایشی مادری، c بردار اثرات محیطی دائمی مادری، l بردار اثرات محیطی مشترک و e بردار اثرات باقیمانده است. A ماتریس روابط خویشاوندی است، X, Z_a, Z_c, Z_m, Z_l ماتریس‌های طرح هستند که ارتباط اثرات عوامل ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات محیطی دائمی مادری، اثرات ژنتیک افزایشی مادری و اثرات محیطی مشترک را با بردار مشاهدات برقرار می‌کنند. همچنین σ_{am} کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی افزایشی مادری را نشان می‌دهد. جهت تعیین مناسب ترین مدل از رابطه زیر استفاده شد:

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

در این رابطه: AIC_i معیار آکایک، $\log L_i$ نسبت لگاریتم درستنمایی، P_i تعداد پارامترهای موجود در مدل است. در نهایت مدلی که کمترین مقدار آکایک را داشت به عنوان مناسب ترین مدل در نظر گرفته شد.

نتایج و بحث

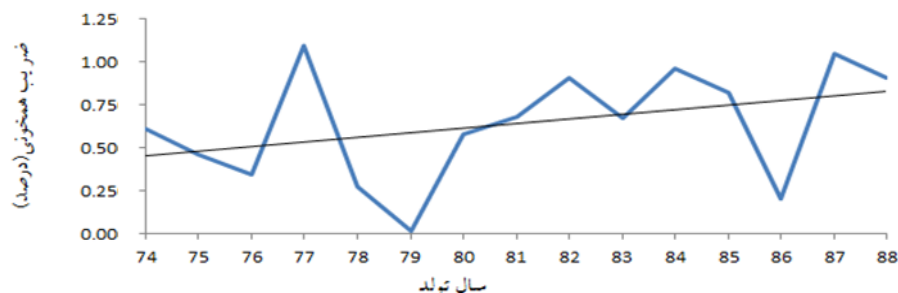
از تعداد ۱۰۶۴۹ راس حیوان حاصل از ۴۹۲ دام نر و ۳۱۳۷ دام ماده موجود در شجره، ۳۱۱۵ حیوان همخون بودند. میانگین ضریب همخونی کل جمعیت و جمعیت همخون به ترتیب ۰/۵۱ و ۱/۷۴ درصد، برای حیوانات دارای رکورد وزن تولد به ترتیب

۰/۶۸ و ۱/۷۳ درصد و برای حیوانات دارای رکورد وزن شیرگیری، افزایش وزن روزانه و نسبت کلیبر به ترتیب ۰/۶۴ و ۱/۸۹ درصد بود. بیشترین ضریب همخونی ۲۸/۱۳ درصد بود. تعداد و درصد افراد هر گروه همخون در جدول ۱ نشان داده شده است. جدول ۱- تعداد و درصد افراد همخون به صورت گروه بندی

گروه‌های همخون	$F > 25$	$20 < F \leq 25$	$15 < F \leq 20$	$10 < F \leq 15$	$5 < F \leq 10$	$0 < F \leq 5$
تعداد افراد	۷	۱۰	۶	۱۰۵	۱۴۵	۲۸۴۲
درصد افراد همخون	۰/۰۷	۰/۰۹	۰/۰۶	۰/۹۹	۱/۳۶	۲۶/۶۹

نمودار ۱ نشان می‌دهد که روند تغییرات ضریب همخونی در سال‌های مورد مطالعه دارای نوسان زیادی می‌باشد. ولی در کل این روند به طور میانگین به میزان ۰/۰۲۷ درصد در هر سال افزایش یافته که از نظر آماری معنی‌دار نبود ($P > 0/05$). بیشترین ضریب همخونی مربوط به سال ۱۳۷۷ بوده که علت آن بالا بودن تلاقی‌های خویشاوندان در این سال می‌باشد. کمترین مقادیر ضریب همخونی مربوط به سال‌های ۱۳۷۹ و ۱۳۸۶ بود که از دلایل کاهش ضریب همخونی در این دو سال می‌توان به کاهش تعداد افراد همخون و همچنین پایین بودن مقدار ضریب همخونی افراد همخون اشاره کرد که می‌تواند به علت افزایش آمیزش غیرخویشاوندی و ورود نرهای مولد به گله باشد. ضریب همخونی در کل جمعیت و جمعیت همخون در سال‌های مختلف، در جدول ۲ نشان داده شده است.

بهترین مدل برای صفت وزن تولد مدل ۱۱، برای وزن شیرگیری و افزایش وزن روزانه مدل ۱۰ و برای نسبت کلیبر مدل ۱۲ تعیین شد. ضریب تابعیت وزن تولد از همخونی $0/000 \pm 0/004$ کیلوگرم و معنی‌دار بود ($P < 0/01$)، یعنی به ازای یک درصد افزایش در همخونی وزن تولد ۴ گرم کاهش می‌یابد. در مطالعه‌ای بر روی سه نژاد رامبوویه، تارگی و کلمبیا، ضریب تابعیت وزن تولد از همخونی به ترتیب $-0/008$ ، $-0/014$ و $-0/002$ کیلوگرم برآورد شد (۴). ضریب تابعیت وزن شیرگیری از همخونی $0/005 \pm 0/068$ کیلوگرم بود ($P < 0/01$). پژوهشگران ضریب تابعیت وزن شیرگیری از همخونی را در دو نژاد ساردی و بنی گوئیل به ترتیب $0/0056$ و $-0/0469$ کیلوگرم گزارش کردند (۲). ضریب تابعیت افزایش وزن روزانه از همخونی $0/076 \pm 0/0852$ گرم و ضریب تابعیت نسبت کلیبر از همخونی $0/006 \pm 0/063$ بود ($P < 0/01$). ضریب تابعیت صفات قبل از شیرگیری از همخونی در جدول ۳ نشان داده شده است. نتایج این پژوهش نشان داد ضریب همخونی اثر منفی ناچیزی بر صفات قبل از شیرگیری دارد و با توجه به پایین بودن میزان ضریب همخونی در گله، می‌توان از آمیزش نرهای مولد برتر به صورت کنترل شده استفاده کرد.



نمودار ۱- روند تغییرات همخونی بر اساس سال تولد

جدول ۲- درصد ضریب همخوانی در کل جمعیت و در جمعیت همخون برای صفات قبل از شیرگیری

سال	وزن تولد				وزن شیرگیری، افزایش وزن روزانه و نسبت کلیبر			
	تعداد کل	تعداد افراد همخون	میانگین همخونی در جمعیت کل	میانگین همخونی در جمعیت همخون	تعداد کل	تعداد افراد همخون	میانگین همخونی در جمعیت کل	میانگین همخونی در همخون ها
۷۴	۴۴۵	۳۴	۰/۶۱	۷/۹۸	۵۶۵	۳۲	۰/۴۶	۸/۰۴
۷۵	۲۵۴	۲۰	۰/۴۶	۵/۸۹	۳۶۳	۲۹	۰/۴۶	۵/۷۶
۷۶	۳۶۰	۱۷	۰/۳۵	۷/۳۲	۳۱۳	۱۶	۰/۳۲	۶/۲۲
۷۷	۴۲۲	۱۳۴	۱/۱۰	۳/۴۵	۴۲۳	۱۳۷	۱/۱۰	۳/۳۹
۷۸	۴۷۲	۴۷	۰/۲۸	۲/۷۹	۴۴۱	۴۴	۰/۲۸	۲/۷۸
۷۹	۱۵۳	۳	۰/۰۲	۰/۹۸	۱۳۸	۲	۰/۰۲	۱/۳۷
۸۰	۵۵۶	۱۴۷	۰/۵۸	۲/۲۰	۵۲۳	۱۳۸	۰/۶۰	۲/۲۶
۸۱	۶۸۶	۳۰۹	۰/۶۸	۱/۵۲	۶۵۵	۲۹۵	۰/۶۹	۱/۵۳
۸۲	۵۳۵	۲۳۴	۰/۹۱	۲/۰۷	۴۸۰	۲۰۷	۰/۹۰	۲/۰۸
۸۳	۵۵۵	۳۲۹	۰/۶۷	۱/۱۳	۵۳۲	۳۱۱	۰/۶۸	۱/۱۶
۸۴	۵۲۱	۳۲۹	۰/۹۷	۱/۵۳	۴۷۶	۲۹۳	۰/۹۵	۱/۵۴
۸۵	۴۲۹	۳۳۸	۰/۸۲	۱/۰۴	۲۳۶	۱۷۳	۰/۹۶	۱/۳۱
۸۶	۴۳۲	۶۰	۰/۲۰	۱/۴۷	۲۲۸	۱۶	۰/۲۰	۲/۷۹
۸۷	۴۰۵	۳۰۸	۱/۰۵	۱/۳۸	۳۱۳	۲۳۵	۰/۸۰	۱/۰۶
۸۸	۳۸۱	۲۷۸	۰/۹۱	۱/۲۵	*	*	*	*

* در سال ۸۸ هیچ رکوردی برای وزن شیرگیری ثبت نشده است.

جدول ۳- ضریب تابعیت صفات قبل از شیرگیری از همخوانی

صفت	تعداد رکورد	میانگین رکورد	ضریب تابعیت صفت از همخوانی
وزن تولد (کیلوگرم)	۶۶۰۶	۴/۶۱	$-۰/۰۰۴ \pm ۰/۰۰۰^{**}$
وزن شیرگیری (کیلوگرم)	۵۶۹۰	۲۳/۰۴	$-۰/۰۶۸ \pm ۰/۰۰۵^{**}$
میانگین افزایش وزن روزانه (گرم)	۵۶۹۰	۱۹۸/۵۹	$-۰/۸۵۲ \pm ۰/۰۷۶^{**}$
نسب کلیبر ($ADG/W^{0.75}$)	۵۶۹۰	۱۸/۷۷	$-۰/۰۶۳ \pm ۰/۰۰۶^{**}$

** : معنی دار در سطح احتمال ۱ درصد

منابع

۱. مهمان نواز ی. ۱۳۸۰. همخوانی و اثر آن بر صفات تولیدی در گوسفندان نژاد بلوچی. پایان نامه کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس. ۱۲۰ صفحه.
2. Boujenane, I., A. Chami. 1997. Effects of inbreeding on reproduction, weights and survival of Sardi and Beni Guil sheep. Journal of Animal breeding and genetics, 114:23-31.
3. Dickerson, G.E. 1973. Inbreeding and heterosis in animals. Journal of Animal science, 73:54-77.
4. Ercanbrack, S.K., A.D. Knight. 1991. Effects of inbreeding on reproduction and wool production of Rambouillet, Targhee and Columbia ewes. Journal of Animal science, 69:4734-4744.

Inbreeding coefficient estimate and its effects on pre-weaning traits in Moghani sheep

M. M. Gholambabaeian*, A. Rashidi, M. Razmkabir, E. Mirzamohammadi

Department of animal science, college of agriculture, university of Kurdistan

* Corresponding E-mail address: mehdi.gholambabaeian@uok.ac.ir

Abstract:

This research was conducted by using of pedigree information for 10649 lambs of Moghani sheep to estimate inbreeding and investigate its effects of inbreeding on pre-weaning traits by including inbreeding as a covariate in the model. The data was collected from 1995 to 2009 at the Breeding Station Moghani sheep in Jafarabad, Moghan, Iran. The mean inbreeding for all animals overall years was 0.51% and of all the animals, 29% was inbred, with the average inbreeding coefficient being 1.74%. The minimum and maximum level of inbreeding was 0 and 28.13%, respectively. The average of inbreeding coefficient for all animals overall years and inbred population for animals with records of birth weight (BW) was 0.68% and 1.73%, for animal with records of weaning weight (WW), average daily gain from birth to weaning (ADG) and Kleiber ratio (KR) were 0.64% and 1.89% respectively. The rate of inbreeding was increased 0.027% per year that was not significant ($P>0.05$). Effect of inbreeding on pre-weaning traits was estimated by restricted maximum likelihood (REML) method. The most appropriate model for each trait was determined based on Akaike's Information Criterion (AIC). Inbreeding had a significant effect on pre-weaning traits ($P<0.01$) and regression coefficient of inbreeding on BW, WW, ADG and KR were -0.004 ± 0.000 and -0.068 ± 0.005 Kg, -0.852 ± 0.076 g and -0.063 ± 0.006 respectively, and significant.

Keywords: Inbreeding coefficient- birth weight- weaning weight- Kleiber ratio- Moghani sheep

آنالیز چند شکلی اگزون دوم ژن DQA2 از کلاس دوم MHC در گوسفند مهربان ایران با استفاده از روش PCR-SSCP

دکترپویا زمانی^۱، حسین صالحیان دهکردی^{۱*}، دکتر عباس دوستی^۲، هادی فلکی مقدم^۱

استادیار و دانشجویان کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه بوعلی سینا همدان، ۲- استادیار مرکز تحقیقات

بیوتکنولوژی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهرکرد

*نویسنده مسئول: حسین صالحیان دهکردی، hosein_salehi6@yahoo.com

چکیده

مجتمع اصلی سازگاری بافتی (MHC^۲) یک نقش مرکزی در پاسخ های ایمنی مهره داران ایفا می کند. ژن DQA2 در ناحیه کلاس دوم مجتمع اصلی پذیرش بافتی قرار دارد و در تعادل پاسخ ایمنی گوسفند به بیماری ها نقش دارد. در این مطالعه تنوع در ژن DQA2 در ۱۵۵ گوسفند مهربان ایران مورد بررسی قرار گرفت. قطعه ای از DNA، شامل اگزون دوم ژن DQA2 گوسفند تکثیر گردید. برای بررسی چند شکلی این ژن از روش SSCP-PCR استفاده گردید. در این مطالعه ۸ الگوی SSCP متفاوت تشخیص داده شد. در این میان سه عدد از الگوها دارای بیشترین فراوانی بودند که ۵۶/۱۵٪ از کل الگوها را به خود اختصاص می دادند. نتایج حاصل از مطالعه ما نشان می دهند که اگزون دوم ژن DQA2 دارای چند شکلی بالایی در گوسفند مهربان ایران می باشد و روش PCR-SSCP می تواند روش مناسبی برای آنالیز این ناحیه باشد.

کلمات کلیدی: چند شکلی ژن DQA2-گوسفند مهربان-PCR-SSCP

مقدمه

ژن های موجود در ناحیه کلاس دوم مجتمع اصلی سازگاری بافتی منجر به پاسخ های ایمنی خاصی در مهره داران می شوند که این پاسخ ها به آنتی ژن های خارجی وابسته هستند. این ژن ها منجر به توجه محققان در حیوانات مزرعه ای برای کنترل بیماری ها و انتخاب حیوانات مقاوم به بیماری ها می شوند (۷). به هر حال بررسی ژن های خاص مجتمع اصلی سازگاری بافتی و نقش آن ها در مقاومت به بیماری ها، باحضور چند ژن در این ناحیه که چند شکلی بالایی دارند و ساختار آن ها به خوبی مشخص نشده، دشوار گردیده است (۵). گوسفند دارای یک ژن DRA (۳)، دو ژن DRB1 و DRB2 (ژن کاذب) (۲) و یک یا دو ژن DQA و ژن های DQB می باشد (۴). در مطالعاتی تنوع در ژن های DQA با حضور تعداد ۱۴ آلل متفاوت ژن DQA1 و ۱۸ آلل متفاوت ژن DQA2 شناخته شده است (۸). روش هایی برای بررسی تنوع در جایگاه DQA2 از جمله PCR-RFLP، PCR-SSCP، کلونینگ و آنالیز مستقیم توالی حاصل از محصولات PCR بکار برده می شوند (۴ و ۵). تکنیک PCR-SSCP روشی ساده و کاربردی می باشد (۱) که در این مطالعه از آن استفاده گردیده است. هدف ما از این مطالعه تعیین ژنوتیپ ژن DQA2 با استفاده از روش PCR-SSCP برای گوسفند مهربان ایران است.

مواد و روش ها

² - Major Histocompatibility Complex

از تعداد ۱۵۵ گوسفند مهربان در ۳ گله متفاوت واقع در استان همدان نمونه خون جمع آوری گردید. از نمونه های خون با استفاده از کیت سینا ژن استخراج DNA انجام گردید. واکنش PCR در حجم ۲۵ میکرولیتر و شامل بافر 1X PCR، ۲۰۰ میلی مولار dNTP، ۱ واحد آنزیم تک پلی مراز، ۰/۲ میکرو مولار از هر کدام از پرایمرهای رفت و برگشت، ۱۰۰ نانو گرم از DNAی ژنومیک، ۱/۵ میکرو مولار Mgcl₂. پرایمرهای مورد استفاده برای تکثیر قطعه ۲۴۲ جفت بازی از اگزون دوم ژن DQA2 از مقاله هیکفورد و همکاران (۲۰۰۷) انتخاب گردید. برنامه زمانی و دمایی مورد استفاده در ترمال سایکلر جهت تکثیر قطعه مورد نظر به این ترتیب بود: مرحله واسرشتگی اولیه به مدت ۵ دقیقه با دمای ۹۵ درجه سانتی گراد، ۳۰ چرخه شامل سه مرحله: واسرشت سازی ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۱ دقیقه، اتصال آغازگر در دمای ۶۳ درجه سانتی گراد به مدت ۱ دقیقه و گسترش آغازگر در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه بود. در پایان نیز یک چرخه گسترش نهایی در دمای ۷۲ درجه به مدت ۵ دقیقه در نظر گرفته شد. جهت تعیین ژنوتیپ نمونه ها با تکنیک SSCP محصولات PCR به مدت ۵ دقیقه در دمای ۹۵ درجه سانتی گراد واسرشته سازی و جهت اتصال مجدد رشته های مکمل سریعاً بر روی یخ منتقل شدند. الکتروفورز عمودی محصولات PCR بر روی ژل اکریل آمید ۱۴ درصد مطابق با روش هیکفورد و همکاران (۲۰۰۷) در دمای ۱۰ درجه سانتی گراد و ولتاژ ۲۰۰ به مدت ۶ ساعت و ۳۰ دقیقه صورت گرفت.

نتایج

تکثیر اگزون دوم ژن DQA2 در تمامی نمونه ها با موفقیت انجام گردید بطوریکه الکتروفورز تمامی نمونه ها بر روی ژل عمودی یک تک باند بدون کشیدگی و همچنین باند اضافی را که مربوط به قطعه مورد نظر می باشد، نشان داد. تعیین ژنوتیپ نمونه ها توسط روش SSCP انجام گردید و ۸ الگوی متفاوت بدست آمد (شکل ۱). درصد و فراوانی الگوهای SSCP در جدول ۱ نشان داده شده که بیشترین فراوانی را الگوی ۴ و کمترین فراوانی را الگوی ۳ دارا می باشد. سایر مطالعات روی نشخوار کنندگان از جمله گوسفند وجود چند شکلی بالا در ژن DQA2 را نشان می دهند (۵). همچنین مطالعات نشان می دهند که این ژن ارتباط بسیار زیادی با مقاومت به بیماری ها دارد و چند شکلی متفاوت در این ناحیه می تواند پاسخ های متفاوتی از این ژن نسبت به بیماری ها داشته باشد (۷ و ۵). روش SSCP که توسط چندین محقق در رابطه با گوسفند بکار برده شده است، کم هزینه و حساسیت بالایی دارد. اما این روش، به میزان زیادی وابسته به شرایط آزمایشی است (۷ و ۱). در این مطالعه بیشترین فراوانی مربوط به الگوی شماره ۴ بود (۲۶/۴۶) و الگوهای ۴ و ۵ از کل الگوها بیشترین فراوانی را به خود اختصاص دادند (۵۶/۱۶) جدول ۱. نتایج این تحقیق چند شکلی بالایی را در ژن DQA2 در گوسفند مهربان ایران نشان داد همچنین نتایج ما مشابه با مطالعات دیگر می باشد که از آن مطالعات هم الگوی های متفاوت حاصل از آنالیز SSCP به دست آمده است (۶ و ۵). توالی یابی الگوهای مختلف SSCP می تواند برای تعیین ارتباط آلل های ژن DQA2 با صفات مقاومت به بیماری ها و در نتیجه بقاء و افزایش تولید دام ها بکار رود.

منابع

1. Arrieta-Aguirre, I., K. Garcia-Etxebarria and B. M. Jugo. 2005. Optimization of the MHC ovar-DRB1 gene typing. Brief communication. 67:222-228
2. Dutia, B M., I. McConnell., K. T. Ballingall., P. Keating and J. Hopkins. 1994. Evidence for the expression of two distinct MHC class II DRbeta like molecules in the sheep. Anim. Genet. 25:235-241

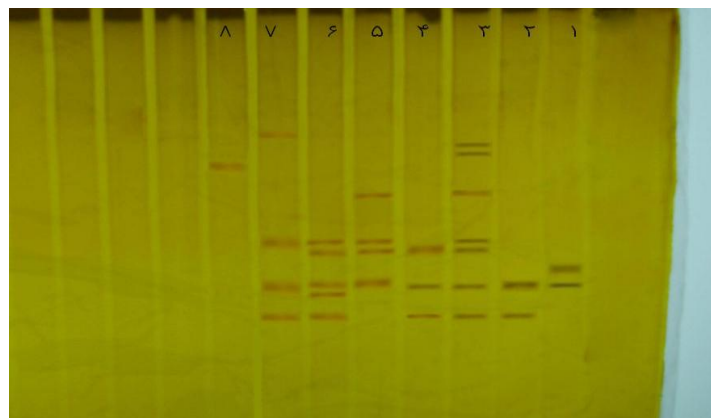
3. Fabb, S A., J F. Maddox., K. J. Gogolin-Ewens., L. Baker, M. J. Wu and M. R. Brandon. 1993 Isolation, characterization and evolution of ovine major histocompatibility complex class II DRA and DQA genes. *Anim. Genet.* 24:249-255.
4. Hickford, J G H., H. J. Ridgway and A. P. Escayg. 2000. Evolution of the ovine MHC DQA region. *Anim. Genet.* 31:200-205.
5. Hickford, J G H., H. Zhou and Q. Fang. 2007 Haplotype analysis of the DQA genes in sheep: Evidence supporting recombination. *Journal animal science.* 85:577-582. Hickford, J G., H. Zhou., S. Slow and Q. Fang. 2004. Diversity of the ovine DQA2 gene. *JOURNAL OF ANIMAL SCIENCE.* 82:1553-1563.
6. Saket K N., Sitangsu M. D., Subodh K., Abhijit M., Arjava Sh., Durgam S., Soumen N., Deepak Sh and Sita R. Sh. 2010. Allelic diversity at MHC class II DQ loci in buffalo (*Bubalus bubalis*): Evidence for duplication. *Veterinary Immunology and Immunopathology.* 138: 206-212.
7. Zhou, H and J. G. Hickford. 2001. Rapid communication: Three new allelic sequences at the ovine MHC class II DQA1 locus. *Journal animal science.* 79:779-780.

جدول ۱- فراوانی و درصد الگوهای مشاهده شده

تعداد	الگوی SSCP	فراوانی الگوهای مشاهده شده	درصد الگوهای مشاهده شده
۱	۱	۲۳	۱۴/۸۵
۲	۲	۱۶	۱۰/۳۱
۳	۳	۹	۵/۸
۴	۴	۴۱	۲۶/۴۶
۵	۵	۲۳	۱۴/۸۵
۶	۶	۱۳	۸/۴
۷	۷	۱۶	۱۰/۳۳
۸	۸	۱۴	۹
کل	۸	۱۵۵	۱۰۰

مشاهده

شکل ۱- الگوهای SSCP شده



Polymorphism Analysis of MHC class II DQA2 exon 2 gene in Iranian Mehraban sheep, using PCR-SSCP.

Zamani P¹, Salehian Dehkordi H*¹, Doosti A², Falaki Moghadam H¹

1-Department of Animal Science, Faculty of Agriculture BuAli Sina University, Hamedan, Iran.

2- Biotechnology Research Center, Islamic Azad University, Shahrekord Branch, Shahrekord, Iran

*corresponding author: Salehian Dehkordi H, E-mail address:hosein_salehi6@yahoo.com

Abstract

The major histocompatibility complex (MHC) has a central role in the immune response of vertebrates. The DQA2 gene, located at MHC class II region, has been found to modulate the response of sheep to diseases. In this Study the Variation of the DQA2 gene was investigated in 155 Iranian Mehraban sheeps. In order to investigate polymorphism in this gene locus, a DNA Fragments containing the ovine DQA2 exon 2 were amplified using PCR Single-strand conformational polymorphism analysis were employed to detect polymorphism. Eight different SSCP patterns were identified in this study. three patterns were the most frequent and accounted for 56.15% of the total patterns. The results showed that the studied part of exon 2 in DQA2 is highly polymorphic Iniranian Mehraban sheeps and PCR-SSCP method could be applied for analysis of this region.

Keywords: DQA2_ mehraban sheep_ PCR-SSCP

ارزیابی اثر بتائین جایگزین شده با درصدی از متیونین بر بیان ژن آنزیم مالیک در مرغان تخمگذار با استفاده از تکنیک Real-time PCR

سوسن رادپور^{۱*}، محمدتقی بیگی نصیری^۲، محمود هاشمی تبار^۳، محمود نظری^۴ و فاطمه ثعلبی^۵

۱- دانشجوی ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان-۲ دانشیار دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان-۳ دانشیار دانشگاه علوم پزشکی جندی شاپوراهواز-۴ مربی دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین-۵ دانش آموخته تغذیه دام

*نویسنده مسئول: سوسن رادپور، s.radpoor90@yahoo.com

چکیده

این تحقیق جهت بررسی نقش بتائین جایگزین شده با درصدی از متیونین جیره بر بیان ژن آنزیم مالیک در مرغان تخمگذار لگهورن واریته w-36 سویه های- لاین انجام شده است. تیمارها شامل دو سطح مختلف جایگزینی بتائین با متیونین (۰ و ۱۳ درصد جایگزینی بتائین آنهیدروس نوع خوراکی با متیونین) بود. در این روش، ژن بتاکتین به عنوان ژن خانگی (منبع) جهت نرمال نمودن داده ها استفاده شده است. بیان ژن آنزیم مالیک و بتاکتین با روش Real-time PCR نسبی تعیین می گردد. پس از دو ماه تغذیه، در انتهای آزمایش چهار مرغ از هر تکرار کشتار شده و کبد آن ها سریعاً جدا گردید و به همراه ازت مایع به آزمایشگاه منتقل و در دمای -۷۰- ذخیره شد. ابتدا کل RNA از بافت کبد با اسفاده از کیت استخراج شد. به طور مختصر، cDNA با PCR تکثیر شده و با استفاده از سایبر گرین و دستگاه real time PCR تعیین کیفیت می گردد. نتایج حاصل نشان داد که افزودن بتائین به جیره سبب کاهش معنی داری ($P < 0.01$) در بیان ژن آنزیم مالیک در بافت کبد می گردد. بنابراین بتائین بیان ژن آنزیم مالیک را در سطح mRNA مهار می کند و می تواند نقش مهمی در کاهش میزان چربی کبد و حفره شکمی ایفا کند. این مطالعه به درک بیشتر در مورد عملکرد آنزیم مالیک و کاربرد بتائین در مرغ تخمگذار کمک می کند.

واژه های کلیدی: بتائین- بیان ژن- ژن آنزیم مالیک- مرغان تخمگذار

مقدمه

بتائین یک تری متیل مشتق شده از گلیسین است که اولین بار در چغندر قند کشف شد. بتائین ماده ای سفید رنگ و گرانوله است و یکی از متابولیت های کولین می باشد که در بسیاری از سلول ها یافت می شود (۸). علاوه بر این، بتائین نقش لیپوتروپیک و محافظت از کبد را نیز برعهده دارد. مواد لیپوتروپیک موادی هستند که از ذخیره چربی در کبد جلوگیری کرده و موجب افزایش سرعت حذف آن از کبد می گردند، همچنین از تجمع چربی در بافتها نیز جلوگیری می کنند (۳). بتائین موجب افزایش ترکیبات متیله شده می گردد و از طریق نقش در سنتز فسفاتیدیل کولین و اکسیداسیون اسید چرب در متابولیسم لیپیدها نقش ایفا می کند (۶). یکی از مهم ترین آنزیم های مسیر سنتز اسیدهای چرب آنزیم مالیک است. آنزیم مالیک یک پروتئین سیتوپلاسمی است که دکربوکسیلاسیون مالات به پیرووات را کاتالیز میکند که در این مرحله NADPH تولید می شود. NADPH یک واسطه برای تشکیل اسیدهای چرب بلند زنجیر است. بیش تر NADPH لازم برای سنتز اسیدهای چرب از فعالیت آنزیم مالیک ایجاد می شود. فعالیت آنزیم مالیک کبدی همبستگی مثبتی با سرعت سنتز اسیدهای چرب دارد (۹). نتایج گزارش شده نشان می دهد که تغذیه، سطح mRNA آنزیم مالیک را از طریق افزایش رونویسی ژن آنزیم مالیک و کاهش در تخریب mRNA آنزیم مالیک

تنظیم می کند (۱). هدف از این تحقیق بررسی اثر بتائین جایگزین شده با درصدی از متیونین جیره بر بیان ژن آنزیم مالیک مرغان تخمگذار میباشد

مواد و روشها

این آزمایش در ایستگاه دامپروری دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان با ۴۸ قطعه مرغ تخمگذار لگهورن واریته w-36 سویه های- لاین (Hy-line) در هفته ۶۵ تولید اجرا گردید. این آزمایش با ۲ تیمار، ۳ تکرار و ۸ قطعه مرغ در هر تکرار به انجام رسید. دو سطح مختلف جایگزینی بتائین با متیونین (۰ و ۱۳ درصد جایگزینی بتائین آنهیدروس نوع خوراکی با متیونین) در نظر گرفته شد. در انتهای آزمایش ۴ پرندۀ از هر تکرار به طور تصادفی کشتار شده و کبد آنها در ازت مایع نگهداری و به سردخانه منتقل گردید و در دمای ۸۰- نگهداری شد. با استفاده از کیت SV Total RNA Isolation system شرکت پرومگا استخراج mRNA انجام گرفته و cDNA نمونه ها، با استفاده از آنزیم رونویس ساز معکوس و پرایمرالیکو (dT)، با استفاده از کیت RevertAid™ First strand cDNA synthesis Kit شرکت فرمنتاز ساخته شد. در نهایت توسط دستگاه step one plus میزان بیان ژن با استفاده از روش Relative Quantitative Real-time PCR اندازه گیری شد. در این آزمایش از ژن بتا اکتین به عنوان ژن House keeping استفاده شد. اطلاعات پرایمرهای استفاده شده برای Real-time PCR توسط نرم افزار 11 vector NTI advance طراحی شده و توسط شرکت تولیدی و تحقیقاتی سیناژن ساخته شده است. خصوصیات این پرایمر در جدول ۱ آورده شده است.

جدول ۱:

نام ژن	توالی پرایمر	اندازه محصول (جفت باز)	دمای اتصال
آنزیم مالیک	Sense: AGTGCCTACCTGTGATGTTG- 3۵- Antisense: GGCTTGACCTCTGATTCTCT- 3۵-	۱۰۱	۵۹
بتا اکتین	Sense: GTGATGGACTCTGGTGATGG- 3۵- Antisense: TGGTGAAGCTGTAGCCTCTC- 3۵-	۱۵۰	۵۹

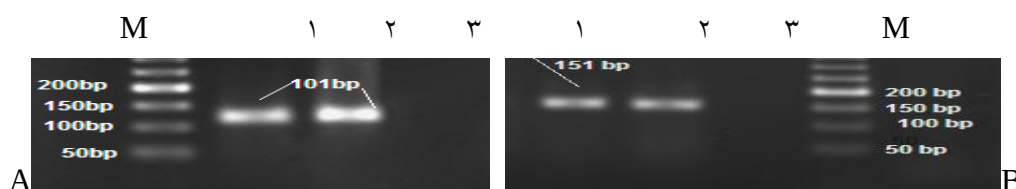
مواد مورد استفاده برای انجام Real time PCR به روش سایبر گرین شامل ۱۰ میکرولیتر power SYBER Green mix (ساخت شرکت ABI)، ۱ میکرولیتر پرایمر رفت، ۱ میکرولیتر پرایمر برگشت، ۷ ماکرولیتر آب عاری از نوکلئاز و ۱ میکرولیتر نمونه cDNA بود که با حجم کل ۲۰ میکرولیتر طبق جدول ۲ در ۴۰ سیکل انجام شد.

جدول ۲- پروتکل دمایی PCR

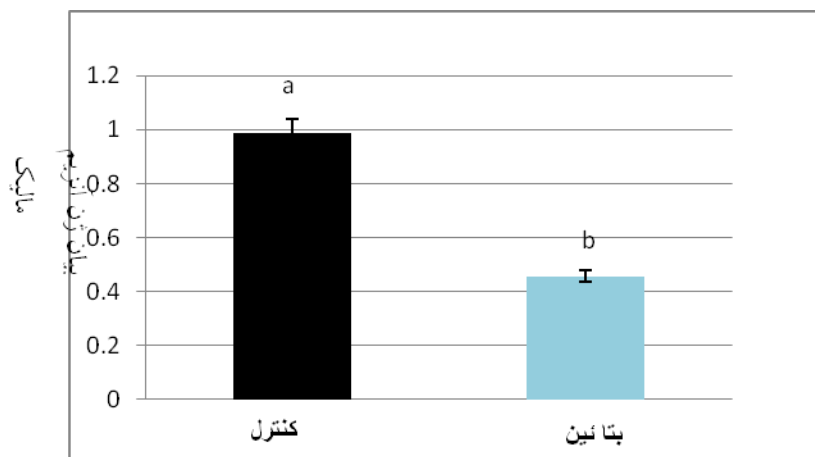
فعال سازی اولیه آنزیم	۹۵ درجه سانتی گراد	۲ دقیقه	1X
دناتوره شدن	۹۵ درجه سانتی گراد	۱۵ ثانیه	X۴۰
اتصال	۵۹ درجه سانتی گراد	۱ دقیقه	
تکثیر	۶۰ درجه سانتی گراد	۳۰ ثانیه	

نتایج و بحث

در این پژوهش در ابتدا به منظور کاهش هزینه ها، کار آبی پرایمر های طراحی شده، غلظت مناسب پرایمر های مورد استفاده در واکنش و نیز دما و زمان اتصال هر پرایمر، واکنش PCR توسط دستگاه ترمال سایکلر انجام گرفت. پس از انجام واکنش زنجیره ای پلی مرز ۸، ماکرو لیتر از محصول، با استفاده از ژل آگارز یک درصد الکتروفورز شد. نتایج حاصل از الکتروفورز در تصویر ۱ نشان داده شده است.



تصویر ۱: الکتروفورز واکنش زنجیره ای پلیمرز ژن آنزیم مالیک (A)، و ژن بتا اکتین (B) بر روی ژل آگارز با ولتاژ ۸۰ ولت به مدت ۵۰ دقیقه. M: مارکر ۵۰ bp، چاهک ۱ کنترل منفی، چاهک ۲ تیمار شاهد، چاهک ۳ تیمار بتائین جایگزین شده با متیونین. روش بررسی تغییرات بیان ژن در این پژوهش روش $\Delta\Delta CT$ یا آستانه ای مقایسه ای و نسبت به بیان ژن بتا اکتین بود. در نهایت مقدار نهایی تغییرات بیان ژن که با Relative Quantification (RQ) نشان داده می شود برای هر نمونه محاسبه گردید و سپس مقادیر نهایی RQ توسط نرم افزار SPSS مورد بررسی قرار گرفت ($RQ = 2^{-\Delta\Delta CT}$). نتایج این بررسی در نمودار زیر نشان داده شده است.



نمودار ۱- تغییرات بیان ژن آنزیم مالیک را در دو گروه مختلف نشان می دهد.

جدول ۳- اثر بتائین بر بیان ژن آنزیم مالیک در مرغان تخمگذار

تیمار	میانگین	SEM
کنترل	۰/۹۸۹۱۲ ^a	۰/۰۳۶
بتائین	۰/۴۵۷۵۳ ^b	۰/۰۳۶

حروف غیر مشترک در جدول دارای اختلاف معنی داری در سطح ($P < 0.01$) می باشد.

همان طور که مشخص است میانگین تغییرات بیان ژن آنزیم مالیک در گروه دریافت کننده بتائین 0.45753 ± 0.03 بوده که این میزان نسبت به کنترل که دارای میانگین تغییرات 0.98912 ± 0.03 است به میزان $2/16$ واحد کاهش یافته است و این کاهش در سطح ۱ درصد معنی دار می باشد. در تحقیقات متعددی مشخص شده است که افزودن بتائین به جیره طیور می تواند باعث بهبود گوشت لخم از طریق افزایش گوشت سینه و کاهش چربی حفره شکمی گردد (۵ و ۵۴). جایگزینی ۲۵ درصد متیونین جیره با بتائین غلظت هورمون رشد و فاکتور رشد انسولین مانند (IGF-1) را در سرم افزایش داده و از این طریق باعث افزایش در میزان پروتئین و گوشت سینه و کاهش میزان چربی کبد و حفره شکمی می گردد (۲). همچنین مشخص شده است که افزودن بتائین به جیره خوک سبب کاهش فعالیت آنزیم مالیک و آنزیم اسید چرب سنتاز گردیده و ۲۵ درصد بیان mRNA آنزیم اسید چرب سنتاز را کاهش داده است (۷).

منابع:

1. Mitchel J. Goldman, Donald W. Back, and Alan G. Goodridge. 1985. Nutritional Regulation of the Synthesis and Degradation of Malic Enzyme Messenger RNA in Duck Liver. *J. of Biological Chemistry*. vol 260. pp. 4404-4408
2. Sun, H., R. Yang, Z. B. Yang, Y. Wang, S. Z. Jiang and G. G. Zhang. 2008. Effects of Betaine Supplementation to Methionine Deficient Diet on Growth Performance and Carcass Characteristics of Broilers. *American Journal of Animal and Veterinary Sciences*. 3 (3): 78-84.
3. Ueland, P. M., Holm, P. and Hustad, S. 2005. Betaine: a key modulator of one-carbon metabolism and homocysteine status. *Clin Chem Lab Med*. 43(10):1069-1075.
4. Wang, Y., Z. Xu and J. Feng. 2004. The effect of betaine and methionine on growth performance and carcass characteristics in meat ducks. *Animal Feed Science Technology*. 116: 151-159.
5. Zhan, X. A., J. X. Li, Z. R. Xu and R. Q. Zhao. 2006. Effects of methionine and betaine supplementation on growth performance, carcass composition and metabolism of lipids in male broilers. *British Poultry Science*. 47(5): 576-580.
6. Carter, A. L., Abney, T. O. and Lapp, D. F. 1995. Biosynthesis and metabolism of carnitine. *Journal of Child Neurol*. 10 (suppl 2), 3-7.
7. Huang, Q. C., Z. R. Xu, X. Y. Han and W. F. Li. 2007. Effect of dietary betaine supplementation on lipogenic enzyme activities and fatty acid synthase mRNA expression in finishing pigs. *Animal Feed Science and Technology*. 140: 365-375
8. Konca, Y., and F. Kirkpınar. 2008. Effect of Betaine on Performance, Carcass, Bone and Blood characteristics of broilers during natural summer temperatures. *Journal of Animal and Veterinary Advances*. 7: 930-937.
9. Kristin A., Adams and Adam J. Davis. 2001. Dietary protein concentration regulates the mRNA expression of chicken hepatic Malic enzyme. *Journal of Nutrition*. 131: 2269-2274.

Evaluation the effect of dietary Betaine substitution to methionine on Malic enzyme gene expression in Laying Hens by real-time PCR technique

S. Radpoor^{1*}, M.T. Nassiri², M. Hashemi tabar³, M. Nazari⁴ and F. Salabi⁵

* Corresponding E-mail address: s.radpoor90@yahoo.com

Abstract

This study carried out to determine the roles different levels of Betaine (Bet) substitution to Methionine (Met) on Malic enzyme gene expression by 65-wk-old Hy-Line Leghorn hens. There were 2 dietary treatments including of two doses of Bet (0 and 13%) substitute to Met. In this procedure, β -actin was used as a house-keeping gene to normalize the gene expression data in the quantitative real time PCR. The Malic enzyme and β -actin genes expression in the liver were determined by relative quantitative real time PCR. After feeding two month, four hens euthanasia by cervical dislocation and the livers were removed, frozen in liquid N₂ and stored at -70 °C. Total RNA was extracted using a kit. In short, transcribed cDNA was amplified by PCR and DNA products quantitated using the power SYBER Green mix and detected by real time PCR Machine. Results of this study indicated that Supplementation of the basal diets with Betaine lead to decrease significantly in Malic enzyme gene expression. Therefore, Betaine can repress Malic enzyme gene expression in mRNA level and has important role in decreasing

abdominal and liver fat. This study has helped us understand more about the function of Malic enzyme and application of Betaine in laying hen

Key words: Betaine- Gene expression- Malic enzyme gene- Laying hens

شناسایی جهش آلی در جایگاه ژن بتا-کازئین در گاوهای بومی گیلان (تالشی)

مجید غلامی^{*}، سیدحسن حافظیان^۱، قدرت الله رحیمی^۱، زهره رحیمی^۲

۱-دانشکده کشاورزی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، ۲-دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه

* نویسنده مسئول: مجید غلامی، m.gholami.g@gmail.com

چکیده

هضم بتاکازئین A1 منجر به تولید بتاکازومورفین^۷ می شود که فعالیت شبه مورفین دارد و به شیطان در شیر معروف است، که منجر به بسیاری از بیماری ها از جمله دیابت نوع ۱، بیماری های قلبی عروقی، سندروم مرگ ناگهانی و جنون می شود. به منظور شناسایی جهش آلی در جایگاه ژن بتا-کازئین با استفاده از آلل اختصاصی در گاوهای جنگلی گیلان (تالشی)، از ۸۱ رأس گاو در نظر گرفته شد. نتایج نشان داد که درصد ژنوتیپ های A1A2، A1A1 و A2A2 در گاوهای تالشی به ترتیب برابر با ۶۱/۳۷ و ۱۸/۵ و ۱۹/۷۵ درصد و فراوانی هر یک از آلل های A1 و A2 به ترتیب برابر با ۴۹/۱۸ و ۵۰/۸۲ درصد می باشد. با توجه به احتمال اثر نامطلوب آلل A1 بر سلامت انسانی، باید با استفاده از برنامه های اصلاحی جهت افزایش فراوانی ژنی و ژنوتیپی مطلوب در این جایگاه ژنی تلاش نموده تا بتوان از پتانسیل ژنتیکی مذکور جهت افزایش خصوصیات کمی و کیفی شیر در گاوهای بومی ایران بهره جست. برتری نسبی آلل A2 نسبت به A1 گاوهای تالشی از نکات جلب توجه در این تحقیق بود. بنابراین این نژاد می تواند یک منبع مناسب در کارهای اصلاحی جهت بهبود کیفیت شیر در گاوهای ایرانی و مخصوصاً گاوهای سیستمی باشد. کلمات کلیدی: بتاکازئین، بتاکازومورفین، مارکر اختصاصی، گاو تالشی

مقدمه

گاو از قدیمی ترین حیواناتی است که بشر به اهلی کردن و سپس اصلاح آن پرداخت. در ایران گاو بومی گیلان به گاو جنگلی موسوم است و با دیگر نژادهای گاو بومی (به غیر از مازندرانی) تفاوت دارد. مثلاً، هم گاو نر و هم گاو ماده شاخ دارند. در جنس نر کوهانی بر جسته روی شانه ها به چشم می خورد و اختلافی فاحش و به لحاظ وزن و قد بین نر و ماده وجود دارد (۱). به طور معمول در برنامه های اصلاح نژادی، عمدتاً از روش های ژنتیک کمی و پارامترهای مربوط به فنوتیپ حیوان و یا خویشاوندان آن استفاده می شود اما چون فنوتیپ نتیجه برآیند عامل ژنتیکی و محیطی است، لذا اگر انتخاب صرفاً بر اساس فنوتیپ صورت گیرد میزان اشتباه آن بالا و سودمندی انتخاب کاهش می یابد. علاوه بر این، برنامه های اصلاح نژادی که در قالب ژنتیک کمی صورت می گیرد زمانبر می باشند. امروزه، به کمک علم ژنتیک مولکولی بسیاری از این مشکلات حل شده است (۲ و ۳).

طبیعتاً با افزایش جمعیت انسان، تقاضای مواد غذایی مختلف نیز افزایش می یابد و در این میان شیر و فرآورده های آن به علت نقش در توازن اسید آمینه ای و دارا بودن مقادیر قابل توجه مواد معدنی، ویتامین، کربوهیدرات و لیپید از موقعیت ویژه ای برخوردار است (۴).

در شیر دو گروه از پروتئین‌های بزرگ شامل کازئین‌ها و پروتئین‌های آب پنیر وجود دارند که کازئین‌ها قسمت عمده آن را تشکیل می‌دهد (۱۳). ژن‌های بخش کازئین شیر به چهار گروه عمده α S1-casein، β -casein، α S2-casein و α S2-casein تقسیم می‌شوند. که در گاو، روی کروموزم شماره ۶ و در گوسفند و بز روی شماره ۴ قرار گرفته‌اند (۱۵). سیزده نوع مختلف از بتا کازئین شامل A1, A2, A3, B, C, D, E, F, H1, H2, I, G A4 در گاوهای بومی کره گزارش شده است (۸). پپتیدهای بیواکتیو از جنس اسیدهای آمینه، در پروتئین‌های شیر شناخته شده‌اند. واکنش‌های مانند آنهایی که به وسیله آنزیم‌های هضم کننده کاتالیز می‌شوند منجر به آزاد شدن پپتیدهای بیواکتیو می‌گردند. این پپتیدها مستقیماً تأثیرات متعدد بیولوژیکی از جمله، پاسخ‌های رفتاری، گوارشی، هورمونی، ایمنی، عصبی، و تغذیه‌ای را سبب می‌شوند (۶). در شرایط آزمایشگاهی پپتید بیواکتیو بتا کازومورفین ۷ (بتا کازومورفین ۷ (Tyro-Pro-Phe-Pro-Gly-Pro-Ile) را برای اولین بار به عنوان ترکیبی که دارای فعالیتی شبیه به مورفین است، شناسایی کردند (۶) از هضم پروتئولیتیک بتا کازئین گاوی نوع A1 تولید می‌شود. اما در نوع A2 این چنین نیست (۱۴).

در آزمایشی اثر بتا کازئین A1 روی دیابت نوع یک و وابستگی آن با دیگر بیماری‌ها مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که یک همبستگی قوی بین مصرف بتا کازئین A1 و وقوع دیابت نوع یک وجود دارد (۲۲=۰/۸۴). گزارش شده است مصرف بالای شیر (از نوع بتا کازئین A1) در کودکان ارتباط بالایی با وقوع دیابت و به دنبال آن بروز بیماری‌های قلبی دارد (۱۱)، همچنین گزارش شده است که بتا کازئین A1 در گاوهای نژاد خالص آسیایی و آفریقایی وجود ندارند (۱۲).

در این پژوهش، ژن بتاکازئین به منظور شناسایی فراوانی آلل‌های A1 و A2 در گاوهای بومی جنگلی گیلان (تالشی) مورد بررسی قرار گرفته است.

مواد و روش‌ها
خون گیری

در این تحقیق، از ۸۱ رأس گاو جنگلی گیلان (تالشی) استفاده شد. به میزان ۵ تا ۷ میلی لیتر خون از سیاهرگ زیر دم گرفته شد. برای جلوگیری از انعقاد خون از ماده ضد انعقاد EDTA^۳ (۰/۵ مولار و PH=۸) به نسبت ۱ به ۱۰ (حجم ماده ضد انعقاد به حجم نمونه خون) استفاده شد. نمونه‌های گرفته شده بلافاصله به آزمایشگاه منتقل و تا زمان استخراج DNA در دمای ۲۰- درجه سانتی گراد نگهداری شدند. استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته^۴ انجام شد.

واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR)^۵

واکنش PCR در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ترکیبات با غلظت‌های، ۲/۵ میکرولیتر بافر، ۱ میکرولیتر کلرید منیزیم (۲/۵ میلی مولار)، ۰/۷۵ میکرولیتر از هر یک از آغازگرها (۱۰ پیکو مول در هر میکرولیتر)، ۰/۲ میکرولیتر از آنزیم تک پلیمرز (۵ واحد در هر میکرولیتر)، ۰/۵ میکرولیتر مخلوط dNTPs (۲۵ میلی مولار در هر میکرولیتر)، ۱/۵ میکرولیتر DNA (با غلظت ۵۰ نانوگرم) و آب استریل دو بار تقطیر تا رسیدن به حجم مورد نظر انجام گرفت (جدول ۱ و ۲).

^۳ . Ethylene Diamine Tetracetic Acid

^۴ . Modified salting – out

^۵ . Polymerase Chain Reaction

جدول ۱- پروتکل حرارتی PCR

زمان	درجه حرارت	مرحله (۳۵ چرخه)
۲ دقیقه	۹۵ درجه سانتی گراد	واسرشت سازی اولیه
۱ دقیقه	۹۴ درجه سانتی گراد	واسرشت سازی
۱ دقیقه	۵۸ درجه سانتی گراد	اتصال آغازگرها
۱ دقیقه	۷۲ درجه سانتی گراد	تکثیر
۵ دقیقه	۷۲ درجه سانتی گراد	تکثیر نهایی

جدول ۲- مواد مورد استفاده در واکنش PCR

ماده مصرفی	DNA	آب استریل	بافر	Mgcl2	dNTP	Primer F	Primer R	Taq
میزان مصرف به میکرولیتر	۱/۵	۱۸/۰۵	۲/۵	۱	۰/۵	۰/۷۵	۰/۷۵	۰/۲

جهت تعیین چند شکلی ژن مورد نظر در این تحقیق از تکنیک AS-PCR استفاده شد (جدول ۳).

جدول ۳- پرایمر های اختصاصی مورد استفاده

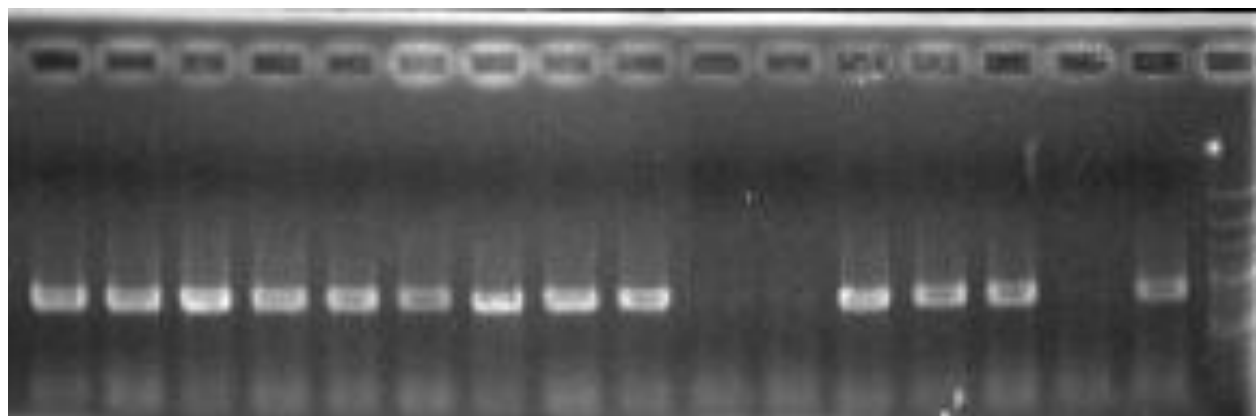
منبع	توالی پرایمر	پرایمر
۱۰	F:5'-GCCCAGATGAGAGAAGTGAGG-3' R:5'-GATGTTTTGTGGGAGGCTGTTAT-3' R:5'-GATGTTTTGTGGGAGGCTGTTAG-3'	Primer F Primer R1(A1) Primer R2(A2)

در این روش پس از تکثیر قطعه مورد نظر به منظور شناسایی آلل ها و تعیین ژنوتیپ هر یک از افراد، محصولات PCR (آلل A1 و A2) برای ژن مورد نظر دارای طول ۸۵۴ باز بوده است روی ژل آگارز الکتروفورز شدند. به منظور شناسایی باندها از رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید استفاده شد. برآورد فراوانی ژنی و ژنوتیپی با شمارش مستقیم باندها از روی ژل انجام گرفت.

نتایج و بحث

در این تحقیق، از ۸۱ رأس گاو بومی گاوهای بومی جنگلی گیلان (تالشی) استفاده شد. نتایج مربوط به تعیین ژنوتیپ گاوهای مورد مطالعه در جدول ۳ نشان می دهد که درصد ژنوتیپ های A1A1، A1A2 و A2A2 به ترتیب برابر با ۶۱/۳۷، ۱۸/۵ و ۱۹/۷۵ درصد بوده است (شکل شماره ۲). در نتیجه در گاوهای بومی جنگلی گیلان (تالشی) اگر چه هر سه نوع ژنوتیپ یافت شد اما فراوانی ژنوتیپ ها در بین گاوهای مذکور متفاوت بود و فراوانی ژنوتیپ هتروزیگوت از ۲ ژنوتیپ دیگر بیشتر بود.

A2 A1 A2 A1 A2 A1 A2 A1 A2 A1 A2 A1 A2 A1 A2 A1



A1A2 A1A2 A1A2 A1A2 A2A2 A1A1 A1A2

شکل شماره ۲- نمونه ای از ژنوتیپ‌های گاوهای بومی جنگلی گیلان (تالشی) (M= سایز مارکر)

جدول ۳- فراوانی آللی و ژنوتیپی در جایگاه ژن بتا- کازئین در گاوهای بومی جنگلی گیلان (تالشی)

فراوانی زنی		فراوانی ژنوتیپی			
A2	A1	A2A2	A1A2	A1A1	نژاد
۵۰/۸۲	۴۹/۱۸	۱۹/۷۵	۶۱/۳۷	۱۸/۵	تالشی

در تحقیقی که توسط غلامی و همکاران به منظور شناسایی جهش آللی در جایگاه بتا- کازئین با استفاده از آلل اختصاصی در گاوهای بومی سیستانی انجام گرفت نشان داده شد که در جمعیت گاوهای سیستانی وفور هر یک از آلل‌های A2 و A1 به ترتیب برابر با ۵۴/۵ و ۴۵/۵ درصد و فراوانی هر یک ژنوتیپ‌های A1A1، A1A2 و A2A2 به ترتیب برابر با ۱۶/۹، ۷۴/۵ و ۸/۶ درصد بوده است که نشان دهنده برتری آلل نامطلوب A1 در گاوهای سیستانی بود (۵).

در تحقیق حاضر با توجه به نتایج جدول ۳ می‌توان به بالا بودن نسبی فراوانی آلل مطلوب A2 در گاوهای جنگلی گیلان (تالشی) پی برد. که این موضوع نشان‌دهنده مطلوب بودن شیر گاوهای تالشی در مقایسه با گاوهای سیستانی است. با توجه به احتمال اثر نامطلوب آلل A1 بر سلامت انسانی، باید با استفاده از برنامه‌های مطالعاتی جهت افزایش فراوانی آللی و ژنوتیپی مطلوب در این جایگاه ژنی اقدام تا بتوان از پتانسیل ژنتیکی مذکور جهت افزایش خصوصیات کمی و کیفی شیر در جمعیت گاوهای شیری ایران بهره جست.

آزمون مربع کا

این آزمون با استفاده از نرم افزار SAS نیز برای نمونه‌های مورد بررسی انجام گرفت (جدول ۳). با توجه به جدول $X^2(3)$ به دست آمده با توجه به درجه آزادی ۱ و اعداد جدول در سطح احتمال ۰/۰۵ که برابر ۰/۰۳۹۳ می باشد نشان می دهد که جمعیت مورد مطالعه در تعادل هاردی - واینبرگ نمی باشد.

دلیل عدم تعادل برای این جایگاه می تواند اندازه کوچک جمعیت باشد و در آن همواره انتخاب صورت می گیرد که هر دو از عوامل بر هم زننده تعادل می باشد.

جدول ۳ - نتیجه آزمون مربع کای ژن بتاکازئین

	ژنوتیپ	مشاهده شده O	E مورد انتظار	$X^2 = \sum (E - O)^2 / E$
تالشی	A ₁ A ₁	۱۸/۵	۲۴/۴۰	۵/۶۱
	A ₁ A ₂	۶۱/۷۳	۴۹/۹۰	
	A ₂ A ₂	۱۹/۷۵	۲۵/۷۰	

منابع

۱. شماع م. ۱۳۷۲. پرورش گاو گوشتی. انتشارات مرکز نشر دانشگاهی.
۲. شهریار ذ. ۱۳۸۳. نشانگرهای مولکولی درمهندسی ژنتیک و اصلاح نباتات. دانشکده کشاورزی. دانشگاه شیراز.
۳. قره یاضی ب. ۱۳۷۵. کاربرد نشانگرهای DNA در اصلاح نباتات. چهارمین کنگره علوم زراعت و اصلاح نباتات. ۴-۷ شهریور. دانشگاه صنعتی اصفهان.
۴. کاظمی ح. ۱۳۷۷. اصول ژنتیک. چاپ دوم. دانشکده کشاورزی تبریز.
۵. غلامی م. حافظیان ح، رحیمی ق، رحیمی ز شناسایی جهش آللی در جایگاه ژن بتا-کازئین در گاوهای بومی گیلان (تالشی). پایان نامه کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام. دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه ساری.

- 6 Brantl, V., Teschemacher, H., Henschen, A., Lottspeich, F. 1979. Novel opioid peptides derived from casein (β -casomorphins). I. Isolation from bovine casein peptone. Hoppe Seylers Z Physiol Chem. 360: 1211-1216.
- 7 Clare ,D.A ., Swaisgood, H.E. 2000. Bioactive milk peptides. J Dairy Sci, 83:1187-1195.
- 8 Farrell ,H.,M.Jr., Jimenez-Flores. R., Bleck, GT., Brown, EM., Butler, JE., Creamer, LK. 2004. Nomenclature of the proteins of cows' milk: sixth revision. J Dairy Sci, 87: 1641-1674.
- 9 Kamiński1, S., Ruśc, AA., Cieślińska, A. 2006. note on frequency of A1 and A2 variants of bovine beta-casein locus in Polish Holstein bulls. Journal of Animal and Feed Science, 15: 195-198.
- 10 Keating1, AF., Smith, TJ., Ross, RPMT., Cairns, A. 2008. Note on the evaluation of a beta-casein variant in bovine breeds by allele-specific PCR and relevance to casomorphin. Irish Journal of Agricultural and Food Research, 47: 99-104.

- 11 Keith ,Woodford. 2008. Beta-casein, Type 1 Diabetes and Links to other Modern Illnesses. Woodford paper to IDF Congress. April 2008.
- 12 Kwai-Hang, Ng and Grosclaude , KF. 2002. Genetic polymorphism of milk proteins.
- 13 Niki ,R., Kim, GY., Kimura, T., Takahashi, K., Koyama, K., Nishinari ,K. 1994. Physical.
- 14 Stanis ,aw., Kamiński1, Ann., Cieolińska1, El., bieta, Kostyra. 2007. Polymorphism of bovine beta-casein and its potential effect on human health. J Appl Genet, 48: 189-198.
- 15 .Szymanowska, M., Malewske ,T .,Zwierzchowski L. 2003. Transcription factor binding to variable nucleotide sequences in 5 flanking regions of bovine casein genes. International Dairy journal.

The Identification of allelic mutations of β -Casein in Taleshi Bovines by Using Allele Specific PCR
Majid Gholami^{1*}, Seyed Hasan Hafeziyan¹, Ghodratoollah Rahimi¹, Zohre Rahimi²

1- Department Of Agriculture Science, Sari University, 2- Kermanshah University of Medical Science

* Corresponding E-mail address: m.gholami.g@gmail.com

Abstract:

The digestion of A1 casein leads to the production of β -casomorphin 7 which it has action like morphine. β -casomorphin 7 cause to many diseases, including type 1 diabetes, cardiovascular disease syndrome, sudden death and madness . In order to detect the mutant alleles in the beta - casein in 81 bovine Gilan (taleshi), allele-specific PCR were used. Results showed that the percentage of genotypes A1A2, A1A1 and A2A2 in taleshi's bovines are 61/37, 18/5 and 19/75 percent respectively. Abundance of each allele A1 and A2 were 49/18 and 50/82 respectively. Regarding the adverse effects of allele of A1 on human health, programs for increasing abundance of favorable allele and genotype in native cows of Iran is suggested. The relative superiority of A1 to A2 allele in taleshi's bovines was interesting in this study. So this race could be a good source of corrective actions to improve the quality of milk in other races, especially Sistani in Iran.

Key words: β -Casein; β -Casomorphin; Allele Specific; Taleshi Bovines

آنالیز ژنتیکی رکوردهای روز آزمون نمره سلول‌های بدنی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل روز آزمون تابعیت تصادفی

محمد آذرnoosh^{۱*}، احمد آیت الهی^۲

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه شهید باهنر کرمان ۲- عضو هیأت علمی دانشگاه شهید باهنر کرمان

*Mohammadazarnoosh76@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق به منظور برآورد مولفه‌های واریانس از تعداد ۳۷۳۶۳۷ رکورد روز آزمون شمار سلول‌های بدنی (SCC) متعلق به ۳۸۹ گله و ۹۶۱۴۶ راس گاو هلشتاین در نوبت شیردهی اول آنها استفاده گردید. آنالیز داده‌ها توسط مدل روز آزمون تابعیت تصادفی و با استفاده نرم افزار ASREML31 انجام گرفت که در آن سن، روزهای شیردهی (DIM) و اثر گله×سال تولد به عنوان اثرات ثابت، هم چنین در قسمت اثرات تصادفی اثر گله-روزآزمون (HTD) و تابع درجه دوم چند جمله‌ای‌های متعامد لژاندر برای دو اثر ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی گاوها برازش داده شدند. روند تغییرات وراثت پذیری، واریانس ژنتیکی و محیط دائمی با یک الگوی موجی و افزایشی از ابتدا به انتهای دوره شیردهی بترتیب (۰/۰۳۲-۰/۰۲۲)، (۰/۰۰۶-۰/۰۰۴) و (۰/۰۸۹-۰/۰۳۴) مشاهده گردید اما واریانس باقی مانده دارای الگوی معکوس و کاهشی نسبت به ابتدای دوره شیردهی (۰/۰۹۸-۰/۱۳۷) بود. کمترین میزان همبستگی ژنتیکی بین روزهای شیردهی مربوط به رکوردهای روزآزمون با فاصله زیاد از هم و بیشینه مقدار آن مربوط به رکوردهای مجاور هم بود.

کلمات کلیدی: گاوهای هلشتاین- نمره سلول‌های بدنی- مدل تابعیت تصادفی

مقدمه

سلول‌های بدنی از گلبول‌های سفید خون و سلول‌های اپی‌تلیال تشکیل شده‌اند. تعداد سلول‌های بدنی بیانگر سلول‌های موجود در شیر است. از آنجائیکه همبستگی بالایی بین شمار سلول‌های بدنی^۱ و سرعت ابتلا به عفونت غده‌های پستانی وجود دارد و انتخاب مستقیم برای کاهش ورم پستان اغلب به دلیل فقدان اطلاعات ثبت شده و همچنین وراثت‌پذیری پائین آن دشوار است استفاده از SCC به عنوان یک ابزار انتخاب غیرمستقیم برای کاهش ورم پستان در بسیاری از مطالعات پیشنهاد شده است (۶،۳،۵). امروزه در کشورهای پیشرفته با اتخاذ سیستم‌های مدیریتی کارآمد و همچنین با بکارگیری تکنولوژی‌های پیشرفته جهت تولید شیر بیشتر و با کیفیت بالاتر توانسته‌اند از هدر روی ثروت در این زمینه جلوگیری نمایند (۱).

مواد و روش‌ها

در این تحقیق به منظور برآورد همبستگی محیطی دائمی و تکرارپذیری از تعداد ۳۷۳۶۳۷ رکورد روز آزمون شمار سلول‌های بدنی (SCC) متعلق به ۳۸۹ گله و ۹۶۱۴۶ راس گاو هلشتاین در نوبت شیردهی اول آنها استفاده گردید که بین سالهای ۸۵-۹۰ در مرکز اصلاح نژاد کشور جمع آوری شده بودند. از آنجائیکه توزیع واقعی SCC بشدت نامتقارن و اریب به راست می‌باشد

¹ - Somatic cell count

جهت آنالیز، داده‌ها بطور معمول به نمره سلول‌های بدنی^۲ (SCS) تبدیل می‌شوند جهت این تبدیل از تابع علی شوک که در زیر آمده است استفاده گردید (۶) (فرمول شماره یک).

فرمول شماره ۱: تابع علی و شوک

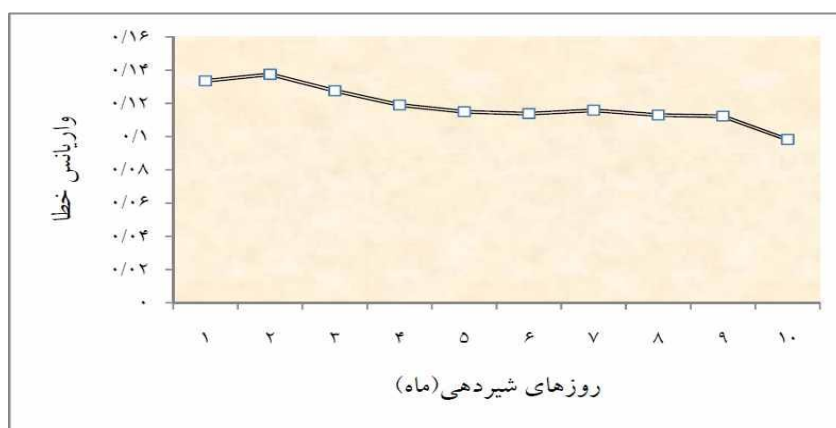
$$SCS = \log_2 \left(\frac{SCC}{100} \right) + 3$$

آنالیز داده‌ها توسط نرم افزار ASREML31 و با استفاده از یک مدل تابعیت تصادفی انجام گرفت که در آن سن، روزهای شیردهی (DIM) و اثر گله×سال تولد به عنوان اثرات ثابت، همچنین در قسمت اثرات تصادفی اثر گله-روزآزمون (HTD) و تابع درجه دوم چند جمله‌ای‌های متعامد لژاندر برای دو اثر ژنتیکی افزایشی حیوان/پدر و محیطی دائمی برازش داده شدند. معیار انتخاب بهترین درجه برازش برای اثرات تصادفی^۳ BIC قرار داشت (فرمول شماره ۲).

فرمول شماره ۲: مدل تابعیت تصادفی

$$Y_{ijklm} = HY_j + \sum_{n=1}^1 A_n X_{ln} + \sum_{n=1}^3 D_n Z_{ln} + HTD_i + \sum_{n=0}^2 G_{kn} Z_{ln} + \sum_{n=0}^2 P_{kn} Z_{ln} + e_{ijkl} \quad Y_{ijklm}$$

رکورد روزآزمون گاوکام در روز lام در زیر گروه گله-روز آزمون iام و jامین زیرگروه گله-سال تولد. HYj: اثر ثابت j امین زیرگروه گله - سال تولد. Xln: امین درجه چندجمله‌ای لژاندر اثر ثابت سن روی l امین روزآزمون. An: ضریب رگرسیون ثابت مربوط به سن زایش. Zln: nامین درجه چندجمله‌ای لژاندر اثر DIM روی l امین روز آزمون. Dn: ضریب رگرسیون ثابت مربوط به DIM. HTDi: اثر تصادفی i امین گله-روز آزمون. Gkn: ضریب تابعیت تصادفی اثر ژنتیکی افزایشی حیوان kام. Pkn: ضریب تابعیت تصادفی اثر محیط دائمی حیوان kام. eijkl: اثر تصادفی باقیمانده

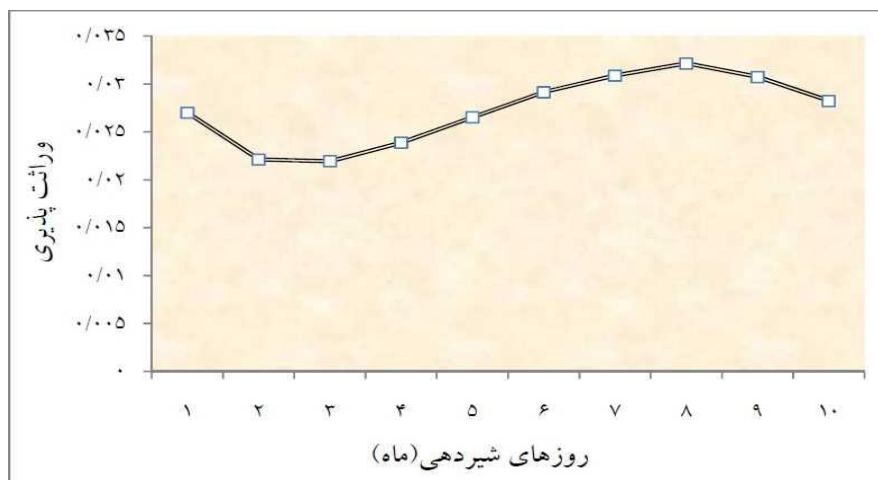


نمودار ۱: روند تغییرات واریانس خطا برای شمار سلول‌های بدنی بر اساس روزهای شیردهی.

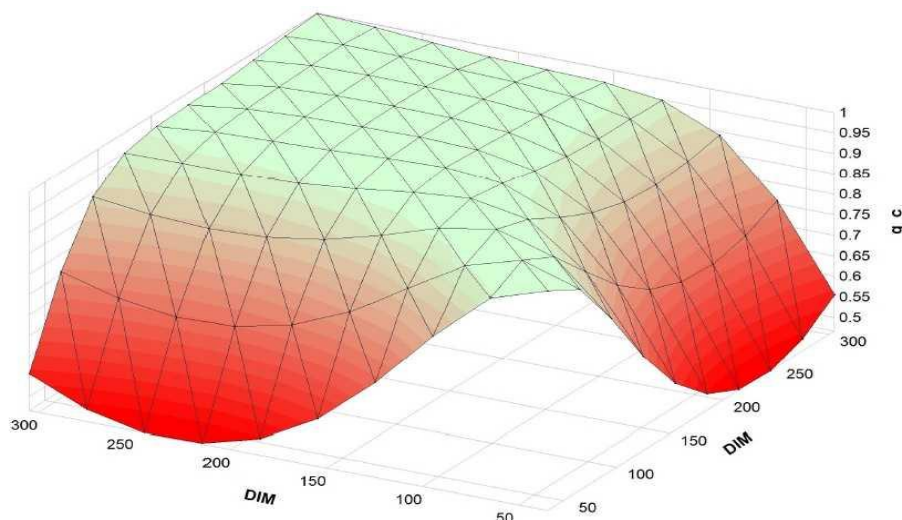
نتایج و بحث

^۲ - Somatic cell score
Bayesian Information Criterion 3-

مقایسه مدل‌ها نشان داد که دستور درجه دوم چند جمله‌ای‌های لژاندر جهت مدل‌سازی واریانس ژنتیکی و محیط دائمی برای رکوردهای روزآزمون شمار سلول‌های بدنی مناسب می‌باشد مطالعات زیادی در تصدیق این موضوع وجود دارد (۷، ۴، ۲). روند تغییرات وراثت پذیری، واریانس ژنتیکی و محیط دائمی با یک الگوی موجی و افزایشی از ابتدا به انتهای دوره شیردهی بترتیب (۰/۰۳۲-۰/۰۲۲)، (۰/۰۰۶-۰/۰۰۴) و (۰/۰۸۹-۰/۰۳۴) مشاهده گردید (نمودار ۲) اما واریانس باقی‌مانده دارای الگوی معکوس و کاهشی نسبت به ابتدای دوره شیردهی (۰/۰۹۸-۰/۱۳۷) بود (نمودار ۱). استفاده از انتخاب در جهت SCS کمتر به عنوان اولین ابزار جهت ایجاد تغییرات دائمی در گله برای مقاومت به بیماری ورم پستان محسوب می‌شود البته از آنجاییکه وراثت‌پذیری این صفت پایین می‌باشد مدیریت ابزار مناسب تری نشان می‌دهد ولی اقتصادی بودن صفت ورم پستان اهمیت و تاثیر انتخاب برای SCS کمتر را آشکار می‌کند در تعریف وراثت‌پذیری آمده است که میزان شباهت بین خویشاوندان را اندازه‌گیری می‌کند عموماً زمانیکه خویشاوندان عملکرد مشابهی را برای صفتی از خود نشان می‌دهند وراثت‌پذیری آن صفت بالا می‌رود و زمانیکه عملکرد افراد انتخابی تشابه کمتری با عملکرد خویشاوندان داشته باشد وراثت‌پذیری صفت پایین می‌آید. وراثت‌پذیری در آغاز دوره شیردهی تا حدودی به دلیل تنوع بیشتر در عوامل محیطی موقتی در طول دوره قبل از شیردهی می‌باشد اما دلیل مهمتر آن به خاطر واریانس ژنتیکی پائین‌تر در ابتدای این دوره است (۴ و ۵). با توجه به متفاوت بودن وراثت‌پذیری نمره سلول‌های بدنی در ماه‌های مختلف شیردهی نمی‌توان آن را به عنوان یک صفت واحد در نظر گرفت افزون بر این، همبستگی ژنتیکی بین ماه‌های مختلف شیردهی کمتر از یک بود که نشان می‌دهد تظاهر نمره سلول‌های بدنی در ماه‌های شیردهی تحت تاثیر ژن-های متفاوتی نیز می‌باشد. بیشترین میزان همبستگی ژنتیکی در نیمه دوم شیردهی بدست آمد (نمودار ۳). همبستگی‌های ابتدا و پایان دوره شیردهی بخصوص در اوایل دوره شیردهی دارای کمترین مقدار بودند که نشان می‌دهد اعمال مدیریتی بر اوایل دوره شیردهی رابطه مستقیمی با SCS در اواخر دوره شیردهی ندارد و وقتی که فاصله بین ماه‌های شیردهی افزایش می‌یابد کوواریانس ژنتیکی بین آنها نیز کاهش یافته و بالطبع همبستگی ژنتیکی کاهش می‌یابد (۳).



نمودار ۲: روند تغییرات وراثت پذیری برای شمار سلول‌های بدنی بر اساس روزهای شیردهی.



نمودار ۳: روند تغییرات همبستگی ژنتیکی برای شمار سلول‌های بدنی بر اساس روزهای شیردهی.

منابع

- 1- ALLORE .H. G, OLTENACU. P. A and ERB. H. N . (1997) .Effects of Season, Herd Size, and Geographic Region on the Composition and Quality of Milk in the Northeast J. Dairy Sci, 3040-3049
- 2- Caccamo.M,Veerkamp.R.F,de Jong.G, Pool.M.H, Petriglieri.R, and Licitra.G. (2008). Variance Components for Test-Day Milk, Fat, and Protein Yield,and Somatic Cell Score for Analyzing Management Information. J. Dairy Sci. , 91:3268–3276
- 3- Elsaid.R, Sabry.A , Lund.M.S , Madsen.P .(2011) .Genetic analysis of somatic cell score in Danish dairy cattle using random regression test-day model .Livestock Science, 102.95140.
- 4- Haile-Mariam.M , Goddard.M.E , and Bowman.P.J .(2001) .Estimates of Genetic Parameters for Daily Somatic Cell Count of Australian Dairy Cattle J. Dairy Sci, 84: 1255-1264.
- 5- Olde Riekerink. R. G. M , Barkema . H. W, Veenstra . W , Berg . F. E, Stryhn . H, and Zadoks. R. N . (2007) .Somatic Cell Count During and Between Milkings J. Dairy Sci , 3733-3741
- 6-Tal-Stein.R , Fontanesi.L , Dolezal.M , Scotti.E , Bagnato.A , Russo.V , Canavesi.F and Friedman.A .(2010) .A genome scan for quantitative trait loci affecting milk somatic cell score in

Israeli and Italian Holstein cows by means of selective DNA pooling with single- and multiple-marker mapping J. Dairy Sci-4927-4913:93

7- Negussie.E , Strandén.I, and Mantysaari.E.A .(2008) .Genetic Association of Clinical Mastitis with Test-Day Somatic Cell Score and Milk Yield During First Lactation of Finnish Ayrshire Cows J. Dairy Sci, 91:1189-1197

Genetic analysis of somatic cell score in Iranian Holstein dairy cattle using random regression test-day model

Mohammad Azarnoosh^{1*}, Ahmad Ayatollahi Mehrgardi²

1,2 Shahid Bahonar University of Kerman

*Mohammadazarnoosh76@yahoo.com

Abstract

A total of 373637 somatic cell count records belonging to 96146 first lactation Holsteins in 389 herds were utilised to estimate permanent environment correlations and repeatability. An animal random regression test day model was employed in the analyses using ASREML. fixed effects in the models were herd×birth year, age and days in milk(DIM), also herd-test date(HTD), additive genetic and permanent environment random effects were included. Orthogonal Legendre polynomials of order two was utilised in the model to take account of the shape of somatic cell score(SCS). The heritability differed, genetic and permanent environmental variance over the lactation and were lowest at the beginning and higher at the end of lactation (0.022-0.032), (0.004-0.006) and (0.034-0.89) respectively. The residual variance decreased with days in milk consistently (0.138-0.098). Genetic correlations were highest between adjacent DIM but decreased as DIM got further apart.

Keywords: Holstein cow- somatic cell score- test day model

ارتباط چندشکلی ژن STAT5A با ترکیبات شیر در گاو شیری هلستاین

فرزاد عطریان افیانی^{*}، سعید انصاری مهباری^۲، سعید خلج زاده^۳

۱- دانشکده کشاورزی، دانشگاه ساوه ۲- دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان ۳- دانشکده کشاورزی، دانشگاه

ساوه

* فرزاد عطریان افیانی، farzad.atrian@yahoo.com

چکیده

ژن STAT5A یک واسطه گر کلیدی درون سلولی می باشد که عمل رونویسی از پروتئین های شیر را در پاسخ به پرولاکتین فعال می کند. در این تحقیق ارتباط چندشکلی ژن STAT5A با صفات عملکردی تولید و ترکیبات شیر مورد بررسی قرار گرفت. تعداد ۳۴۰ حیوان از چهار گله مختلف دارای اطلاعات مورد نظر بطور تصادفی انتخاب و سپس DNA ژنومیکی از نمونه های خون به روش نمکی میلر استخراج شد. برای این چندشکلی سه ژنوتیپ شامل GG، GC و CC با فراوانی های ۰/۳۱، ۰/۴۵۵ و ۰/۲۳۵ مشاهده شد. تجزیه آماری اطلاعات نشان داد ژنوتیپ روی درصد چربی شیر اثر معنی داری داشته ($P<0.05$) به طوری که ژنوتیپ CC بیشترین مقدار و برابر ۳/۲۸ و در مقابل حیوانات دارای ژنوتیپ GC و GG دارای درصد چربی ۳/۱۱۷ و ۲/۹۷۰ بودند. همچنین ژنوتیپ بر درصد پروتئین اثر معنی داری نشان داد ($P<0.05$) به صورتی که ژنوتیپ CC بیشترین مقدار و برابر ۳/۰۵ و GC و GG کمترین مقدار و به ترتیب ۲/۹۵۲ و ۲/۹۰۲ درصد پروتئین را داشتند. نتایج آزمایش مؤید امکان استفاده از این جایگاه ژنی در بهبود صفات کیفی شیر در گاو شیری هلستاین می باشد.

واژه های کلیدی: STAT5A- شیر- ترکیبات- چندشکلی

مقدمه

با افزایش روز افزون جمعیت و با توجه به کمبود جهانی غذا و نیاز به تولیدات دامی به خصوص در کشور ما سبب شده تا محققین این صنعت به دنبال راهکارهایی برای افزایش بازدهی این محصولات گردند. یکی از مهم ترین راهکارهایی که باعث افزایش بازدهی تولیدات دامی می شود استفاده از برنامه های اصلاح نژاد برای افزایش پتانسیل ژنتیکی می باشد. همچنین در دهه های گذشته استفاده از اطلاعات ژنومیک به عنوان یک ابزار اضافه در برنامه های اصلاح نژاد استفاده شد (۸ و ۷). یکی از راه کارهایی که برای افزایش پتانسیل ژنتیکی بکار گرفته می شود بررسی اثر چند شکلی ژن های کاندید و تعیین ژنوتیپ در جمعیت می باشد. چند- شکلی یک ژن نشان دهنده آلل های مختلف بوده که هر یک عملکرد متفاوتی را به دنبال دارد. ژن های STAT¹ یک خانواده دارای ۷ عضو شامل: STAT1، STAT2، STAT3، STAT4، STAT5A، STAT5B و STAT6 می باشند (۴)، که در محدوده ی ۷۵۰ تا ۸۵۰ جفت باز قرار دارند (۲). STAT ها یک خانواده ی پروتئینی هستند که واسطه گری تعداد زیادی از هورمون ها و سیتو کینین ها را تسهیل می کنند (۹). ژن STAT5 یک واسطه گر کلیدی درون سلولی می باشد که عمل رونویسی از پروتئین های شیر را در پاسخ به پرولاکتین فعال می کند. ژن های STAT5 شامل ۲ ژن STAT5A و STAT5B می باشد (۴ و ۹). پروتئین STAT5A به عنوان فاکتور غده شیری شناخته می شود و واسطه ی اصلی فعالیت رشد بر روی ژن های هدف است (۳ و ۱). چندشکلی ژن STAT5A با صفات تولیدی گاو در ارتباط هستند به ویژه SNP12195 در اگزون ۸ که بر میزان تولید و ترکیبات شیر تاثیر گذار است (۵). بر این اساس این آزمایش با هدف ارتباط جایگاه مذکور بر صفات کیفی شیر به اجرا درآمد.

1-signal transducer and
activator of transcription

مواد و روش ها

تعداد ۳۴۰ راس گاو نژاد هلشتاین در گاوداری های صنعتی استان اصفهان به طور تصادفی انتخاب و خونگیری از سیاهرگ جاگولار انجام گرفت که جهت استخراج DNA مقدار ۵ تا ۱۰ میلی لیتر خون کافی می باشد. برای جلوگیری از انعقاد خون از محلول EDTA به نسبت ۱۰٪ استفاده شد و نمونه ها بلافاصله با حفظ شرایط زنجیره ی سرد به آزمایشگاه منتقل و تا زمان استخراج DNA در دمای ۲۰- درجه سانتی گراد نگهداری شد و جهت استخراج DNA از پروتکل استخراج DNA به روش نمکی میلر استفاده شد و سپس برای تعیین کیفیت، نمونه ها بر روی ژل آگارز ۰/۷٪ و با رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید عکس برداری شد. جهت تکثیر قطعه ی ۸۲۰ جفت بازی ژن STAT5A از آغازگرهای طراحی شده ی رفت و برگشت توسط خطیب و همکاران استفاده گردید که به صورت زیر بوده اند (۵).

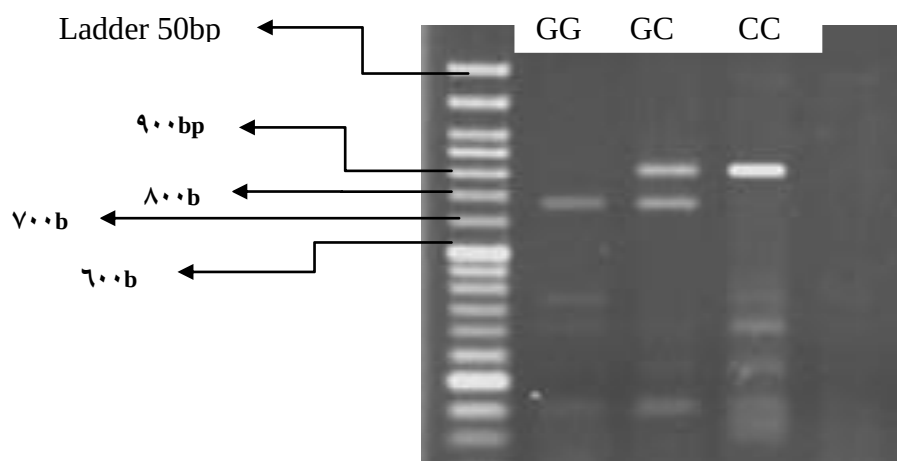
F: 5'-GAGAAGTTGGCGGAGATTATC-3'

R: 5'-CCGTGTGTCCTCATCACCTG-3'

پرایمر رفت: PCR دو میکرولیتر از نمونه DNA ژنومیک با کیفیت مناسب به عنوان الگو در ۲۰ میکرولیتر از محلول پرایمر برگشت: لیتر از هر آغازگر، ۰/۴ میکرولیتر آنزیم تک پلیمرز، ۰/۷ میکرولیتر $MgCl_2$ ، ۰/۵ میکرولیتر dNTPs، ۲، سی-ریر بر- و تا حجم ۲۰ میکرولیتر آب استریل اضافه شد. شرایط واکنش PCR در دمای ۹۴° به مدت سه دقیقه، ۳۵، دور در دمای ۹۴° به مدت ۳۰ ثانیه، ۵۳° به مدت ۳۰ ثانیه، ۷۲° به مدت ۳۰ ثانیه و ۷۲° به مدت ۱۰ دقیقه استفاده شد. برای تعیین چندشکلی ژن های مورد نظر در این آزمایش از روش PCR-RFLP و برای جداسازی آلل های مختلف ژن، از آنزیم BstEII استفاده شد. این آنزیم در آلل وحشی دارای جایگاه برش نمی باشد ولی در آلل جهش یافته قادر به شناسایی و برش می باشد که در صورت برش در یک جایگاه ژنوتیپ GC و برش در هر دو جایگاه ژنوتیپ GG شناسایی می شود. آلل C و G به ترتیب با قطعات ۸۲۰ و ۶۷۶ جفت بازی قابل شناسایی می باشند. اثر ژنوتیپ هادر ارتباط با ترکیبات شیر با استفاده از نرم افزار SAS, V 9.1 مورد تجزیه آماری قرار گرفت.

نتایج

نتایج حاصل از هضم محصولات PCR سه ژنوتیپ GG، GC و CC را در جمعیت مورد مطالعه نشان داد (شکل ۱). فراوانی ژنوتیپی CC، GC و GG به ترتیب ۰/۳۱، ۰/۴۵۵ و ۰/۲۳۵ برآورد گردید. تجزیه های آماری نشان داد میزان چربی و پروتئین شیر در ژنوتیپ CC به ترتیب از ژنوتیپ های GC و GG بالاتر و هر دو صفت در سطح ($P < 0.05$) معنی دار می باشد (جدول ۱). میزان ترکیبات شیر در ژنوتیپ GC حد متوسط ژنوتیپ GG و GC است و رابطه ی غالبیت بین آلل ها به نظر نمی رسد.



شکل ۱: هضم آنزیمی
محصولات PCR

ژنوتیپ	درصد چربی LSMean $\pm$ SE	درصد پروتئین LSMean $\pm$ SE
CC	$^{a3}/288 \pm 0/0918$	$^{a3}/053 \pm 0/035$
GC	$^{ab3}/177 \pm 0/068$	$^{ab2}/952 \pm 0/026$
GG	$^{b2}/970 \pm 0/091$	$^{b2}/902 \pm 0/035$

جدول ۱: برآورد میانگین حداقل مربعات و آزمون مقایسات میانگین برای صفت تولید چربی و پروتئین

خطیب و همکاران طی گزارشی بیان کردند که وجود آلل G در SNP12195 در ارتباط است با کاهش میزان چربی و پروتئین شیر و افزایش میزان تولید شیر، همچنین آنها نشان دادند که آلل G باعث کاهش میزان بقاء جنین می شود (۵). نتایج بدست آمده در این آزمایش بر روی کیفیت شیر (چربی و پروتئین) با نتایج حاصل از آزمایشاتی که توسط خطیب و همکاران و اویکونومو گزارش نموده اند مطابقت دارد (۶ و ۵). بر این اساس استفاده از جایگاه های مختلف ژن STAT5A به منظور افزایش تولید شیر و همچنین میزان تولید پروتئین و چربی شیر در پیشرفت برنامه های اصلاح نژادی پیشنهاد می گردد.

منابع:

1. Argetsinger, L.S., Carter-Su, C., 1996. Growth hormone signalling mechanisms: involvement of the tyrosine kinase JAK2. *Hormone Research* 45, 22–24.
2. Chen, X., U. Vinkemeier, Y. Zhao, D. Jeruzalmi, J. E. Darnell, and J. Kuriyan. 1998. Crystal structure of a tyrosine phosphorylated STAT-1 dimer bound to DNA. *Cell* 93:827–839.

- 3.Darnell, J.E., Kerr, I.M., Stark, G.R., 1994. JAK-STAT pathways and transcriptional activation in response to IFNs and other extracellular signaling proteins. *Science* 264, 1415–1421.
- 4.Darnell, J. E. 1997. STATs and gene regulation. *Science* 277:1630–1635.
- 5.Khatib, H., Monson, R.L., Schutzkus, V., Kohl, D.M., Rosa, G.J., Rutledge, J.J., 2008. Mutations in the STAT5A gene are associated with embryonic survival and milk composition in cattle. *Journal of Dairy Science* 91, 784–793.
- 6.Oikonomou, G., Michailidis, G., Kougioumtzis, A., Avdi, M., Banos, G., 2011. Effect of polymorphisms at the STAT5A and FGF2 gene loci on reproduction, milk yield and lameness of Holstein cows. *Research in Veterinary Science*. 91 (2): 235-239.
- 7.Sonstegard, T.S., Tassell, C.P., Ashwell, M.S., 2001. Dairy cattle genomics: tools to accelerate genetic improvement? *Journal Animal Science* 79, 307–315.
- 8.Veerkamp, R.F., Beerda, B., 2007. Genetics and genomics to improve fertility in high producing dairy cows. *Theriogenology* 68, 266–273.
- 9.Wakao, H., Gouilleux, F., Groener, B., 1994. Mammary gland factor (MGF) is a novel member of the cytokine-regulated transcription factor gene family and confersthe prolactin response. *EMBO Journal* 13, 2182–2191.

Relationship of STAT5A gene polymorphism with milk composition in Holstein dairy cattle

Farzad atrian afiani^{1*}, saeed ansari mahyari², saeed khalaj zade³

1- Department of Animal Science, Saveh University 2- Department of Animal Science, Isfahan University of Technology 3- Department of Animal Science, Saveh University

*Farzad atrian afian, farzad.atrian@yahoo.com

ABSTRACT

In this study, we investigated the relationship between STAT5A gene polymorphisms with production yield and milk composition. 340 animals from four herds were randomly selected with the desired information and then genomic DNA was extracted from blood samples using Miller salt method. We have observed three different genotypes GG, GC and CC with a frequency of 0.31, 0.455 and 0.235 for this polymorphism. Statistical analysis showed that genotype had a significant effect on milk fat percentage ($P < 0.05$). The highest milk fat (3.288) was referred to CC genotype compared with the GC and GG genotypes, which have showed 3.117 and 2.970 milk fat, respectively. In addition, we showed that the genotype had a significant effect on the protein percentage. The CC genotype showed the highest value of 3.05 while the GC and GG protein percentage was 2.952 and 2.902, respectively. Finally, results confirmed the use of this locus in order to improve the qualitative characteristics of milk in Holstein dairy cattle.

Key words: STAT5A-Milk- Composition- Polymorphism

آنالیز QTL موثر بر خصوصیات لاشه روی کروموزوم ۱ در یک جمعیت F2 بلدرچین ژاپنی (۲)

محبوبه ایرانمنش^{۱*}، علی اسماعیلی زاده^۲، حسن مرادیان^۳، سعید سهرابی^۳

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح نژاد دام دانشگاه شهید باهنر کرمان ۲- دانشیار دانشگاه شهید باهنر کرمان ۳- کارشناس

ارشد اصلاح نژاد دام دانشگاه شهید باهنر کرمان

*محبوبه ایرانمنش : Mahboob.Iranmanesh@yahoo.com

چکیده

در یک طرح سه نسلی، آزمایشی برای شناسایی جایگاه های ژنی مرتبط با خصوصیات لاشه بلدرچین ژاپنی، از دوسویه سفید و وحشی (در مجموع ۱۶ پرنده) استفاده شد. از میان پرندگان نسل دوم ۳۴ پرنده انتخاب و با تلاقی بین آنها ۴۲۲ پرنده نسل سوم ایجاد شدند. رکوردهای مربوط به وزن اجزای مختلف لاشه و ارگان های داخلی پرندگان نسل سوم ثبت شدند. تمامی ۴۷۲ پرنده مربوط به هر سه نسل برای ۸ نشانگر ریزماهواره موجود بر روی کروموزوم شماره یک تعیین ژنوتیپ شدند. اطلاعات فنوتیپی و ژنوتیپی به روش مکان یابی درون فاصله ای مبتنی بر رگرسیون و یک مدل تک QTL با استفاده از نرم افزار آنالیز GridQTL در ۵ مدل مختلف آماری انجام گردید. در نهایت و پس از آنالیز ۵ مدل مختلف، QTL های معنی داری برای صفات وزن سینه، لاشه سرد، چربی لاشه، پیش معده، سر، غده یورویپیجیال، بورس فابریسیوس، روده، بال، لاشه سرد و درصد سینه، پیش معده، چربی لاشه و افت لاشه شناسایی شد.

واژه های کلیدی: بلدرچین ژاپنی - صفات لاشه - طرح F2 - نشان گر ریز ماهواره - مکان یابی QTL

مقدمه

بلدرچین ژاپنی متعلق به راسته گالیفرم و خانواده فازیانیده می باشد. این پرنده از حدود سال ۱۹۱۰ میلادی به عنوان یک منبع غذایی ارزشمند برای مصرف انسان مورد توجه قرار گرفت (۲). تاکنون مطالعات بسیاری به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی برای بهبود صفات مختلف در بلدرچین ژاپنی گزارش شده است (۳، ۴ و ۵). با توجه به اهمیت انتخاب برای بهبود وزن و بازده اجزای مختلف لاشه در حیوانات مختلف، تاکنون چندین مطالعه برای بررسی پارامترهای ژنتیکی این صفات انجام شده است. در بلدر چین نیز در یک پژوهش توسط سهرابی و همکاران (۱۳۹۰) پارامترهای مرتبط با خصوصیات لاشه مورد بررسی قرار گرفت (۱). در زمینه نقشه یابی QTL برای این صفات نیز در مرغ چندین پژوهش انجام شده. برای مثال دکونینگ و همکاران (۲۰۰۴) با تلاقی دو لاین تجاری مرغ و با استفاده از یک طرح جفت- ناتنی و آنالیز آن برای صفات رشد و لاشه با استفاده از مدل رگرسیونی در نهایت QTL هایی را برای وزن لاشه، وزن ران و وزن بدن در سن ۴۰ روزگی روی کروموزوم ۱ گزارش کردند (۶). و یا لیو و همکاران (۲۰۰۷) در مطالعه ای روی مرغ با استفاده از روش نقشه یابی فاصله ای برای مکان یابی جایگاه های مؤثر بر وزن بدن و وزن چربی شکمی روی کروموزوم ۱، QTL های مؤثری را برای وزن لاشه، وزن بدن، درصد چربی شکمی و همچنین وزن چربی شکمی گزارش کردند (۷). ازلام و همکاران در سال ۲۰۱۱ دو لاین تجاری بوقلمون را تلاقی داده و یک جمعیت نقشه یابی F2 ایجاد کردند و با رکوردگیری افراد برای صفات وزن بدن، بازده سینه (طول و عرض ماهیچه سینه، درصد گوشت سینه) و کیفیت گوشت (درصد افت لاشه، رنگ گوشت سینه و PH نهایی گوشت) QTL های معنی داری را برای

صفات ذکر شده معرفی نمودند (۸). در زمینه نقشه یابی QTL مطالعات بسیار اندکی در بلدرچین صورت گرفته است (۹ و ۱۰). بنابراین هدف از این پژوهش شناسایی QTL موثر بر خصوصیات لاشه و برآورد اثر آنها در یک جمعیت F2 بلدرچین ژاپنی بود. مواد و روش ها

تعداد ۸ پرندۀ نر و ۸ پرندۀ ماده به عنوان نسل والد (P) به تعداد مساوی از دو سویه سفید (S) و وحشی (W) انتخاب و تلاقی دوطرفه بین آنها (نر سفید × ماده وحشی و نر وحشی × ماده سفید) انجام شد. برای تولید نسل F1، هر پرندۀ نر در نسل P با یک پرندۀ ماده تلاقی داده شد. تعداد ۳۴ پرندۀ از بین پرندگان نسل اول (F1) شامل ۱۷ نتاج حاصل از تلاقی نر سفید × ماده وحشی (SW) (۱۴ پرندۀ ماده و ۳ پرندۀ نر) و ۱۷ نتاج حاصل از تلاقی نر وحشی × ماده سفید (WS) (۸ پرندۀ ماده و ۶ پرندۀ نر) برای تولید نسل دوم (F2) انتخاب شدند. هر پرندۀ نر با سه پرندۀ ماده (به صورت چرخشی و هر سه روز یک بار با یکی از پرندگان ماده) تلاقی داده شد. از تلاقی نرهای SW با ماده های WS تعداد ۱۵۳ (۶۴ ماده و ۸۹ نر) پرندۀ F2 (SWWS)، از تلاقی نرهای WS با ماده های SW تعداد ۲۳۰ (۹۶ ماده و ۱۳۴ نر) پرندۀ F2 (WSSW) و از تلاقی بین ماده های WS و نرهای WS تعداد ۳۹ (۱۶ ماده و ۲۳ نر) پرندۀ F2 (WSWS) (در مجموع ۴۲۲ پرندۀ نسل F2) در طی ۵ هج متوالی تولید شدند. رکوردهای مربوط به وزن اجزای مختلف لاشه پرندگان نسل F2 با ترازویی به دقت ۰/۰۱ گرم اندازه گیری شد. در هنگام کشتار از تمام پرندگان خون گیری شد و استخراج DNA از خون مربوط به پرندگان هر سه نسل (تعداد ۴۷۲ پرندۀ) انجام شد. به منظور تعیین ژنوتیپ افراد کل جمعیت برای ۸ نشانگر ریزماهواره (۱۱)، از واکنش زنجیره ای پلیمرز استفاده شد و محصولات این واکنش برای تفکیک باندهای مربوطه و مشخص شدن آلل ها روی ژل پلی اکریل آمید ۸ درصد بارگذاری شدند. برای شناسایی جایگاه های ژنی مرتبط با خصوصیات لاشه، فایل های فنوتیپی و ژنوتیپی (به ترتیب حاصل از نتایج رکوردهای فنوتیپی و آلل های نشانگرها) و همچنین فایل نقشه نشانگرها روی کروموزوم شماره یک و فواصل بین آنها (۱۱ و ۱۲) به وسیله نرم افزار آنالین GridQTL مورد آنالیز قرار گرفتند. به منظور برآورد اثرات افزایشی، غلبه و ایمپریتینگ از مدل های آماری آورده شده در ذیل استفاده شد:

$$\text{مدل شماره ۱} \quad Y_{ijk} = \mu + H_i + S_j + aP_{ak} + e_{ijk}$$

$$\text{مدل شماره ۲} \quad Y_{ijk} = \mu + H_i + S_j + aP_{ak} + dP_{dk} + e_{ijk}$$

$$\text{مدل شماره ۳} \quad Y_{ijk} = \mu + H_i + S_j + aP_{ak} + dP_{dk} + iP_{ik} + e_{ijk}$$

که در این مدل ها، Y_{ijk} مشاهده مربوط به i امین هج، j امین جنسیت و k امین پرندۀ، μ ، میانگین جمعیت، H_i ، اثر هج که دارای ۵ سطح می باشد، S_j ، اثر جنس پرندۀ که دارای ۲ سطح (نر و ماده) می باشد، a ، اثر افزایشی QTL، P_{ak} ، احتمال شرطی دریافت آلل سویه وحشی توسط پرندۀ k ، d ، اثر غلبه ژنی QTL، P_{dk} ، احتمال شرطی هتروزیگوت بودن پرندۀ k ، i ، اثر منشا والدی آلل Q (ایمپریتینگ)، P_{ik} ، احتمال شرطی اینکه هم پرندۀ k هتروزیگوت باشد و هم آلل سویه وحشی را از والد پدری دریافت نماید. همچنین اثرات متقابل هج و جنس با اثر افزایشی QTL نیز در دو مدل دیگر برآورد شد.

نتایج و بحث

با برازش مدل های آماری مختلف، برای وزن پیش معده، سر، سینه، لاشه سرد، چربی لاشه، غده یورویپجیال، بورس فابریسیوس، روده، بال و درصد پیش معده، سینه، چربی لاشه، افت لاشه و پشت، QTL معنی دار یافت شد. نتایج حاصل از برازش مدل های دارای اثرات افزایشی، غلبه و ایمپریتینگ در جدول ۱ تا ۳ و همچنین تصویر ۱ نشان داده شده است. در هیچ

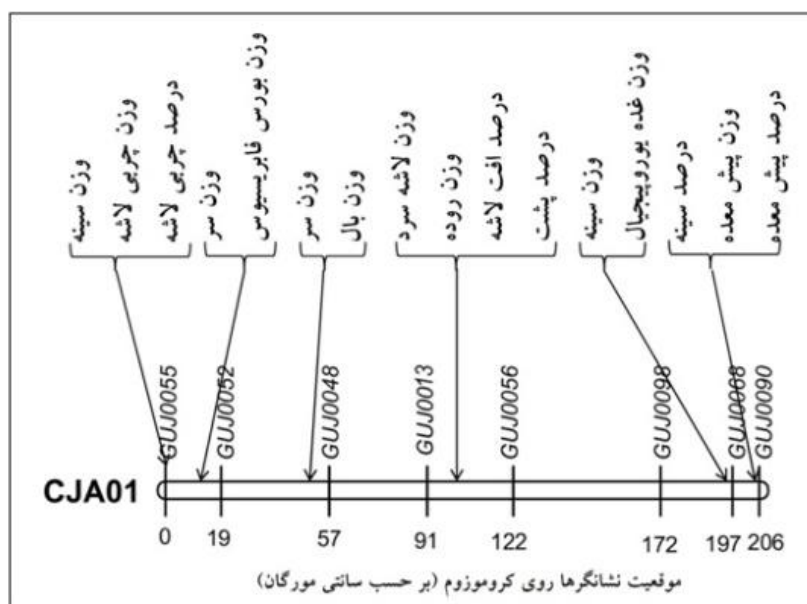
کدام از پژوهش های پیشین که به منظور نقشه یابی صفات اقتصادی در بلدرچین صورت گرفته است (۹ و ۱۰)، صفات مرتبط با لاشه در نظر گرفته نشده است. در مرغ نیز تعداد اندکی از پژوهش های نقشه یابی، این صفات را مورد بررسی قرار داده اند. منظور از واریانس QTL، بخشی از واریانس فنوتیپی صفت مورد نظر است که به وسیله QTL ایجاد می شود. همانطور که در جدول دیده می شود، تقریباً در مورد همه صفات ذکر شده، در بین انواع اثرات (افزایشی، غلبه یا ایمپریتینگ) بیشترین میزان واریانس، مربوط به اثری بود که از نظر آماری تاثیر معنی داری بر صفت داشت. برای مثال در خصوص جایگاه شناسایی شده برای وزن سینه، ایمپریتینگ بیشترین تاثیر را داشت، همچنین واریانس ایمپریتینگ از بقیه اثرات بیشتر بود. می توان گفت هرکدام از اثرات که درصد بیشتری از واریانس را به خود اختصاص داده بودند، از نظر آماری تاثیر بیشتری در مدل مورد استفاده برای شناسایی QTL داشتند.

جدول ۱- نتایج معنی دار حاصل از برازش مدل های دارای اثرات افزایشی، غلبه و اپیستازی

نشانهگر مجاور	واریانس QTL			اثر QTL			F-value	موقعیت ت (cM)	صفت
	ایمپریتینگ	غلبه	افزایشی	(s.e.) ایمپریتینگ	(s.e.) غلبه	(s.e.) افزایشی			
GUJ009 0	-	-	۷/۳	NS	NS	۰/۴۷(۰/۰۸)	۱۰*** ۳۵	۲۰۶	وزن پیش معدله
GUJ005 5	-	۲/۲	۲/۳	NS	۰/۶۹(۰/۱۹)	NS	۱۷*** ۱۰	۸	وزن سر
GUJ005 5	۲/۲	۲/۰	۱/۸	۰/۳۸(۰/۰۹)	NS	NS	۹/۶***	۰	وزن سینه
GUJ009 0	-	-	۵/۳	NS	NS	۰/۴۱(۰/۰۸)	۱۲*** ۲۵	۲۰۶	درصد پیش معدله
GUJ001 3	-	۱/۲	۱/۰	NS	NS	۰/۲۶(۰/۱۱)	۵/۷*	۹۱	وزن لاشه سرد
GUJ005 5	-	۱/۸	۱/۱	NS	۰/۶۲(۰/۱۶)	NS	۷/۳***	۰	وزن چربی لاشه
GUJ006 8	-	۲/۰	۰/۰	NS	۰/۷۶(۰/۱۹)	NS	۸/۵***	۱۹۷	وزن غده یورویجیا ل
GUJ005 5	-	۳/۳	۰/۱	NS	۰/۶۷(۰/۱۶)	NS	۸/۴***	۰	درصد چربی لاشه
GUJ009 0	۱/۴	۱/۳	۱/۰	۰/۲۶(۰/۱۱)	NS	NS	۷/۸***	۲۰۶	درصد

سینه	۰/۰	۰/۰					
وزن							
بورس	GUJ005	۰/۰	-۰/۲۴(۰/۰۹)	NS	NS	۴/۷*	۰
فابریسیو	5						
س							

با توجه به اینکه ایجاد تمام جمعیت F2 به طور یکباره و در طی یک هیچ امکان پذیر نبود، برای تولید حداکثر میزان نتاج F2 به ازای هر کدام از والدین نر، در طی ۵ هیچ متوالی این تعداد افراد ایجاد شد. بنابراین اثر هیچ به عنوان یک اثر ثابت تاثیر قابل توجهی در شناسایی جایگاه های موردنظر داشت. با برازش مدل هایی که اثرات متقابل را مورد برآورد قرار دادند، اثرات افزایشی QTL شناسایی شده برای صفات درصد افت لاشه، وزن پیش معده، درصد پیش معده، درصد پشت، وزن بال، وزن روده و سر با هیچ، همچنین صفات وزن سر، درصد افت لاشه، وزن پیش معده، وزن سینه و درصد پیش معده با جنسیت پرندگان دارای اثرات متقابل معنی دار بودند.



تصویر ۱- موقعیت تقریبی جایگاه های شناسایی شده برای صفات لاشه روی کروموزوم ۱

منابع

- ۱- سهرابی، س. ع. اسماعیلی زاده کشکوئیه و ح مرادیان (۱۳۹۰). برآورد اثرات تلاقی دوجانبه بر خصوصیات لاشه پرندگان نسل دوم حاصل از تلاقی دو سویه بلدرچین ژاپنی. مجموعه مقالات نخستین سمینار ملی مدیریت پرورش دام و طیور در مناطق گرمسیر، کرمان. ۱۴۸۹-۱۴۸۶.

2. Wakasugi, N. 1984. Japanese quail. In: Evolution of Domesticated Animals (Ed. by I.L. Mason), pp. 319-21. Longman, London.

3. Navarro, P., PM. Visscher, S.A. Knott, DW. Burt, P.M. Hocking, and C.S Haley. 2005. Mapping of quantitative trait loci affecting organ weights and blood variables in a broiler layer cross. *Br Poult Sci.* 46(4):430-42
4. Danyel, G.J., L.J., Vereijken, H. Bovenhuis, M.P.A. Richard, J. van der Poel, and A.M. Groenen. 2005. Confirmation of quantitative trait loci affecting fatness in chickens. *Gene Selection Evolution.* 37: 215-228.
5. McElroy, J.P., J.J. Kim, D.E. Harry, S.R. Brown, J.C.M. Dekkers, and S.J. Lamont. 2006. Identification of trait loci affecting white meat percentage and other growth and carcass traits in commercial broiler chickens. *Poul Sci.* 85:593-605.
6. De Koning, D. J., , C. S. Haley, D. Windsor, P.M . Hocking, H. Griffin, A . Morris, and J. Vincent and D.W. Burt. 2004. Segregation of QTL for production traits in commercial meat-type chickens. *Gene research.* 83 (3): 211-20.
7. Liu, X., H. Li, S. Wang, X. Hu, Y. Gao, Q. Wang, N. Li, Y. Wang, and H. Zhang. 2007. Mapping quantitative trait loci affecting body weight and abdominal fat weight on chicken chromosome one. *Poul sci.* 86 (6): 1084-9.
8. Aslam, ML., JWM. Bastiaansen, RPMA. Crooijmans, A. Vereijken, H.J. Megens, and M.A.M. Groenen. 2011. Whole genome QTL mapping for growth, meat quality and breast meat yield traits in turkey. *BMC Genetic.* 12:61.
9. Minvielle, F., B. Kayang, M. Inoue-Murayama, M. Miwa, A.Vignal, D. Gourichon, A. Neau, J . Monvoisin, and S. Ito. 2005. Microsatellite mapping of QTL affecting growth, feed consumption, egg production, tonic immobility and body temperature of Japanese quail. *BMC Genomics* 6, 87.
10. Esmailizadeh, A., A. Baghizadeh, and M. Ahmadizadeh. 2012. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting bodyweight on chromosome 1 in a commercial strain of Japanese quail. *Anim Production Sci.* 52: 64-68.
11. Kayang, B., M. Inoue-Murayama, T. Hoshi, K. Matsuo, H. Takahashi, M. Minezawa, M. Mizutani, and S. Ito. 2002. Microsatellite loci in Japanese quail and cross-species amplification in chicken and guinea fowl. *Gene Selection Evolution* 34: 233-253.
12. Kayang, B., A. Vignal, M. Inoue-Murayama, M. Miwa, J. Monvoisin, S. Ito, and F. Minvielle. 2004. A first-generation microsatellite linkage map of the Japanese quail. *Anim Gene* 35:195-200

QTL analysis of carcass characteristics on chromosome 1 in an f2 population of Japanese quail.

Iranmanesh Mahboubeh ^{1*}, Esmaili zade Ali ², Moradegan Hasan ³, Sohrabi Saeed ³

¹Msc Student , Animal Genetics and breeding Shahid Bahonar University of Kerman

² Department of Animal Science , Agricultural College , Shahid Bahonar University of Kerman

³ Msc Animal Genetics and breeding Shahid Bahonar University of Kerman

*Mahboob.Iranmanesh@yahoo.com

Abstract

A three-generation resource population was developed by using two distinct Japanese quail strains, wild and white to map quantitative trait loci underlying carcass related traits. Eight pairs of white (S) and wild (W) birds were crossed reciprocally and 34 F1 birds were produced. The F1 birds were intercrossed to generate 422 F2 offspring. All of the animals from three generations (472 birds) were genotyped for eight microsatellite markers on chromosome 1. Phenotypic data including weights of hot and cold carcasses, internal organs and carcass parts

were collected on F2 birds. QTL analysis was performed with least square regression interval mapping method fitting five various statistical models. Significant QTL were identified for breast, cold carcass, carcass fat, pre-stomach, head, uropygial gland (the preen gland), bursa of fabricius, intestine, wing weight, and the percentage of cold carcass, pre-stomach, fat carcass fatness.

Keyword: Japanese quail, Carcass trait, F2 Design, Microsatellite markers, QTL mapping

مقایسه آماری تداوم شیردهی نتاج گاوهای نر هلشتاین داخلی و خارجی

حامد عارفی نیا^{۱*}، همایون فرهنگ فر^۲ و محمد حسن فتحی نسری^۲

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد علوم دامی دانشگاه بیرجند، ۲- دانشیار گروه علوم دامی دانشگاه بیرجند

*نویسنده مسئول: حامد عارفی نیا، گروه علوم دامی دانشگاه بیرجند، پست الکترونیکی: hamed.arefinia64@gmail.com

چکیده

در این پژوهش، به منظور بررسی تداوم شیردهی دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین داخلی و خارجی از تعداد ۶۸۶۷۳۹ رکورد شیر روزآزمون سه بار دوشش جمع آوری شده (در دو استان تهران و خراسان رضوی) توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور و متعلق به ۷۸۴۴۶ رأس گاو نژاد هلشتاین شکم اول در ۲۶۱ گله که طی سال‌های ۱۳۷۵ تا ۱۳۸۸ زایش داشته‌اند، استفاده گردید. برای توصیف منحنی شیردهی، از تابع نمائی ویلمینک ($y = a + bt + ce^{-0.05t}$) استفاده گردید. نتایج بدست آمده نشان داد که قدر مطلق پارامتر b برای دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین خارجی ($-۰/۰۲۸۷۹$) کمتر از گاوهای نر هلشتاین داخلی ($-۰/۰۳۱۷۷$) بود که بیانگر تداوم شیردهی بهتر دختران حاصل از گاوهای هلشتاین خارجی است. آزمون آماری (با استفاده از دستور Contrast نرم افزار SAS) نشان داد پارامتر b منحنی شیردهی دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین داخلی و خارجیبا یکدیگر تفاوت معنی دار ($P < ۰/۰۰۰۱$) داشتند.

واژگان کلیدی: تداوم شیردهی، تابع نمائی ویلمینک، روز آزمون، گاو هلشتاین.

مقدمه

تولید شیر در گاوهای شیرده بلافاصله بعد از زایش شروع می شود و اغلب تا دو ماه قبل از زایش بعدی ادامه می‌یابد تا به اوج خود برسد، سپس به تدریج تا پایان دوره شیردهی کاهش می‌یابد. تغییرات تولید شیر در طول دوره شیردهی را منحنی شیردهی^۹ می‌نامند که توصیف نموداری رابطه بین تغییرات تولید شیر و زمان است (۱). بررسی منحنی شیردهی گاوهای مختلف در واقع سنجه بسیار خوبی برای تعیین وضعیت فیزیولوژیکی و بازده گاوها می‌باشد. مطالعه شکل منحنی شیردهی گاوهای مختلف این امر را قادر می‌سازد تا پارامترهای ژنتیکی و ویژگی‌های منحنی شیردهی را تعیین و نسبت به اعمال صحیح مدیریت گله اقدام نمود. شکل منحنی شیردهی به تولید کننده و دامدار نشان می‌دهد که آیا نیازی به تغییر برنامه تغذیه وجود دارد (۲). این منحنی نشان دهنده کارایی بیولوژیکی یک حیوان و وسیله‌ای برای انتخاب و مدیریت تغذیه می‌باشد (۳). درک کامل سازهایی که بر روی تولید شیر و ترکیب آن اثر می‌گذارند، دامدار را قادر می‌سازد گاوهای با شکل منحنی شیردهی تخت‌تر را انتخاب و نسبت به اصلاح گله اقدام نماید. با بررسی شکل منحنی شیردهی می‌توان تخمین نرخ افزایشی تولید شیر در اوایل شیردهی، زمان رسیدن به اوج تولید شیر، میزان تولید در اوج شیردهی، تداوم شیردهی و تأثیر سازه‌های خاص بر تولید و نرخ کاهش تولید شیر بعد از اوج را به دست آورد (۵). تداوم شیردهی یکی از مهم‌ترین صفات اقتصادی توارث پذیر و یک مشخصه مهم منحنی شیردهی است.

⁹ Lactation curve

تداوم گاوها در نگهداری سطح تولید بعد از رسیدن به اوج شیردهی، اصطلاحاً تداوم شیردهی^{۱۰} نامیده می شود (۴). به طور کلی، تداوم شیردهی در دام‌های شیرده معمولاً به روش‌های گوناگون مورد سنجش قرار می‌گیرد. به عنوان مثال، می‌توان از تابع خطی و غیرخطی مختلف استفاده کرد. یکی از مهمترین توابع غیر خطی، تابع ویلمینک است، این تابع اولین بارتوسط ویلمینک (۷) به منظور توصیف منحنی شیردهی و بررسی برخی خصوصیات تولیدی از جمله: میزان تولید شیر در اوج شیردهی، زمان رسیدن به اوج تولید شیر، تولید شیر ۳۰۵ روز و تداوم شیردهی مورد استفاده قرار گرفت (۶) که در آن a ، b و c به ترتیب پارامترهای مرتبط با سطح تولید، میزان کاهش تولید شیر بعد از زمان اوج تولید و افزایش تولید شیر از ابتدای شیردهی به سمت اوج تولید می‌باشند. هدف از تحقیق حاضر، مقایسه آماری تداوم شیردهی نتاج گاوهای نر هلشتاین داخلی و خارجیبود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش، به منظور بررسی تداوم شیردهی دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین داخلی و خارجیاز تعداد ۶۸۶۷۳۹ رکورد شیر روزآزمون سه بار دوشش جمع آوری شده (در دو استان تهران و خراسان رضوی) توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور و متعلق به ۷۸۴۴۶ رأس گاو شیری نژاد هلشتاین شکم اول در ۲۶۱ گله که طی سال‌های ۱۳۷۵ تا ۱۳۸۸ زایش داشته‌اند، استفاده گردید. بر اساس میانگین تولید شیر روزانه، گله‌ها به سه گروه بالا، متوسط و پائین تقسیم بندی شدند. گروه بندی گله‌ها با استفاده از آنالیز خوشه‌ای^{۱۱} و به کمک نرم افزار SPSS (ویرایش ۱۸) انجام شد. بر اساس نوع اسپرم استفاده شده، گاوها به دو گروه دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین داخلی و خارجی طبقه بندی شدند. تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها با استفاده از نرم افزار SAS (نسخه ۹/۲) و رویه مختلط^{۱۲} اجرا گردید. مدل آماری مورد استفاده بصورت زیر بود:

$$y_{ijklmnopq} = \mu + Y_i + O_j + HF_k + A_l + S_m + SP_n + C_o + Sire_p + O_j * HF_k + O_j * S_m + O_j * SP_n + O_j * C_o + HF_k * S_m + HF_k * C_o + A_l * S_m + A_l * C_o + S_m * SP_n + S_m * C_o + SP_n * C_o + Wilink(SP_n) + e_{ijklmnopq}$$

که در آن $y_{ijklmnopq}$ رکورد شیر روزانه (بر حسب کیلوگرم) و در سمت راست معادله، اجزاء به ترتیب عبارتند از: میانگین صفت، سال زایش، استان، درصد ژن هلشتاین (در دو گروه گاوهای زینه^{۱۳} و اصیل^{۱۴})، سن زایش، فصل زایش، نوع اسپرم (داخلی و خارجی)، سطح تولید گله، اثر تصادفی پدر (با واریانس σ_s^2)، اثر متقابل بین استان و درصد ژن هلشتاین، اثر متقابل بین استان و فصل زایش، اثر متقابل بین استان و نوع اسپرم، اثر متقابل بین استان و سطح تولید، اثر متقابل بین سن زایش و فصل زایش، اثر متقابل بین سن زایش و سطح تولید، اثر متقابل بین فصل زایش و نوع اسپرم، اثر متقابل بین فصل زایش و سطح تولید، اثر متقابل بین نوع اسپرم و سطح تولید، تابع ویلمینک (برای در نظر گرفتن شکل منحنی شیردهی گاو با شکل عمومی $y = a + bt + ce^{-0.05t}$)، اثر تصادفی باقی‌مانده مدل (با میانگین صفر و واریانس σ_e^2) می‌باشند. مقایسه آماری بین پارامتر برآورد شده b تابع ویلمینک در دو گروه دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین داخلی و خارجی، توسط دستور Contrast نرم افزار SAS انجام شد.

¹⁰Persistence

¹¹Cluster analysis

¹²Mixed procedure

¹³Grade

¹⁴Purebred

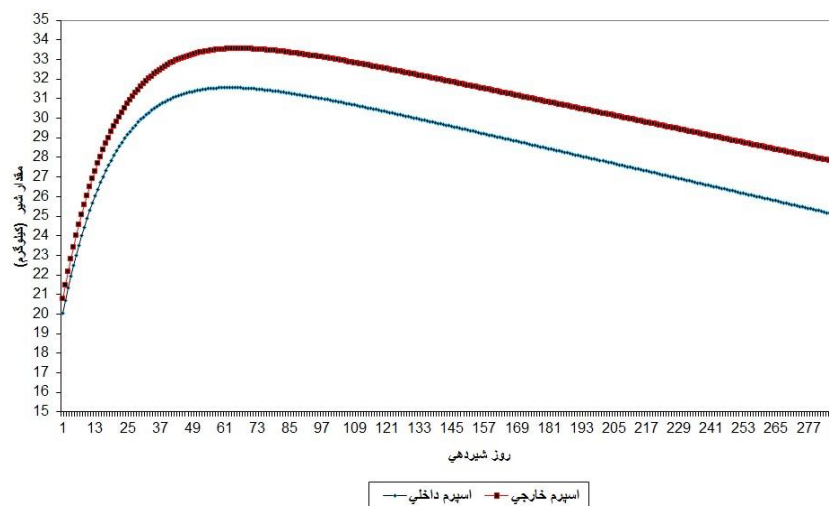
نتایج و بحث

در جدول ۱ مقادیر برآورد شده پارامتر b تابع نمائی ویلمینک برای دو گروه دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین داخلی و خارجی ارائه گردیده است. بر اساس نتایج به دست آمده در این تحقیق، قدر مطلق پارامتر b برای دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین خارجی کمتر بود که نشان دهنده تداوم شیردهی بهتر آنها می باشد. تفاوت پارامتر b بین دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین داخلی و خارجی به لحاظ آماری معنی دار ($P < 0/0001$) بود.

جدول ۱. برآورد پارامتر b تابع نمائی ویلمینک برای دو گروه دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین داخلی و خارجی

پارامتر b	برآورد	اشتباه معیار	حد پائینی (٪۹۵)	حد بالائی (٪۹۵)	سطح معنی دار
داخلی	-۰/۰۳۱۷۷	۰/۰۰۰۱۴۲	-۰/۰۳۲۰۵	-۰/۰۳۱۴۹	۰/۰۰۰۱
خارجی	-۰/۰۲۸۷۹	۰/۰۰۰۱۴۷	-۰/۰۲۹۰۸	-۰/۰۲۸۵۰	۰/۰۰۰۱

در تحقیق حاضر، پارامتر b تابع ویلمینک بیان کننده خصوصیت تداوم شیردهی در گاوها می باشد. گاوها معمولاً تحت تأثیر سازه های مختلف محیطی و ژنتیکی دارای منحنی های شیردهی متفاوت و در نتیجه پارامترهای متفاوت می باشند. گاوداران عموماً در جریان انتخاب، گاوهای با منحنی شیردهی تخت تر را ترجیح می دهند. داشتن منحنی شیردهی تخت تر به منزله تداوم شیردهی بهتر گاو می باشد که نشانگر تولید بالاتر دام در طول دوره شیردهی است. گاوهای دارای تداوم شیردهی بیشتر دارای تغذیه مناسب تری نسبت به دام های دارای تداوم شیردهی کمتر می باشند. این امر به نوبه خود سبب می گردد که احتمال بروز ناهنجاری های متابولیکی و مشکلات بعد از زایش، تولید مثلی و پستانی کاهش پیدا نماید (۶). نمودار ۱ منحنی شیردهی برآورد شده برای دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین داخلی و خارجی را نشان می دهد. همان گونه که مشاهده می شود دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین خارجی نه تنها دارای منحنی شیردهی تخت تری نسبت به دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین داخلی هستند بلکه از سطح تولید بالاتری نیز برخوردار می باشند.



نمودار ۱. مقایسه منحنی شیردهی برآورد شده برای دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین داخلی و خارجی

منابع

۱. رحمانی نیا ج. ۱۳۸۵. بررسی فنوتیپی شکل منحنی شیردهی در توده های گاومیش ایرانی با استفاده از تابع گامای وود. پایان نامه کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل. ۱۴۰ صفحه.
۲. سید شریفی ر. فتحی آچاچلویی ب. یلچی ط. ۱۳۸۷. بررسی روند کاهشی منحنی شیردهی دوره های مختلف در تعدادی از گاوهای هلشتاین ایران. سومین کنگره علوم دامی کشور. دانشگاه فردوسی مشهد.
۳. منتظر تربتیم. مرادی شهر بابک م. میرایی آشتیانیر. صیاد نژادم. ۱۳۸۱. بررسی معیارهای تداوم شیردهی در گاوهایهلشتاین ایران. اولین سمینار ژنتیک و اصلاح نژاد دام.
4. Dekkers, J. C. J., J.Jamrozik, J.H. Tenhag, L.R. Schaeffer, A. Weersink. 1996. Genetic and economic evaluation of persistency in dairy cattle. Proceedings of International Workshop on Genetic Improvement of Functional traits in cattle. 12: 97-100.
- 5- Macciotta, N.P.P., D. Vicario, C.D. Mauro, A. Cappio-Borlino. 2004. A multivariate approach to modeling shapes of individual lactation curves in cattle. Journal of Dairy Science, 87:1092-1098.
- 6- Solkner, J.,W. Fuchs. 1987. A comparison of different measures of persistency with special respect to variation of test-day milk yields. Livestock Production Science, 26:305-319.
- 7- Wilmink, J.B.M. 1987. Adjustment of test-day milk, fat and protein yield for age, season and stage of lactation. Livestock Production Science, 16:335-348.

Statistical comparison of lactation persistency between progeny of internal and exotic Holstein bulls

Hamed Arefinia^{1*}, Homayoun Farhangfar² and Mohammad Hassan Fathi Nasri²

1- MSc. Student of Animal Science, Birjand University 2-Associate Professor, Department of Animal Science, Birjand University

* Corresponding E-mail address: hamed.arefinia64@gmail.com

Abstract:

To compare lactation persistency of internal and external bull's daughters, a total of 686,739 test day milk records belonging to 78,446 three times a day milking Holstein heifers calving between 1996-2009 (in 261 herds from Tehran and Razavi Khorasan provinces) collected by Animal Breeding Centre were utilized. Wilmink's exponential function was applied to describe the lactation curve. The results indicated that absolute value of parameter b was lower for the progeny of external bulls (-0.02879) as compared to that of the internal bulls (-0.03177) suggesting that for the former, progeny are considered as more persistent. Statistical test revealed that there was a highly significant difference between two groups of the progeny in terms of lactation persistency ($P < 0.0001$).

Keywords: Holstein cattle, Persistency, Test day, Wilmink's function.

بررسی چند شکلی اگزون دوم ژن Ovar-DRB1 در گوسفند لری بختیاری ایران با استفاده از روش SSCP

حسین صالحیان دهکردی^{۱*}، دکتر پویا زمانی^۱، دکتر عباس دوستی^۲، زینب امینی فارسانی^۲، هادی فلکی مقدم^۱
۱- دانشجویان کارشناسی ارشد و استادیار گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه بوعلی سینا همدان، ۲- استادیار و پژوهشگر
مرکز تحقیقات بیوتکنولوژی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهرکرد،
*نویسنده مسئول: hosein_salehi6@yahoo.com

چکیده

DRB1 قسمتی از مجتمع اصلی پذیرش بافتی یا کمپلکس سازگاری نسجی (MHC) است و در پاسخ های ایمنی و مقاومت به بیماری ها در پستانداران نقش مهمی را ایفا می کند. این مطالعه به منظور تجزیه و تحلیل چند شکلی اگزون دوم ژن Ovar-DRB1 در گوسفند لری بختیاری با استفاده از روش PCR-SSCP انجام گرفت. برای این منظور در ابتدا از تعداد ۱۶۷ راس گوسفند لری بختیاری نمونه خون جمع آوری و استخراج DNA از آنها انجام گرفت. یک قطعه ۲۸۵ جفت بازی در اگزون دوم این ژن با استفاده از روش PCR تکثیر شد و برای ژنوتایپینگ آن از روش SSCP استفاده شد. در این مطالعه ۱۰ الگوی متفاوت از اگزون دوم این ژن تشخیص داده شد، الگوهای ۳، ۴، ۵، ۹ از کل الگوها بیشترین فراوانی را به خود اختصاص دادند (۷۴/۲۴). نتایج نشان می دهد که بخش مطالعه شده از اگزون دوم این ژن در گوسفند لری بختیاری چند شکلی بالایی دارد و روش PCR-SSCP می تواند برای آنالیز این ناحیه بکار برده شود.

کلمات کلیدی: Ovar-DRB1_گوسفند لری بختیاری_PCR-SSCP

مقدمه

مجتمع اصلی پذیرش بافتی (^{۱۵}MHC) در گوسفند روی کروموزوم ۲۰ قرار دارد (۳). این ناحیه حاوی چند شکلی بالایی در ژنوم مهره داران می باشد (۷). ساختمان مجتمع اصلی پذیرش بافتی در گوسفند مشابه با دیگر گونه ها می باشد (۸). این مجتمع یک خانواده چند ژنی است که پاسخ های ایمنی برای عوامل خودی و غیر خودی را ایجاد می کند. در این مجتمع برخی از ژن ها گلیکوپروتئین هایی را در سطح سلول کد می کنند که در حضور پپتیدهای خارجی و پروتئین های خودی به سلول های تی عرضه می شوند. بدین طریق تمام پاسخ های ایمنی خاص با واسطه سلول و آنتی بادی کنترل می شوند (۹). در میان ژن های کلاس دوم مجتمع اصلی پذیرش بافتی، جایگاه DRB1 دارای چند شکلی بالایی می باشد (۱). در متون اصلی جایگاه DRB1 از ناحیه کلاس دوم در مجتمع اصلی پذیرش بافتی گوسفند اهلی، Ovar-DRB1 نامیده می شود (۲). بیشتر چند شکلی نوکلئوتیدی در قسمت کلاس دوم مجتمع اصلی پذیرش بافتی به اگزون دوم اختصاص داده شده است. این ناحیه در مطالعاتی که برای بررسی ارتباط تنوع مجتمع اصلی پذیرش بافتی با مقاومت یا حساسیت به بیماری ها انجام می شود هدف اصلی است (۷). تعدادی از روش ها برای بررسی تنوع در جایگاه DRB1 شامل PCR-RFLP و PCR-SSCP و آنالیز مستقیم توالی حاصل از محصولات PCR می باشند. تکنیک PCR-SSCP روشی ساده و قدرتمند است که الکتروفورز محصولات PCR دنا توره شده با استفاده از تغییرات دمایی یا اوره روی یک ژل اکریل امید انجام می گردد. مهاجرت دی آن آ تک رشته ای و همچنین تغییرهای تطبیقی

¹⁵ - Major Histocompatibility Complex

تحت درصد اکریل آمید، درجه حرارت الکتروفورز و قدرت یونی بافر الکتروفورز است (۴). هدف ما از این مطالعه کاربرد روش PCR-SSCP برای ژنوتایپینگ DRB1 در گوسفند لری بختیاری ایران است.

مواد و روش ها

از تعداد ۱۶۷ گوسفند لری بختیاری در ۳ گله متفاوت واقع در شهرستان شهرکرد نمونه خون جمع آوری شد. از نمونه هایخون با استفاده از کیت سینا ژن استخراج DNA انجام شد. PCR در یک مخلوطی شامل بافر PCR یک ایکس، ۲۰۰dNTP میلی مولار، آنزیم تک پلی مرارازواحد، از هرکدام از آغازگرهای رفت و برگشت ۰/۲ میکرو مولار، ۳/۵ میکرو لیتر از DNA، ۱/۵ میکرو مولار از Mgcl2 و با آب مقطر استریل حجم آن به ۲۶ میکرو لیتر رسانده شد. آغازگرهای مورد استفاده برای قطعه ۲۸۵ جفت بازی از اگزون دوم ژن مورد نظرا انتخاب گردید (۱) که در زیر آمده اند:

F: 5'-TATCCCGTCTCTGCAGCACATTTC-3, R: 5-tcgccgctgcacactgaaactctc-3

برنامه زمانی و دمایی مورد استفاده ترمال سایکلر جهت تکثیر قطعه مورد نظر به این ترتیب بود: مرحله واسرشتگی اولیه به مدت ۵ دقیقه با دمای °C ۹۵، ۳۲ چرخه شامل سه مرحله: °C ۹۴ به مدت ۱ دقیقه جهت واسرشت سازی ثانویه، °C ۵۸ به مدت ۱ دقیقه برای اتصال آغازگر و °C ۷۲ به مدت ۳۰ ثانیه جهت گسترش آغازگر و در پایان نیز یک چرخه گسترش نهایی به صورت °C ۷۲ به مدت ۵ دقیقه در نظر گرفته شد. برای SSCP مقدار ۵ میکرو لیتر از محصولات PCR هر نمونه را با ۵ میکرو لیتر از رنگ SSCP (مقدار ۱۰ میلی گرم زایلین سیانول، ۱۰ میلی گرم برم فنل بلو و ۱۰۰ میکرو لیتر EDTA نیم مولار (PH=۸) را مخلوط و سپس حجم را با فراماید به ۱۰ میلی لیتر رسانده شد) در یک تیوپ مخلوط شد. سپس تیوپ مورد نظر را به مدت ۱۰ دقیقه در دمای °C ۹۵ قرار داده شد. تا دو رشته DNA از هم باز شوند بلافاصله تیوپ مورد نظر را ۱۰ دقیقه روی یخ قرار داده و محتوای آن روی ژل پلی آکریل آمید ۱۴ درصد مطابق با روش (۱۲) در دمای °C ۱۰ و ولتاژ ۲۰۰ به مدت ۵٫۵ ساعت ران شد.

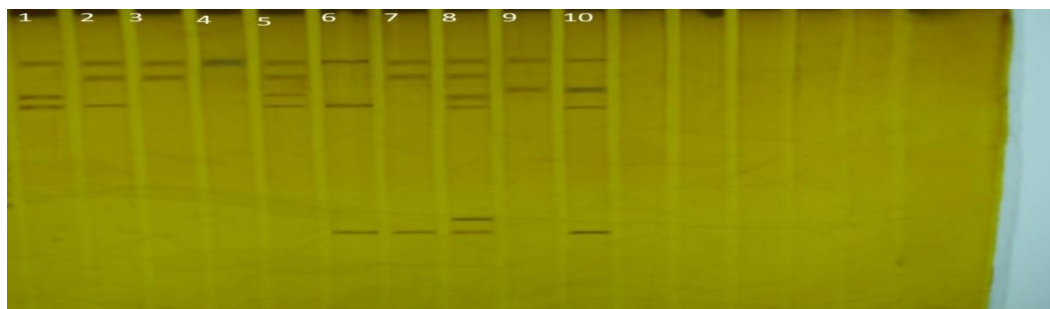
نتایج

تکثیر اگزون دوم ژن DRB1 توسط PCR با موفقیت انجام گردید و از تمامی نمونه ها یک تک باند بدون اسمیر و باند اضافی مربوط به قطعه مورد نظر بدست آمد. ژنوتایپینگ نمونه ها توسط روش SSCP انجام گردید و ۱۰ الگوی متفاوت بدست آمد (شکل ۱). درصد و فراوانی الگوهای SSCP در جدول ۱ نشان داده شده که بیشترین فراوانی را الگوی ۳ و کمترین فراوانی را الگوهای ۷ و ۲ دارا می باشند. یکی از ویژگی های مهم ژن DRB این است که دارای چند شکلی بالایی در بیش از یک جایگاه می باشد و مطالعات روی انسان، موش، گاو و دیگر گونه ها این ویژگی را تصدیق می کنند. در انسان ۱۸ آلل از این ژن در ۲۲ جمعیت متفاوت شناسایی شده است (۱۰). روش SSCP که توسط چندین محقق در رابطه با گوسفند بکار برده شده است، کم هزینه و حساسیت بالایی دارد. اما این روش، بسیار زیاد به شرایط آزمایشی بستگی دارد (۵ و ۱). در مطالعه ما تعداد ۱۰ الگوی مختلف از ژن DRB1 به دست آمد. که بیشترین فراوانی مربوط به الگوی شماره ۳ بود (۲۸/۷۴) و الگوهای ۳، ۴، ۵، ۹ از کل الگوها بیشترین فراوانی را به خود اختصاص دادند (۷۴/۲۴) جدول ۱. نتایج ما مقدار بالای چند شکلی را برای ژن DRB1 در گوسفند لری بختیاری نشان می دهد همچنین نتایج ما مشابه با مطالعات دیگر می باشد که از آن مطالعات هم الگوی های متفاوت حاصل از آنالیز SSCP به دست آمده است (۶ و ۱۱). توالی یابی الگوهای مختلف SSCP می تواند برای تعیین ارتباط آلل های ژن DRB1 با صفات مقاومت به بیماری ها و در نتیجه بقاء و افزایش تولید دام ها بکار رود.

جدول ۱- فراوانی و درصد الگوهای مشاهده شده

درصد	فراوانی	الگوی SSCP	تعداد
۶/۵۸	۱۱	۱	۱
۲/۴	۴	۲	۲
۲۸/۷۴	۴۸	۳	۳
۱۴/۳۷	۲۴	۴	۴
۱۶/۷۶	۲۸	۵	۵
۳	۵	۶	۶
۲/۴	۴	۷	۷
۶/۵۸	۱۱	۸	۸
۱۴/۳۷	۲۴	۹	۹
۴/۸	۸	۱۰	۱۰
۱۰۰	۱۶۷	۱۰	کل

شکل ۱- الگوهای SSCP مشاهده شده



1. Arrieta-Aguirre, I., K. Garcia-Etxebarria and B. M. Jugo. 2005. Optimization of the MHC Ovar-DRB1 gene typing. Brief communication, 67:222-228
2. Ballingall, KT., H. Wright., J. Redmond., B.M. Dutia., J. Hopkins., J. Lang., EV. Deverson., JC. Howard., N. Puri and D. Haig. 1992. Expression and characterization of ovine major histocompatibility complex class II (OLA-DR) genes. Anim Genet, 23:347-359
3. Begona, M and A.V. Jugo. 2000. Single-strand conformational polymorphism and sequence polymorphism of MHC-DRB in latxa and karrantzarsheep: implications for caprinae phylogeny. Immunogenetics, 51:887-897
4. Fujita, K and J. Silver. 1994. Single-strand conformational polymorphism. Genome Research, 4:137-140
- Derakhshandeh, and R. Talebnia. 2011. Exon2 Ovar-DRB1 gene polymorphism in the Iranian Sangsari sheep. International journal of veterinary Research, 5:59-62
5. Jugo, BM and Vicario. 2001. Lymphocyte antigen in sheep: LiNkage to the MHC class II DRB1 gene. European Journal of Immunogenetics, 28:451-458
6. Keith, T., Ballingall and T. Riccardi. 2010. Sequence based genotyping of the sheep MHC class II DRB1 locus. Immunogenetics, 62:31-39.
7. Konnai, S., Y. Nagaoka., S. Takeshima., M. Onumat. and Y. Aida. 2003. Sequences and diversity of 17 new ovar-DRB1 alleles from three breeds of sheep. Immunogenetics, 30:275-282
8. Ren yan, l., J. Bin., ju. Z. Wen., ZH. Zong sheng., SH. Guo qing., SH. Hong., P. Qiang., L. Li min., ZH. Qi wei and Du. Chun. 2010. Analysis of the relationship between MHC-DRB1 gene polymorphism and hydatidosis in kazakh sheep. journal animal science, 9:1145-1151
- Salamon, H., W. Klitz and S. Pastel. 1996. Evolution of HLA class II molecules: allelic and amino acid site variability across populations. Genetics, 152:393-400
9. Tkacikova, L., MR. Bhiide and I. Mikula. 2005. asymmetric PCR-SSCP: a Useful Tool for Detection of OLA_DRB1 MHC Class II) Gene Polymorphism in Slovak Improved Valachian sheep. Acta Veterinaria Brno, 74:275-278
10. Zhou, H., J. G. H. Hickford and Q. Fang. 2005. Polymorphism of the DQA2 gene in goats. journal animal science, 83:9630-96

Polymorphism of exon 2 of Ovar-DRB1 in Iranian lori bakhtiari sheep using PCR-SSCP method.
Salehian Dehkordi H^{*1}, Zamani P¹, Doosti A², Amini Farsani Z², Falaki Moghadam H¹

1-Department of Animal Science, Faculty of Agriculture Buali Sina University, Hamedan, Iran.

2-Biotechnology Research Center, Islamic Azad University, Shahrekord Branch, Shahrekord, Iran

corresponding author: Salehian Dehkordi H, E-mail address: hosein_salehi6@yahoo.com

Abstract

DRB1 is a part of Major Histocompatibility Complex (MHC) and plays an important role in disease resistance and immunological response in mammals. This study was conducted to analyze exon 2 of Ovar -DRB1 gene polymorphism in lori bakhtiari sheep, using PCR-SSCP method. Genomic DNA was extracted from whole blood samples collected from 167 sheep. A 285 pb segment in exon 2 of Ovar DRB1 was amplified using polymerase chain reaction (PCR) and genotyped using SSCP method. Ten different SSCP patterns were identified in this study. Four patterns were the most frequent and accounted for 74.24% of the total patterns. The results showed that the studied part of exon 2 in Ovar-DRB1 is highly polymorphic in lori bakhtiari sheep and PCR-SSCP method could be applied for analysis of this region.

Keywords: Ovar-DRB1_ lori bakhtiari sheep_ PCR-SSCP

بررسی اثرات مادری موثر بر برخی صفات رشد در گوسفند کردی

زهرا داوری و رانلو^{۱*}، سعید حسینی^۲، مجتبی آهنی آذری^۲، فیروز صمدی^۲، سونیا زکی زاده^۳، علیرضا خان احمدی^۴

^۱ دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

^۲ گروه علوم دامی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

^۳ گروه علوم دامی مجتمع آموزش عالی جهاد کشاورزی خراسان رضوی، مشهد

^۴ گروه علوم دامی مجتمع آموزش عالی گنبد کاووس

* زهرا داوری و رانلو zahradavari8420@yahoo.com

چکیده

هدف از تحقیق حاضر ارزیابی اثرات مادری موثر بر صفات اولیه رشد گوسفند کردی با استفاده از اثرات ژنتیکی مستقیم، ژنتیکی مادری و محیطی دائم مادری بود. اطلاعات استفاده شده در این مطالعه از ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند کردی شهر شیروان طی سالهای ۱۳۶۹ تا ۱۳۸۹ جمع آوری شده بود. وراثت پذیری هر صفت (با برازش اثرات ژنتیکی مادری و محیط دائمی مادری) با استفاده از مدل حیوانی تک صفتی برآورد گردید. به منظور تعیین مناسب ترین مدل برای برآورد مولفه های واریانس و پارامترهای ژنتیکی از آزمون نسبت لگاریتم درست نمایی استفاده شد. در این آزمون مدلی که بیشترین لگاریتم درست نمایی را دارد به عنوان مدل مبنا انتخاب می شود. بر اساس مناسبترین مدل دام برازش یافته، در این تحقیق وراثت پذیری مستقیم وزن تولد، وزن از شیرگیری و وزن شش ماهگی به ترتیب ۰/۰۹، ۰/۱۵، و ۰/۱۷ و وراثت پذیری مادری برای این صفات به ترتیب ۰/۱۰، ۰/۰۴ و ۰/۰۴ برآورد شد.

کلمات کلیدی: اثر مادری، وزن بدن، پارامترهای ژنتیکی، گوسفند کردی

مقدمه

هر نوع تاثیر مادر بر عملکرد فرزندان به جز اثر ژن هایی که به طور مستقیم منتقل می شوند، به عنوان اثر مادری تعریف می گردد. پژوهشگران معتقد هستند وقتی که در برآورد مولفه های واریانس از مدل دام استفاده می شود، در صورتی که اثر مادری در نظر گرفته نشود، برآورد مولفه های واریانس ژنتیکی مستقیم بیش از حد برآورد شده و در نتیجه صحت برآورد وراثت پذیری و سایر پارامترهای ژنتیکی کاهش می یابد (10). صفات رشد اولیه گوسفندان جهت افزایش موفقیت اقتصادی لاشه تولیدی بره ها مهم می باشد. فاکتورهای زیادی وزن تولد و رشد قبل از شیر گیری بره ها را تحت تاثیر قرار می دهد. این فاکتور ها شامل اثر ژنتیکی مستقیم، اثر ژنتیکی مادری و اثرات محیطی می باشد که بر روی بره و مادرش هر دو موثر هستند به هر حال برای پیشرفت ژنتیکی در برنامه های انتخابی باید به هر دو اثر مستقیم و مادری توجه نمود (2). هدف از این پژوهش بررسی تاثیر عوامل مادری در برآورد مولفه های کوواریانس و پارامترهای ژنتیکی اثرات مستقیم و مادری صفات وزن بدن در هنگام تولد، از شیر گیری، ۶ ماهگی و ۹ ماهگی بره های کردی توسط 6 مدل دامی مختلف می باشد.

مواد و روشها

این پژوهش با استفاده از اطلاعات شجره‌ای و رکوردهای وزن بدن جمع‌آوری شده در طی سال‌های ۱۳۶۹ تا ۱۳۸۹ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند کردی واقع در روستای حسین‌آباد (۱۲ کیلومتری شهرستان شیروان) انجام شد. این اطلاعات شامل شماره حیوان، شماره پدر و مادر، سال زایش، جنس حیوان، نوع تولد (یک یا دو قلو) و سن مادر در هنگام زایش بود. علاوه بر این اطلاعات رکوردهای مربوط به صفات وزن‌های تولد، از شیرگیری، شش‌ماهگی و ۹ ماهگی را نیز شامل می‌شود. برآورد اجزاء واریانس، برخی پارامترهای ژنتیکی و محاسبه ارزش‌های اصلاحی دام‌ها در مورد هر صفت از طریق برازش ۶ مدل دام یک متغیره به روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده، با الگوریتم بدون مشتق‌گیری با استفاده از برنامه DFUNI نرم‌افزار DFREML 3.1 صورت گرفت. برای هر یک از این مدل‌ها تابع درست‌نمایی با روش سیمپلکس این نرم‌افزار حداکثر گردید. معیار همگرایی برای توقف تکرارها 10^{-8} در نظر گرفته شد. به منظور یافتن مناسب‌ترین مدل در برگزیده اثرات ثابت و تصادفی مؤثر بر هر یک از صفات مورد بررسی مدل‌های زیر، با و بدون در نظر گرفتن اثرات مادری شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مادری و اثرات محیطی دائمی مادری در مدل، آزمون شدند. مدل‌های آزمون شده به صورت زیر می‌باشند (۵):

(مدل ۱)	$Y = Xb + Z_1a + e$
(مدل ۲)	$Y = Xb + Z_1a + Z_2c + e$
(مدل ۳)	$Cov(a, m) = 0$ $Y = Xb + Z_1a + Z_3m + e$
(مدل ۴)	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$ $Y = Xb + Z_1a + Z_3m + e$
(مدل ۵)	$Cov(a, m) = 0$ $Y = Xb + Z_1a + Z_2c + Z_3m + e$
(مدل ۶)	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$ $Y = Xb + Z_1a + Z_2c + Z_3m + e$

Y = بردار مشاهدات برای صفت مورد استفاده

b = بردار اثرات ثابت

a = بردار اثرات ژنتیکی مستقیم

m = بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری

c = بردار اثرات محیطی دائمی مادری

X = ماتریس ضرایب که اثرات ثابت را به مشاهدات مربوط می‌کند.

Z_1 = ماتریس ضرایب که اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم را به مشاهدات مربوط می‌کند.

Z_2 = ماتریس ضرایب که اثرات محیطی دائمی مادری را به مشاهدات مربوط می‌کند.

Z_3 = ماتریس ضرایب که اثرات ژنتیکی افزایشی مادری را به مشاهدات مربوط می‌کند.

e = بردار اثرات باقی‌مانده

$Cov(a, m)$ = کوواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری

جهت بدست آوردن مناسب‌ترین مدل از مقدار نسبت درست‌نمایی برای هر صفت استفاده شد.

نتایج و بحث

اطلاعات توصیفی صفات به طور خلاصه در جدول شماره ۱ آورده شده است. بر اساس نسبت درست‌نمایی صفات، مناسب‌ترین

مدل برای وزن تولد، وزن از شیرگیری و وزن ۶ ماهگی مدل ۶ و برای وزن ۹ ماهگی مدل ۲ می‌باشد.

شماره ۱ خلاصه آماری مربوط به صفات مربوط به وزن بدن جدول

ضریب	تعداد	صفت
تغییرات	حداقل	حداکثر
انحراف معیار	میانگین	وزن تولد
۱۳/۷	۰/۷۲	۴/۳
۱۶/۹۵	۵/۱۸	۲۳/۲۶
۱۴/۲۳	۶/۳۳	۳۱/۵۸
۵۳	۱۱	۴۷۱۱
۷/۳	۴۰	۵۸۰۶
۱/۴	۷/۲	۶۰۴۷
شیرگیری	وزن ۶	ماهگی

مقدار وراثت پذیری مستقیم و مادری برای وزن تولد در این تحقیق ۰/۰۹ و ۰/۱ برآورد شد. مقدار وراثت پذیری مستقیم برآورد شده بین ۰/۰۴ تا ۰/۴۶ و وراثت پذیری مادری برآورد شده بین ۰/۰۹ تا ۰/۵۹ در گزارشات متغیر می باشد (۷ و ۸ و ۹). مقدار کم وراثت پذیری برآورده شده در این پژوهش احتمالاً به این دلیل است که اثرات ژنتیکی مستقیم خود دام بر وزن تولد کم است و اثرات دیگری مثل اثرات مادری در بروز این صفت اهمیت بیشتری دارند. مقدار وراثت پذیری مستقیم برای وزن از شیر گیری در این تحقیق ۰/۱۵ برآورد شد که مشابه با مقدار وراثت پذیری مستقیم برآورد شده در سایر گزارشات می باشد (۶ و ۸). همچنین مقدار وراثت پذیری مادری برآورد شده برای این صفت ۰/۰۴ بدست آمد. مقدار وراثت پذیری مستقیم برای وزن شش ماهگی و ۹ ماهگی به ترتیب ۰/۱۷ و ۰/۱۲ برآورد شد که در مشابه با سایر گزارشات در این زمینه کمتر بود (۴ و ۳ و ۸). مولفه واریانس ژنتیکی مستقیم برآورد شده توسط مدل دام 1 بزرگتر از مقدار آن در سایر مدل ها می باشد و این امر باعث برآورد بالاتر ضریب وراثت پذیری مستقیم می شود. در تحقیقات مشابه انجام شده نیز نشان داده شده است که وقتی از مدل دام جهت برآورد مولفه های واریانس استفاده شود و آثار مادری در مدل لحاظ نشود، باعث برآورد بیش از حد ضریب وراثت پذیری می شود (۱). در این تحقیق زمانی که در مدل اثر عوامل محیطی دائم مادری و اثر ژنتیکی مادری نیز لحاظ شد، میزان برآورد واریانس ژنتیکی مستقیم کاهش یافت و تغییر در میزان لگاریتم درستی معنی دار به دست آمد. بهترین نتیجه پژوهش حاضر این است که اثرات مادری بر وزن های تولد، از شیر گیری و ۶ ماهگی بره های کردی معنی دار می باشند و در صورتی که از آن صرف نظر شود، باعث ارزیابی ژنتیکی نادرست بره ها می شود.

جدول ۲ - انتخاب بهترین مدل برای برآورد وراثت پذیری

صفت	مدل ۱	مدل ۲	مدل ۳	مدل ۴	مدل ۵	مدل ۶
	h^2_{*a}	h^2_a	c^{2*}	h^2_a	h^2_{*m}	h^2_m
وزن تولد	۰/۳۴	۰/۱۴	۰/۲۱	۰/۰۹	۰/۲۳	۰/۰۸
	۰/۱۱	۰/۱۰	۰/۰۹	۰/۱۱	۰/۱۱	۰/۲۳
	۰/۱۱	۰/۱۰	۰/۰۹	۰/۱۱	۰/۱۱	۰/۲۳

وزن شیرگیری	۰/۲۰	۰/۱۲	۰/۱۱	۰/۱۲	۰/۰۹	۰/۱۵	۰/۱۴	۰/۱۱	۰/۰۲	۰/۰۹	۰/۱۵	۰/۰۴	۰/۱۰
وزن ۶ ماهگی	۰/۲۵	۰/۲۰	۰/۰۵	۰/۱۷	۰/۰۶	۰/۱۶	۰/۰۵	۰/۱۷	۰/۰۵	۰/۰۱	۰/۱۷	۰/۰۴	۰/۰۱
وزن ۹ ماهگی	۰/۲۱	۰/۱۲	۰/۱۱	۰/۰۸	۰/۱۱	۰/۰۸	۰/۰۵	۰/۱۰	۰/۰۳	۰/۰۹	۰/۰۸	۰/۰۱	۰/۰۷

h^2a = وراثت پذیری مستقیم، c^2 = نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی، h^2m = وراثت پذیری مادری، دامنه خطای استاندارد = $0/08 - 0/02$ ، دامنه همبستگی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری = $0/26 - 0/79$

منابع

- و پذیری وراثت برآورد در مادری صفات تاثیر (1384) ولک ون دیل، شاهرودی افتخار فریدون. رضا محمد، بهزادی بحرینی 1 شماره. نهم سال. طبیعی منابع و کشاورزی فنون و علوم مجله. کرمانی گوسفند در اولیه رشد صفات بر موثر محیطی عوامل تعیین 195-202 . اول
- Blent, E., M. Ozcan, A. Yilmaz and A. Y. Ceyhan. (2004). Estimates of genetic parameters for direct and maternal effect with six different models on birth and weaning weight of Turkish Merino ambs. Turk. J. Vet. Anim. Sci. 28. 383-389.
- El Fadilli, M., Michaux, C., Detilleux, J., Leroy, P. L. (2000). Genetic parameters for growth traits of the Moroccan Timahdit breed of sheep. Small Rumin. Res. 37, 203-208.
- Gizaw, S., Lemma, S., Komen, H., Van Arendonk, J. A. M. (2007). Estimates of genetic parameters and genetic trends for live weight and fleece traits in Menz sheep. Small Rumin. Res. 70, 145-153.
- Meyer, K. (2000). DFREML: Program to estimate variance components by restricted maximum likelihood, using a derivative free algorithm. User notes, version 3.1.
- Mousa, E., Van Vleck, L. D., Leymaster, K. A. (1999). Genetic parameters for growth traits for a composite terminal sire breed of sheep. J. Anim. Sci. 77, 1659-1665.
- Maria, G. A., Boldman, K. G., Van Vleck, L. D. (1993). Estimates of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Romanov sheep. J. Anim. Sci. 71, 845-849.
- Snyman, M. A., Erasmus, G. J., Van Wyk, J. B., Olivier, J. J. (1995). Direct and maternal (co)variance components and heritability estimates for body weight at different ages and fleece traits in Afrino sheep. Livest. Prod. Sci. 44, 229-235.

Study of maternal effects on growth traits in Kurdish sheep

Z. Davari^{*1}, S. Hasani², M. Ahani Azari², F. Samadi², S. Zakizadeh³ and A. Khan Ahmadi⁴

1, 2 Department of Animal Science, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

3 Department of Animal Science, Khorasan Razavi High Education Center

4 Instructor, Department of Animal Science, Gonbad High Education Center

*zahradavari8420@yahoo.com

Abstract

The present study was conducted to estimate the genetic parameters and to assess the existence of maternal effects for growth traits in population of Kurdish sheep by separating direct genetic,

maternal genetic and maternal permanent environmental effects. The records were collected from 1991-2011. Heritability of each trait was estimated using univariate animal model (including maternal genetic and permanent environmental effects). The best model was determined using likelihood ratio test for each trait. For birth weight, weaning weight and 6month weight, the model consisting of maternal genetic and permanent environmental effects (assuming $Covam \neq 0$), for 9 month weight, the model consisting of permanent environmental effects was the best. On the best model, the values of 0.09, 0.15 and 0.17 for direct heritability and values of 0.1, 0.04 and 0.04 were obtained for birth weight; weaning weight and 6month weight were respectively.

Key word: maternal effects, body weight, genetic parameters, Kurdish sheep

بررسی چندشکلی ناحیه اگزون ۳ ژن CYP19 در گوسفند بلوچی به روش PCR-SSCP

آیدا اسدی، محمد باقر منتظر تربتی، همایون فرهنگ فر و علی ایزانلو

دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند

* نویسنده مسئول: آیدا اسدی، id_as27@yahoo.com

چکیده

به منظور بررسی چندشکلی ناحیه اگزون ۳ ژن CYP19 در گوسفندان بلوچی از نمونه های خون مربوط به ۱۱۳ راس دام جهت استخراج DNA استفاده شد. استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته انجام شد. کمیت و کیفیت DNA استخراج شده با دستگاه نانودراپ ۲۰۰۰ سنجیده شد. پس از تکثیر ناحیه مورد نظر از ژل پلی آکرلامید ۱۰٪ جهت تعیین ژنوتیپ استفاده شد. نتایج دو ژنوتیپ AA, AB را در جمعیت نشان داد. فراوانی های آلی در جمعیت ۰/۲۴۵۵ و ۰/۷۵۴۵ به ترتیب برای آللهای A و B بود. فراوانی ژنوتیپ AB ۴۹/۹ و ژنوتیپ AA ۵۰/۱ بود. با آزمون کای مربع مشخص شد که تعادل هاردی-واینبرگ در جمعیت مذکور وجود ندارد. شاخص شانون در این جمعیت ۰/۵۵ و تعداد آلل موثر ۱/۵۸ برآورد شد.

کلمات کلیدی: آروماتاز - گوسفند بلوچی - چندشکلی - PCR-SSCP

مقدمه

گونه های نشخوارکننده در کوتیلدون های جفت خود استروژن تولید می کنند. وظیفه استروژن جفت در طول دوران جنینی تغییر می کند. ابتدا به همراه پروژسترون در تمایز و رشد تروفوبلاست به عنوان فعال کننده موضعی عمل می کند. دوم اینکه پیک استروژن در شروع آبستنی و نرم شدن سرویکس موثر است. در نشخوار کنندگان سطوح پایین استروژن و کاهش پیک استروژن پیش از زایمان با افزایش نرخ سقط، دیستوشیا و جفت ماندگی مرتبط است (۱). استروژن با آروماتیزاسیون پیش سازهای آندروژنی که توسط آنزیم آروماتاز کاتالیز می شود، ساخته می شود. عمل این آنزیم برگشت ناپذیر است. بیوسنتز استروژن در بافتهای مختلف بستگی به بیان ژن کدکننده آروماتاز یعنی CYP19 دارد و سطح استروژن هم با فعالیت آروماتاز و هم با بیان ژن CYP19 مرتبط است. محصول این ژن در جفت، تخمدان، بیضه، بافت چربی، استخوان و مغز یافت می شود (۴).

با توجه به این که استروژن با تاثیر بر سلول های پستانی و افزایش گیرنده های هورمونهای رشد و پرولاکتین در این سلولها به طور غیر مستقیم بر لاکتوژنز تاثیر دارد و نیز با رشد خطی مرتبط است، ژن CYP19 نیز می تواند بر تولید شیر و صفات رشد تاثیر داشته باشد.

روش PCR-SSCP به دلیل عدم پیچیدگی و سهولت تفسیر باندهای ایجاد شده به طور گسترده ای برای شناسایی جهش ها به کار می رود. در این روش توالی مد نظر با واکنش زنجیره ای پلیمرز تکثیر می شود و محصول PCR به صورت یک مولکول تک رشته ای با الکتروفورز روی ژل پلی آکرلامید و الگوهای به دست آمده جهت تعیین ژنوتیپ بررسی می شوند.

تاکنون چندشکلی این ژن در گوسفندان بلوچی بررسی نشده است. بنابراین هدف از این مطالعه بررسی چندشکلی ژن CYP19 و تعیین فراوانی های آلی و ژنوتیپی آن در گوسفندان بلوچی است.

حاضر که شاید به دلیل تفاوت در اندازه نمونه تحت بررسی و کم بودن فراوانی آلل A در جمعیت تحت بررسی در مطالعه ما باشد. همچنین شاخص شانون نشان می دهد تنوع چندانی در جمعیت وجود ندارد که احتمالا به دلیل اجرای برنامه های اصلاحی و انتخاب در مرکز اصلاح نژاد عباس آباد مشهد باشد. آزمون کای مربع برای تعادل هاردی-واینبرگ نشان داد تعادل در جمعیت وجود ندارد که می تواند به دلیل بزرگ نبودن نمونه مورد بررسی و وجود عوامل برهم زننده تعادل نظیر انتخاب به دلیل اجرای برنامه های اصلاحی در جمعیت مورد بررسی باشد.

منابع

1. Conley, A.J. and A.C. Assis Neto. 2008. The ontogeny of fetal adrenal steroidogenesis as a prerequisite for the initiation of parturition. *Experimental Clinical Endocrinol Diabetes*. 116:385-392.
2. Lôbo, A.M.B.L., R.N.B. Lobo and S.R. Paiva. 2009. Aromatase gene and its effects on growth, reproductive and maternal ability traits in a multibreed sheep population from Brazil. *Genetics and Molecular Biology*. 32(3): 484-490.
3. Miller, S. A., D. D. Dykes and H. F. Polesky. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research* 16(3): 1215.
4. Schuler G., H. Greven, M.P. Kowalewski, B. Doring, G.R. Ozalp and B. Hoffmann. 2008. Placental steroids in cattle: hormones, placental growth factors or byproducts of trophoblast giant cell differentiation?. *Experimental Clinical Endocrinol Diabetes*, 116:429-436
5. Vanselow, J., A. Zsolnai, L. Fésus, P. Schmidt and M.A. Schwerin. 1999. Bsp143I PCR-RFLP in exon 3 of the ovine aromatase gene (CYP19). *Animal Genetics*. 30:382-405

Study of exon3 of CYP19 gene polymorphism in Baluchi sheep by PCR-SSCP
Ida Assadi, Mohamad Bagher Montazer Torbati, Hodayun Farhangfar and Ali Izanlu
Faculty of agriculture, Birjand university
Corresponding E-mail address: id_as27@yahoo.com

Abstract

To study polymorphism of CYP19 gene in Baluchi sheep, a total number of 113 blood samples were analyzed. DNA extraction was performed by salting out method. Quality and quantity of isolated DNA were assessed by Nanodrop2000 spectrophotometer. Polyacrylamide gel was utilized to identify genotypes. The results revealed 2 genotypes: BB and AB with a frequency of 0.501 and 0.491, respectively. Allelic frequency was 0.2455 for allele A and 0.7545 for allele B. Chi-square test revealed that Hardy-Weinberg equilibrium does not exist in the population. Shannon index and number of effective alleles were 0.55 and 1.58, respectively.

Key words: CYP19 gene- Aromatase- Baluchi sheep- Polymorphism- PCR-SSCP

برآورد پارامترهای ژنتیکی برخی صفات تولیدمثلی گاو میش های ایران به کمک مدل حیوان چندصفتی
فاطمه علاء نوشهر^۱ و جلیل شجاع^۲

۱ - دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام ۲- عضو هیئت علمی دانشگاه تبریز

*نویسنده مسئول: فاطمه علاء نوشهر، آدرس مکاتباتی: اردبیل، بزرگراه شهداء، خیابان حکیم نظامی، کوچه دوم، پلاک ۹، واحد ۳

Fatemehala@rocketmail.com

چکیده

هدف از این بررسی تخمین پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدمثلی گاو میش های ایران به کمک مدل حیوانی چند صفتی است. ۹۳۵۶ رکورد شیری از گله های گاو میش آذربایجان غربی که شامل رکوردهای طول دوره شیردهی، فاصله زایش، طول دوره خشک، تعداد روزهای باز بود، که توسط مدل حیوان چند صفتی با حداکثر درست نمایی به کمک نرم افزارهای DF-REME و MATVEC آنالیز گشت. تخمین وراثت پذیری برای دوره شیردهی، فاصله زایش، طول دوره خشک و تعداد روزهای باز به ترتیب ۰،۰۹۵، ۰،۰۷۶، ۰،۱۴ و ۰،۰۸۵ و تکرارپذیری ۰،۲۹، ۰،۱۶، ۰،۲۸ و ۰،۲۱ بدست آمد. همبستگی ژنتیکی بین این صفات پایین و مثبت بود، به جز بین دوره شیردهی و دوره خشک که منفی بدست آمد. مقادیر مشابهی برای همبستگی های فنوتیپی مشاهده شد اما نسبت به همبستگی ژنتیکی بالاتر بود. تخمین همبستگی ژنتیکی و محیطی بین تمامی صفات امکان توسعه یک برنامه انتخابی برای پیشرفت صفات شیری را نشان می دهد.

کلید واژه: گاو میش - صفات تولیدمثلی - پارامترهای ژنتیکی - مدل حیوان چندصفتی

مقدمه

در ایران تعداد زیادی از نژادهای دام وجود دارد که مطالعات نسبتاً محدودی در زمینه خصوصیات ژنتیکی صفات تولیدی آنها صورت گرفته است. برای بهبود بخشیدن و بالا بردن سطح تولیدات این نژادها شناخت خصوصیات ژنتیکی این صفات بسیار مهم است. دوره شیردهی کوتاه، فاصله گوساله زایی بلند، دوره خشک بلند و تعداد زیاد روزهای باز از صفات مهم گاو میش می باشد. این صفات وراثت پذیری پایین داشته و به میزان زیادی تحت تاثیر فاکتورهای محیطی می باشد. (۳ و ۴). کسب حتی دانش اندکی در مورد مقدار و نحوه تاثیر این تغییرات محیطی، برای کاربرد آن در برنامه های اصلاح نژادی و مدیریت بسیار ضروری است. بازده تولید زیاد گاو میش شیری، عملکرد بالای شیر با چربی و مواد جامد بالا از یک طرف و از طرف دیگر به علت وجود اطلاعات کم در مورد پارامترهای ژنتیکی صفات عملکردی، باعث شده که این حیوان برای کشورهای در حال توسعه بسیار ارزشمند باشد. هدف اصلی از اصلاح نژاد گاو میش افزایش راندمان تولید در حیوانات گله از طریق ایجاد پیشرفت ژنتیکی برای صفات تولیدی و عملکردی است. برآورد وراثت پذیری و همبستگی های ژنتیکی و محیطی صفات فوق برای پیش بینی ارزش ارثی حیوانات ضروری است و در اکثر کشورهای توسعه یافته برآورد مولفه های واریانس از طریق مدل حیوانی با روش حداکثر درست نمایی محدود شده به علت ویژگی های مطلوب و قابلیت انعطاف آن استفاده گسترده ای پیدا کرده است. هدف از این تحقیق تعیین اثرات برخی فاکتورهای محیطی روی دوره شیردهی، فاصله گوساله زایی، دوره خشک و تعداد روزهای باز و تخمین وراثت پذیری و تکرارپذیری و ضرایب همبستگی ژنتیکی و محیطی بین صفات ذکر شده است.

مواد و روش‌ها

در تحقیق حاضر از اطلاعات صفات تولیدمثلی شامل طول دوره شیردهی، روزهای خشک و باز و فاصله گوساله زایی ۹۳۵۶ رأس گاومیش از مرکز تحقیقات اصلاح نژاد ارومیه که در مدت ۱۰ سال (۱۳۷۹ - ۱۳۸۹) جمع‌آوری شده بود، استفاده گردید. رکوردها بر اساس حیوان، پدر، مادر، سال زایش، فصل زایش و جنس دسته بندی شدند. رکوردهای دارای دوره شیردهی طولانی تر از ۴۰۰ روز و کمتر از ۱۲۰ روز و فاقد شجره حذف گردید. برای حذف داده‌های پرت و دور افتاده و تعیین حداقل و حداکثر مقادیر قابل قبول و معنی دار بودن صفات مورد بررسی از نرم افزار SAS و Proc GLM استفاده شد (۵).

مدل آماری طرح:

مدل ماتریسی

$$y = Xb + Za + w_{pe} + e$$

Y: بردار مشاهدات؛ b: بردار اثرات ثابت (سال-گله-فصل زایش)؛ a: بردار اثرات تصادفی حیوان؛ pe: بردار اثرات محیطی دائم؛ e: بردار اثرات باقیمانده و W, Z, X ماتریکس اثرات ثابت، تصادفی و محیطی دائم می باشد. پارامترهای ژنتیکی و همبستگی ها توسط نرم افزار MATVEC (۷) و نیز از نرم افزار DFREML استفاده شد (۲).

مدل اسکالر

$$y_{ijklmn} = \mu + HYS_i + A_j + Od_k + Dd_l + Lac_m + lacper_n + calinterval_h + PE_f + e_{ijklmnhf}$$

که در آن y_{ijklmn} مشاهدات؛ μ میانگین جمعیت؛ HYS_i اثر ثابت گله - سال زایش - فصل زایش؛ A_j اثر تصادفی حیوان؛ Od_k اثر ثابت k امین طول روزهای باز؛ Dd_l اثر ثابت l امین طول روزهای خشک؛ Lac_m اثر ثابت m امین دوره شیردهی؛ $lacper_n$ اثر ثابت n امین طول دوره شیردهی؛ $calinterval_h$ اثر ثابت h امین فاصله گوساله زایی؛ PE_f اثرات محیطی و $e_{ijklmnhf}$ اثر تصادفی عوامل باقیمانده می باشد. همه فاکتورها بجز اثر ژنتیکی حیوان و عوامل باقیمانده در مدل ثابت در نظر گرفته شدند. تکرار پذیری از فرمول فوق محاسبه گردید:

$$t = (\delta_a^2 + \delta_c^2) / \delta_p^2$$

نتایج و بحث

توصیف آماری

اثرات جفت، فصل و سال زایش روی صفات مورد بررسی معنادار بود ($p \leq 0.01$). زایمان‌هایی که در فصل تابستان و پاییز رخ می‌دهند، میانگین حداقل مربعات طول روزهای خشک کمتری نسبت به آنهایی دارند که در فصول بهار و زمستان زایش می‌کنند. کمترین طول روزهای باز مربوط به فصل پاییز و بیشترین مربوط به فصل بهار بدست آمد. بیشترین فاصله گوساله‌زایی و طول دوره شیردهی در فصل زمستان مشاهده شد. نتایج حاصل با تحقیقات قبلی مطابقت داشت (۴ و ۶).

تخمین پارامترهای ژنتیکی و همبستگی بین صفات

تخمین همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی در جدول ۱ روی اجزاء غیر قطر و وراثت پذیری روی قطر آورده شده است. وراثت پذیری صفات پایین، و بالاترین وراثت پذیری برای دوره خشکی بدست آمد. همبستگی ژنتیکی بین صفات مثبت، بجز بین دوره شیردهی و دوره خشک، که منفی برآورد گشت. همبستگی فنوتیپی متوسط به بالا و بیشتر از همبستگی‌های ژنتیکی بود. بالاترین ضریب بین فاصله گوساله زایی و تعداد روزهای باز بود. تمامی ضرایب بجز ضریب همبستگی فنوتیپی بین طول دوره شیردهی و دوره خشک، مثبت بدست آمد. نتایج نشان داد که حیوانات، دوره شیردهی کوتاه، فاصله گوساله زایی بلند، دوره خشک طولانی و

تعداد روزهای باز زیادی دارند. وراثت پذیری و تکرارپذیری صفات و نیز همبستگی ژنتیکی بین آنها پایین بدست آمد، که نشان می‌دهد این صفات بسیار تحت تاثیر اثرات غیر ژنتیکی هستند. نتایج این بررسی با نتایج تحقیقات قبلی مطابقت داشت (۱، ۳، ۴ و ۶). نیاز است که توسط برنامه‌های انتخابی و مدیریتی و نیز تغذیه مناسب، طول فاصله گوساله‌زایی و روزهای باز در گله‌ها کاهش یابد.

جدول ۱- برآورد همبستگی ژنتیکی (بالای قطر) و همبستگی فنوتیپی (پایین قطر) و وراثت‌پذیری روی قطر صفات مورد مطالعه

صفت	طول دوره شیردهی	فاصله گوساله‌زایی	طول دوره خشک	تعداد روزهای باز
طول دوره شیردهی	۰/۰۹۵	۰/۰۹	-۰/۳۱	۰/۰۸
فاصله گوساله‌زایی	۰/۴۹	۰/۰۷۶	۰/۲۶	۰/۳۲
طول دوره خشک	-۰/۳۹	۰/۴۹	۰/۱۴	۰/۲۲
تعداد روزهای باز	۰/۴۶	۰/۹۰	۰/۴۷	۰/۰۸۵
تکرارپذیری	۰/۲۹	۰/۱۶	۰/۲۸	۰/۲۱

منابع

1. Afifi, E.A., Khalil, M.H., Bedeir, L.H. & Zeidan, S.M., 1992. Genetic analysis of reproductive traits in Egyptian buffaloes. Egypt. J. Anim. Prod., 29, 139-154.
2. Meyer, K. 1997. DFREML version 3.0. User notes. Animal genetics and breeding unit, Univ. New England, Armidale, NSW, Australia.
3. Mourad, Kawthar A., Khattab, A.S. & Ibrahim, M.A.R., 1989. Effect of genetic and non-genetic factors on reproductive traits in Egyptian buffaloes. Buffalo Bulletin 8, 9-16.
4. Parakash, A., Tripathi, V.N. & Tomer, S.S., 1989. Genetic analysis of reproductive traits of Murrah buffaloes. Indian J. Dairy Sci. 42, 426-430.
5. SAS Institute. 2002. SAS/STAT. 9 user's guide. Vol. 1, 2, and 3. SAS Inst., Cary, NC.
6. Tonhati, H., Vasconcellos, F.B. & Albuquerque, L.G., 2000. Genetic aspects of productive and reproductive traits in a Murrah buffalo herd in São Paulo, Brazil. J. Anim. Breed. Genet. 117, 331-336.
7. Wang, T., R. L. Fernando and S. D. Kachman. MATVEC User's Guide. version 1.03.

Genetic parameters estimation of some reproductive traits in Iranian buffaloes with using multi-trait animal model

Fatemeh Ala Noshahr¹ and Jalil Shodja²

- 1- PHD students of Genetic and Animal breeding Sciences 2- Associated Professor of Genetic and Animal breeding Sciences of Tabriz University
* Corresponding E-mail address: Fatemehala@rocketmail.com

Abstract

The objective of the present study was to estimate genetic and phenotypic parameters for some reproductive traits Iranian dairy buffaloes using a multi-trait animal model. 9536 records of azarbaijane gharbi farms of Iranian dairy buffaloes included lactation period, calving interval, number of days open and dry period were performed with using restricted maximum likelihood method under an animal model by DF-REMEL and MATVEC software. The heritability estimation for lactation period, calving interval, dry period and number of days open were 0.095, 0.076, 0.14 and 0.085 respectively and repeatability 0.29, 0.16, 0.28 and 0.21. Genetic correlation between these traits was low and positive, except for that between lactation period and dry period, which was negative. A similar pattern was observed for phenotypic correlations, but these were higher than those observed for genetic correlations. Genetic correlations between all traits show the possibility of developing a selection scheme to improve characteristics of milk.

Key words: Buffalo- Reproductive traits-Genetic parameters-Multi-trait animal model

مطالعه همبستگی فصل گوساله زایی با تولید شیر و بروز ورم پستان در گاوهای هلشتاین ایران

فاطمه علاء نوشهر

دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام

*نویسنده مسئول: فاطمه علاء نوشهر، آدرس مکاتباتی: اردبیل، بزرگراه شهداء، خیابان حکیم نظامی، کوچه دوم، پلاک ۹، واحد ۳

Fatemehala@rocketmail.com

چکیده

به منظور برآورد همبستگی فصل گوساله زایی با تولید شیر و بروز ورم پستان گاوهای هلشتاین، از ۱۵۹۸۷ رکورد تولید شیر، فصل گوساله زایی و ورم پستان استفاده گردید. برآوردها با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده و در قالب مدل حیوانی و با استفاده از نرم افزار MATVEC انجام شد. وجود یا عدم وجود ورم پستان با کدهای ۱ و ۰ مشخص گردید. فصل گوساله زایی بطور معناداری مقدار تولید شیر را تحت تاثیر قرار میدهد. میانگین تولید شیر گاوهایی که در هوای سرد زایش می کنند نسبت به زایش در هوای گرم بیشتر بدست آمد. همچنین اثر فصل گوساله زایی روی بروز بیماری ورم پستان معنادار برآورد شد. زمانی که گوساله زایی در فصل زمستان رخ میدهد، بیشترین موارد بیماری را شاهد بودیم. گوساله زایی بهاره کمترین موارد ابتلا به بیماری را نشان داد. نتایج نشان داد که تصحیح رکورد های شیر و صفات عملکردی برای عوامل محیطی جهت ارزیابی دام یا در بررسی شاخص و ارزش اصلاحی گاو سودمند خواهد بود.

واژه‌های کلیدی: همبستگی - فصل گوساله زایی - تولید شیر - ورم پستان - گاوهای هلشتاین

مقدمه

امروزه اصلاح‌نژاد برای افزایش تولید، مقاومت ژنتیکی به بیماریها، طول عمر اقتصادی، کاهش مشکلات بهداشتی و افزایش بازده تولیدمثل و... در راستای افزایش سودآوری انجام می‌گیرد. تلاش این علم در راستای هدایت ویژگیهای توارثی جوامع زیستی به سمت مطلوبتر می‌باشد. از سوی دیگر تأثیر عوامل محیطی در بروز صفات اقتصادی مانع از شناخت دقیق ظرفیت ژنتیکی و یا ارزش اصلاحی حیوانات می‌شود لذا باید قبل از برآورد ارزش اصلاحی دامها، عوامل محیطی مؤثر و میزان تأثیر آنها را شناسایی و با یکنواخت کردن اثر محیط، رکورد ها را تصحیح کرد. مطالعات نشان می‌دهد که بیشترین پیشرفت ژنتیکی در انتخاب هنگامی صورت می‌گیرد که بعد از تخمین ارزشهای اصلاحی از طریق معادلات مدل مختلط و انجام محاسبات لازم، حیواناتی را که بالاترین ارزش اصلاحی را دارند، به عنوان والدین نسل آینده گزینش کرد.

ورم‌پستان در گاوهای شیری دارای اهمیت اقتصادی است و آن هم بعلاّت خساراتی است که به صنعت تولید شیر و فرآورده‌های آن وارد می‌کند. البته در اثر بیماری ورم‌پستان تلفات دامی نیز وجود دارد لکن زیان اقتصادی آن به تنهایی مربوط به تلفات نیست بلکه

کاهش مقدار شیر پستان مبتلا و اختلال در فرآوری شیر عمده‌ترین خسارات را تشکیل می‌دهند. از جمله خسارات دیگر آن انتشار ورم‌پستان در سایر دامهای گله و نیز ایجاد گلودرد استرپتوکوکی و یا سل و بروسلوز در انسان است (۶). شیوع بیماری ورم‌پستان در اغلب کشورها حدود ۴۰ درصد است که در بعضی از کشورها آنرا تا ۲۵ درصد کاهش داده‌اند. بطور متوسط ابتلا هر کارتیبه (قسمت) از پستان به بیماری سبب کاهش ۸ درصد تولید شیر آن کارتیبه می‌گردد و بطورکلی در یک گاو مبتلا سبب کاهش ۱۵ درصد از تولید شیر می‌شود (۱). هدف از این تحقیق بررسی اثر فصل گوساله‌زایی روی میزان تولید شیر و بروز ورم‌پستان است.

مواد و روش‌ها

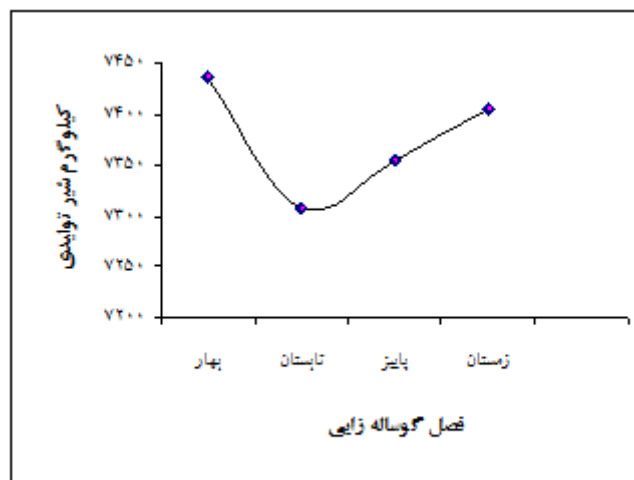
در تحقیق حاضر از اطلاعات صفات تولید شیر، فصل گوساله‌زایی و بیماری ورم‌پستان ۱۵۹۸۷ رأس گاو هلشتاین مرکز اصلاح نژاد دام کشور که در مدت ۱۰ سال (۱۳۸۸-۱۳۷۸) جمع‌آوری شده بود، استفاده گردید. برای پردازش داده‌ها و اصلاحات مورد نیاز و ایجاد بانک اطلاعاتی از نرم‌افزار FoxPro 9.0 استفاده گردید که کلیه عملیات ذخیره‌سازی، نقل و انتقال، حذف، کد گذاری، عملیات جبری و ایجاد متغیرهای مورد نیاز از قبیل محاسبه و ایجاد متغیر مرکب گله-سال- فصل به کمک این نرم‌افزار صورت گرفت. برای حذف داده‌های پرت و دورافتاده و تعیین حداقل و حداکثر مقادیر قابل قبول برای داده‌ها از نرم‌افزار SAS و رویه Univariate Normal استفاده شد. پیش از تشکیل مدل‌های آماری به بررسی معنی‌دار بودن یا نبودن هر یک از عوامل تأثیرگذار در مدل پرداخته شد. این عمل توسط نرم‌افزار SAS و رویه GLM صورت گرفت. رکورد های سالم با شماره صفر و رکورد های مبتلا به ورم‌پستان با شماره یک نامگذاری شدند.

نتایج و بحث

همانطور که در جدول ۱ مشاهده می‌شود زمانیکه دوره خشکی در فصل تابستان رخ داد بیشترین موارد ابتلا به بیماری ورم‌پستان اتفاق افتاد که این اختلاف با سایر فصول در سطح ۰/۰۵ معنی‌دار است ($P < 0/05$). علت این تفاوت را می‌توان به عوامل بیماری‌زای محیطی مثل اشرشیاکلی که طی فصول گرم سال بیشترین اثر خود را می‌گذارند، نسبت داد. در بررسی فصل گوساله‌زایی که در جدول ۲ آورده شده است، زمانیکه گوساله‌زایی در فصل زمستان رخ می‌دهد بیشترین موارد بیماری را شاهد هستیم. گوساله‌زایی بهاره کمترین موارد ابتلا به بیماری را دارا می‌باشد که این اختلاف در سطح ۰/۰۵ معنی‌دار است ($P < 0/05$). نتایج حاصل از این تحقیق با یافته تحقیقات قبلی مطابقت داشت (۱، ۳ و ۶).

جدول ۱. اثر فصل دوره خشکی بر میزان بروز ورم‌پستان			جدول ۲. اثر فصل بعد از گوساله‌زایی بر بروز ورم‌پستان		
فصل خشکی	تعداد مشاهدات	میانگین بروز بیماری (%)	فصل گوساله‌زایی	تعداد مشاهدات	میانگین بروز بیماری (%)
بهار	۶۳۷	۱/۵۲ ^a	بهار	۶۰۷	۵/۹۰ ^a
تابستان	۷۰۷	۴/۵۵ ^b	تابستان	۶۳۱	۶/۱۸ ^a
پاییز	۶۵۶	۲/۹۷ ^{ab}	پاییز	۶۲۴	۶/۰۹ ^a

مقدار تولید شیر در فصول مختلف سال بعّلت تغییر شرایط آب و هوایی و درجه حرارت محیط متفاوت است. میانگین تولید شیر ۳۰۵ روز گاوهایی که در هوای سرد (اوایل آذر تا اوایل اسفند ماه) زایش می‌کنند، نسبت به زایش در هوای گرم (اوایل تیر ماه تا اوایل مهر ماه) در حدود ۵۱۲ کیلوگرم بیشتر بود. گوساله‌زایی در پاییز و بهار تولید شیر کل دوره زندگی گاو را بطور زیادی افزایش داد. گوساله‌زایی در تابستان بدترین اثر را روی کل تولید شیر گاو داشت. گاوها با زایش در تابستان تولید شیر پایین، کل تولید پایین و میزان حذف در دوره شیردهی اول بالایی را خواهند داشت. علّت این امر آن است که کاهش در عملکرد تولید غالباً با استرسهای حرارتی در فصول گرم ارتباط دارد. همچنین گاوهایی که در فصل زمستان زایش می‌کنند در اواخر این فصل به اوج شیردهی خود می‌رسند و با شروع فصل بهار بدلیل بهبود شرایط تغذیه‌ای و آب و هوا تولید شیر مجدداً افزایش می‌یابد و لذا کل تولید در آن دوره شیردهی افزایش نشان می‌دهد. نتایج حاصل با یافته‌های (۲، ۳ و ۷) مطابقت داشت.



شکل ۱. اثر فصل گوساله‌زایی روی مقدار تولید شیر

- 1) Bunch, K. J., D. S. Heneghan, K. G. Hibbitt, and G. J. Rowlands. 1984. Genetic influences on clinical mastitis and its relationship with milk yield, season and stage of lactation. *Livest. Prod. Sci.* 11:91-104.
- 2) Hillers. J. K., P. L. Senger, R. L. Darlington, and W. N. Fleming. 1984. Effects of production, season, Age of cow, days dry and days in milk to first service in large commercial herds. *I. Dairy Sci.* 67:861-876.
- 3) Madsen, M., G. H. Sorensen, B. Aalbaek, J. W. Hansen, and H. Bjorn. 1992. Summer mastitis in heifers: studies on the seasonal occurrence of *Actinomyces pyogenes*, *Peptostreptococcus indolicus* and *Bacteroidaceae* in clinically healthy cattle in Denmark. *Vet. Microbiol.* 30:243-255.
- 4) Sanders, H. G. 1927. The variations in milk yield caused by season of the year, service age and dry period and their elimination. Part 1. Season of the year. *J. Agric. Sci. (Camb.)* 17: 339-346.
- 5) SAS Institute. 2002. SAS/STAT. 9 user's guide. Vol. 1, 2, and 3. SAS Inst., Cary, NC.

- 6) Schukken, Y. H., H. N. Erb, P. M. Sears, and R. D. Smith. 1988. Ecologic study of the risk factors for environmental mastitis. *Am. J. Vet. Res.* 49:766–769.
- 7) Thatcher, W. W. 1974. Effects of season, climate and temperature on reproduction and lactation. *Dairy Sci.* 57:304–310.
- 8) Wang, T., R. L. Fernando and S. D. Kachman. MATVEC User's Guide. version 1.03.

Study Of Correlation Between Season Of Calving With Milk Yield And Mastitis Incidence In Iranian Holstein Cows

Fatemeh Ala Noshahr

PHD students of Genetic and Animal breeding Sciences of Tabriz University

* Corresponding E-mail address: Fatemehala@rocketmail.com

In order to estimate relationship between season calving, milk yield and mastitis 15987 lactation records of Holstein cows were used. The estimations were obtained using restricted maximum likelihood method under an animal model by MATVEC soft ware. Absence or presence of mastitis was scored as "0" or "1". Season of calving significantly affected milk yields. The cows that calving in cold season have more mean milk yield than those calved in hot temperature. Also calving interval have significant effect on mastitis incidence. When calving done in winter, mastitis incidence was greater. Spring calving has lower incidence mastitis. Results show that corrected milk records and function traits for environmental factors was necessary for animal study and determine selection index and breeding value estimation.

Key words: Correlation- Season calving -Milk yield – Mastitis – Holstein cows

بررسی عوامل موثر بر بقاء در یک گله گوسفند بلوچی

علی وجدان^۱، محمد رکوعی^{۲*}

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد واحد زابل ۲- استادیار دانشگاه زابل

مسئول مقاله: محمد رکوعی

تلفن: ۰۹۱۳۳۷۲۰۵۳۱

Email: Rokouei@uoz.ac.ir

چکیده:

این تحقیق به منظور تعیین عوامل موثر بر زنده مانی در یک گله گوسفند بلوچی انجام شد. یک تابع خطر حذف و محاسبه ریسک حذف حیوانات در زمان‌های مختلف برای عوامل مختلف محاسبه گردید. نتایج نشان داد که عوامل سال تولد و وزن تولد بر صفت زنده‌مانی میش‌ها موثر است ($P < 0/001$). نوع تولد نیز در سطح احتمال ۰/۰۱ و ماه تولد در سطح ۰/۰۵ بر زنده‌مانی میش‌ها موثر بود. اثر سن مادر در سطح ۰/۱۰ به صورت کم معنی بر صفت موثر بود. نتایج حاصل از خطر حذف نشان داد که با افزایش وزن تولد، احتمال بقای حیوان به خصوص تا ۱ سالگی بیشتر شده است. محاسبه خطر حذف برای گروه‌های مختلف سن مادر، نشان داد که خطر حذف نتاج حاصل از مادران دو ساله بیشتر از سایر مادران است. بنابراین نتیجه گرفته شد که ارتقاء پتانسیل صفت وزن تولد با توجه به ارتباط آن با زنده مانی میش‌ها مفید خواهد بود.

واژه‌های کلیدی: بقاء - ریسک حذف - گوسفند بلوچی

مقدمه

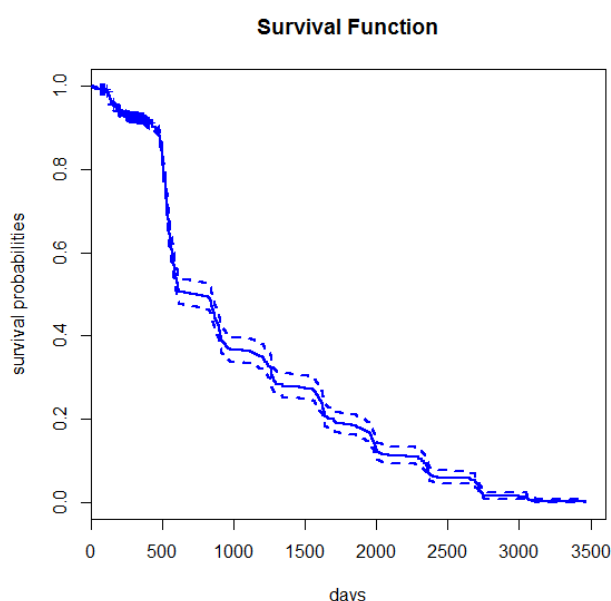
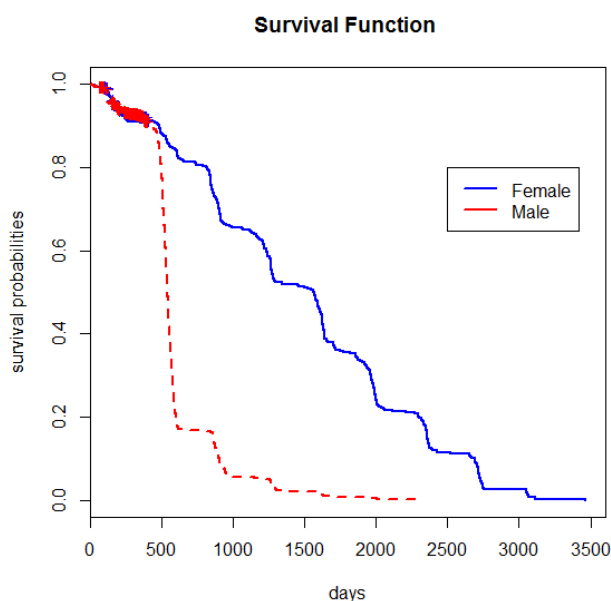
اصلاح قابلیت تولید یا بهره‌وری میش از اهداف مهم صنعت گوسفنداری ایران است که می‌تواند با افزایش موفقیت در تعداد بچه‌های پرورده شده یک میش، در یک سال معین، بدست آید (۸). گوسفند بلوچی از نژادهای پشیمی-گوشتی و از شاخص-ترین نژادهای گوسفند بومی ایران است که حدود ۳۰٪ از جمعیت گوسفندان ایران را تشکیل می‌دهد. مرگ و میر بچه یک صفت پیچیده است که توسط توانایی مادری میش و توانایی بچه برای زنده ماندن تحت تاثیر قرار می‌گیرد (۷و۴). هرکاهش قابل توجهی در میزان مرگ و میر بچه‌ها، سودآوری در سطح مزرعه را افزایش می‌دهد که توسط تعیین فاکتورهای ژنتیکی و غیرژنتیکی تاثیرگذار بر مرگ و میر بچه‌ها بدست می‌آید (۸). جهت ارزیابی و تعیین استراتژی افزایش بقاء در جمعیت، لازم است عوامل موثر بر آن تعیین شود. گزارش‌های مختلفی مبنی بر تحت تاثیر قرار گرفتن مرگ و میر بچه‌ها از اثرات ثابتی نظیر سن مادر، نوع تولد، جنس بچه، فصل و سال تولد، وزن تولد، وزن بدن مادر و سیستم پرورش وجود دارد (۳و۶). متوسط نرخ مرگ و میر در اغلب کشورهای تولیدکننده گوسفند ۹ تا ۲۰ درصد گزارش شده است (۵و۲). مرگ و میر بچه‌ها ناشی از دلایل مختلفی همچون سخت‌زایی، گرسنگی، جراحت و مسمومیت می‌باشد (۱). تحقیقات انجام شده حاکی از این است که سن مادر، اثر مهمی بر مرگ و میر بچه‌های لری-بختیاری ندارد، اما سال و ماه تولد و جنس بچه به طور معنی‌داری میزان مرگ و میر بچه‌ها را در سنین مختلف تحت تاثیر قرار می‌داد (۸). بررسی عوامل موثر بر زنده مانی نشان داد که نوع تولد و وزن تولد، مهمترین فاکتورهای تاثیرگذار بر مرگ و میر بودند و با مدیریت عوامل غیرژنتیکی موجب بهبود زنده مانی بچه‌ها و به طبع آن موجب افزایش تعداد بچه‌های فروخته شده شد. این تحقیق به منظور تعیین عوامل موثر بر بقای جمعیت گوسفندان نژاد بلوچی ایران صورت گرفت.

مواد و روش ها

در این تحقیق به منظور بررسی عوامل موثر بر زنده‌مانی از ۹۷۵۰ رکورد مربوط به یک گله گوسفند بلوچی که بین سال‌های ۱۳۶۰ تا ۱۳۸۸ توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور جمع آوری شده بود، استفاده شد. صفت بقاء به عنوان تعداد روزهای ماندگاری بره در گله، از زمان تولد تا زمان آخرین رکورد ثبت شده، به دو صورت کامل شده (تاریخ حذف ثبت شده) و نا کامل (به صورت Right Censored) در نظر گرفته شد. ۱۶ درصد از اطلاعات این گله کامل شده بود. با توجه به اینکه بخش قابل توجهی از حیوانات نر موجود در گله از ۴۰۰ روزگی به بعد از گله حذف شده‌اند، به منظور تعیین عوامل موثر بر بقاء، دو جمعیت (۱- فقط حیوانات ماده ۲- حیوانات نر و ماده تا سن ۴۰۰ روزگی) مورد ارزیابی قرار گرفت. برای تعیین نحوه و میزان اثر وزن تولد بر صفت بقاء به صورت مجزا پنج گروه مختلف بر اساس صفت وزن تولد به این ترتیب به وجود آمد که ابتدا معادل توزیع نرمال استاندارد صفت وزن تولد در گله محاسبه شد و سپس گروه‌بندی‌ها بر اساس $Z \geq 0.8416$ ، $-0.2533 < Z \leq 0.8416$ ، $Z \leq -0.2533$ و $Z \leq -0.2533$ ، $0.8416 < Z \leq 0.2533$ و $0.2533 < Z \leq 0.8416$ به ترتیب برای گروه‌های یک تا پنج تعیین گردید. نوع تولد به صورت سه گروه ۱، ۲ و ۳ و بالاتر از ۳ در نظر گرفته شد. تابع خطر حذف (Proportional Hazard Regression) برای بررسی و تعیین اثر عوامل موثر بر زنده‌مانی به کمک نرم‌افزار Survival بدست آمد. محاسبه ریسک حذف حیوانات در زمان‌های مختلف توسط نرم‌افزار Cmprsk تحت نرم‌افزار R2.15.0 محاسبه گردید.

نتایج و بحث

نمودار شماره ۱ نشان دهنده تغییرات زنده‌مانی حیوانات براساس تابع ماندگاری تمامی حیوانات است. همانطور که در نمودار مشخص است، تراکم اطلاعات در گله مربوط به سنین قبل از ۴۰۰ روزگی است و حجم قابل توجهی از حیوانات بین سنین ۴۰۰ تا ۵۰۰ روزگی از گله حذف شدند. تغییرات منحنی بعد از ۵۰۰ روزگی یک تغییرات منظم بود که نشان دهنده حذف طبیعی حیوانات از گله بعد از ۵۰۰ روزگی است. منحنی تغییرات بقاء گله نشان داد که اعمال سیاست‌های اصلاح نژادی در این گله بعد از یک سالگی و قبل از ۲ سالگی صورت گرفته است. تفاوت منحنی ماندگاری بین دو جنس (نمودار ۲) نشان داد که در محدوده ۵۰۰ روزگی بیشتر بره‌های نر از گله حذف شده‌اند و تعداد محدودی قوچ تا سنین بالاتر در گله باقی مانده‌اند. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که حذف در گله برای جنس ماده در سنین مورد بررسی و نرها قبل از ۴۰۰ روزگی، در اثر عاملی غیر از حذف انتخابی بوده است. حداکثر درست‌نمایی، مقدار کای مربع، درجه آزادی و سطح معنی داری عوامل موثر بر زنده‌مانی حیوانات به تفکیک دو جمعیت مورد مطالعه، در جدول شماره ۱ ارائه شده است.



نمودار ۲: تابع تغییرات بقاء به تفکیک جنسیت

نمودار ۱: تابع تغییرات بقاء در جمعیت مورد مطالعه

مورد مطالعه

نتایج جدول شماره ۱ نشان داد که عوامل سال تولد و وزن تولد با سطح احتمال کوچکتر از ۰/۰۰۱ بر صفت زنده‌مانی میش‌ها موثر است. نوع تولد نیز در سطح احتمال ۰/۰۱ و ماه تولد در سطح ۰/۰۵ بر زنده‌مانی میش‌ها موثر بود. اثر سن مادر در سطح ۰/۱۰ به صورت کم معنی بر صفت موثر بود. برای کل جمعیت در محدوده کمتر از ۴۰۰ روز عوامل سال تولد، ماه تولد، جنس و وزن تولد در سطح احتمال کمتر از ۰/۰۰۱ معنی دار بود. نوع تولد در سطح احتمال ۰/۰۱ و سن مادر در سطح ۰/۰۵ بر صفت زنده‌مانی تاثیر داشت. خطر حذف حیوانات برای سطوح مختلف نوع تولد و گروه‌های وزن تولد به ترتیب در جدول شماره ۲ و ۳ به تفکیک دو جمعیت مورد مطالعه ارائه شده است. خطر حذف براساس نوع تولد، نشان داد که حیوانات متولد شده بر اساس تک قلو بودن، کمتر از دو قلو و یا چند قلو بود و وضعیت برای دو گروه مورد مطالعه در کلیه کلاس‌های زمانی مورد مطالعه مشاهده شد. وضعیت خطر حذف برای گروه‌های مختلف وزن تولد به جز در کلاس زمانی ۱۵۰۰ روزگی در جمعیت میش‌ها و گروه ۱۰۰ روزگی در جمعیت تا ۴۰۰ روزگی سایر گروه‌ها تغییرات به نسبت منظمی را نشان داد (جدول ۳)، که با افزایش وزن تولد از گروه ۱ تا ۵ برای کلاس زمانی ۲۰۰ و ۳۰۰ روز خطر حذف کاهش یافت. به طور کلی میتوان نتیجه گرفت که با افزایش وزن تولد احتمال بقاء حیوانات به خصوص تا سن یک سالگی بیشتر می‌شود. محاسبه خطر حذف برای گروه‌های مختلف سن مادر، نشان داد که خطر حذف نتاج حاصل از مادران دو ساله بیشتر از سایر مادران بود. اما با افزایش سن مادر، تغییرات خطر حذف روند منظمی را نشان نداد.

جدول شماره ۱: عوامل موثر بر صفت بقاء گوسفندان بلوچی

کل جمعیت تا سن ۴۰۰ روزگی				جمعیت میش‌ها				
P- Value	Chisq	Df	LogL	P- Value	Chisq	Df	LogL	
<۰/۰۰۱	۲۲۸۹/۸	۲۱	-۴۳۶۸/۸	<۰/۰۰۱	۱۴۴۱/۰۶	۲۱	-۳۹۱۵/۳	سال تولد
<۰/۰۰۱	۳۷/۸	۳	-۴۳۴۹/۹	۰/۰۴۶	۷/۹۶	۳	-۳۹۱۱/۴	ماه تولد
۰/۰۰۲	۱۲/۵۲	۲	-۴۳۴۳/۷	۰/۰۰۲	۱۱/۶۵	۲	-۳۹۰۵/۵	نوع تولد
۰/۰۳۴	۱۵/۱۱	۶	-۴۳۳۶/۱	۰/۰۵۴	۱۲/۳۴	۶	-۳۸۹۹/۴	سن مادر
<۰/۰۰۱	۲۵/۱۷	۱	-۴۳۲۳/۵	-	-	-	-	جنس
<۰/۰۰۱	۴۶/۱۲	۴	-۴۳۰۰/۵	<۰/۰۰۱	۳۹/۱۷	۴	-۳۸۷۹/۸	کد وزن تولد

logL = لگاریتم درست نمائی، Df = درجه آزادی، Chisq = کای مربع، P-Value = سطح معنی داری

جدول شماره ۲: خطر حذف دام در سه سن مختلف بر اساس نوع تولد

کل جمعیت تا سن ۴۰۰ روزگی					جمعیت میش‌ها	
نوع تولد	۱۵۰۰روز	۱۰۰۰روز	۵۰۰روز	۳۰۰روز	۲۰۰روز	۱۰۰روز

۰/۰۰۸۵(۰/۰۰۰۱)	۰/۰۴۶۵(۰/۰۰۰۱)	۰/۰۵۸۲(۰/۰۰۰۲)	۰/۰۸۰(۰/۰۰۰۱)	۰/۲۸۷(۰/۰۰۰۷)	۰/۴۲۵(۰/۰۰۰۹)	۱
۰/۰۱۱۴(۰/۰۰۰۳)	۰/۰۹۶۱(۰/۰۰۰۳)	۰/۱۱۴۷(۰/۰۰۰۴)	۰/۱۶۵(۰/۰۰۰۲)	۰/۴۱۴(۰/۰۰۰۹)	۰/۵۶۲(۰/۰۰۱)	۲
۰/۰۹۲۶(۰/۰۰۰۸)	۰/۳۳۰۱(۰/۰۰۲۷)	۰/۳۵۷۵(۰/۰۰۲۸)	۰/۴۳۳(۰/۰۱۶۲)	۰/۵۴۶(۰/۰۲۳۲)	۰/۷۷۳(۰/۰۲۴)	۳ و

بالا تر

جدول شماره ۳: خطر حذف دام در سه سن مختلف براساس گروه‌های وزن تولد

گروه‌های - وزن تولد	جمعیت می‌ش‌ها					کل جمعیت تا سن ۴۰۰ روزگی	
	۱۵۰۰ روز	۱۰۰۰ روز	۵۰۰ روز	۳۰۰ روز	۲۰۰ روز	۱۰۰ روز	
۱	۰/۶۱۸(۰/۰۰۵)	۰/۴۱۶(۰/۰۰۴)	۰/۲۳۷(۰/۰۰۱۴)	۰/۲۰۵۲(۰/۰۰۰۱)	۰/۱۶۸۱(۰/۰۰۰۱)	۰/۰۲۸۱(۰/۰۰۰۱)	
۲	۰/۴۹۶(۰/۰۰۴)	۰/۴۶۱(۰/۰۰۴)	۰/۲۵۳(۰/۰۰۱۶)	۰/۱۶۲۱(۰/۰۰۰۱)	۰/۱۳۸۱(۰/۰۰۰۱)	۰/۰۱۲۵(۰/۰۰۰۱)	
۳	۰/۵۶۰(۰/۰۰۲)	۰/۴۱۴(۰/۰۰۲)	۰/۱۴۵(۰/۰۰۰۴)	۰/۱۵۷۵(۰/۰۰۰۱)	۰/۱۳۱۱(۰/۰۰۰۱)	۰/۰۲۵۸(۰/۰۰۰۱)	
۴	۰/۴۸۳(۰/۰۰۲)	۰/۳۲۷(۰/۰۰۲)	۰/۱۳۱(۰/۰۰۰۴)	۰/۱۰۳۳(۰/۰۰۰۱)	۰/۰۸۳۵(۰/۰۰۰۱)	۰/۰۱۱۴(۰/۰۰۰۱)	
۵	۰/۵۲۴(۰/۰۰۲)	۰/۳۵۳(۰/۰۰۲)	۰/۱۰۴(۰/۰۰۰۴)	۰/۰۷۸۵(۰/۰۰۰۱)	۰/۰۶۳۴(۰/۰۰۰۱)	۰/۰۰۹۰(۰/۰۰۰۱)	

منابع

۱. ع. ا. اسلمی نژاد، د. علی ساقی، غ. داشاب، م. ضابطیان. ۱۳۹۰. ارزیابی عوامل محیطی موثر بر زنده ماندن بره های بلوچی از تولد تا شیرگیری. نشریه پژوهش های دامی ایران، جلد ۳، شماره ۳، پاییز ۱۳۹۰، ص: ۲۹۶-۲۹۲.
2. Gama, L. T., G. E. Dickerson, L. D. Young, and K. A. Leymaster. 1991. Effects of breed, heterosis, age of dam, litter size, and birth weight on lamb mortality. *Journal of Animal Science* 69:2727-2743.
3. Mandal, A., H. Prasad, A. Kumar, R. Roy, and N. Sharma. 2007. Factors associated with lamb mortalities in Muzaffarnagari sheep. *Small Ruminant Research* 71:273-279.
4. Morris, C. A., S. M. Hickey, and J. N. Clarke. 2000. Genetic and environmental factors affecting lamb survival at birth and through to weaning. *New Zealand Journal of Agricultural Research* 43:515-524.
5. Safari, E., N. M. Fogarty, and A. R. Gilmour. 2005. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science* 92:271-289.
6. Sawalha, R. M., J. Conington, S. Brotherstone, and B. Villanueva. 2007. Analyses of lamb survival of Scottish Blackface sheep. *ANIMAL-CAMBRIDGE UNIVERSITY PRESS*- 1:151.
7. Southey, B. R., S. L. Rodriguez-Zas, and K. A. Leymaster. 2001. Survival analysis of lamb mortality in a terminal sire composite population. *Journal of Animal Science* 79:2298-2306.

8. Vatankhah, M. and M. A. Talebi. 2009. Genetic and Non-genetic factors Affecting Mortality in Lori-Bakhtiari Lambs. *Asian-Aust. J. Anim. Sci* 4:459-464.

Factors influencing survival in a flock of sheep Baluchi

Ali vojdan¹, M. Rokouei^{1*}

Department of Animal Science, Zabol University, Zabol, Iran

Corresponding Author: Mohammad Rokouei

E-mail: Rokouei@uoz.ac.ir

Abstract:

Aim of this study ewes to determine the factors affecting the survival of a flock of Baluchi sheep. The eliminate a risk function and the elimination of risk factors were calculated for animals at different times. The results showed that birth year and birth weight factors on survival traits of the ewes were effective ($P < 0.001$). Birth type ($P < 0.01$) and month of birth were effective on survival. Also, the effect of maternal age was effective ($P < 0.1$). The results showed that by increasing birth weight of the animal's, especially up to 1 year, survival rate increased. Furthermore, eliminate the risk calculated for different age groups showed that removal of the two-year-old offspring of mothers is more than other mothers. Finally, it was concluded that the potential to improve birth weight according to its relationship with the viability of the ewes will be useful.

Key words: Survival- Remove the risk- Baluchi sheep

بررسی عوامل موثر بر صفات مورفومتریک پستان و اهمیت آنها در برآورد شیر روزانه

عباس حاجی حسینلو^۱، سعادت صادقی^{۲*}، سید عباس رافت^۳ رامین رضازاده^۲، ناصر شیرو^۲

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام دانشگاه ارومیه ۲- دانشجویان کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام دانشگاه

تبریز ۳- دانشیار گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

* نویسنده مسئول: سعادت صادقی (ssadegi42@yahoo.com)

چکیده

هدف از این تحقیق مطالعه صفات مورفولوژی پستان و اهمیت آنها در برآورد شیر روزانه به علت نقش مهم پستان در اقتصاد، سلامت دام، کیفیت شیر و سازگاری با دستگاه شیردوشی در گوسفند است. در این تحقیق ۴۱ رأس گوسفند شامل نژاد قزل و دورگ‌های قزل-آرخارمرینوس و مغانی-آرخارمرینوس مورد آزمایش قرار گرفتند. با استفاده از نرم افزار آنالیز تصویر Digimizer امکان استخراج و محاسبه داده های مورفولوژی از طریق تصاویر دیجیتال فراهم شد و با کمک رویه GLM نرم افزار آماری SAS ۹.۱ مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. گروه ژنتیکی از عوامل موثر بر طول و عمق پستان بود ($P < 0.01$). مرحله ی شیردهی اثر معنی داری روی صفات مورفولوژی پستان از جمله: طول و زاویه سرپستانک چپ و راست، زاویه، عمق و طول پستان داشت ($P < 0.05$). نتایج این تحقیق نشان داد که در نژاد قزل، طول سر پستانک راست، طول پستان و ارتفاع پستان مهمترین عوامل مورفولوژی موثر بر تولید شیر روزانه بودند.

کلمات کلیدی: زاویه پستان- عمق پستان-مورفولوژی-قزل

مقدمه

یکی از اصلی ترین جنبه های سود اقتصادی در پرورش گوسفند شیری، تولید شیر است که عامل اصلی در این زمینه سلامت و مورفولوژی پستان است. در سالهای اخیر در کشورهای حوزه مدیترانه، به دلیل اهمیت پنیر گوسفندی، توجه ویژه ای به صفات مورفولوژی پستان و تولید شیر گوسفند شده است (۳). امروزه گسترش ماشین های شیردوشی مقدمه ای برای ترویج پرورش گوسفندان شیری و توجه به صفات مورفولوژی موثر بر دستگاه های شیردهی شده است. در کشور فرانسه هر ساله روند رکورد برداری شیر و مورفولوژی پستان طبق گزارشات سازمان ایکار و معمولاً در خود مزرعه صورت می گیرد و صفات مورفولوژی پستان برای گوسفندان شکم اول مورد ارزیابی و اندازه گیری قرار می گیرد (۱). کارتا و همکاران (۲۰۰۹) گزارش کردند که در بین صفات مورفولوژی پستان نوع قرار گرفتن سرپستانک ها و عمق پستان قوی ترین رابطه را با قابلیت شیردهی با دستگاه شیردوشی دارند به طوری که سرپستانک های نسبتاً کوتاه توسط ماشین شیردوشی بهتر دوشیده می شوند. در نتیجه در انتخاب نژادهای شیری باید روی این سری از صفات توجه ویژه ای داشت. با توجه به ظرفیت بالای کشور ایران از نظر تعداد گوسفند و وجود نژادهای شیری، توجه به صفات مورفولوژی پستان در سال های آتی می تواند زمینه سازی برای بهبود صفات شیردهی گوسفند گردد.

مواد و روش ها

آزمایش در ایستگاه خلعت پوشان وابسته به دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز انجام گرفت. در این تحقیق ۴۱ رأس گوسفند در دوره های زایش اول و دوم شامل نژاد قزل (۱۱ رأس) و دورگ های نسل سوم قزل-آرخارمرینوس (۱۵ رأس) و مغانی-آرخارمرینوس (۱۵ رأس) مورد آزمایش قرار گرفتند. سه دوره عکس برداری از پستان گوسفندان در اوایل (هفته دوم)، اواسط (هفته یازدهم) و اواخر دوره ی شیردهی (نوزدهم) مورد آزمایش انجام گرفت. به این ترتیب که قبل از دوشش، از پستان هر حیوان ۴ عکس (از نمای عقبی، نمای جانبی، سرپستانک چپ و سرپستانک راست) گرفته شد و سپس گوسفندان مورد دوشش قرار

گرفتند. در این پژوهش از روش آنالیز تصویر استفاده گردید. برای آنالیز تصاویر از نرم افزار آنالیز عکس ۳,۶ Digimizer استفاده شد. در این آزمایش صفات طول و زاویه سرپستانک چپ و راست، زاویه سرپستانک ها، ارتفاع پستان، طول پستان مورد ارزیابی قرار گرفتند. فاصله بین نوک سرپستانک (نقطه c) تا نقطه وسط عرض از قاعده سرپستانک (حد واسط بین دو نقطه a و b) را طول سرپستانک گویند. میانگین طول سرپستانک چپ و راست را متوسط طول سرپستانک ها گویند (۳). فاصله بین شکاف پستان (نقطه b) تا محل اتصال پستان به استخوان لگن (نقطه a) را ارتفاع پستان گویند و خط مستقیمی محل اتصال پستان به شکم (نقطه a) را به انتهای پستان (نقطه b) متصل می کند را طول پستان گویند (۳). به زاویه بین خطی که از وسط سرپستانک چپ می گذرد و خطی راستی که از شکاف وسط پستان می گذرد زاویه سرپستانک چپ (α) گویند. همچنین به زاویه بین خطی که از وسط سرپستانک راست می گذرد و خطی راستی که از شکاف وسط پستان می گذرد زاویه سرپستانک راست (β) گویند. به مجموع زاویه چپ و راست سرپستانک ($\beta + \alpha$) زاویه بین سرپستانک ها گفته می شود (۳). (شکل ۱)



شکل: ۱ از راست به چپ: طول سرپستانک، ارتفاع پستان، طول پستان و زاویه سرپستانک

هدف از این پروتوکل انجام روش جدید اندازه گیری غیر مستقیم توانایی شیردهی میش به ویژه مورفولوژی پستان است. این روش بر روی گوسفندان مورد مطالعه در این تحقیق اجرا گردید. تصاویر تهیه شده به نرم افزار ۳,۶ Digimizer منتقل شده و اندازه گیری ها با این نرم افزار انجام شد. عکس های دیجیتال توسط دوربین دیجیتال تهیه شد. از یک خط کش برای داشتن مقیاس در عکس استفاده شد. کلیه داده های جمع آوری شده مرتبط به شیر، ترکیبات شیر و مورفولوژی پستان و عوامل مؤثر بر هر یک از صفات توسط نرم افزار Excel 2007 مرتب شدند و تجزیه تحلیل داده ها با استفاده از رویه GLM نرم افزار آماری SAS 9.1 صورت گرفت.

$$C_k + e_{ijkl} \times B_j + A_i \times Y_{ijkl} = \mu + A_i + B_j + C_k + A_i$$

مدل آماری

Y = مشاهده مربوط به هر صفت، μ = میانگین کل، A = اثر نژاد ($1, 2, 3$)، I = اثر نوبت زایش ($1, 2, 3$)، B = اثر نوبت زایش ($1, 2, 3$)، j = اثر مرحله شیردهی ($1, 2, 3$)، k = اثر متقابل نوبت زایش و گروه ژنتیکی، $A_i \times C$ = اثر متقابل مرحله شیردهی و گروه ژنتیکی و e_{ijk} = اثر خطای تصادفی می باشد.

نتایج و بحث

با توجه به جدول ۱، متوسط طول سرپستانک ها در اوایل، اواسط و اواخر دوره شیردهی گروه ژنتیکی قزل به ترتیب ۲/۵۵، ۲/۷۶ و ۳/۰۶، برای نژاد قزل-آرخارمرینوس به ترتیب ۲/۷۰، ۳/۰۱ و ۳/۳۳ و برای گروه ژنتیکی مغانی-آرخارمرینوس به ترتیب ۲/۶۵، ۲/۹۸ و ۳/۰۸ بوده است. متوسط زاویه سرپستانک ها در نژاد قزل به ترتیب ۱۲۲/۰۵، ۱۰۱/۱۲، ۹۴/۲۰، برای گروه

ژنتیکی قزل-آرخارمرینوس به ترتیب ۱۰۶/۷۶، ۹۳/۲۹، ۸۷/۶۶ و برای گروه ژنتیکی مغانی-آرخارمرینوس به ترتیب ۱۱۵/۵۱، ۹۹/۳۱، ۹۲/۹۷ بوده است. ارتفاع پستان در نژاد قزل به ترتیب ۱۹/۶۰، ۱۶/۶۴، ۱۵/۲۴، برای گروه ژنتیکی قزل-آرخارمرینوس به ترتیب ۱۷/۲۱، ۱۴/۹۰، ۱۴/۱۳ و برای گروه ژنتیکی مغانی-آرخارمرینوس به ترتیب ۱۷/۸۲، ۱۵/۳۷، ۱۵/۱۹ بوده است.

جدول: ۱ - آمار توصیفی میانگین صفات مورفولوژی طی مراحل شیردهی در هر یک از گروه های ژنتیکی

نژاد	مرحله	طول	طول	طول	زاویه	زاویه	زاویه	ارتفاع	طول
	شیردهی	سرپستانک	سرپستانک	سرپستانک	سرپستانکها	سرپستانک	سرپستانکها	پستان	پستان
		cm(چپ)	cm(راست)	cm(چپ)	cm(راست)	cm(چپ)	cm(راست)	cm(چپ)	cm(راست)
قزل	اوایل	۲/۷۶	۲/۴۸	۲/۵۵	۶۴/۰۸	۵۷/۹۷	۱۲۲/۰۵	۱۹/۶۰	۱۲/۹۰
	اواسط	۳/۰۸	۲/۶۸	۲/۷۶	۴۹/۲۲	۵۱/۹۰	۱۰۱/۱۲	۱۶/۶۴	۱۰/۳۳
	اواخر	۳/۱۴	۳/۰۵	۳/۰۶	۴۷/۵۶	۴۷/۱۸	۹۴/۲۰	۱۵/۲۴	۱۰/۹۷
قزل -	اوایل	۲/۸۶	۲/۵	۲/۷۰	۵۳/۹۰	۵۲/۸۶	۱۰۶/۷۶	۱۷/۲۱	۹/۶۴
آرخارمرینوس	اواسط	۲/۹۵	۳/۰۳	۳/۰۱	۴۶/۰۱	۴۷/۲۷	۹۳/۲۹	۱۴/۹۰	۸/۷۶
	اواخر	۳/۲۵	۳/۴۰	۳/۳۳	۴۳/۱۱	۴۴/۵۵	۸۷/۶۶	۱۴/۱۳	۸/۰۷
مغانی -	اوایل	۲/۸۲	۲/۴۹	۲/۶۵	۵۸/۶۶	۵۶/۸۴	۱۱۵/۵۱	۱۷/۸۲	۱۰/۸۲
آرخارمرینوس	اواسط	۳/۰۶	۲/۹۳	۲/۹۸	۵۰/۱۹	۴۹/۱۲	۹۹/۳۱	۱۵/۳۷	۸/۶۵
	اواخر	۳/۰۹	۳/۰۴	۳/۰۸	۴۶/۸۷	۴۷/۳۲	۹۲/۹۷	۱۵/۱۹	۸/۵۵

تفاوت معنی داری ($P < 0.05$) بین نژاد قزل و قزل-آرخارمرینوس از نظر ارتفاع پستان وجود داشت. دلیل این امر می تواند شیری بودن نژاد قزل باشد چون ارتفاع پستان یک عامل مهم در تولید شیر است و در دورگ های قزل-آرخارمرینوس به علت تلاقی دادن نژاد قزل با نژاد پشمی آرخارمرینوس، این صفت کاهش پیدا کرده است. از نظر طول پستان تفاوت معنی داری ($P < 0.05$) بین نژاد قزل با دورگ های قزل-آرخارمرینوس و مغانی-آرخارمرینوس وجود داشت (جدول ۲). روایی و همکاران (۲۰۰۷) گروه ژنتیکی را عامل موثر بر ارتفاع پستان بیان کردند در حالی که تفاوت معنی داری بین گروه های ژنتیکی مورد مطالعه از نظر طول پستان مشاهده نکردند.

جدول: ۲ - نتایج آزمون GLM برای میانگین حداقل مربعات $SE \pm$ صفات مورفولوژی پستان به تفکیک نژاد

گروه ژنتیکی	طول	طول	زاویه	زاویه	زاویه	ارتفاع	طول
	سرپستانک	سرپستانک	سرپستانک	سرپستانک	سرپستانکها	پستان	پستان
	چپ (cm)	راست (cm)	چپ (°)	راست (°)	سرپستانکها (°)	cm)	cm)
قزل	۹۸±۰/۰۸۸	۷۵±۰/۰۸۲	۶۸±۲/۲۴	۳۶±۲/۲۴	۸۹±۴/۰۵	۱۷/۱۷ ^a ±۰/۴۸	۴۰±۰/۴۰ ^a
	۲	۲	۵۳	۵۲	۱۰۵		۱۱
قزل -	۳/۰۲±۰/۰۷	۲/۹۷±۰/۰۷	۵۹±۲/۰۱	۱۸±۲/۱۵	۹۵/۷۷±۳/۵۷	۱۵/۳۹ ^b ±۰/۴۱	۸/۸۰ ^b ±۰/۳۶
آرخارمرینو			۴۷	۴۸			

س

مغانی -	۲/۹۹±۰/۰۷	۲/۸۲±۰/۰۶	۹/۰±۱/۹۳	۰/۹±۲/۰۴	۰/۵۹±۳/۴۴	۰/۱۲±۰/۴۰	۹/۳۴±۰/۳۴
آرخار مرینو	۵۱	۵۱	۵۱	۱۰۲	۱۶		
س							

حروف لاتین دارای حرف مشابه در هر ردیف بیانگر عدم وجود اختلاف معنی دار در سطح احتمال پنج درصد می باشد

جدول ۳ نشان می دهد که طول سرپستانک چپ، طول سرپستانک راست، زاویه سرپستانک چپ، زاویه سرپستانک راست، زاویه پستان، ارتفاع پستان و طول پستان تحت تأثیر مرحله ی شیردهی قرار دارند به طوری که تفاوت معنی داری ($P < 0/05$) بین طول سرپستانک چپ در اوایل و اواخر شیردهی وجود دارد. تفاوت معنی داری ($P < 0/05$) بین طول سرپستانک راست در اوایل شیردهی با اواسط و اواخر شیردهی وجود دارد. همچنین تفاوت معنی داری بین طول سرپستانک راست در اواسط و اواخر شیردهی وجود دارد. دلیل افزایش طول سرپستانک در طی دوره ی شیردهی، مکش سرپستانک توسط دستگاه شیردهی و بره در طی دوره ی شیرخوارگی است. تفاوت معنی داری بین زاویه سرپستانک چپ در اوایل شیردهی با اواسط و اواخر شیردهی وجود دارد ($P < 0/05$). اما تفاوت معنی داری بین اواسط و اواخر شیردهی مشاهده نشد ($P > 0/05$). تفاوت معنی داری بین زاویه سرپستانک راست در اوایل شیردهی و اواخر شیردهی وجود دارد ($P < 0/05$). تفاوت معنی داری بین زاویه سرپستانک راست در اواسط شیردهی با اوایل و اواخر شیردهی وجود نداشت ($P < 0/05$). تفاوت معنی داری بین زاویه پستان در اوایل شیردهی با اواسط و اواخر شیردهی وجود دارد ($P < 0/05$). دلیل کاهش زاویه پستان در طی دوره ی شیردهی نیز به افزایش طول سرپستانک بر می گردد، به طوری که با افزایش طول سرپستانک ها، سرپستانک ها به سمت پایین پستان متمایل می شوند در نتیجه کاهش زاویه ی پستان را به همراه خواهد داشت. تفاوت معنی داری ($P < 0/05$) بین طول و ارتفاع پستان در اوایل شیردهی با اواسط و اواخر شیردهی وجود دارد. مک کاسیک و همکاران (۲۰۰۳) برای گوسفندان فریزین شرقی اثر معنی داری ($P < 0/05$) برای تأثیر مرحله ی شیردهی (اوایل و اواسط شیردهی) روی ارتفاع پستان گزارش نکردند. دلیل کاهش ارتفاع و طول پستان در طی دوره ی شیردهی کاهش تولید شیر و شیب منفی نمودار منحنی تولید شیر است. با نزدیک شدن به انتهای دوره ی شیردهی، مکانیسم ترشح شیر به علت نزدیکی به دوره ی خشکی کاهش و اندازه ی پستان کم می شود و ارتفاع و طول پستان کاهش می یابد (۱).

جدول ۳ - مقایسات میانگین حداقل مربعات اثر مرحله شیردهی بر روی صفات مورفولوژی پستان

مرحله شیردهی	طول سرپستانک چپ (cm)	طول سرپستانک راست (cm)	زاویه سرپستانک چپ (°)	زاویه سرپستانک راست (°)	زاویه پستان (°)	ارتفاع پستان (cm)	طول پستان (cm)
اوایل	۲/۸۲±۰/۰۷	۲/۸۲±۰/۰۷	۵۸	۵۵/۸۶±۲/۱۳	۵۰/۵±۳/۵۳	۱/۱۴±۰/۴۲	۱/۱۰±۰/۳۶
شیردهی	۲	۲	۵۸		۱۱۴	۱۸	۱۱
ی							
اواسط	۱/۰۴±۰/۰۸	۱/۰۴±۰/۰۸	۴۸	۶۵±۲/۰۹	۹۷/۹۹±۳/۷۲	۳/۵±۰/۴۵	۹/۲۷±۰/۳۷
شیردهی	۳	۲	۴۸	۴۹		۱۵	
ی							
اواخر	۳/۱۴±۰/۰۷	۱/۱۶±۰/۰۷	۸۹±۲/۰۹	۴۶/۴۴±۲/۲۴	۹۱/۷۶±۳/۷۶	۱/۱۸±۰/۴۲	۹/۱۸±۰/۳۶

حروف لاتین دارای حرف مشابه در هر ردیف بیانگر عدم وجود اختلاف معنی دار در سطح احتمال پنج درصد می باشد. مهمترین صفات مورفولوژی موثر بر تولید شیر روزانه در نژاد قزل را طول سرپستانک راست، ارتفاع و طول پستان شامل می-شوند. در دورگ های قزل-آرخارمرینوس طول سرپستانک راست و در دورگ های مغانی-آرخارمرینوس زاویه ی سرپستانک راست مهمترین صفات موثر بر تولید شیر بودند. با توجه به ضریب تبیین پایین معادله خط رگرسیون در دورگ های مغانی-آرخارمرینوس و قزل-آرخارمرینوس بر خلاف نژاد قزل در بنظر می رسد صفات مورفولوژی پستان از قابلیت اعتماد و دقت کمی برای برآورد شیر روزانه در برخوردار باشند. که دلیل این امر را می توان به شیری بودن نژاد قزل نسبت به دورگ های مورد مطالعه عنوان کرد. ایزدی فرد و ضمیری (۱۹۹۷) طول پستان را در نژاد قزل از عوامل اصلی در برآورد شیر گزارش کردند.

معادله خط رگرسیون تولید شیر روزانه برای نژاد قزل ($R^2_{adj}=0.7657$) $Y=-297.51-439.1 \cdot X_1 + 7.39 \cdot X_2 + 48.03 \cdot X_3$

Y =متغیر وابسته (تولید شیر روزانه)، X_1 =طول سرپستانک راست، X_2 =ارتفاع پستان، X_3 =طول پستان

منابع مورد استفاده

1. Carta, A., C. Sara and S. Salaris. 2009. Current state of genetic improvement in dairy sheep. Journal of Dairy Science. 92, 5814–5833.
2. Izadifard, J. and M.J. Zamiri. 1997. Lactation performance of two Iranian fat-tailed sheep breeds. Small Ruminant Research. 24, 69–76.
3. Martinez, M.E., C. Calderon. R. De La Barra, L.F. De La Fuente and C. Gonzalo. 2010. Udder morphological traits and milk yield of Chilota and Suffolk down sheep breeds Chilean. Journal Agriculture Research 71, 90-95.
4. McKusick, B.C., P.G. Marnet, Y.M. Berger and D.L. Thomas. 2000. Preliminary observations on milk flow and udder morphology traits of east Friesian crossbred dairy ewe's proceedings of the 6th great lakes dairy sheep symposium Guelph, Ontario. 169, 109-124.
5. Rovai, M., G. Caja and X. Such. 2008. Evaluation of udder cisterns and effects on milk yield of dairy ewes. Journal of Dairy Science, 91, 4622–4629.

Study of udder morphometrics traits and their importance in estimated daily milk
Abbas Hajihossinlo¹, Saadat Sadeghi^{2*}, Seyed Abbas Rafat³, Ramin Rezazadeh², Nasser Shero²

1- M.Sc. Students of Genetics and Animal Breeding, University of Urmia

2- M.Sc. Students of Genetics and Animal Breeding, University of Tabriz

of Tabriz 2-Associate Professor of Animal Science, University

* Corresponding E-mail address: ssadegi42@yahoo.com

Abstract

Objective of the experiment was studying udder morphometrics traits and their importance in estimated daily milk, due to udder important role to economic, animal health, milk quality and adaptation with machine milking. Forty one ewes were recorded inclusive: Ghezel purebred and Ghezel×Arkhamerino and Moghani× Arkhamerino crossbreds. The implementation of digital picture analysis for the measurements of udder morphology has been possible thanks to several macros developed by the software Digimizer 3.6 that allow the extraction and calculation of measurements from a digital picture and for statistical analysis was performed by using the GLM

procedure SAS 9.1. The genotype group had significant effects on length and depth udder ($P<0.01$). The stage of lactation had significant effects on left and right teat of length and angle, teat opening, udder of length and height ($P<0.05$). The results of this experiment showed that the right teat length, udder length and udder height were the most important factors affecting morphology in the Ghezel breed.

Keywords: teat opening- udder depth-morphology-Ghezel

استفاده از نشانگر آنزیمی Eco72 I برای شناسایی چند شکلی تک نوکلئوتیدی در ناحیه اینترون ۲ ژن پروتئین اتصال فاکتور رشد شبه انسولینی نوع دو^{۱۶} در

مرغ های مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران

سیدمحمدرضایی*، حسن حافظیان، قدرت رحیمی میانجی، الهه قاسمیان، حامد کاظمی

آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام دانشکده علوم دامی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

*سید محمد رضایی، mohammad-rezaei156@yahoo.com

چکیده

ژن IGFBP II به عنوان یکی از ژن های مهم در زمینه بهبود صفات تولیدی و عملکردی در طیور به حساب می آید. به منظور شناسایی چند شکلی ژن IGFBP II از تعداد ۱۵۰ قطعه مرغ بومی مازندران خون گیری به عمل آمد. استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته و تکثیر یک قطعه ۵۲۷ جفت بازی از ناحیه اینترون دو توسط واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) با استفاده از یک جفت پرایمر اختصاصی صورت گرفت. تعیین ژنوتیپ هر یک از نمونه ها با استفاده از آنزیم برشی Eco72 I انجام شد. فراوانی هر یک از آلل های TT, TC و CC به ترتیب برابر با ۰/۳۱، ۰/۵۹ و ۰/۱ درصد و فراوانی هر یک از ژنوتیپ های T و C به ترتیب برابر با ۰/۶ و ۰/۴ درصد بدست آمد. با توجه به نتایج این پژوهش می توان چنین نتیجه گرفت که نشانگر آنزیمی Eco72 I قادر به شناسایی فرم های مختلف اللی در این جایگاه ژنی در جمعیت مرغ بومی می باشد. اثر ژنوتیپ های حاصل از این جایگاه نشانگری بر صفات تولیدی و تولید مثلی در دست بررسی است.

کلمات کلیدی: پروتئین اتصال فاکتور رشد شبه انسولینی نوع دو (IGFBP II)، چند شکلی، مرغ بومی

مقدمه

ژن IGFBP II (پروتئین اتصال شبه انسولینی نوع ۲) طیور به طور تقریبی ۳۸ کیلو جفت باز روی کروموزوم شماره ۷ قرار گرفته است که شامل ۴ اگزون کوتاه و ۳ اینترون بلند می باشد. همچنین گیرنده پلی پپتیدی فوق شامل ۲۷۵ اسید آمینه می باشد بوسیله هورمون رشد تنظیم می شود (۱). IGFBP یک پروتئین اتصال چند منظوره می باشد که وظیفه تنظیم فعالیت IGF^{۱۶} ها را بر عهده دارد (۲). IGFBP ها نقش بسیار مهمی را در تنظیم و کنترل مسیرهای عصبی - هورمونی و رشد و همچنین نقش مهمی را در تنظیم فعالیت های تخمدان در پستانداران ایفا می کنند. ژن IGFBP II مرغ در اکثر بافت ها نظیر کبد، ماهیچه، کلیه، قلب، تخمدان، مغز، روده و اعضای دیگر بیان می شود (۳). کیتا^{۱۸} و همکاران (۲۰۰۲)، گزارش دادند مرغان نژاد لگهورن که به مدت دو روز از غذا محروم شدند وقتی مجدداً تغذیه شدند میزان mRNA مربوط به ژن IGFBP II در مغز به طور معنی داری کاهش و سطح بیان IGFBP II در کبد و سنگ دان به طور معنی داری به وسیله محرومیت از غذا افزایش اما توسط تغذیه مجدداً

Insulin-like Growth Factor Binding Protein II (IGFBP II)-

2- Insulin-like Growth Factor

3- Kita

کاهش یافت. تغذیه با سطح پایین پروتئین به مدت ۷ روز سطح بیان IGFBP II را کاهش، ولی میزان بیان IGFBP II سنگدان با تغذیه ۲۰ درصد پروتئین افزایش یافت (2).

مواد و روش ها

نمونه برداری و استخراج DNA

در این پژوهش از ۱۵۰ قطعه از مرغان مولد موجود در سالن نسل گیری ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران خون گیری از ورید زیر بال انجام می گیرد. برای استخراج DNA مقدار ۲ سی سی خون کافی است و برای جلوگیری از انعقاد خون از لوله های محتوی EDTA استفاده می شود. نمونه ها بلافاصله با حفظ شرایط به آزمایشگاه ژنتیک مولکولی دانشگاه علوم کشاورزی ساری منتقل و تا زمان استخراج DNA در دمای ۴ درجه سانتی گراد نگهداری می شود. برای استخراج DNA از پروتکل استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته^{۱۹} استفاده می شود. برای تعیین ویژگی های کمی و کیفی DNA از الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد.

واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR)

در این مطالعه ناحیه ایترون دو از جایگاه ژنی IGFBP II انتخاب و با یک جفت پرایمر اختصاصی قطعه ای به طول ۵۲۷ جفت باز تکثیر شد (۴). توالی آغازگر های ژن IGFBP II که با استفاده از نرم افزار Oligo5 طراحی شده بود، شامل توالی رفت R: 5' - TTTGGTTGAGTCCTAGGCTTG - 3' و توالی برگشت F: 5' - GGCGTACTACTGCAGAGG-3' بود. واکنش زنجیره ای پلی مرز در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ۲/۵ میکرولیتر بافر (10x) PCR، ۰/۵ میکرولیتر dNTPs، ۰/۲ میکرولیتر Taq polymerase، ۱۵۰ نانو گرم DNA ژنومی، ۱/۵ میکرولیتر MgCl₂ و ۱ میکرولیتر از هر یک از پرایمرهای رفت و برگشت که در نهایت با آب مقطر به حجم ۲۵ میکرولیتر رسیده است، انجام گرفت. سپس چرخه های PCR با برنامه حرارتی شامل: ۹۴ درجه سانتی گراد جهت واسرشت اولیه DNA به مدت ۳۰۰ ثانیه، واسرشت ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، دمای ۶۰ درجه سانتی گراد جهت اتصال پرایمرها به مدت ۴۵ ثانیه، دمای ۷۲ درجه سانتی گراد جهت بسط آغازگرها به مدت ۶۰ ثانیه به تعداد ۳۵ سیکل و بسط نهائی به مدت ۳۰۰ ثانیه در ۷۲ درجه سانتی گراد انجام شد. جهت تعیین کیفیت محصول PCR از ژل آگارز ۱/۵ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید و برای آزمون صحت اندازه قطعه تکثیری از نشانگر وزنی M100 شرکت فرمتاز استفاده شد.

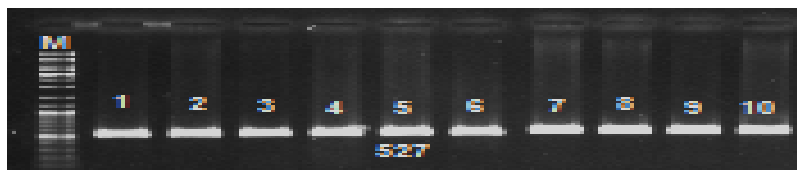
تعیین ژنوتیپ

برای تفکیک آلی و تعیین ژنوتیپ هر حیوان از تکنیک PCR-RFLP و الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد. بعد از هضم آنزیمی نمونه ها توسط آنزیم Eco72 I برای مشاهده باند ها از ژل آگارز ۲ درصد استفاده شد. اگر در ناحیه ایترون دو (قطعه ۵۲۷ جفت بازی) جایگاه آنزیم Eco72 I وجود داشته باشد در اثر برش آنزیم دو قطعه ۴۷۷ و ۵۰ جفت بازی تولید می شود. اگر این سایت برشی در هر دو آلل این جایگاه وجود داشته باشد سبب بروز ژنوتیپ CC و اگر در یکی یا هیچکدام از آلل ها وجود نداشته باشد به ترتیب سبب بروز ژنوتیپ های TC و TT می شود.

¹⁹. Salting Out

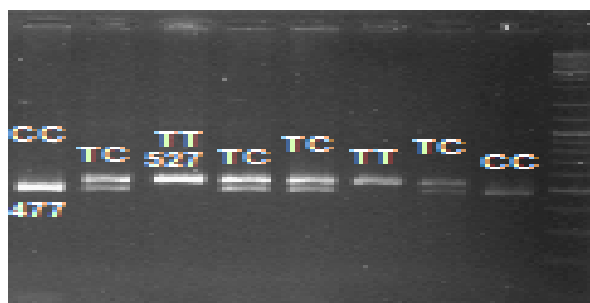
نتایج و بحث

در این پژوهش با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی، قطعه مورد نظر از جایگاه ژنی IGFBP II شامل ناحیه اینترون دو به طول ۵۲۷ جفت باز تکثیر شد. نمونه‌ای از محصولات PCR تکثیر شده در شکل ۱ آمده است.



شکل ۱- محصولات تکثیر شده به طول ۵۲۷ جفت باز از ناحیه اینترون دو ژن IGFBP II

در شکل ۲ محصولات حاصل از هضم آنزیمی و ژنوتیپ‌ها مشخص شده است. همان طوری که در شکل نشان داده شده، در این پژوهش دو آلل C, T و سه ژنوتیپ TT, TC و CC شناسایی شد.



شکل ۲- محصولات حاصل از هضم آنزیمی ناحیه اینترون دو ژن IGFBP II

جدول ۱- وفور آلی و ژنوتیپی جایگاه مورد مطالعه

ژنوتیپ/وفور			الل/وفور	
TT	TC	CC	T	C
۰/۳۱	۰/۵۹	۰/۱	۰/۶	۰/۴

در سال (۲۰۰۵) لی و همکاران، پلی مورفیسم ژن IGFBP II و ارتباط آن با رشد و صفات لاشه در طیور را مورد بررسی قرار دادند. در این بررسی ژن مذکور توسط روش RFLP مورد ارزیابی و آنالیز قرار گرفت. محققین فوق سه ژنوتیپ TT, TC و CC را برای ژن مذکور با استفاده از آنزیم Eco72 I گزارش کردند. نتایج این تحقیق نشان داد که ژن مذکور با وزن بدن در روزهای ۷، ۱۴، ۲۱ و ۲۸ روزگی همبستگی داشته است (۴). در پژوهش حاضر مطابق با پژوهش این محققین سه ژنوتیپ TC, TT و CC حاصل از فعالیت آنزیم برشی Eco72 I در ناحیه اینترون دو ژن IGFBP II در مرغ‌های مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران مشاهده شد و نسبت‌های ژنوتیپی TT, TC و CC برابر با ۰/۳۱، ۰/۵۹ و ۰/۱ به دست آمد. در بررسی صورت گرفته توسط لی و همکاران ارتباط معنی داری بین صفات تولیدی با پروتئین اتصالی فاکتور رشد شبه انسولینی نوع دو

وجود دارد. در ادامه این پژوهش قرار است اثر ژنوتیپ های حاصل از این جایگاه ژنی بر صفات تولیدی در جمعیت مرغان مولد بومی این ایستگاه مورد آنالیز قرار گیرد

منابع:

1. Firth, S. M, and R.C, Baxter. 2002. Cellular Actions Of The Insulin-like Growth Factor Binding Proteins. *Endocr. Rev.* 23:824-54.
2. Jones, J.I., and D.R. Clemmons. 1995. Insulin-like Growth Factors and their Binding Proteins: Biological Actions. *Endocr. Rev.* 16:3-38.
3. Kita. K.K. Nagao, N. Taneda, Y. Inagaki, K. Hirano, T. Shibata, M.A. Yaman, M.A. Conlon, and J. Okumura. 2002. Insulin-like Growth Factor Binding Protein II Gene Expression Can Be Regulated By Diet Manipulation In Several Tissues Of Young Chickens. *J. Nutr*, 132: 145-151.
4. Lei, M.M., Q.H. Nie, X. Peng, D.X. Zhang, and X.Q. Zhang. 2005. Single Nucleotide polymorphism Of The Chicken Insulin-like Growth Factor Binding Protein II Gene Associated With Chicken Growth and Carcass Traits. *Poultry Science*. 84:1191-1198.

Using marker enzyme Eco72 I for detection of single nucleotide polymorphism in
Intron 2 of Insulin-like Growth Factor Binding Protein II gene in breeder hens
of Mazandaran native fowls breeding station

Mohammad Rezaei*, Hasan Hafezian, Ghodrat Rahimi Mianji, Elaheh Ghasemian, Hamed
Kazemi

Laboratory for Molecular Genetics and Animal Biotechnology, Department of Animal Sciences,
Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

Email: mohammad_rezaei156@yahoo.com*

Abstract

Insulin-like Growth Factor Binding Protein II gene considered as one of the major gene for improving of production and functional traits in poultry. In order to identify different allelic forms in Insulin-like Growth Factor Binding Protein II gene blood samples were collected from 150 individual breeder hens of Mazandaran native Fowls breeding station. DNA was extracted using modified salting out method and a DNA fragment with the length of 527 bp from part of Intron 2 of IGFBPII gene was amplified by polymerase chain reaction (PCR) using specific primer pairs. Genotyping of each sample was performed using restriction enzyme Eco72 I. Two alleles of T and C were detected with the frequency of 0/6 and 0/4 and three genotypes of TT, TC و CC were detected with the frequency of 0/31, 0/59 and 0/10 respectively.

With the results of the present study, it can be concluded that the enzyme marker Eco72 I can detect different allelic forms at this site in native fowls population. The effect of resulted genotypes of this marker site on production traits is under investigation.

Key words: IGFBP II - Polymorphism - Native fowls

استفاده از نشانگر آنزیمی Pst I برای شناسایی چند شکلی تک نوکلئوتیدی در ناحیه 5'-UTR ژن فاکتور رشد شبه انسولینی نوع یک در مرغ های مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران
سیدمحمدرضایی*، حسن حافظیان، قدرت رحیمی میانجی، حامد کاظمی، الهه قاسمیان

آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام دانشکده علوم دامی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
mohammad-rezaei156@yahoo.com* سید محمد رضایی،

چکیده

ژن IGFI²⁰ به عنوان یکی از ژن های مهم در زمینه بهبود صفات تولیدی و عملکردی در طیور به حساب می آید. به منظور شناسایی چند شکلی ژن IGFI از تعداد ۱۵۰ قطعه مرغ مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران خون گیری به عمل آمد. استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته و تکثیر یک قطعه ۶۲۱ جفت بازی از ناحیه 5'-UTR این ژن توسط واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) با استفاده از یک جفت پرایمر اختصاصی صورت گرفت. تعیین ژنوتیپ هر یک از نمونه ها با استفاده از آنزیم برشی Pst I انجام شد. فراوانی هر یک از آلل های A و B به ترتیب برابر با ۰/۷ و ۰/۳ و ژنوتیپ های AA, AB و BB به ترتیب برابر با ۰/۴۵، ۰/۰۵ و ۰/۵۰ درصد درصد برآورد شد. با توجه به نتایج این پژوهش می توان چنین نتیجه گرفت که نشانگر آنزیمی Pst I قادر به شناسایی فرم های مختلف اللی در این جایگاه ژنی در جمعیت مرغ بومی می باشد. اثر ژنوتیپ های حاصل از این جایگاه نشانگری بر صفات تولیدی و تولید مثلی در دست بررسی است.

کلمات کلیدی: IGFI، 5'-UTR، مرغ بومی، چند شکلی

مقدمه

ژن IGFI در طیور بر روی کروموزوم شماره یک قرار داشته و دارای چهار اگزون است. اندازه این ژن پنجاه کیلو جفت باز می باشد (۴) که یک پپتیدی تک زنجیره ای با ۷۰ اسید آمینه را کد می نماید (۱). IGFI سبب تحریک بسیاری از فعالیت های بیولوژیکی از جمله تمایز و تقسیم سلولی از طریق گیرنده شان می شود. IGFI ها در هموستازی گلوکز نقش داشته و همچنین مانع از کاتابولیسم پروتئین در سلول می شوند. بیان و تولید IGF وابسته به سن است به طوری که حداکثر ترشح آن در هنگام بلوغ دیده می شود (۲). در پژوهشی پلی مرفیسم ژن IGFI و ارتباط آن با رشد، ترکیبات بدن و صفات متابولیکی بر روی طیور مورد بررسی قرار گرفت. در این تحقیق صفات مورد نظر در ۷۱۳ قطعه طیور از نسل F2 اندازه گیری شدند. آنالیز پلی مرفیسم با تکنیک RFLP نشان داد که در ناحیه پروموتور ژن IGFI چند شکلی وجود دارد. در پایان مشخص شد که اثرات سودمندی همچون بهبود رشد، افزایش وزن ماهیچه سینه، کاهش چربی شکمی، بالا بودن مقاومت استخوان با آللی که در یک یا بیشتر از یک جایگاه ژنی در مجاورت IGFI-SNP1 قرار داشتند ارتباط داشت (۶).

مواد و روش ها

²⁰ . Insulin-like Growth Factor I

نمونه برداری و استخراج DNA

در این پژوهش از ۱۵۰ قطعه از مرغان مولد موجود در سالن نسل گیری ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران خون گیری از ورید زیر بال انجام گرفت. برای استخراج DNA حدوداً مقدار ۲ سی سی خون و برای جلوگیری از انعقاد خون از لوله های محتوی EDTA استفاده شد. نمونه ها بلافاصله با حفظ شرایط زنجیره سرد به آزمایشگاه ژنتیک مولکولی دانشگاه علوم کشاورزی ساری منتقل و تا زمان استخراج DNA در دمای ۴ درجه سانتی گراد نگهداری شدند. برای استخراج DNA از پروتکل استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته^{۲۱} و برای تعیین ویژگی های کمی و کیفی DNA از الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد.

واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR)

در این مطالعه ناحیه 5'-UTR از جایگاه ژنی IGFI انتخاب و با یک جفت پرایمر اختصاصی قطعه ای به طول ۶۲۱ جفت باز تکثیر شد (۳). توالی آغازگر مورد استفاده شامل توالی رفت 5'-GACTATACAGAAAGAACCAC-3' و توالی برگشت 5'-TATCACTCAAGTGGCTCAAGT-3' بود. واکنش زنجیره ای پلی مرز در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ۲/۵ میکرولیتر بافر (10x) PCR، ۰/۵ میکرولیتر dNTPs، ۰/۲ میکرولیتر Taq polymerase، ۱۵۰ نانو گرم DNA ژنومی، ۱/۵ میکرولیتر MgCl₂ و ۱ میکرولیتر از هر یک از پرایمرهای رفت و برگشت که در نهایت با آب مقطر به حجم ۲۵ میکرولیتر رسیده است، انجام گرفت. سپس چرخه های PCR با برنامه حرارتی شامل: ۹۴ درجه سانتی گراد جهت واسرشت اولیه DNA به مدت ۳۰۰ ثانیه، واسرشت ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، دمای ۶۰ درجه سانتی گراد جهت اتصال پرایمرها به مدت ۴۵ ثانیه، دمای ۷۲ درجه سانتی گراد جهت بسط آغازگرها به مدت ۶۰ ثانیه به تعداد ۳۵ سیکل و بسط نهائی به مدت ۳۰۰ ثانیه در ۷۲ درجه سانتی گراد انجام شد. جهت رویت محصول PCR از ژل آگارز ۱/۵ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید و برای آزمون صحت اندازه قطعه تکثیری از نشانگر وزنی M100 شرکت فرمنتاز استفاده شد.

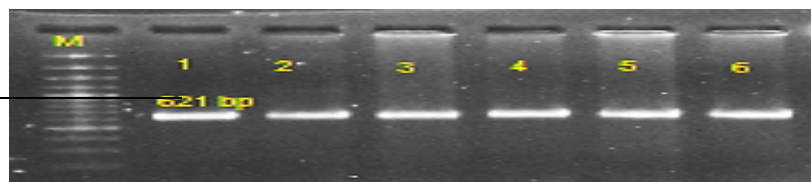
تعیین ژنوتیپ

برای تفکیک آلی و تعیین ژنوتیپ هر حیوان از تکنیک PCR-RFLP و الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد. بعد از هضم آنزیمی نمونه ها توسط آنزیم Pst I برای مشاهده باندها از ژل آگارز ۲ درصد استفاده شد. اگر در ناحیه 5'-UTR (قطعه ۶۲۱ جفت بازی) جایگاه آنزیم Pst I وجود داشته باشد در اثر برش آنزیم دو قطعه ۳۶۴ و ۲۵۷ جفت بازی تولید می شود. اگر این سایت برشی در هر دو آلل این جایگاه وجود داشته باشد سبب بروز ژنوتیپ BB و اگر در یکی یا هیچکدام از آلل ها وجود نداشته باشد به ترتیب سبب بروز ژنوتیپ های AB و AA می شود

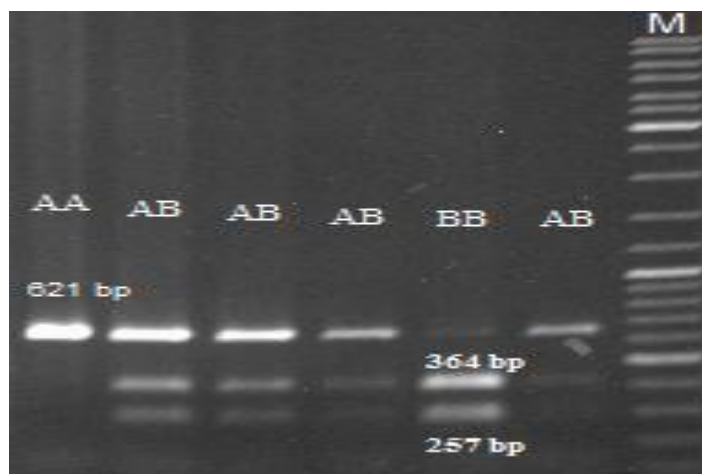
نتایج و بحث

در این پژوهش با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی، قطعه مورد نظر از جایگاه ژنی IGFI شامل ناحیه 5'-UTR به طول ۶۲۱ جفت باز تکثیر شد. نمونه ای از محصولات PCR تکثیر شده در شکل ۱ آمده است.

1- Salting Out



شکل ۱- محصولات تکثیر شده به طول ۶۲۱ جفت باز از ناحیه 5'-UTR ژن IGFI در شکل ۲ محصولات حاصل از هضم آنزیمی و ژنوتیپ ها مشخص شده است. همان طوری که در شکل نشان داده شد در این پژوهش دو آلل A و B و سه ژنوتیپ AA, AB و BB شناسایی شد.



شکل ۲- IGFI ژن 5'-UTR محصولات حاصل از هضم آنزیمی ناحیه

جدول ۱- وفور آلی و ژنوتیپی جایگاه مورد مطالعه

ژنوتیپ/وفور			الل/وفور	
AA	AB	BB	A	B
۰/۴۵	۰/۵	۰/۰۵	۰/۷	۰/۳

سیلور سایید و همکاران (۲۰۰۴)، با بررسی ارتباط صفت تولید تخم و فاکتور رشد شبه انسولینی نوع یک در طیور بومی نژاد آگال کشور کره اظهار داشتند ژنوتیپ های IGFI می تواند به عنوان مارکرهای ژنتیکی برای صفت تولید تخم مرغ به کار گرفته شوند. آن ها برای شناسایی ژنوتیپ ها از روش PCR-RFLP استفاده کردند. محققین فوق نسبت آلی BB, AB و AA حاصل از برش آنزیم Pst I برای ژن IGFI در ناحیه 5'-UTR را به ترتیب برابر با ۵۵/۸، ۲۶/۹ و ۱۷/۳ درصد گزارش کردند. همچنین اظهار داشتند آلل A با صفت تولید تخم و تعداد فولیکول جسم زرد رابطه معنی داری دارد (۵).

لی و همکاران (۲۰۰۹)، ارتباط صفت تولید تخم و متوسط استمرار روزهای تخمگذاری و تعداد تخم های دو زرده با فاکتور رشد شبه انسولینی نوع یک در طیور بومی نژاد ونچانگ چین را مورد بررسی قرار دادند. آن ها برای شناسایی ژنوتیپ ها از روش

PCR-RFLP استفاده کردند. محققین فوق ۳ ژنوتیپ شامل BB، bb و Bb حاصل از برش آنزیم Pst I برای ژن IGFI در ناحیه 5'-UTR به ترتیب با فراوانی ۰/۳۲، ۰/۲۷ و ۰/۴۱ درصد گزارش کردند. در نهایت مشخص شد که ارتباط معنی داری بین IGFI و صفات تولید مثلی وجود دارد (۳).

در بررسی صورت گرفته توسط سیلور ساید و همکاران (۵) و همچنین لی و همکاران (۳)، ارتباط معنی داری بین صفات تولیدی و تولید مثلی با فاکتور رشد شبه انسولینی نوع یک گزارش شد. در پژوهش حاضر مطابق با پژوهش این محققین سه ژنوتیپ AA، BB و AB حاصل از فعالیت آنزیم برشی Pst I در ناحیه 5'-UTR ژن IGFI در مرغان مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران مشاهده شد، اما نسبت های ژنوتیپی AA، BB و AB برابر با ۰/۴۵، ۰/۰۵ و ۰/۵۵ به دست آمد. اثر ژنوتیپ های حاصل از این جایگاه ژنی بر صفات تولیدی در جمعیت مرغان مولد بومی این ایستگاه در دست بررسی است.

منابع:

1. Humbel, R.E. 1990. Insulin-like Growth Factor I and II. Eur. J. Biochem. 190:445-62. Endocrinol. 17: 299-313.
2. Jonse, J.I., and D.S. Seo. 2004. Relationtio between egg productive and insulin-like growth factor I and II gene type in Korean Agol chicken. Poultry Science. 83:1203-1208. Integrity, and Metabolic Traits in Chicken. poultry Science. 84: 212-219.
3. li, F.H., W.Q.Zhu, K.W., Chen,X., Wu, Q.P., Tang, Y.S., Gao, W.T., Song., W.J., and Xu, H.L. 2009. Polymorphism in NPY and IGF-I genes associate with reproductive traits in Wenchang chicken. African Journal of Biotechnology Vol. 8 (19), pp. 4744-4748.
4. Onagbesan, O.M., B. Vleugels, N. Buys, V. Bruggeman, M. Safi and E. Decuyper. 1999. Insulin-like growth factor in the regulation of avian ovarian function. Domestic Anim. Endocrinol. 17:299-313.
5. Siverside, F.G. 2004. Relationship between egg productivity and insulin-like growth factor I genotypes in Korean chickens. Poultry Science. 22: 577-586.
6. Zhou, H., A.D. Mitchell, M.C. Murtry, C.M. Ashwell, and S.J. Lamont. 2005. Insulin-like growth factor I gene polymorphism associations with growth, body Composition Skeleton Integrity, and Metabolic Traits in Chickens1. Poultry science 84:212-219.

Using enzyme marker Pst I for detection of single nucleotide polymorphism in 5'-UTR of IGF I gene in breeder hens of Mazandaran native fowls breeding station

Mohammad Rezaei*, Hasan Hafezian, Ghodrat Rahimi Mianji, Hamed Kazemi, Elaheh Ghasemian

Laboratory for Molecular Genetics and Animal Biotechnology, Department of Animal Sciences, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

Email: mohammad_rezaei156@yahoo.com*

Abstract

Insulin-like Growth Factor I (IGFI) gene considered as one of the major gene for improving of production and functional traits in poultry. In order to identify different allelic forms in IGFI gene blood samples were collected from 150 breeder hens of Mazandaran native Fowls breeding station. DNA was extracted using modified salting out method and a DNA fragment with the length of 621 bp from part of 5'-UTR of IGFI gene was amplified by polymerase chain reaction (PCR) using specific primer pairs. Genotyping of each sample was performed using restriction enzyme Pst I. The frequency of each A and B alleles and AA, AB and BB genotypes were estimated at 0/7 and 0/3 and of 0/45, 0/5 and 0/05, respectively. With the results of the present study, it can be concluded that the enzyme marker Pst I can detect different allelic forms at this site in native fowls population. The effect of obtained genotypes at this marker site on production traits is under investigation.

Key words: IGFI, 5'-UTR , Native fowls, Polymorphism.

تجزیه و تحلیل ژنتیکی صفات رشد در گوسفند کردی با استفاده از آنالیزهای چند متغیره

زهرا داوری ورنلو^{۱*}، سعید حسنی^۲، مجتبی آهنی آذری^۲، فیروز صمدی^۲، سونیا زکی زاده^۳، علیرضا خان احمدی^۴

^۱ دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

^۲ گروه علوم دامی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

^۳ گروه علوم دامی مجتمع آموزش عالی جهاد کشاورزی خراسان رضوی، مشهد

^۴ گروه علوم دامی مجتمع آموزش عالی گنبد کاووس

* زهرا داوری ورنلو zahradavari8420@yahoo.com

چکیده

این مطالعه به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفند کردی و با استفاده از اطلاعات شجره‌ای و رکوردهای وزن بدن که در طی سال‌های ۱۳۶۹ تا ۱۳۸۹ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند کردی واقع در شیروان جمع‌آوری شده بود، انجام شد. صفات مورد مطالعه شامل وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی بود. برای برآورد پارامترهای ژنتیکی از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) و مدل حیوانی تک صفتی و دو صفتی و نرم‌افزار ASREML استفاده شد. در آنالیز تک صفتی وراثت‌پذیری وزن تولد (0.24 ± 0.04)، وزن از شیرگیری (0.41 ± 0.04)، وزن ۶ ماهگی (0.30 ± 0.05)، وزن ۹ ماهگی (0.31 ± 0.04) و وزن ۱۲ ماهگی (0.26 ± 0.04) برآورد شد. در این تحقیق بیشترین همبستگی ژنتیکی بین وزن از شیرگیری و وزن ۶ ماهگی (0.96) و بیشترین همبستگی فنوتیپی بین وزن ۶ ماهگی و ۹ ماهگی (0.75) تخمین زده شد. کلمات کلیدی: گوسفند کردی - پارامترهای ژنتیکی - مدل حیوانی - صفات رشد

مقدمه

نژاد کردی یکی از نژادهای گوسفند دنبه‌دار ایران است که هدف اصلی پرورش آن تولید گوشت می‌باشد. این گوسفند یکی از بهترین و سازگارترین گونه‌های نژادی برای مناطق کوهستانی به ویژه در خراسان شمالی است (۲). بهره‌برداری صحیح از این نژاد مانند سایر نژادهای بومی مستلزم شناسایی استعدادهای تولیدی، تولید مثلی و توان توسعه آن می‌باشد (۴). صفات رشد در کنار سایر صفات تولیدی در گوسفند از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. با توجه به نتایج تحقیقات اخیر عوامل تغذیه‌ای، مدیریتی و محیطی نقش بسزایی در کارایی تولیدات گوسفند داشته و بسیار با اهمیت می‌باشد. صفات رشد شامل وزن تولد، وزن شیرگیری و اوزان ۶ تا ۱۲ ماهگی می‌باشد. وزن تولد در گوسفند یکی از پارامترهایی است که تأثیر مهمی بر رشد گوسفند بخصوص در دوره قبل از شیرگیری دارد. به طوری که وزن تولد اولین شاخص رشد می‌باشد و برای اندازه‌گیری رشد دام در مراحل بعدی رشد به عنوان نقطه شروع مهم است. همچنین توجه به رشد بعد از شیرگیری از نظر اصلاح نژادی اهمیت زیادی دارد زیرا در این دوره وابستگی گوسفند به مادرش از بین می‌رود و نقش ژنتیکی حیوان در بروز صفات اهمیت بیشتری می‌یابد (۱). برای بهبود ژنتیکی صفات مربوط به رشد، اطلاع از توارث‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی

وزن بدن در سنین مختلف ضروری است. با توجه به این که وراثت پذیری تابعی از واریانس ژنتیکی و محیطی می باشد بهتر است در صورت امکان مقادیر وراثت پذیری و مؤلفه های واریانس در شرایط محیطی مورد نظر برآورد شود (۵). لذا هدف از این تحقیق برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن در گوسفند نژاد کردی با استفاده از آنالیزهای چند متغیره می باشد.

مواد و روش ها

این پژوهش با استفاده از اطلاعات شجره ای و رکوردهای وزن بدن جمع آوری شده در طی سال های ۱۳۶۹ تا ۱۳۸۹ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند کردی واقع در روستای حسین آباد (۱۲ کیلومتری شهرستان شیروان) انجام شد. صفات مورد مطالعه شامل وزن تولد، وزن شیرگیری و اوزان ۶ تا ۱۲ ماهگی بود. داده ها در نرم افزار بانک اطلاعاتی فاکس پرو مرتب شد و برای آزمون اثر عوامل ثابت (سال تولد، سن میش در هنگام زایش، جنس بره و تیپ تولد)، داده ها با استفاده از روش *GLM* نرم افزار *SAS* (۱۵) مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند.

برآورد مؤلفه های واریانس_کوواریانس به منظور برآورد وراثت پذیری و همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات با روش حداکثر درست نمایی محدود شده (REML) به وسیله نرم افزار *ASREML* (۱۰) به صورت تک و دوصفتی با استفاده از مدل زیر انجام شد (۱۲).

$$Y_{ijklm} = \mu + B_i + A_j + S_k + T_l + e_{ijklm}$$

در این مدل:

$$Y_{ijklm} = \text{بردار مشاهدات برای صفت مورد استفاده}$$

$$\mu = \text{میانگین جامعه}$$

$$A_j = \text{اثر } j \text{ امین سن مادر (در ۶ سطح)}$$

$$j = 2, 1, \dots, 6$$

$$B_i = \text{اثر } i \text{ امین سال (در ۲۰ سطح)}$$

$$i = 1370, 1378, \dots, 1387$$

$$S_k = \text{اثر } k \text{ امین جنس بره (در ۲ سطح)}$$

$$k = 1 \text{ و } 2 \text{ (نر و ماده)}$$

$$T_l = \text{اثر } l \text{ امین تیپ تولد (در ۲ سطح)}$$

$$l = 1, 2 \text{ و } 3 \text{ (تک قلو، دو قلو)}$$

نتایج و بحث

آماره های توصیفی صفات مورد مطالعه در جدول شماره ۱ و ضرایب وراثت پذیری و همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی وزن بدن در سنین مختلف در جدول شماره ۲، ارائه شده است. میانگین صفات وزن تولد، شیرگیری و شش و دوازده ماهگی به ترتیب ۴/۵۸، ۲۴/۲۶، ۳۳/۵۸، ۳۶ و ۴۲ کیلوگرم برآورد شد. اثر جنس، سال رکوردگیری، نوع تولد و سن مادر در هنگام زایش بر تمام صفات مورد مطالعه معنی دار بود (در سطح ۱ درصد). تاثیر عوامل محیطی بر صفات وزن در بسیاری از منابع گزارش شده است که دلایل آن را تفاوت بین میش ها از نظر ظرفیت و گنجایش رحم و نیز میزان تولید شیر (اثر سن مادر)، رقابت بین بره های چند قلو در مقایسه با تک قلوها در استفاده از شرایط رحم در زمان آبستنی و نیز میزان شیر دریافتی از مادر بعد از تولد (اثر نوع تولد)، تفاوت در خصوصیات فیزیولوژیکی و سیستم اندوکرینی به خصوص نوع و میزان ترشح هورمون های جنسی (اثر جنس بره) و نیز تغییرات در شرایط اقلیمی (میزان بارندگی سالانه، رطوبت و دمای محیط) در سال های مختلف ذکر کرده اند (۳، ۶، ۸، ۹ و ۱۳). وراثت پذیری وزن تولد برآورد شده در این مطالعه (۰/۲۴) مشابه برآورد هانفورد

و همکاران (۲۰۰۲) در نژاد کلمبیا بود. وراثت پذیری برای وزن شیرگیری، ۶ و ۹ ماهگی در این تحقیق تا حدودی بالاتر از نتایج حاصل از بیگی نصیری و همکاران (۱۳۸۳) و به ترتیب (۰/۴۱، ۰/۳۰ و ۰/۳۱) برآورد شد. برای نژادهای گوشتی، میانگین وراثت پذیری مستقیم مرتبط با وزن های تولد، شیرگیری، پس از شیرگیری و افزایش وزن روزانه را به ترتیب 0.15 ± 0.02 ، 0.18 ± 0.04 ، 0.21 ± 0.01 ، 0.17 ± 0.01 برآورد نمودند که در مقایسه با نتایج حاصل از این تحقیق کمتر بود (۱۴). علت آن را می توان در ماهیت و چگونگی داده ها، عوامل محیطی، پرورشی، تغذیه ای، دوره زمانی مورد بررسی و نحوه رکوردگیری صفات دانست. توارث پذیری بالای صفات وزن بدن در سنین مختلف بیانگر نقش موثر ژنها در بروز فنوتیپ این صفات و امکان بهبود ژنتیکی این صفات است. همانطور که در جدول شماره ۲ مشاهده می شود، میزان همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی وزن بدن در سنین مختلف بالا است، اما نتایج مشابهی در نژاد بلوچی توسط واعظ ترشیزی و همکاران (۱۳۷۰) و در نژاد زل توسط محمدی و همکاران (۱۳۸۹) گزارش شده است. با افزایش فاصله بین هر وزن کشی، از میزان همبستگی ها نیز کاسته می شود این بدین معنی است که وزن بدن در سنین مختلف (تولد، وزن از شیرگیری، وزن ۶ ماهگی، وزن ۹ ماهگی و وزن یکسالگی) توسط وزن های کم و بیش مشابه کنترل می شود. بنابراین انتخاب بر اساس وزن بدن در سنین پایین می تواند شاخص مناسبی برای افزایش وزن در انتهای دوره باشد.

جدول شماره ۱ - آماره های توصیفی و اطلاعات شجره ای صفات مورد مطالعه

ضریب	تعداد	صفت	حیوانات	حداقل	حداکثر	میانگین	انحراف معیار	تغییرات
وزن تولد	۲۶۵۳	۲/۴	۶/۲	۴/۵۸	۰/۷۲	۱۳/۷		
وزن شیرگیری	۲۶۵۳	۱۲	۳۶	۲۴/۲۶	۵/۱۸	۱۶/۹۵		
وزن ۶ ماهگی	۲۶۵۳	۲۰	۴۵	۳۳/۵۸	۶/۳۳	۱۴/۲۳		
وزن ۹ ماهگی	۲۶۵۳	۲۴	۵۴	۳۶	۵/۵۴	۱۵/۰۱		
وزن ۱۲ ماهگی	۲۶۵۳	۲۷	۶۲	۴۲	۵/۳۵	۱۲/۷۳		

جدول شماره ۲ - وراثت پذیری روی قطر، همبستگی ژنتیکی بالای قطرو همبستگی فنوتیپی پایین قطر وزن بدن در سنین مختلف

صفت	وزن تولد	وزن شیرگیری	وزن ۶ ماهگی	وزن ۹ ماهگی	وزن ۱۲ ماهگی
وزن تولد	$4 \pm 0.00 / 24$	$10 \pm 0.00 / 28$	$9 \pm 0.00 / 25$	NC	NC
وزن شیرگیری	$2 \pm 0.00 / 22$	$4 \pm 0.00 / 41$	$2 \pm 0.00 / 96$	$7 \pm 0.00 / 48$	$9 \pm 0.00 / 41$
وزن ۶ ماهگی	$1 \pm 0.00 / 17$	$1 \pm 0.00 / 67$	$5 \pm 0.00 / 30$	$5 \pm 0.00 / 72$	$7 \pm 0.00 / 57$
وزن ۹ ماهگی	$2 \pm 0.00 / 14$	$1 \pm 0.00 / 51$	$1 \pm 0.00 / 75$	$4 \pm 0.00 / 31$	$3 \pm 0.00 / 90$
وزن ۱۲ ماهگی	$2 \pm 0.00 / 14$	$1 \pm 0.00 / 39$	$1 \pm 0.00 / 61$	$1 \pm 0.00 / 77$	$4 \pm 0.00 / 26$

منابع

- ۱- اسکندری نسب، م. ۱۳۷۷. برآورد مولفه‌های واریانس و کواریانس و روند ژنتیکی صفات تولیدی در یک گله گوسفند بلوچی. پایان‌نامه دکتری علوم دامی. دانشگاه تربیت مدرس تهران، دانشکده کشاورزی.
- ۲- اسماعیلی زاده، ع. میراثی آشتیانی، س. ر. واعظ ترشیزی، ر. و اکبری قرائی، م. ۱۳۸۰. برآورد وراثت‌پذیری و بررسی عوامل محیطی مؤثر بر صفات رشد اولیه در گوسفند نژاد کردی، اولین سمینار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، طیور و آبزیان کشور، دانشکده کشاورزی، کرج، ۲۷۴-۲۶۹.
- ۳- امامی میبدی، م. ترکمن زهی، آ. واعظ ترشیزی، ر. و م. ح. خانی سانج. ۱۳۸۰. خصوصیات تولید مثلی و پارامترهای ژنتیکی بعضی از صفات رشد در یک گله گوسفند بلوچی در استان یزد. پژوهش و سازندگی، شماره ۵۱، تابستان ۱۳۸۰. ص ۱۲-۱۶.
- ۴- بیگی نصیری، م. ت. فروزان مهر، م. ر. و احمدی، ا. ۱۳۸۳. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفند کردی شمال خراسان، مجله پژوهش کشاورزی، جلد ۴، شماره ۱، تابستان، ۴۸-۳۶.
- ۵- طهمورث‌پور، م. ۱۳۸۶. ژنتیک کمی و مسائل آن. انتشارات دانشگاه فردوسی مشهد. ۲۵۶ ص.
- ۶- فیروزی‌مایوان، ع. ا. وطن‌خواه، م. بی‌غم، م. ۱۳۸۷. بررسی عوامل محیطی مؤثر بر صفت رشد در گوسفندان کردی شمال خراسان. نخستین همایش ملی صنعت دام و طیور، استان گلستان.
- ۷- محمدی، ح. و صادقی، م. ۱۳۸۹. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد و تولیدمثل و روند ژنتیکی صفات رشد در گوسفند نژاد زل تحت سیستم روستائی. مجله علوم دامی ایران. دوره ۴۱. ش ۳. ص ۲۴۱-۲۳۱.
- ۸- واعظ ترشیزی، ر. ن. امام جمعه، ع. نیکخواه و م. حجازی. ۱۳۷۰. بررسی اثر عوامل محیطی روی صفات قبل از شیرگیری و پارامترهای ژنتیکی آن صفات در یک گله گوسفند بلوچی. مجله علوم کشاورزی ایران، جلد ۲۳، شماره ۲، ص ۴۲-۳۳.
9. Dixit, S.P., Dhilon, J.S., Sing, G., 2001. Genetic and non-genetic parameter estimates for growth traits of Bharat Merino lambs. Small Rumin. Res. 42, 101-104.
10. Gilmour, A.R., Gogel, B.J., Cullis, B.R., Welham S.J. and Hompson R. 2002. ASREML user guide release 1.0 VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1. UK.
11. Hanford, K. J., Van Vleck, L. D., Snowden, G. D., 2002. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Columbia sheep. J ANIM SCI 80:3086-3098.
12. Mrode, R. A., and Thompson, R. 2005. Linear model for the prediction of animal breeding values. CABI publishing. PP:444.
13. Ozcan, M., Ekiz, B., Yilmaz, A., Ceyhan, A., 2005. Genetic parameter estimates for lamb growth traits and greasy fleece weight at first shearing in Turkish Merino sheep. Small Rumin. Res. 56, 215-222.
14. Safari E, Fogarty, N.M. and Gilmour AR 2005. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. Livest Prod Sci 92:271-289.
15. SAS Institute. 2001; SAS user guide: statistical. SAS Institute, Cary, N. C.

Z. Davari^{*1}, S. Hasani², M. Ahani Azari², F. Samadi², S. Zakizadeh³ and A. Khan Ahmadi⁴
^{1, 2} Department of Animal Science, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

³ Department of Animal Science, Khorasan razavi High Education Center

⁴ Instructor, Department of Animal Science, Gonbad High Education Center

*zahradavari8420@yahoo.com

Abstract

The present study was carried out to estimate genetic parameters of growth traits in Kurdish sheep, using pedigree information and body weight records which collected from 1991 to 2011 at Kurdish Sheep Breeding Station. Studied traits were birth weight, weaning weight, 6 month weight, 9 month weight and 12 month weight. Genetic parameters were estimated by univariate and bivariate animal model using ASREML software. Estimated heritabilities for birth weight, weaning weight, 6 month weight, 9 month weight and 12 month weight were 0.24 (± 0.04), 0.41 (± 0.04), 0.3 (± 0.04), 0.31 (± 0.04) and 0.26 (± 0.04) respectively. The highest genetic and phenotypic correlation were estimated between weaning weight and 6 month weight (0.96) and 6 month weight and 9 month weight (0.75), respectively.

Keywords: Kurdish sheep- genetic parameters- animal model- growth traits

مقایسه مدل‌های تابعیت تصادفی با چند جمله‌ای‌های لژاندر و مدل تکرارپذیر روزآزمون برای نمره سلول‌های بدنی گاوهای هلشتاین ایران در گله‌های با اندازه کوچک

محمد آذرنوش^{۱*}، احمد آیت الهی^۲

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه شهید باهنر کرمان ۲- عضو هیأت علمی دانشگاه شهید باهنر کرمان

*Mohammadazarnoosh76@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق به منظور مقایسه مدل تابعیت تصادفی با مدل تکرارپذیر روزآزمون از تعداد ۱۲۴۵۴۵ رکورد روز آزمون شمارش سلول‌های بدنی (SCC) متعلق به ۲۷۴ گله و ۳۳۲۵۵ راس گاو هلشتاین در نوبت شیردهی اول که روزهای شیردهی آنها بین ۵-۳۰۵ بود و دارای اندازه گله > 95 راس بودند استفاده گردید. آنالیز داده‌ها با استفاده از نرم افزار ASREML31 انجام گرفت که در آن سن، روزهای شیردهی (DIM) و اثر گله $\times$ سال تولد به عنوان اثرات ثابت، هم چنین در قسمت اثرات تصادفی اثر گله-روزآزمون (HTD) و تابع درجه دوم چند جمله‌ای‌های متعامد لژاندر برای دو اثر حیوان/پدر و محیطی دائمی برازش داده شدند. نتایج نشان داد که وراثت پذیری صفت مورد مطالعه با استفاده از مدل تکرارپذیری ۰/۰۳۵ و در دو مدل دیگر با یک الگوی مشابه و روند افزایشی از ماه دوم (۰/۰۲۲) تا ماه آخر (۰/۰۶۸) دوره شیردهی بود.

کلمات کلیدی: مدل تابعیت تصادفی - مدل تکرارپذیری روزآزمون - نمره سلول‌های بدنی

مقدمه

روش‌های آماری معمولاً به گونه‌ای استفاده می‌شوند که ارزش اصلاحی حیوانات که بخشی از اثرات تصادفی و شناخته شده است بدرستی محاسبه شوند چراکه ارزیابی و رتبه‌بندی حیوانات جهت انتخاب در یک برنامه اصلاح نژادی بر مبنای ارزش اصلاحی انجام می‌شود. مدل تابعیت تصادفی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش‌بینی ارزش اصلاحی به علت داشتن مزیت نسبت به مدل‌های تکرارپذیر، نظیر عدم نیاز به تصحیح رکوردها برای برآورد صفت تولیدی در یک مرحله خاص، امکان منظور نمودن اثر محیطی خاص برای هر روز رکوردگیری در تجزیه و تحلیل آماری، پیش‌بینی ارزش اصلاحی دام‌ها در سنین پائین و تصمیم‌گیری به موقع در حذف و یا انتخاب دام‌ها، کاهش فاصله نسلی و افزایش دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش‌بینی ارزش اصلاحی به دلیل افزایش تعداد رکورد هر حیوان، بطور گسترده مورد استفاده قرار می‌گیرند (۳).

توابع مختلفی برای رگرسیون‌های ثابت و تصادفی برازش داده می‌شوند. توابع پارامتریک و توصیف کننده منحنی شیردهی مانند توابع علی و شفر و ویلمینک سابقاً به کار گرفته می‌شدند متعاقباً این توابع بوسیله چند جمله‌ای‌های متعامد لژاندر جایگزین شدند چراکه مدل‌های پیشین به لحاظ همبستگی بالایی که میان ضرایب آن‌ها وجود داشت قادر به مدل‌سازی پیک منحنی شیردهی نبودند (۱). بنابراین هدف این تحقیق بر پایه مقایسه مدل‌های تابعیت تصادفی برازش یافته روی چند جمله‌ای‌های لژاندر و مدل تکرار پذیری جهت آنالیز نمره سلول‌های بدنی قرار گرفت.

مواد و روش ها

در این تحقیق به منظور برآورد همبستگی محیط دائمی و تکرارپذیری از تعداد ۱۲۴۵۴۵ رکورد روز آزمون شمارش سلول‌های بدنی (SCC) متعلق به ۴۲۷ گله و ۳۳۲۵۵ راس گاو هلشتاین در نوبت شیردهی اول آنها استفاده گردید که بین سال‌های ۸۵-۹۰ در مرکز اصلاح نژاد کشور جمع‌آوری شده بودند گله‌های تحت آنالیز >۹۵ گاو داشتند. از آنجائیکه توزیع واقعی SCC بشدت نامتقارن و اریب به راست می‌باشد جهت آنالیز، داده‌ها بطور معمول به SCS تبدیل می‌شوند جهت این تبدیل از تابع علی شوک که در زیر آمده است استفاده گردید (۵) (فرمول شماره ۱).

فرمول شماره ۱: تابع علی و شوک

$$SCS = \log_2 \left(\frac{SCC}{100} \right) + 3$$

آنالیز داده‌ها با استفاده از نرم افزار ASREML31 انجام گرفت که در آن سن، روزهای شیردهی (DIM) و اثر گله × سال تولد به عنوان اثرات ثابت، هم‌چنین در قسمت اثرات تصادفی اثر گله-روزآزمون (HTD) و تابع درجه دوم چند جمله‌ای‌های متعامد لژاندر برای دو اثر ژنتیکی افزایشی حیوان/پدر و محیطی دائمی در مدل تابعیت تصادفی (فرمول شماره ۲) و مدل تکرار پذیری روز آزمون (فرمول شماره ۳) برازش داده شدند.

فرمول شماره ۲: مدل تابعیت تصادفی

$$Y_{ijklm} = HY_j + \sum_{n=1}^1 A_n X_{ln} + \sum_{n=1}^3 D_n Z_{ln} + HTD_i + \sum_{n=0}^2 G_{kn} Z_{ln} + \sum_{n=0}^2 P_{kn} Z_{ln} + e_{ijkl}$$

Y_{ijklm} : رکورد روزآزمون گاو k ام در روز l ام در زیر گروه گله-روز آزمون l ام و j امین زیرگروه گله-سال تولد. HY_j : اثر ثابت j امین زیرگروه گله - سال تولد. X_{ln} : n امین درجه چندجمله‌ای لژاندر اثر ثابت سن روی l امین روزآزمون. A_n : ضریب رگرسیون ثابت مربوط به سن زایش. Z_{ln} : n امین درجه چندجمله‌ای لژاندر اثر DIM روی l امین روز آزمون. D_n : ضریب رگرسیون ثابت مربوط به DIM. HTD_i : اثر تصادفی i امین گله-روز آزمون. G_{kn} : ضریب تابعیت تصادفی اثر ژنتیکی افزایشی حیوان k ام. P_{kn} : ضریب تابعیت تصادفی اثر محیط دائمی حیوان k ام. e_{ijkl} : اثر تصادفی باقیمانده.

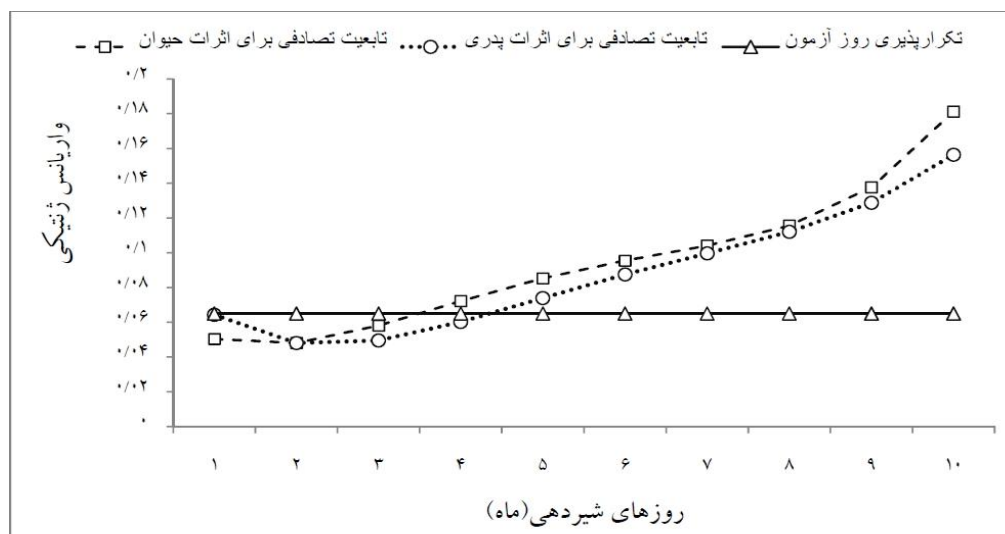
فرمول شماره ۳: مدل تکرار پذیر روز آزمون

$$Y_{ijkl} = HY_j + HTD_i + A_{ijkl} + D_{ijkl} + G_k + P_k + e_{ijkl}$$

Y_{ijklm} : هر یک از تمره سلول‌های بدنی. HY_j : اثر ثابت j امین زیرگروه گله - سال تولد. HTD_i : اثر ثابت i امین گله-روز آزمون. A_{ijkl} : اثر متغیر کمکی سن زایش. D_{ijkl} : اثر متغیر کمکی روزهای شیردهی. G_k : اثر ژنتیکی افزایشی حیوان k ام. P_k : اثر محیط دائمی حیوان k ام. e_{ijkl} : اثر تصادفی باقیمانده.

نتایج و بحث

الگوی تغییرات واریانس ژنتیکی و وراثت پذیری نمره سلول‌های بدنی و تفاوت میان برآورد این دو پارامتر با استفاده از مدل‌های مختلف یاد شده در نمودارهای ۱ و ۲ آمده‌اند. مقایسه مدل‌های تکرارپذیری روزآزمون^۲، تابعیت تصادفی برای اثرات پدری^۳ و تابعیت تصادفی برای اثرات حیوان^۲ تایید بر این موضوع بود که هنگامیکه انتخاب بر اساس مدل‌های مقطعی و تکرارپذیر انجام می‌شود ارزش‌های اصلاحی بازتابی از اثر میانگین ژنتیکی در طول دوره شیردهی می‌باشد در مقایسه با این مدل‌ها، مدل‌های روزآزمون تابعیت تصادفی تعدیل مناسب‌تری از اثرات محیطی موقت و مراحل مختلف شیردهی ارائه می‌دهند (۳). علاوه از آنجاییکه همبستگی‌های برآورد شده از SCS در طول دوره شیردهی و در ماه‌های مختلف هم شکل نیستند (۲) مدل‌سازی SCS به عنوان اندازه‌گیری‌های مکرر از صفات مشابه (مدل تکرارپذیر) احتمالاً کمتر از حد مطلوب خواهد بود این ضعف بوسیله فوگارد و همکاران (۲۰۰۳) تایید و ثابت شده است او واریانس باقی‌مانده کمتر و بهبود قابلیت پیش‌بینی برای مدل‌های تابعیت تصادفی نسبت به مدل‌های تکرارپذیر را برای صفت SCS گزارش کرد (۴) نتایج حاصل از این مطالعه تمامی موارد ذکر شده را تصدیق می‌کند ضمن اینکه در نظر گرفتن اثرات پدری بجای اثر حیوان در مدل تابعیت تصادفی تفاوت واضحی را میان برآوردها آشکار نساخت با این وجود استفاده از اثرات حیوان به جای اثرات پدری هر چند فرض آمیزش تصادفی پدران که برای مدل‌های با اثرات پدری وجود دارد و بواسطه اجرای آمیزش‌های جور شده سبب ارباب در برآورد ها می‌شود را پوشش می‌دهد اما با توجه با محاسبات بیشتر و پیچیده‌تر، نیازمند استفاده از امکانات سخت افزاری بسیار قدرتمندتر نسبت به مدل تابعیت تصادفی با اثرات پدری می‌باشد.

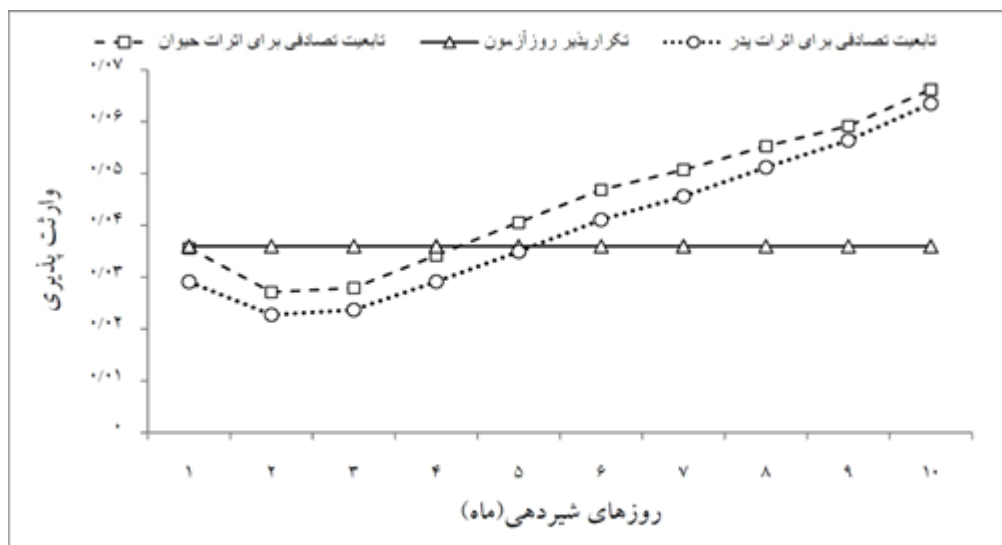


نمودار شماره ۱: روند تغییرات واریانس ژنتیکی در سه مدل مختلف

¹-Repeatability test day model

²-Random regression sire model

³-Random regression animal model



نمودار شماره ۲: روند تغییرات وراثت پذیری در سه مدل مختلف

منابع

1- Bohmanova . j , F. Miglior, J. Jamrozik, I. Misztal, and P. G. Sullivan. (2008). Comparison of Random Regression Models with Legendre Polynomials and Linear Splines for Production Traits and Somatic Cell Score of Canadian Holstein Cows. J. Dairy Sci , 91:3627-3638.

3- Haile-Mariam.M , Goddard.M.E , and Bowman.P.J .(2001) .Estimates of Genetic Parameters for Daily Somatic Cell Count of Australian Dairy Cattle J. Dairy Sci, 84: 1255-1264.

2- Haile-Mariam.M , Goddard.M.E , and Bowman.P.J .(2001) .Estimates of Genetic Parameters for Daily Somatic Cell Count of Australian Dairy Cattle J. Dairy Sci, 84: 1255-1264.

3- Jensen.J. (2001). Genetic Evaluation of Dairy Cattle Using Test-Day Models. J. Dairy Sci , 84: 2803-2812.

4- Ødegard . J,J. Jensen, G. Klemetsdal, P. Madsen, and B. Heringstad. (2003). Genetic Analysis of Somatic Cell Score in Norwegian Cattle Using Random Regression Test-Day Models. J. Dairy Sci , 86:4103-4114

5- Tal-Stein.R , Fontanesi.L , Dolezal.M , Scotti.E , Bagnato.A , Russo.V , Canavesi.F and Friedman.A .(2010) A genome scan for quantitative trait loci affecting milk somatic cell score in

Israeli and Italian Holstein cows by means of selective DNA pooling with single- and multiple-marker mapping J. Dairy Sci-4927-4913:93

Comparison of Random Regression Models with Legendre Polynomials and Repeatability Test Day Model for Somatic Cell Score in small herd size of Iranian Holstein Cows

Mohammad Azarnoosh^{1*}, Ahmad Ayatollahi Mehrgardi²

1,2 Shahid Bahonar University of Kerman

*Mohammadazarnoosh76@yahoo.com

Abstract

A total of 124545 somatic cell count records belonging to 33255 first lactation Holsteins in 274 herds and days in milk (DIM) between 5-305 and with <95 herd sizes were utilised to Comparison of models. Random regression animal model and sire random regression model were employed in the analyses for comparison with Repeatability Test Day Model using ASREML. fixed effects in the models were herd×birth year, age and days in milk (DIM), also herd-test date (HTD), additive genetic and permanent environment random effects were included. Orthogonal Legendre polynomials of order two was utilised in the model to take account of the shape of somatic cell score (SCS). Heritability estimates of somatic cell score for repeatability model was 0.035 and in another models the average heritability differed over the lactation and was lowest at the beginning (0.022) and higher at the end of lactation (0.068).

Keywords: Random regression model- repeatability test day model- somatic cell score

نقشه یابی جایگاه های ژنی (QTL) مرتبط با رشد روی کروموزوم شماره ۱ در بلدرچین ژاپنی

محبوبه ایرانمنش^{۱*}، علی اسماعیلی زاده^۲، سعید سهرابی^۳، حسن مرادیان^۳

۱-دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح نژاد دام دانشگاه شهید باهنر کرمان ۲- دانشیار دانشگاه شهید باهنر کرمان ۳- کارشناس

ارشد اصلاح نژاد دام دانشگاه شهید باهنر کرمان

* محبوبه ایرانمنش Mahboob.Iranmanesh@yahoo.com

چکیده

به منظور شناسایی QTL موثر بر صفات رشد و برآورد میزان اثر آنها، از یک طرح سه نسلی، F2 حاصل از تلاقی متقابل دو سویه متفاوت بلدرچین ژاپنی (تخمگذار یا سفید و گوشتی یا وحشی) و تشکیل نسل دوم استفاده گردید. با تلاقی ۳۴ پرندۀ از نسل دوم با یکدیگر، ۴۲۲ پرندۀ نسل سوم ایجاد شد. رکوردهای فنوتیپی مربوط به وزن های هفتگی، میانگین افزایش وزن روزانه و نسبت کلیر ثبت شدند. تمامی پرندگان هر سه نسل (۴۷۲ پرندۀ) برای ۸ نشانگر ریزماهواره تعیین ژنوتیپ شدند. داده های حاصل با استفاده از روش نقشه یابی درون فاصله ای آنالیز شده و QTL مربوط به ۱۱ صفت شناسایی شد. واریانس افزایشی QTL های شناسایی شده برای صفات مختلف در محدوده ۱/۰ تا ۳/۷ بود. با برازش مدل دارای اثرات افزایشی و غلبه، اثر غلبه فقط برای صفت وزن قبل از کشتار معنی دار شد ولی جایگاه های شناسایی شده بر هیچکدام از صفات مورد بررسی اثر ایمپرتینینگ نداشتند.

واژه های کلیدی: طرح F2 - مارکرهای DNA - اثرات مادری - وزن زنده - تلاقی دوطرفه

مقدمه

رشد یک حیوان را می توان حاصل فرآیندهای فیزیولوژیکی پیچیده ای دانست. با توجه به اهمیت صفات رشد، هدف اکثر برنامه های اصلاح نژادی در بلدرچین، انتخاب پرندگان دارای نرخ رشد بالا می باشد (۲). تاکنون مطالعات ژنتیکی کمی بسیاری جهت بررسی صفات مرتبط با رشد در بلدرچین ژاپنی صورت گرفته است (۳، ۴ و ۵). اما به منظور شناسایی اساس مولکولی و ژنومی صفات مرتبط با رشد، علی رغم تلاش های فراوان صورت گرفته برای ایجاد نقشه پیوستگی و شناسایی QTL در ژنوم مرغ، اطلاعات اندکی در خصوص نقشه یابی نواحی ژنومی مرتبط با صفات کمی در بلدرچین ژاپنی وجود دارد (۶ و ۷). در دسترس بودن ابزارهای مولکولی در بلدرچین ژاپنی (۷) امکان بررسی اساس ژنتیکی صفات پیچیده را در این پرندۀ فراهم کرده است. مینویل و همکاران (۲۰۰۵) یک QTL معنی دار برای صفات وزن بدن در ۵ و ۷ هفتهگی و مصرف خوراک روی کروموزوم شماره یک بلدرچین در یک تلاقی F2 شناسایی کردند (۶). اسماعیلی زاده و همکاران (۲۰۱۲) در یک طرح ناتنی پدری برای وزن زنده در ۳، ۴، ۵ و ۶ هفتهگی یک QTL شناسایی کردند (۲). از آنجا که در هیچکدام از پژوهش های قبلی اثرات QTL شناسایی شده مورد بررسی قرار نگرفته و همچنین چون کروموزوم شماره یک بزرگترین کروموزوم بلدرچین است (۷)، این مرحله از پژوهش روی این بخش از ژنوم انجام شد.

مواد و روش ها

تعداد ۸ پرندۀ نر و ۸ پرندۀ ماده به عنوان نسل والد (P) به تعداد مساوی از دو سویه سفید (S) و وحشی (W) انتخاب و تلاقی دوطرفه بین آنها (نر سفید × ماده وحشی و نر وحشی × ماده سفید) انجام شد. برای تولید نسل F1، هر پرندۀ نر در نسل P با یک پرندۀ ماده تلاقی داده شد. تعداد ۳۴ پرندۀ از بین پرندگان نسل اول (F1) شامل ۱۷ نتاج حاصل از تلاقی نر سفید × ماده وحشی (SW) (۱۴ پرندۀ ماده و ۳ پرندۀ نر) و ۱۷ نتاج حاصل از تلاقی نر وحشی × ماده سفید (WS) (۸ پرندۀ ماده و ۶ پرندۀ نر) برای تولید نسل دوم (F2) انتخاب شدند. هر پرندۀ نر با سه پرندۀ ماده (به صورت چرخشی و هر سه روز یک بار با یکی از پرندگان ماده) تلاقی داده شد. از تلاقی نرهای SW با ماده های WS تعداد ۱۵۳ (۶۴ ماده و ۸۹ نر) پرندۀ F2 (SWWS)، از تلاقی نرهای WS با ماده های SW تعداد ۲۳۰ (۹۶ ماده و ۱۳۴ نر) پرندۀ F2 (WSSW) و از تلاقی بین ماده های WS و نرهای WS تعداد ۳۹ (۱۶ ماده و ۲۳ نر) پرندۀ F2 (WSWS) (در مجموع ۴۲۲ پرندۀ نسل F2) در طی ۵ هیچ متوالی تولید شدند. رکوردهای مربوط به وزن هفتگی پرندگان از زمان تولد تا ۵ هفتگی (W0-W5) و وزن قبل از کشتار (SLWT) با ترازویی به دقت ۰/۱ گرم اندازه گیری شد. علاوه بر این صفات، میانگین افزایش وزن روزانه (ADG) مربوط به هر هفته و همچنین نسبت کلیر که عبارت است از میانگین افزایش وزن روزانه در یک دوره به وزن متابولیکی در پایان آن دوره (۱۲)، نیز محاسبه شد. در هنگام کشتار از تمام پرندگان خون گیری شد و استخراج DNA از خون مربوط به پرندگان هر سه نسل (تعداد ۴۷۲ پرندۀ) انجام شد. به منظور تعیین ژنوتیپ افراد کل جمعیت برای ۸ نشانگر ریزماهواره (۸)، از واکنش زنجیره ای پلیمرز استفاده شد و محصولات این واکنش برای تفکیک باندهای مربوطه و مشخص شدن آلل ها روی ژل پلی اکریل آمید ۸ درصد بارگذاری شد. برای شناسایی جایگاه های ژنی مرتبط با رشد، فایل های فنوتیپی و ژنوتیپی (به ترتیب حاصل از نتایج رکوردهای فنوتیپی و آلل های نشانگرها) و همچنین فایل نقشه نشانگرها روی کروموزوم شماره یک و فواصل بین آنها (۷ و ۸) به وسیله نرم افزار آنلاین GridQTL مورد آنالیز قرار گرفت. به منظور برآورد اثرات افزایشی، غلبه و ایمپریتینگ از مدل های آماری آورده شده در ذیل استفاده شد:

$$\text{مدل شماره ۱} \quad Y_{ijk} = \mu + H_i + S_j + aP_{ak} + e_{ijk}$$

$$\text{مدل شماره ۲} \quad Y_{ijk} = \mu + H_i + S_j + aP_{ak} + dP_{dk} + e_{ijk}$$

$$\text{مدل شماره ۳} \quad Y_{ijk} = \mu + H_i + S_j + aP_{ak} + dP_{dk} + iP_{ik} + e_{ijk}$$

که در این مدل ها، Y_{ijk} مشاهده مربوط به i امین هیچ، j امین جنسیت و k امین پرندۀ، μ ، میانگین جمعیت، H_i ، اثر هیچ که دارای ۵ سطح می باشد، S_j ، اثر جنس پرندۀ که دارای ۲ سطح (نر و ماده) می باشد، a ، اثر افزایشی QTL، P_{ak} ، احتمال شرطی دریافت آلل سویه وحشی توسط پرندۀ k ، d ، اثر غلبه ژنی QTL، P_{dk} ، احتمال شرطی هتروزیگوت بودن پرندۀ k ، i ، اثر منشا والدی آلل Q (ایمپریتینگ)، P_{ik} ، احتمال شرطی اینکه هم پرندۀ k هتروزیگوت باشد و هم آلل سویه وحشی را از والد پدری دریافت نماید. همچنین اثرات متقابل هیچ و جنس با اثر افزایشی QTL نیز در دو مدل دیگر برآورد شد.

نتایج و بحث

در مجموع برای ۱۱ صفت مورد مطالعه شامل W0، W5، SLWT، ADG مربوط به ۱ تا ۲، ۳ تا ۴، ۴ تا ۵، و تولد تا ۵ هفتگی و نسبت کلیر محاسبه شده برای ۱ تا ۲، ۳ تا ۴، ۴ تا ۵، و تولد تا ۵ هفتگی QTL معنی دار شناسایی شد. اثر افزایشی QTL برای وزن بدن در چند مطالعه دیگر (۹ و ۱۰) در کروموزوم شماره یک مرغ مورد بررسی قرار گرفته بود. در این مطالعه اثرات غلبه و ایمپریتینگ نیز بررسی شد که فقط برای صفت SLWT اثر غلبه معنی دار بود ولی هیچکدام از QTL شناسایی شده دارای اثر ایمپریتینگ معنی دار نبودند. با توجه به اینکه ایجاد تمام جمعیت F2 به طور یکباره و در طی یک هیچ امکانپذیر نبود، برای

تولید حداکثر میزان نتاج F2 به ازای هر کدام از والدین نر، در طی ۵ هج متوالی این تعداد افراد ایجاد شد. بنابراین اثر هج به عنوان یک اثر ثابت تاثیر قابل توجهی در شناسایی جایگاه های مورد نظر داشت. با برازش مدل هایی که اثرات متقابل را مورد برآورد قرار دادند، اثرات افزایشی QTL شناسایی شده برای صفات میانگین افزایش وزن روزانه ۱ تا ۲ هفتگی و ۳ تا ۴ هفتگی، نسبت کلیبر محاسبه شده برای محدوده زمانی ۱ تا ۲ هفتگی و ۳ تا ۴ هفتگی با هج، همچنین صفات وزن پرنده در هنگام هج، میانگین افزایش وزن روزانه ۴ تا ۵ هفتگی و نسبت کلیبر محاسبه شده برای ۴ تا ۵ هفتگی با جنسیت پرندگان دارای اثرات متقابل معنی دار بودند. این مطالعه نسبت به پژوهش های انجام شده برای نقشه یابی کل ژنوم بلدرچین (۶) و یا کروموزوم شماره ۱ (۲) تعداد QTL بیشتری را شناسایی کرد که این می تواند در اثر استفاده از طرح F2 باشد. زیرا طرح F2 قابلیت تخمین اثرات غلبه را نیز دارد (۱۱) که این خود باعث معنی دار شدن تعداد بیشتری QTL نسبت به پژوهش های پیشین (۶ و ۲) شد. منظور از واریانس QTL، بخشی از واریانس فنوتیپی صفت مورد نظر است که به وسیله QTL ایجاد می شود. در هر موقعیت روی کروموزوم، نقشه یابی QTL با استفاده از مدل های مختلف تعیین می کند که آیا میزان واریانس معنی دار موجود در آن صفت کمی را می توان به یک QTL موجود در آن نقطه ربط داد یا خیر. واریانس QTL برآورد شده در پژوهش حاضر در محدوده ۰/۶ تا ۳/۷ درصد بود که در مقایسه با واریانس QTL برآورد شده در پژوهش انجام شده توسط اسماعیلی زاده و همکاران (۲۰۱۲) (محدوده ۳/۳ تا ۱۲/۵ درصد) بسیار کمتر بود (۲). با توجه به کمتر بودن قدرت آماری طرح ناتنی نسبت به طرح F2، می توان چنین برداشت کرد که احتمالاً میزان واریانس طرح ناتنی بیش از میزان واقعی برآورد شده است. همچنین می توان گفت که احتمالاً سایر فاکتورها و یا سایر QTL ها در سایر کروموزوم ها می توانند بر تنوع موجود در صفات مورد نظر تاثیرگذار باشند.

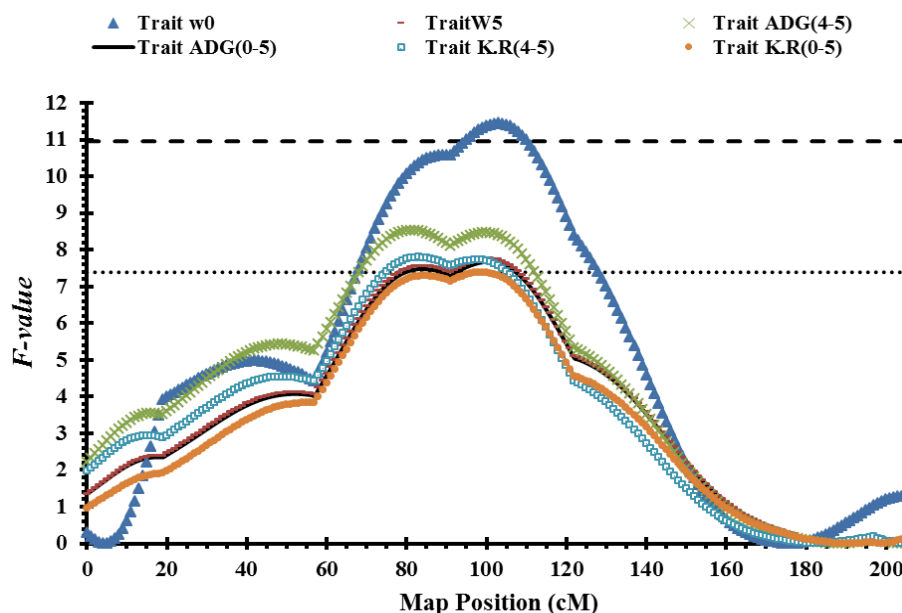
منابع

1. Le Rouzic, A., J.M. Alvarez-Castro, and M. Carlborgo. 2008. Dissection of the genetic architecture of body weight in chicken reveals the impact of epistasis on domestication traits. *Gene*. 179: 1591-1599.
2. Esmailzadeh, A.K., A. Baghizadeh, and M. Ahmadizadeh. 2012. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting bodyweight on chromosome 1 in a commercial strain of Japanese quail. *Anim Product Sci*. 52: 64-68.
3. Akbas, Y., C. Takama, and E. Yaylak. 2004. Genetic parameters for quail body weights using a random regression model. *South African Journal of Animal Science*. 34: 104-109.
4. Narinc, D., T. Aksoy, and E. Karaman. 2010. Genetic parameters of growth curve parameters and weekly body weights in Japanese quails (*Coturnix coturnix japonica*). *Journal of animal and veterinary advances*. 9:501-507.
5. Vali, N., M.A. Edriss, and H.R. Rahmani. 2005. Genetic parameters of body and some carcass traits in two quail strains. *International Journal of Poultry Science*. 4: 296-300.
6. Minvielle, F., B. Kayang, M. Inoue-Murayama, M. Miwa, A. Vignal, D. Gourichon, A. Neau, J. Monvoisin, and S. Ito. 2005. Microsatellite mapping of QTL affecting growth, feed consumption, egg production, tonic immobility and body temperature of Japanese quail. *BMC Genomics*. 6, 87.
7. Kayang, B., A. Vignal, M. Inoue-Murayama, M. Miwa, J. Monvoisin, S. Ito, and F. Minvielle. 2004. A first-generation microsatellite linkage map of the Japanese quail. *Anim Gene*. 35:195-200.

8. Kayang, B., M. Inoue-Murayama, T. Hoshi, K. Matsuo, H. Takahashi, M. Minezawa, M. Mizutani, and S. Ito. 2002. Microsatellite loci in Japanese quail and cross-species amplification in chicken and guinea fowl. *Gene Selection Evolution*. 34: 233-253.
9. Liu, X., H. Zhang, H. Li, N. Li, Y. Zhang, Q. Zhang, S. Wang, Q. Wang, and H. Wang. 2008. Finemapping quantitative trait loci for body weight and abdominal fat traits, Effects of marker density and sample size. *Poul Sci*. 87: 1314-1319.
10. Pinard-van der Laan, M., B. Bed'hom, J. Coville, F. Pitel, K. Feve, S. Leroux, H. Legros, A. Thomas, D. Gourichon, J. Repérant, and P. Rault. 2009. Microsatellite mapping of QTLs affecting resistance to coccidiosis (*Eimeria tenella*) in a Fayoumi × White Leghorn cross.
11. Slate, J. 2005. Quantitative trait locus mapping in natural populations: progress, caveats and future directions. *Molecular Ecology*. 14: 363-379.
12. Kleiber, M. 1947. Body size and metabolic rate. *Physiological Reviews*. 27: 511-541.

جدول ۱- نتایج معنی دار حاصل از برازش مدل های دارای اثرات افزایش، غلبه و ایمپریتینگ

نشانگر مجاور	واریانس QTL		اثر QTL		F-value	موقعیت (cM)	صفت
	غلبه	افزایشی	غلبه (S.E.)	افزایشی (S.E.)			
GUJ0013	۲/۸	۲/۵	۰/۴۳(۰/۲۸)	۰/۴۱(۰/۱۳)	۶/۹**	۱۰۳	W0
GUJ0013	۰/۹	۱/۹	۰/۵۳(۰/۲۷)	۰/۳۵(۰/۱۴)	۵/۹*	۹۸	W5
GUJ0013	۱/۲	۱/۰	۰/۴۷(۰/۱۹)	۰/۲۱(۰/۱۱)	۵/۶*	۹۱	SLWT
GUJ0013	۰/۶	۲/۲	۵/۳۴(۳/۰۶)	۴/۴۳(۱/۶۰)	۵/۸*	۹۷	ADG.4-5
GUJ0013	۰/۸	۱/۹	۱۸/۷۲(۹/۳۸)	۱۲/۲۵(۴/۷۸)	۵/۸*	۹۸	ADG.0-5
GUJ0013	۰/۸	۱/۸	۱۱/۴۲(۵/۸۵)	۷/۶۵(۳/۰۴)	۵/۶*	۹۷	KR.4-5



تصویر ۱- پروفیل F حاصل از مدل شماره ۱

Mapping quantitative trait loci affecting growth traits on chromosome 1 in Japanese quail.

Iranmanesh Mahboubeh ^{1*}, Esmaili zade Ali ², Sohrabi Saeed ³, Moradeyan Hasan³¹Msc Student , Animal Genetics and breeding Shahid Bahonar Universityof Kerman² Department of Animal Science , Agricultural College , Shahid Bahonar Universityof Kerman³ Msc Animal Genetics and breeding Shahid Bahonar Universityof Kerman*Mahboob.Iranmanesh@yahoo.com

Abstract

A three-generation resource population was developed by using two distinct Japanese quail strains, wild and white to map quantitative trait loci underlying hatching weight and growth traits. Eight pairs of white (S) and wild (W) birds were crossed reciprocally and 34 F1 birds were produced. The F1 birds were intercrossed to generate 422 F2 offspring. All of the animals from three generations (472 birds) were genotyped for eight microsatellite markers on chromosome 1. Live weight data from hatch to 5 weeks of age were collected on the F2 birds. QTL analysis was conducted applying the line-cross model and the least-squares interval mapping approach. The results indicated QTL affecting hatching weight and a number of growth related traits on chromosome 1. The F2 phenotypic variance explained by the detected additive QTL effects ranged from 1.0 to 3.7 for different traits. Modeling both additive and dominance QTL effects revealed additional QTL with significant dominance mode of action affecting pre-slaughter weight. However, there was no evidence for imprinting (parent-of-origin) effects.

keywords: F2 design, DNA markers, live weight, reciprocal cross, maternal effects.

اثر اشتباه در برآورد ارزش اقتصادی صفات در رشد ژنتیکی تابع هدف اصلاح نژاد

الهام دارنگ^{۱*}، عبدالاحد شادپرور^۲، ساحره جوزی شکالگورابی^۳ و محمد گلشنی^۴

به ترتیب ۱- دانش آموخته دانشگاه گیلان ۲- دانشگاه گیلان، ۳- دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهرقدس، ۴- سازمان جهاد کشاورزی استان گیلان.

* نویسنده مسئول: الهام دارنگ ، Elham_darang@yahoo.com

چکیده

هدف از این تحقیق بررسی اثر اشتباه در برآورد ارزش اقتصادی برای برخی از صفات بر روی رشد ژنتیکی توابع هدف بود. ۳ تابع هدف انتخاب مختلف در نظر گرفته شد. تابع هدف ۱ به عنوان تابع اصلی دربرگیرنده صفات تولیدشیر، درصدچربی، درصدپروتئین و فاصله بین دو زایش، تابع هدف ۲ دربرگیرنده صفات تابع اصلی به جزء فاصله بین دو زایش و تابع هدف ۳ دربرگیرنده صفت تولید شیر بود. برای هر سه تابع، شاخص انتخاب با دخالت صفات تابع هدف اصلی تشکیل شد. عدم حضور بعضی از صفات تابع هدف ۱ در تابع هدف ۲ و ۳ به منزله صفر در نظر گرفتن ارزش اقتصادی آنها بوده است. نتایج نشان داد اشتباه در برآورد ارزش اقتصادی صفت فاصله بین دو زایش بیشترین اثر را در رشد ژنتیکی همبسته صفات و نیز کاهش رشد ژنتیکی اقتصادی در تابع هدف اصلی داشت.

کلید واژه ها: رشد ژنتیکی، تابع هدف انتخاب، شاخص انتخاب

مقدمه

با توجه به اهمیت اقتصادی صفات تولیدی و تولیدمثلی در دامداریها حضور آنها در برنامه های اصلاح نژادی گاو شیری و در تابع هدف انتخاب ضروری می نماید. از سوی دیگر ممکن است به علت عدم دسترسی به ارزش اقتصادی برای تعدادی از صفات از حضور آن صفات در تابع هدف صرف نظر شود یا به عبارت دیگر ارزش اقتصادی این صفات صفر در نظر گرفته شود ولی ممکن است یک رشد ژنتیکی غیر مستقیم در این صفات ایجاد شود که معمولاً "این رشد ژنتیکی با آنچه که در صورت حضور صفت در تابع هدف حاصل می شود متفاوت است. این تفاوت مبنای اندازه گیری اثر اشتباه در برآورد ارزش اقتصادی صفات است.

صفات شیر، چربی و پروتئین از مهمترین صفات در برنامه های اصلاح نژادی گاوهای شیری هستند. این صفات به دلیل امکان بهبود ژنتیک و ارزش اقتصادی، بالامورد توجه متخصصین اصلاح دام می باشند. اغلب اوقات صفات مربوط به باروری به دلیل وراثت پذیری پایین در برنامه های اصلاحی نادیده گرفته میشوند. این درحالی است که همبستگی نامطلوب بین صفات تولیدی و تولیدمثلی سبب می شود که همراه با بهبود در صفات تولیدی عملکرد تولیدمثلی کاهش یابد. با توجه به اهمیت اقتصادی صفات- تولیدی و تولیدمثلی در دامداریها محاسبه ارزش اقتصادی آنها و حضور آنها در برنامه های اصلاح نژادی و در تابع هدف انتخاب ضروری می نماید (۶ و ۷). لذا هدف این تحقیق بررسی اثر نادیده گرفتن ارزش اقتصادی صفات درصدچربی، درصدپروتئین و فاصله بین دو زایش بر رشد ژنتیکی اقتصادی حاصل از برنامه انتخاب در گاو شیری است.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق سه تابع هدف انتخاب مختلف در نظر گرفته شد. در تابع هدف اول تولید شیر، درصد چربی، فاصله بین دو زایش به عنوان صفات اقتصادی مهم در اصلاح نژاد گاوهای شیری ایران در نظر گرفته شدند و این تابع به عنوان تابع هدف اصلی محسوب شد. در دو تابع هدف دیگر فرض شد که به علت عدم دسترسی به ضریب اقتصادی برای تعدادی از صفات از حضور آن صفات در تابع هدف صرف نظر شده است. بطوری که در تابع هدف دوم صفت فاصله بین دو زایش و در تابع هدف سوم صفات درصد چربی و درصد پروتئین از تابع هدف اصلی حذف شدند. ضرایب اقتصادی استفاده شده برای صفات تولید شیر، درصد چربی، درصد پروتئین و فاصله بین دوزایش به ترتیب برابر ۳۲۲۳، ۱۲۸، ۵۰۵، -۷۳۸۱۴ در نظر گرفته شد (۱).

یک شاخص انتخاب به صورت تابعی از یک رکورد شخصی از صفات تولید شیر، درصد چربی، درصد پروتئین و فاصله بین دو زایش برای هر سه تابع هدف انتخاب تشکیل شد. بعد از تشکیل ماتریسهای مورد نیاز با استفاده از پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی برآورد شده توسط طغیانی (۱۳۸۶) رشد ژنتیکی همبسته صفات از فرمول ذیل محاسبه شد (۵):

$$Sg_c = i \frac{b'_u G_c}{\sqrt{b'_u G_u v_u}}$$

در این معادله Sg_c رشد ژنتیکی صفات همبسته، b_u ضرایب شاخص برای صفات موجود در شاخص انتخاب، G_c ماتریس واریانس کواریانس ژنتیکی صفت همبسته با صفات موجود در تابع هدف انتخاب، G_u ماتریس واریانس کواریانس ژنتیکی بین صفات شاخص و صفات تابع هدف، v_u ارزش اقتصادی صفات تابع هدف انتخاب می باشد. برای مقایسه رشد ژنتیکی اقتصادی حاصل از توابع هدف ۲ و ۳ نسبت به تابع هدف اصلی از معادله زیر استفاده شد:

$$\frac{SH_u}{SH_t} = \frac{Sg v_u + Sg_c v_{ct}}{i b'_t G_t v_t}$$

در این معادله SH_u پاسخ ژنتیکی اقتصادی توابع هدف ۲ یا ۳ و SH_t پاسخ انتخاب در تابع هدف اصلی (تابع هدف ۱) است. رشد ژنتیکی صفات توابع هدف ۲ یا ۳، G_t ماتریس واریانس کواریانس ژنتیکی بین صفات شاخص و صفات تابع هدف اصلی (تابع هدف ۱)، v_t ارزش اقتصادی صفات تابع هدف ۱، v_{ct} ارزش اقتصادی صفات همبسته، b'_t ضرایب شاخص تابع هدف ۱ را نشان می دهند.

محاسبات در محیط برنامه نویسی نرم افزار Matlab7 صورت گرفت و قبل از انجام محاسبات آزمون سازگاری ماتریسهای واریانس و کواریانس برای کسب اطمینان از همیشه مثبت بودن آنها انجام شد (۲).

نتایج

رشد ژنتیکی درصد چربی و درصد پروتئین در تابع هدف ۲ و ۳ در جدول ۱ آمده است. رشد ژنتیکی همبسته صفات درصد چربی و درصد پروتئین در تابع هدف ۳ مشابه مقدار رشد ژنتیکی آنها در تابع هدف ۲ بود و نسبت رشد ژنتیکی توابع ۲ و ۳ با تابع هدف ۱ مقدار مشابهی (۰٫۹) را نشان داد (جدول ۲). همبستگی ژنتیکی قوی صفات درصد چربی و درصد پروتئین با تولید شیر و ارزش اقتصادی بسیار پائین آنها سبب شد که حذف آنها از تابع هدف (تابع هدف ۳) تغییری در رشد ژنتیکی آنها ایجاد نکند. به نظر می رسد که علت کاهش نسبت رشد ژنتیکی توابع هدف ۲ و ۳ با تابع هدف ۱ در عدم حضور صفت فاصله بین دو زایش در این توابع باشد. رشد ژنتیکی صفت فاصله بین دو زایش در تابع هدف ۱ که این صفت در آن حضور داشت کمتر از رشد ژنتیکی همبسته آن در دو تابع هدف ۲ و ۳ در شرایط عدم حضور آن بود. ارزش اقتصادی منفی بالای این صفت و همبستگی ژنتیکی

قوی و مثبت آن با صفت تولید شیر در تابع هدف که ارزش اقتصادی بالایی نیز داشت علت این تغییر مثبت بود. این نتایج با نتایج بدست آمده توسط جوزی و شادپرور (۱۳۸۸) که نشان دادند نسبت رشد ژنتیکی در تابع هدف انتخاب در اثر حذف بعضی از صفات حایز اهمیت اقتصادی کاهش می یابد، موافق است.

جدول ۱- رشد ژنتیکی صفات تابع هدف انتخاب

تابع هدف *	M	F%	P%	CI
۱	۲۶۶.۲۴	-۰.۸۵۵	-۰.۳۴۴	۲.۷۳
۲	۲۹۵.۴۹	-۰.۸۰۳	-۰.۰۲۸۷	۴.۸۹
۳	۲۹۵.۴۹	-۰.۸۰۳	-۰.۰۲۸۷	۴.۸۹

M- تولید شیر، F%- درصد چربی، P%= درصد پروتئین، CI- فاصله بین دو زایش
اعدادی که بصورت **Bbold** نشان داده شده‌اند رشد ژنتیکی همبسته تابع هدف انتخاب هستند.
* صفات تابع هدف دربرگیرنده صفات تولیدشیر، درصدچربی و درصدپروتئین، فاصله بین دو زایش: تابع هدف ۲ دربرگیرنده صفات تولیدشیر، درصدچربی و درصدپروتئین: صفات تابع هدف ۳ دربرگیرنده صفت تولیدشیر

جدول ۲- نسبت رشد ژنتیکی در تابع هدف ۲ و ۳ به رشد ژنتیکی در تابع هدف ۱ (دربرگیرنده صفات تولید شیر، درصد چربی، درصد پروتئین، فاصله بین دو زایش)

تابع هدف *	نرخ رشد ژنتیکی
۲	۰.۹
۳	۰.۹

* صفات تابع هدف ۲ دربرگیرنده صفات تولیدشیر، درصدچربی و درصدپروتئین: صفات تابع هدف ۳ دربرگیرنده صفت تولیدشیر

منابع

- ۱- اطهری مرتضوی، ب. ۱۳۸۹. مقایسه ارزش‌های اقتصادی صفات تولید شیر و طول عمر گاوهای هلشتاین، دورگ و بومی در استان گیلان، پایان‌نامه کارشناسی ارشد دانشگاه گیلان.
- ۲- جوزی، س. شادپرور، ع. ۱۳۸۸. بررسی اثرنا سازگاری ماتریس‌های واریانس-کواریانس در شاخص انتخاب. مجله علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی، سال سیزدهم شماره ۴۸، صفحات ۱۹۴-۱۸۸.
- ۳- جوزی، س. شادپرور، ع. ۱۳۸۸. اثر حذف صفت طول عمر از تابع هدف انتخاب گاوهای هلشتاین ایران. نشریه علوم دامی ایران، دوره ۴۰، شماره ۱، صفحات ۲۰-۱۳.
- ۴- طغیانی، س. ۱۳۸۶. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی، باروری و تیپ در گاوهای هلشتاین ایران. پایان‌نامه کارشناسی ارشد دانشگاه گیلان.
- ۵- رفیعی، ف.، امام جمعه، ن.، ننه کرانی، ش. ۱۳۸۶. کاربرد مدل‌های خطی در پیش بینی ارزش‌ارثی حیوانات. (ترجمه)، انتشارات حق شناس.

6-A. Sewalem , G. J. Kistemaker , and F. Miglior. 2010. Relationship between female fertility and production traits in Canadian Holsteins. J. Dairy Sci. 93 :4427-4434.

7-H. D. Norman ,1 J. R. Wright , S. M. Hubbard , R. H. Miller , and J. L. Hutchison. 2009. Reproductive status of Holstein and Jersey cows in the United States J. Dairy Sci. 92 :3517-3528.

Effect of error in estimation of economic values for traits on genetic gain of selection goal

Elham Darang¹, Abdol Ahad Shadparvar¹, Sahereh Joezy Shekalgorabi², Mohamad Golshani³
University of Guilan, 1 Department of Animal Science, Shahr-e-Qods Branch, Islamic Azad
University², Agriculture Organization of Guilan³
Corresponding E-mail address: Elham_darang@yahoo.com

Abstract

The aim of the current study was to evaluate the effect of error in estimation of economic value of some traits on genetic gain of selection goal. Three various selection goals were constructed. Selection goal 1 as the main function consisted of milk yield, fat percentage, protein percentage and calving interval. The selection goal 2 was similar to the main goal excluding calving interval and the selection goal 3 was consisted of milk yield. For all functions, selection index function was formed using records on traits in main goal. Absence of some of the main goal traits in goals 2 and 3 were considered as zero economic value for those traits. The results showed that error in estimating economic value of calving interval had the greatest effect on genetic gain in correlated traits and also in lowering the genetic gain in main selection goal.

Key words: genetic gain. Selection goal. Selection index

برآورد مولفه‌های (کو)واریانس و همبستگی بین تعداد سلول‌های بدنی و پروتئین شیر گاو نژاد هلشتاین

سونیا زکی‌زاده^{۱*}، بهنام صارمی^۲، حسین رشید^۳

^۱ استادیار مجتمع آموزش جهادکشاورزی خراسان رضوی، ^۲ دانشجوی دکتری فیزیولوژی دامی، دانشگاه بن، آلمان، ^۳ کارشناس

ثبت مشخصات و آمار و اطلاعات، معاونت بهبود تولیدات دامی خراسان رضوی

* نویسنده مسئول: سونیا زکی‌زاده، مجتمع آموزش جهادکشاورزی خراسان رضوی، Sonia_zaki@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق از ۱۶۷۴۲ رکورد تولید شیر دوره اول مربوط به ۵۴ گله استان خراسان رضوی طی سال‌های ۱۳۸۱ تا ۱۳۸۶ استفاده شد. اطلاعات مورد بررسی شامل درصد پروتئین شیر، تعداد سلول‌های سوماتیک، شجره دام، تاریخ زایش و رکوردگیری و درصد ژن‌های هلشتاین بود. برای نرمال کردن رکوردها از تعداد سلول‌های سوماتیک لگاریتم طبیعی گرفته شد. مولفه‌های واریانس و همبستگی‌ها با استفاده از مدل حیوانی دوصفته نرم افزار وومبت برآورد شدند. اثرات ثابت شامل گله×سال رکوردگیری و درصد خلوص خونی هلشتاین و اثر ژنتیک افزایشی حیوان و باقیمانده به عنوان اثرات تصادفی در نظر گرفته شدند. مقادیر وراثت‌پذیری در این تحقیق برای درصد پروتئین شیر و عدد سلول‌های سوماتیک به ترتیب ۰/۱۶۶۴ و ۰/۰۹۳۴ برآورد شد. همبستگی ژنتیکی و فنوفپی این دو صفت به ترتیب برابر ۰/۴۴۴۰ و ۰/۱۵۲۸ تخمین زده شد که حاکی از ارتباط متوسط بین آنها می‌باشد. اگرچه تعداد سلول‌های سوماتیک بیشتر تحت تاثیر عوامل مدیریتی و محیطی قرار دارد، لیکن در نظر گرفتن مقاومت ژنتیکی از طریق انتخاب می‌تواند به بهبود آن و ارتقاء وضعیت سلامت دام کمک نماید.

واژگان کلیدی: سلول سوماتیک- پروتئین شیر- وراثت‌پذیری- مولفه واریانس

مقدمه

امروزه به دلیل تقاضای فزاینده مصرف کنندگان برای محصولات بیو و سالم، توجه به سلامت حیوان اهمیت فزاینده‌ای یافته است. از جمله بیماری‌های شایع و پر هزینه در صنعت دام شیری می‌توان به ورم پستان اشاره نمود که باعث ضررهای متعدد اقتصادی از جمله کاهش تولید شیر، حذف زود هنگام گاو از گله و هزینه‌های بالای درمان می‌شود (۲،۷،۱۰). این بیماری به دلایل متعددی رخ می‌دهد و بهبود مدیریت به تنهایی نمی‌تواند آن را کنترل نماید (۷). از طرفی از نظر ژنتیکی، حساسیت به آن می‌تواند تحت تاثیر عوامل پیچیده و ژن‌های متعددی بوده و به همین علت مقاومت به ورم پستان هدف مهمی در برنامه اصلاح نژادی گاو شیری است (۲). از آنجایی که این بیماری همانند سایر بیماری‌های مرتبط با مباحث بهداشتی، به طور مرتب رکوردبرداری نمی‌شود، انتخاب مستقیم برای این صفت بسیار دشوار می‌باشد، اما در مقابل، تعداد سلول‌های بدنی موجود در شیر به عنوان شاخصی برای سلامت پستان در نظر گرفته شده و در اکثر برنامه‌های رکوردگیری، از آنها رکوردبرداری می‌شود (۷). لذا ارزش‌های اصلاحی تعداد سلول‌های سوماتیک در شیر یا عدد سلول‌های سوماتیک، به عنوان معیار حساسیت به ورم پستان در نظر گرفته می‌شود. انتخاب تک صفته برای افزایش تولید شیر منجر به تضعیف مقاومت حیوان نسبت به بیماری‌ها شده و از اینرو، همبستگی ژنتیکی ناخواسته بین تولید شیر و ورم پستان بالینی به خوبی شناخته شده است. بهبود ژنتیکی صفات عملکردی و مربوط به سلامت و

ارزیابی فاکتورهای ژنتیکی و محیطی موثر در انتخاب اهداف مختلف اسلاح نژادی، می تواند روشنگر بسیاری از مسایل مرتبط با سلول های بدنی موجود در شیر باشد (۳).

لذا هدف تحقیق حاضر برآورد مولفه های واریانس و همبستگی بین سلول های بدنی شیر با درصد پروتئین شیر می باشد.

مواد و روش ها

در این تحقیق از ۱۶۷۴۲ رکورد تولید شیر دوره اول مربوط به ۵۴ گله استان خراسان رضوی طی سال های ۱۳۸۱ تا ۱۳۸۶ استفاده شد. اطلاعات مورد بررسی شامل مقدار پروتئین شیر، تعداد سلول های سوماتیک، شجره دام، سال و فصل زایش، تاریخ رکوردگیری و درصد ژن های هلشتاین بود. برای نرمال کردن رکوردها از تعداد سلول های سوماتیک لگاریتم طبیعی گرفته شد. فقط گاوهایی در برآورد مولفه های واریانس مورد بررسی قرار گرفتند که حداکثر تا ۱۰ شکم زایش داشتند. برای برآورد مولفه های (کو) واریانس و همبستگی ها از مدل حیوانی دوصفته نرم افزار وومبت استفاده شد. مدل آماری شامل اثرات ثابت گله × سال رکوردگیری و درصد خلوص خونی هلشتاین بود و اثر ژنتیک افزایشی حیوان و باقیمانده، به عنوان اثرات تصادفی در نظر گرفته شدند. برای محاسبه عدد سلول های سوماتیک از میانگین حسابی رکوردهای روزآزمون استفاده شد.

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

y_1 و y_2 وکتورهای مشاهدات سلول های سوماتیک و درصد پروتئین شیر، β_1 و β_2 بردار اثرات ثابت، u_1 و u_2 بردار اثرات تصادفی ژنتیک افزایشی حیوانات و e_1 و e_2 بردار اثرات باقیمانده می باشد. X_1 ، X_2 ماتریس اثرات ثابت و Z_1 ، Z_2 ماتریس اثرات ژنتیک افزایشی است.

نتایج و بحث

مقادیر مولفه های (کو) واریانس دو صفت در جدول ۱ و همبستگی های ژنتیکی، فنوتیپی و وراثت پذیری در جدول ۲ آورده شده است. وراثت پذیری برآورده شده در این تحقیق برای درصد پروتئین شیر و عدد سلول های سوماتیک به ترتیب ۰/۱۶۶۴ و ۰/۰۹۳۴ برآورد شد. مقالات متعددی وراثت پذیری سلول های سوماتیک را در محدوده ۰/۰۵ تا ۰/۱۹ گزارش کرده اند (۱۸، ۱۱، ۱۲). بیشتر این تخمین ها بر اساس میانگین شمارش سلول های بدنی در یک دوره شیردهی بود که بر اساس رکوردهای ماهانه یا رکوردهای ماهانه قبل از تصحیح محاسبه شده بودند. نوربرگ و همکاران (۲۰۰۹) وراثت پذیری عدد سلول های سوماتیک را ۰/۱۴ تا ۰/۱۵ برآورد کردند که در شرایط ورم پستان کلینیکی مقدار آن ۰/۰۳ تا ۰/۰۵ متغیر بود. در تحقیق دیگر مقادیر وراثت-پذیری سلول های بدنی سه دوره شیردهی ابتدایی گاوهای نژاد هلشتاین و جرز با استفاده از دو مدل رگرسیون ثابت روزآزمون چندصفتی و تکرارپذیر برآورد شد (۷). در کشورهای اسکاندیناوی مقدار وراثت پذیری سلول های سوماتیک از ۰/۰۸ تا ۰/۱۱، آمریکا ۰/۱۰، استونی ۰/۱۲، فرانسه ۰/۱۵، آلمان-سوئیس ۰/۲۳ و در کانادا ۰/۲۷ گزارش شده است (۶). مقدار سلول های سوماتیک در گاوهای هلشتاین، جرز و آمیخته های آنها در هفته ۹ تا ۱۶ در کمترین حد و پس از آن روند رو به افزایش از ۳۷ هفتگی تا پایان ۳۰۵ روز شیردهی، گزارش شده است (۱۰).

همانطور که مشاهده می شود همبستگی ژنتیکی متوسطی (۰/۴۴۴۰) بین این دو صفت وجود دارد. در برخی مطالعات ارتباط منفی بین تعداد سلول های بدنی در رکوردها و تولید شیر ذکر شده است، به طوری که تخمین زده شده است به ازای

افزایش هر واحد (در مقیاس لگاریتمی مبنای ۱۰) شمارش سلول بدنی، به میزان ۱/۲۹ کیلوگرم در روز تولید گاو کاهش می‌یابد (۵). در تلیسه‌های در حال شیردهی بدون ورم پستان بالینی، ذکر شده است که به ازای شمارش سلول‌های بدنی ۱۰۰، ۲۰۰ و ۶۰۰ هزار سلول در میلی لیتر، تولید شیر به ترتیب به میزان ۰/۳۱، ۰/۶۱ و ۱/۰۹ کیلوگرم کاهش می‌یابد. (۴).

افزایش شمارش سلول‌های بدنی بیانگر موارد بیشتر ورم پستان حاد و تحت بالینی است که به طور معمول ثبت نمی‌شوند. تلیسه‌های با متوسط تعداد سلول‌های بدنی بالا بخصوص در اوایل شیردهی، بیشتر در معرض ابتلا به ورم پستان بالینی قرار دارند که در نتیجه تولید شیر آینده آنها نیز می‌تواند تحت تاثیر قرار گیرد. اگرچه این صفت بیشتر تحت تاثیر عوامل مدیریتی و محیطی قرار دارد، لیکن در نظر گرفتن مقاومت ژنتیکی از طریق انتخاب می‌تواند به بهبود آن و ارتقاء وضعیت سلامت دام کمک نماید.

جدول ۱- مولفه‌های واریانس و کوواریانس بین درصد پروتئین شیر و تعداد سلول‌های سوماتیک

σ_{p12}	σ_{e12}	σ_{g12}	σ_p^2	σ_e^2	σ_a^2	
۰/۰۲۵۶	۰/۰۱۶۳	۰/۰۰۹۲	۰/۵۱۲۱	۰/۰۴۵۸	۰/۰۰۹۱	درصد پروتئین
			۰/۰۵۴۹	۰/۴۶۴۲	۰/۰۴۷۸	های بدنی سلول

σ_a^2 = واریانس ژنتیک افزایشی، σ_e^2 = واریانس باقیمانده، σ_p^2 = واریانس فنوتیپی،

جدول ۲- همبستگی‌های ژنتیکی، فنوتیپی و وراثت پذیری درصد پروتئین شیر و تعداد سلول‌های سوماتیک*

سلول‌های بدنی	درصد پروتئین	
۰/۴۴۴۰	۰/۱۶۶۴	درصد پروتئین
۰/۰۹۳۴	۰/۱۵۲۸	های بدنی سلول

* اعداد روی قطر وراثت‌پذیری، بالا و پایین قطر به ترتیب همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی همبستگی محیطی می‌باشند

منابع

- Boettcher, P. J., J. C. M. Dekkers, and B. W. Kolstad. 1998. Development of an udder health index for sire selection based on somatic cell score, udder conformation, and milking speed. J. Dairy Sci. 81:1157-1168.
- Čítek, J., V. Řehout, L. Hanusová, A. Míková, I. Jašková . 2011. Polymorphisms in CGIL4, breeding value for somatic cell count and resistance to mastitis. Czech J. Anim. Sci., 56, 2011 (7): 301-304
- Heringstad, B., R. Rekaya, D. Gianola, G. Klemetsdal, and K. A. Weigel. 2003. Genetic change for clinical mastitis in Norwegian cattle: A threshold model analysis. J. Dairy Sci. 86:369-375. (a).
- Hortet, P., F. Beaudeau, H. Seegers, and C. Fourichon. 1999. Reduction in milk yield associated with somatic cell counts up to 600,000 cells/mL in French Holstein cows without clinical mastitis. Prev. Vet. Med. 61:33-42.

5. Koldeweij, E., U. Emanuelson, and L. Janson. 1999. Relation of milk production loss to milk somatic cell count. *Acta Vet. Scand.* 40:47-56.
6. Mark, T., W. F. Fikse, P. G. Sullivan, and P. M. VanRade. 2007. Prediction of Genetic Correlations and International Breeding. Values for Missing Traits. *J. Dairy Sci.* 90:4805-4813
7. Mostert, B.E., C. Banga, E. Groeneveld and F.H.J. Kanfe. 2004. Breeding value estimation for somatic cell score in South African dairy cattle. *South African Journal of Animal Science* 2004, 34 (Supplement 2)
8. Mrode, R. A., G. J. T. Swanson, and M. S. Winters. 1998. Genetic parameters and evaluations for somatic cell counts and its relationship with production and type traits in some dairy breeds in the United Kingdom. *Anim. Sci.* 66:569-576.
9. Norberg E., Madsen P., Pedersen J. (2009): A multi-trait genetic analysis of protein yield, udder health, and fertility in first lactation Danish Holstein, Danish Red, and Danish Jersey using an animal model. *Acta Agriculturae Scandinavica Section A - Animal Science*, 59, 197-203.
10. Prendiville, R., K. M. Pierce, and F. Buckley. 2010. A comparison between Holstein-Friesian and Jersey dairy cows and their F1 cross with regard to milk yield, somatic cell score, mastitis, and milking characteristics under grazing conditions. *J. Dairy Sci.* 93 :2741-2750
11. Rogers, G. W., G. Banos, U. Sander Nielsen, and J. Philipsson. 1998. Genetic correlations among somatic cell scores, productive life, and type traits from the United States and udder health measures from Denmark and Sweden. *J. Dairy Sci.* 81:1445-1453.
12. RUPP1, R., and D. BOICHARD. 1999. Genetic Parameters for Clinical Mastitis, Somatic Cell Score, Production, udder Type Traits, and Milking Ease in First Lactation Holsteins. *J Dairy Sci* 82:2198-2204.

Estimation of Variance component and correlation between somatic cell and milk protein in Holstein cattle

Sonia zakizadeh^{1*}, B. Saremi², H. Rashid³

¹ Higher Educational of Jihad-Agriculture Complex, ² PhD student of Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Germany, ³ Registration and statistic information officer of Khorasan Razavi improvement production organization

* Corresponding author: Sonia Zakizadeh, Sonia_zaki@yahoo.com

Abstract

In this study, 16742 records of first lactation belonged to 54 herds in Khorasan-Razavi during 1381-1386 were used. Information included protein percentage and somatic cell count of milk, pedigree, date of calving and recording and gene percentage of Holstein. Natural logarithms of somatic cells were used to normalize records. Variance component and correlations were estimated by bivariate animal model of Wombat. Fixed effects consisted of herd×year of record and Holstein gene percent as well as effects of additive genetic of animal and error were

considered as random. Heritabilities of protein percent and somatic cell score were estimated as 0.1664 and 0.0934, respectively. Indeed, Genetic and phenotypic correlations were 0.4440 and 0.1528, respectively, which implied to be moderate. Although somatic cell counts are affected by management and environment, considering genetic resistance through selection could improve it as well as health status of animals.

Keywords: somatic cell- milk protein - heritability- variance component

برآورد مؤلفه های واریانس - کوواریانس و پارامترهای ژنتیکی و محیطی صفات رشد در

گوسفندان نژاد سنجابی کرمانشاه

حسین مولائیان*، سیروس فراستی و نویدقاسمی پور

*مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمانشاه - mlnhssn@yahoo.com

چکیده

این تحقیق به منظور برآورد مؤلفه های واریانس - کوواریانس و پارامترهای ژنتیکی و ارزیابی روند فنوتیپی و ژنتیکی صفات رشد گوسفندان سنجابی با استفاده از اطلاعات موجود در ایستگاه مهرگان واقع در استان کرمانشاه که طی ۱۱ سال (از سال ۱۳۶۹ الی ۱۳۷۹) جمع آوری شده بود انجام گرفت. صفات مورد مطالعه در این طرح عبارت از: وزن تولد (۱۲۸۰ رکورد)، وزن ۳ ماهگی (۱۲۳۸ رکورد)، وزن ۶ ماهگی (۹۳۸ رکورد)، وزن ۹ ماهگی (۸۷۲ رکورد) و وزن ۱۲ ماهگی (۶۴۱ رکورد) بودند. پس از تعیین اثرات ثابت و متغیرهای همبسته معنی دار روی صفات مورد نظر، برآورد مؤلفه های واریانس - کوواریانس صفات و پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش حداکثر درست نمایی محدود شده (REML) و با مدل حیوان با تجزیه تک صفتی و چند صفتی انجام شد. تحقیق از مدل حیوانی و روشهای (REML و BLUP) و برای مقایسه مدلها و انتخاب بهترین مدل حیوانی در آنالیز چند متغیره از روش آزمون لگاریتم درست نمایی استفاده شد. نتایج نشان داد که اثر عوامل سال، گروههای فصلی، جنس و سن مادر بر روی وزن تولد و وزن شیرگیری معنی دار بود ($P < 0/01$) بود. بهترین مدل برای برآورد پارامترهای ژنتیکی گوسفندان سنجابی ایستگاه مهرگان مدل ۲ می باشد که در آن اثر محیطی مشترک مادری در نظر گرفته می شود.

واژه های کلیدی: پارامترهای ژنتیکی - صفات رشد - مؤلفه های واریانس - کوواریانس - گوسفند سنجابی - کرمانشاه

مقدمه

برآوردهای صحیح از پارامترهای ژنتیکی در جوامعی که مورد ارزیابی ژنتیکی واقع می گردند، برای حصول پیشرفت ژنتیکی ضروری می باشد. همچنین انتخاب بهترین حیوانات به عنوان والدین نسل آینده نیاز به ارزشهای اصلاحی آنها دارد. برای برآورد این ارزشها نیز لازم است مؤلفه های واریانسها و کوواریانسهای ژنتیکی و محیطی صفات معلوم بوده یا برآورد شوند. در بین صفات رشد، بعضی صفات که در سنین پایین تری رکورد برداری می شوند می توانند به عنوان معیارهایی برای انتخاب غیر مستقیم به کار گرفته شوند. از این صفات می توان به وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن ۶ ماهگی و افزایش وزن روزانه قبل و بعد از شیرگیری اشاره نمود (۶ و ۱۰). در گله های مولد اصلاح نژادی، برای انتخاب حیوانات براساس چند صفت باید شاخص انتخاب با استفاده از توارث مواد و وراثت پذیری، واریانس ژنتیکی، ارزش اقتصادی و همبستگی های ژنتیکی بین آنها محاسبه شده، حیوانات دارای بیشترین ارزش اصلاحی را انتخاب کرد. در حال حاضر برآورد مؤلفه های واریانس از طریق مدل حیوانی با روش حداکثر درست نمایی محدود شده به علت ویژگیهای مطلوب و قابلیت انعطاف آن استفاده گسترده ای پیدا کرده است (۱۱ و ۱۲). ایستگاه تحقیقات دامپروری مهرگان در سال ۱۳۵۲ توسط سازمان خواربار جهانی جهت بررسی منابع دامی و کشاورزی موجود در منطقه کرمانشاه تأسیس گردیده است و در حال حاضر نیز با نگهداری و پرورش حدود سیصد رأس گوسفند یکی از ایستگاه های تحقیقاتی کشور می باشد. هدف این تحقیق برآزش مدل های مختلف حیوانی و بررسی اثر عوامل مادری بر صفات رشد گوسفند سنجابی و بررسی روند ژنتیکی و فنوتیپی این صفات به منظور بررسی تغییرات بوجود آمده می باشد.

مواد و روش ها

در این مطالعه از رکورد وزن تولد ۱۲۸۰ رأس حیوان متولد شده طی سالهای ۱۳۶۹ تا ۱۳۷۹ استفاده شد (جدول ۳-۱). برای صفات وزن از شیرگیری، وزن ۶ ماهگی، وزن ۹ ماهگی و وزن ۱۲ ماهگی به ترتیب تعداد رکورد ۸۷۲، ۹۳۸، ۱۳۲۸ و ۶۴۱ رأس بود. چهار عامل سال - فصل، جنس، تیپ تولد و سن مادر در زمان زایش بره به عنوان اثرات ثابت در نظر گرفته شدند. سن بره ها در زمان وزن کشی به عنوان متغیر کمکی در مدل قرار گرفت. مدل آماری مورد نظر در این بررسی بصورت زیر

$$Y_{ijklm} = \mu + A_i + B_j + C_k + D_l + U_m + e_{ijklm} \quad \text{می باشد:}$$

Y_{ijklm} = یک مشاهده برای صفت مورد نظر از یک دام، μ = میانگین کل جامعه، A_i = اثر جنس بره، B_j = اثر سن مادر، C_k = اثر تیپ تولد، D_l = اثر سال تولد، U_m = اثر تصادفی مربوط به حیوانات و e_{ijklm} = اثرات باقی مانده هستند.

برآورد مؤلفه های واریانس-کوواریانس پارامترهای ژنتیکی با استفاده از برنامه DFREML بعد از تجزیه واریانس صفات مورد نظر برای عوامل ثابت و متغیرهای همبسته با برنامه SAS و رویه GLM انجام شد. مدل های مورد استفاده در این بررسی به شرح ذیل می باشد:

$$\begin{aligned} \text{مدل (۱): } u &= a \\ \text{مدل (۲): } u &= a + pe \\ \text{مدل (۳): } cov(a, m) &= 0 \\ \text{مدل (۴): } cov(a, m) &\neq 0, u = a + m \\ \text{مدل (۵): } cov(a, m) &\neq 0, u = a + m + pe \\ \text{مدل (۶): } cov(a, m) &= 0, u = a + m + pe \\ \text{مدل (۷): } cov(a, m) &= 0, u = a + m + pe \\ \text{مدل (۸): } cov(a, m) &\neq 0, u = a + m + pe \end{aligned}$$

که در ۶ مدل ارائه شده، a = اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم مربوط به حیوان، pe = اثر محیطی دائمی مادری، m = اثر ژنتیکی افزایشی مادری می باشند.

نتایج

با توجه به نتایج استخراج شده، کمترین میزان وراثت پذیری مستقیم برای صفت وزن از شیرگیری (۰/۰۹۰) و بیشترین آن برای صفت وزن تولد (۰/۲۹۱) برآورد گردید. واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم برای صفت وزن تولد با استفاده از مدل (۱)، ۰/۱۲۴ و وراثت پذیری مستقیم آن ۰/۴۰۸ برآورد شد.

جدول ۱- برآورد مؤلفه های واریانس و پارامترهای حاصل از آنها برای صفت رشد بر اساس تجزیه و تحلیل های ۵ صفتی همراه با برآوردهای تک صفتی مناسبترین مدل حیوانی (مدل ۲)

صفت	σ^2_a	σ^2_{pe}	$e\sigma$	σ^2_p	h^2_a	P^2_e
وزن تولد	۰/۰۹۰	۰/۰۴۰	۰/۱۵۶	۰/۲۸۶	۰/۳۱۵	۰/۱۴۰
برآورد تک	۰/۰۸۷	۰/۰۴۸	۰/۱۶۵	۰/۲۹۹	۰/۲۹۱	۰/۱۵۹
صفتی						
وزن ۳ ماهگی	۱/۳۷۷	۳/۴۵۶	۸/۹۵۹	۱۳/۷۹۲	۰/۱۰۰	۰/۲۵۱
برآورد تک	۱/۴۵۰	۳/۶۸۲	۱۱/۰۳۸	۱۶/۱۷۰	۰/۰۹۰	۰/۲۲۸
صفتی						
وزن ۶ ماهگی	۳/۴۶۴	۲/۴۷۷	۴/۶۲۷	۱۰/۵۶۸	۰/۲۰۹	۲۳۴
ماهگی						۰/

برآورد تک	۳/۵۶۱	۲/۴۴۶	۱۰/۵۶۰	۱۶/۵۶۶	۰/۲۱۵	۰/۱۴۸
صفتی						
وزن ۹	۵/۱۲۰	۲/۱۷۹	۴/۲۲۸	۱۱/۴۷۶	۰/۲۶۴	۰/۱۹۰
ماهگی						
برآورد تک	۴/۵۲۶	۲/۲۳۳	۱۲/۴۵۳	۱۹/۲۱۲	۰/۲۳۶	۰/۱۱۶
صفتی						
وزن ۱۲	۳/۸۰۷	۲/۶۱۰	۹/۵۵۱	۱۵/۹۶۸	۰/۲۳۸	۰/۱۶۳
ماهگی						
برآورد تک	۴/۰۰۶	۲/۵۶۲	۱۱/۹۷۵	۱۸/۵۴۳	۰/۲۱۶	۰/۱۳۸
صفتی						

واریانس ژنتیکی افزایشی و وراثت پذیری مستقیم صفت وزن از شیرگیری به ترتیب ۶/۳۳۹ و ۰/۳۷۴ برآورد شد. واعظ ترشیزی و همکاران (۱۹۹۶) در مطالعه خود بر روی گوسفند مرینو، واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم، واریانس ژنتیکی افزایشی مادری و کواریانس ژنتیکی مستقیم و مادری را با استفاده از مدل (۴) به ترتیب ۰/۱۲، ۰/۱۱، ۰/۰۵ - و وراثت پذیری مستقیم و مادری حاصل از آنرا به ترتیب ۰/۳ و ۰/۳ گزارش کردند. این مقادیر در مطالعه حاضر به ترتیب ۰/۰۹۳، ۰/۰۵۹، ۰/۰۱۵ -، ۰/۳۰۶ و ۰/۱۹۴ برآورد شدند. واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم و وراثت پذیری مستقیم وزن بدن در ۶ ماهگی براساس مدل (۳) که مناسب ترین مدل برای این صفت ارزیابی شد به ترتیب ۲/۰۷۶ و ۰/۱۲۵ برآورد شد. این مقادیر در مطالعه کلانتر (۱۳۷۹) براساس مدل (۱) ۲/۹۲ و ۰/۱۵ بود. واریانسهای ژنتیکی افزایشی مستقیم و محیطی مادری برای وزن ۹ ماهگی به ترتیب ۴/۵۲۶ و ۲/۲۳۳ برآورد گردید. همچنین مقدار وراثت پذیری برای این صفت ۰/۰۹۹ $\pm$ ۰/۲۳۶ بود. این مقادیر برای وزن ۱۲ ماهگی به ترتیب ۴/۰۰۶، ۲/۵۶۲ و ۰/۰۱ $\pm$ ۰/۲۱۶ بدست آمد. این نتایج در مطالعه کلانتر (۱۳۷۹) برای وزن ۱۲ ماهگی به ترتیب ۲/۲۵، ۲/۱۲ و ۰/۰۳ $\pm$ ۰/۱۰ گزارش شد. مقدار وراثت پذیری مستقیم و مادری صفت وزن ۱۰ ماهگی گوسفندان مرینو با استفاده از مدل (۳) به ترتیب ۰/۰۵ $\pm$ ۰/۲۴ و ۰/۰۵ $\pm$ ۰/۱۵ گزارش شده است (واعظ ترشیزی و همکاران، ۱۹۹۶). واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم برای صفت وزن تولد با استفاده از مدل (۱)، ۰/۱۲۴ و وراثت پذیری مستقیم آن ۰/۴۰۸ برآورد شد. مقادیر فوق با قرار دادن اثر محیط مادری (مدل ۲) و اثر ژنتیکی افزایشی مادری (مدل ۳) به ترتیب به ۰/۰۸۷، ۰/۲۹۱ و ۰/۰۸۳، ۰/۲۷۵ کاهش یافت. واریانس ژنتیکی افزایشی و وراثت پذیری مستقیم صفت وزن از شیرگیری به ترتیب ۶/۳۳۹ و ۰/۳۷۴ برآورد شد. مقادیر فوق با قرار دادن اثر محیط مادری (مدل ۲) و اثر ژنتیکی افزایشی مادری (مدل ۳)، به ترتیب به ۰/۰۹۰، ۱/۴۵ و ۰/۹۱۸، ۰/۰۵۶ کاهش پیدا کردند. واعظ ترشیزی و همکاران (۱۹۹۶) در مطالعه خود بر روی گوسفند مرینو، واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم، واریانس ژنتیکی افزایشی مادری و کواریانس ژنتیکی مستقیم و مادری را با استفاده از مدل (۴) به ترتیب ۰/۱۲، ۰/۱۱، ۰/۰۵ - و وراثت پذیری مستقیم و مادری حاصل از آنرا به ترتیب ۰/۳ و ۰/۳ گزارش کردند. این مقادیر در مطالعه حاضر به ترتیب ۰/۰۹۳، ۰/۰۵۹، ۰/۰۱۵ -، ۰/۳۰۶ و ۰/۱۹۴ برآورد شدند. واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم و وراثت پذیری مستقیم وزن بدن در ۶ ماهگی براساس مدل (۳) که مناسب ترین مدل برای این صفت ارزیابی شد به ترتیب ۲/۰۷۶ و ۰/۱۲۵ برآورد شد (جدول ۴-۱). این مقادیر در مطالعه کلانتر

(۱۳۷۹) براساس مدل (۱) $2/92$ و $0/15$ بود. واریانسهای ژنتیکی افزایشی مستقیم و محیطی مادری برای وزن ۹ ماهگی به ترتیب $4/526$ و $2/233$ برآورد گردید. همچنین مقدار وراثت پذیری برای این صفت $0/099 \pm 0/236$ بود. این مقادیر برای وزن ۱۲ ماهگی به ترتیب $4/006$ ، $2/562$ و $0/01 \pm 0/216$ بدست آمد. این نتایج در مطالعه کلانتر (۱۳۷۹) برای وزن ۱۲ ماهگی به ترتیب $2/25$ ، $2/12$ و $0/03 \pm 0/10$ گزارش شد. مقدار وراثت پذیری مستقیم و مادری صفت وزن ۱۰ ماهگی گوسفندان مرینو با استفاده از مدل (۳) به ترتیب $0/05 \pm 0/24$ و $0/05 \pm 0/15$ گزارش شده است (واعظ ترشیزی و همکاران، ۱۹۹۶). نتایج مطالعه حاضر نشان می دهد که برآورد وراثت پذیری مستقیم با استفاده از مدل (۱) برای صفات مورد مطالعه با افزایش سن حیوان کاهش داشت که می تواند بدلیل افزایش واریانس فنوتیپی در سنین بالاتر باشد. این روند با استفاده از مدل (۲)، برای وزن ۳ ماهگی کاهش زیادی نشان داد در حالی که برای وزنهای بعدی افزایش داشت. مشابه این نتایج در مطالعه کلانتر (۱۳۷۹) نیز مشاهده شده است. ولی مطالعه Fogarty (۱۹۹۵) روی گوسفندان نژاد مرینو، روند صعودی را در وراثت پذیری با افزایش سن نشان داد. دلیل این تغییرات در وراثت پذیری صفات رشد گوسفند سنجابی می تواند شرایط مدیریتی و تغذیه ای متفاوت در ایستگاه و بیرون از ایستگاه و همچنین تعداد کم رکوردها یا خطاهای اندازه گیری باشد. در مطالعه خلیلی (۱۳۷۹) گزارش شد که حذف آثار مادری (ژنتیکی و محیطی) منجر به برآورد بسیار بالایی از واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم و وراثت پذیری مستقیم وزن تولد در مقایسه با سایر مدلهای حیوانی می گردد.

منابع

- ۱- امام جمعه کاشان، ن. ۱۳۷۶. ارزیابی ژنتیکی در دامپروری. انتشارات نص.
- ۲- امامی مبینی، م. ع. ۱۳۷۹. بررسی اهداف و معیارهای انتخاب برای گوسفند بلوچی در شرایط مراتع کویری. پایان نامه دوره دکتری. دانشگاه تربیت مدرس.
- ۳- خلیلی، د. ۱۳۷۹. برآورد همبستگیهای ژنتیکی و محیطی صفات تولیدی و تولید مثل در گوسفندان نژاد بلوچی. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشگاه تربیت مدرس.
- ۴- سرگلزایی، م. ۱۳۷۶. بررسی روند ژنتیکی و محیطی صفات تولیدی در گوسفند لری بختیاری. پایان نامه کارشناسی ارشد علوم دامی. دانشگاه صنعتی اصفهان.
- ۵- صفدریان، م. ۱۳۷۴. بررسی خصوصیات تولیدی و تخمین پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات اقتصادی در گوسفند زندگی. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشگاه تربیت مدرس.
- ۶- کلانتر، م. ۱۳۷۹. بررسی روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد در گوسفند زندگی. پایان نامه کارشناسی ارشد. مرکز آموزش عالی امام خمینی (ره).

7- Alkass, J.E., D.A. Aziz, and H.N. Hermiz. 1991. Genetic parameters of growth traits in Awassi sheep. Journal of Agricultural Science. 3 : 152-161.

8- Elfadili, M., C. Michaux, J. Detilleux, and P. L. Leroy. 2000. Genetic parameters for growth traits of the Moroccan Timahdit breed of sheep. Small Ruminant Research. 37:203-208.

9- Fogarty, N. M. 1995. Genetic parameters for liveweight, fat and muscle measurements, wool production and reproduction in sheep: A review. Animal Breeding Abstract. 63:101-143.

10- Gibson, J. P. 1995. An Introduction to the design and economics of animal breeding strategies. University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada.

11- Hofer, A. 1998. Variance component estimation in animal breeding :A review . Journal of Animal Breeding and Genetics. 115:247-265.

Estimation of body weight traits(Co)variance component,genetic environmental
parameters in Sanjabi sheep

Hossein Mowlaeian*, Cyrus Farasati and Navid ghasemipur

* Agriculture and Natural Resources Research Center of Kermanshah mlnhssn@yahoo.com

Abstract

In this study,data of Sanjabi sheep were used to estimate (Co) variance component,genetic environmental parameters and genetic-phenotypic correlation for the growth traits in Sanjabi sheep. The data originated from the Animal Research Station of Mehragan(- Khermanshah province) and included 1280, 1238, 938, 872, and 641 records of birth weight(BW), weaning weight(WW), weight at 6 months (W6), weight at 9 months(W9) and weight at 12 months(W12) respectively.The data were collected during 11 years (1990-2000).Animal model was used for analyzing data and (co)variances were estimated by Restricted maximum likelihood.Also,Likelihood Ratio Test was used for comparing the models and selecting the best model for multitrait analyzing.The analysis conducted with GLM procedure in SAS software .The results show that permanent environmental maternal effect was clearly significant.The fix effects of year, Birth season group, sex,dam age and type of Birth have the high significant effect on BW and WW trait ($P<0.01$). The estimates of additive genetic variance,permanent environmental maternal variance and heritability in multitrait analyzing were 0.09, 0.04, 0.32; 1.38,3.46, 0.10; 3.46, 2.48, 0.21; 5.12, 2.18, 0.26 and 3.81, 2.61, 0.24 for BW, WW, W6, W9 and W12 respectively.The genetic and phenotypic correlation between BW and the other traits were positive but very low.Genetic and phenotypic correlations were 0.06 and 0.05, 0.08 and 0.08, 0.07 and 0.09, 0.14 and 0.07 between BW and WW, W6, W9, W12 and 0.37 and 0.043, 0.36 and 0.42, 0.41 and 0.29 between WW and W6, W12 respectively.The changes of phenotypic and genetic mean on year for the traits were -0.004 and 0.01,-0.03 and 0.06, -0.11 and 0.09, 0.14 and 0.10, 0.24 and 0.10 (Kg) respectively. The reasons of these changes were bad environmental condition, the use of non-tested rams,non-equilibrium distribution of ewes for breeding and replacing ewes with high percent.

Keywords: Genetic parameters- Sanjabi sheep -(Co) variance component – correlation- Khermanshah province

روابط تکاملی اکوتیپ‌های سگ‌های بومی کشور با استفاده از ۶ نشانگر ریزماهورای

مهدیه منتظری، علی اکبر مسعودی* و رسول واعظ ترشیزی

گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران

*نویسنده مسئول: علی اکبر مسعودی، شماره فکس: ۹۸۲۱۴۸۲۹۲۲۰۰، masoudia@modares.ac.ir

چکیده

با توجه به اهمیت شناسایی ذخایر ژنتیکی کشور و حفظ تنوع در این ذخائر بومی، در این تحقیق به بررسی رابطه فیلوژنتیکی و تنوع ژنتیکی جمعیت سگ‌های بومی ایران با استفاده از ۶ جفت نشانگر ریزماهورای (C26.73320, REN144M10, REN87O21, FH2914, FH3053, FH2795) پرداخته شد. از این جمعیت‌ها ۸۰ نمونه خون و بافت بدست آمده و استخراج DNA آنها از خون به روش استخراج نمکی و از بافت نیز با استفاده از روش تغییر یافته هضم آنزیمی صورت گرفت. پس از بهینه سازی شرایط و انجام واکنش های PCR، تمامی جایگاه‌ها به خوبی تکثیر شدند و چند شکلی خوبی نشان دادند. جایگاه C26.73320 در جمعیت کردستان، جایگاه FH3053 در جمعیت تازی و جایگاه‌های FH2795 و FH3053 در جمعیت بختیاری در تعادل هاردی-واینبرگ بودند. بقیه جایگاه‌های مورد بررسی انحراف معنی‌داری را از تعادل نشان دادند. جایگاه REN144M10 با ۷ آلل و جایگاه‌های REN87O21 و FH3053 با ۴ آلل به ترتیب بیشترین و کمترین تعداد آلل را نشان دادند که به دنبال آن جایگاه‌های REN144M10 و جایگاه FH3053 با ۵/۱ و ۲ به ترتیب بیشترین و کمترین آلل مؤثر را نشان دادند. بیشترین میزان هتروزیگوسیتی در جمعیت کردی (۰/۶۶) و کمترین آن در جمعیت خراسان (۰/۴۶) مشاهده شد. بیشترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌های بومی البرز و تازی و کمترین آن بین جمعیت‌های تازی و سرابی مشاهده شد. با توجه به نتایج تحقیق حاضر، جمعیت سگ‌های بومی ایران تنوع ژنتیکی نسبتاً بالایی دارند و استفاده از این نشانگرهای ژنتیکی می‌تواند در تکمیل برنامه‌های حفاظتی بسیار سودمند باشند.

واژه های کلیدی: سگ بومی - تنوع ژنتیکی - رابطه فیلوژنتیکی - نشانگر ریزماهورا

مقدمه

از دید اصلاح‌گران دام، اطلاع از ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها می‌تواند کمک بزرگی در برنامه‌ریزی برای طرح‌های اصلاح نژادی و از همه مهمتر حفظ ذخایر ژنتیکی باشد (۳)، چرا که فقدان تنوع ژنتیکی امکان انتخاب را به منظور رفع نیازهای آینده محدود می‌سازد (۱). با این وجود سگ اهلی یکی از حیواناتی است که بیشترین تنوع را در بین گونه‌های اهلی دارا است و این امر آنرا به یک موضوع جالب برای مطالعات علمی تبدیل کرده است (۴ و ۶). استفاده از نشانگرهای مولکولی خصوصاً نشانگرهای ریزماهورای، در سالهای اخیر جهت تعیین تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌ها و حیوانات حفاظت شده کاربرد گسترده‌ای یافته است. همچنین در تحقیقاتی که توسط FAO در رابطه با انتخاب نشانگر جهت مطالعات تنوع ژنتیکی انجام شده، گزارش‌ها حاکی از این است که در ۷۰ درصد موارد ریزماهوراها بعنوان نشانگر انتخاب شده‌اند (۲). با توجه به اینکه اهمیت سگ از لحاظ حفاظت از افراد جامعه، کارخانه‌ها، گله‌های دام، کشف مواد مخدر، کشف مواد منفجره، کشف افراد زنده زیر آوار بعد از حوادث طبیعی و همچنین تعقیب مجرمین و قاچاقچیان مواد مخدر قابل چشم‌پوشی نیست و از طرفی سگ اهلی از بین همه پستانداران، گونه ای

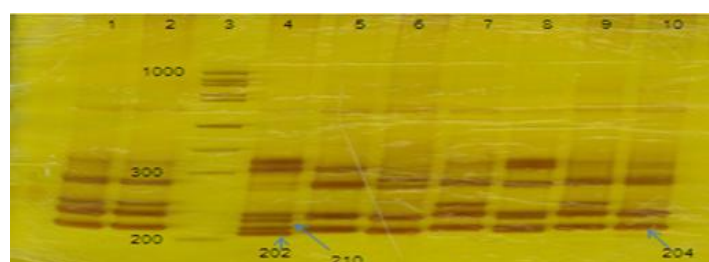
است که سهم ویژه‌ای را در توسعه اطلاعات ژنومی به خود اختصاص داده و اصلاح نژاد سگ اهلی فرصت بی‌نظیری را برای کشف بیماریهای ژنتیکی، ناپایداری مورفولوژی و صفات وابسته به رفتار در انسان و حیوانات دیگر بوجود آورده است (۵)، از اینرو ضرورت شناسایی تنوع موجود در جمعیت‌های سگ بومی ایران و تعیین روابط تکاملی میان آنها آشکار بوده و وظیفه‌ای است که بر عهده متخصصین ژنتیک دام می‌باشد ولی متأسفانه تاکنون در این زمینه فعالیت‌های بسیار اندکی صورت گرفته است. با استفاده از این نوع مطالعات پایه‌ای، می‌توان به شناخت ژنهای مرتبط با بیماریهایی از قبیل صرع، سرطان، ناشنوایی و نابینایی دست یافت که نه تنها برای حیوان، بلکه برای جامعه انسانی نیز ارزشمند می‌باشند (۷). در این تحقیق با استفاده از نشانگرهای ژنتیکی ریزماهواره روابط تکاملی و تنوع ژنتیکی اکوتیپ‌های سگهای بومی کشور مورد بررسی قرار گرفته است.

مواد و روشها

در تحقیق حاضر تعداد ۸۰ نمونه خون و بافت از جمعیت سگ‌های بومی کشور (تازی، سرابی، کردی، بختیاری و سگ‌های بومی استان‌های خراسان، البرز و کردستان) جمع‌آوری و DNA آنها استحصال شد. جهت بررسی روابط تکاملی نمونه‌ها از ۶ جایگاه ریز ماهواره‌ای (C26.73320, REN144M10, REN87O21, FH2914, FH3053, FH2795) و آغازگرهای مربوطه استفاده شد (جدول ۱). پس از انجام مراحل PCR قطعات DNA تکثیر شده در طی انجام الکتروفورز با ژل آکرلامید ۶ درصد از یکدیگر تفکیک شده و سپس رنگ آمیزی ژلها به روش نیترا ت نقره صورت گرفت (شکل ۱).

جدول ۱- اطلاعات شش آغازگر مربوط به جایگاههای مورد استفاده در این تحقیق

نام جایگاه	شماره کروموزوم	آغازگر عقب بر	آغازگر جلوبر
C26.73320	۲۶	GAGAGGAGAAACAACCAACA CC	CCCTCTACTTATGTCTCG GCC
FH2914	۲۱	ATAGCCTTGGAATTTTTCG	GTGATCCACTTGCTTGTA TCC
FH3053	۳۰	TCATCTCCAGCTTTTCATGG	GATTAAAAGGGCAAGCA ACC
REN144M10	۱۵	GCCACCTCATTCAAAAAGA	TCTCATGCAAATCTTCGT TCA
REN87O21	۲۶	CCCCTTCAGCTTCGGTGTAG	TGGCTGTGGCTAAGGCTT TGT
FH2795	۱۸	GGCTGGACTTTTGTCAATTG	TGTGAGTAGGGTAGGGCA GG

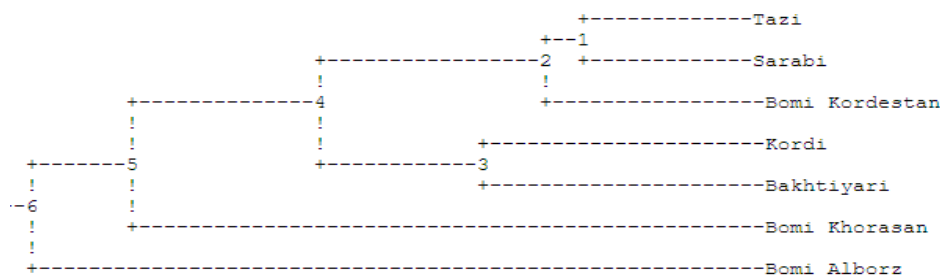


شکل ۱- نمونه‌ای از نتایج تکثیر آغازگر FH3053

هم چنین برای بدست آوردن اندازه آلل ها، تعیین انواع آلل ها و ژنوتیپ ها از نرم افزار Excel استفاده شد. به منظور بررسی تعادل هاردی- واینبرگ و تعیین معیارهایی همچون هتروزیگوسیتی، تعداد آلل واقعی، تعداد آلل موثر، شاخص شانون، فاصله ژنتیکی و ارزش PIC^{25} از نرم افزارهای PopGene32 و Het استفاده گردید.

نتایج و بحث

در تحقیق حاضر با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره‌ای به بررسی روابط تکاملی سگ‌های بومی ایران پرداخته شد. نتایج این تحقیق نشان داد که جایگاه C26.73320 در جمعیت کردستان، جایگاه FH3053 در جمعیت تازی و جایگاه‌های FH2795 و FH3053 در جمعیت بختیاری در حالت تعادل قرار دارند. این در حالی است که بقیه جایگاه‌های مورد مطالعه در این جمعیت‌ها انحراف معنی‌داری از تعادل هاردی-واینبرگ نشان دادند ($p < 0.05$). این عدم تعادل می‌تواند به علت کوچک بودن اندازه جمعیت‌ها و نحوه نمونه‌گیری باشد. بیشترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌های بومی البرز و تازی و کمترین آن بین جمعیت‌های تازی و سرابی مشاهده شد (شکل ۲). فاصله ژنتیکی کم بین سرابی و تازی نشان دهنده هم‌منشاء بودن آنهاست. با توجه به نتایج جدول ۲ جایگاه REN144M10 با ۷ آلل و جایگاه‌های REN87O21 و FH3053 با ۴ آلل به ترتیب بیشترین و کمترین تعداد آلل را نشان دادند. همچنین در بین جمعیت‌های مورد بررسی جایگاه‌های REN144M10 و FH3053 با ۵/۱ و ۲ به ترتیب بیشترین و کمترین آلل موثر را نشان دادند. معیار شاخص شانون برای اندازه‌گیری تنوع ژنتیکی جایگاه‌هایی که چند شکلی بالایی دارند (مانند نشانگر ریزماهواره)، بسیار سودمند است. همانطوریکه در جدول ۲ مشخص می‌شود بیشترین میزان شاخص شانون در جایگاه REN144M10 (۱/۷) و کمترین آن در جایگاه FH3053 (۰/۹۷) می‌باشد. جایگاه FH3053 در بین همه جایگاه‌های مورد بررسی دارای کمترین مقدار PIC (۰/۴۶) و جایگاه REN144M10 دارای بیشترین مقدار PIC (۰/۸۳) می‌باشند. از آنجائیکه یکی از معیارهای مهم در انتخاب آغازگرها تعداد آلل موثر و ارزش PIC آن آغازگر است، همانطور که ملاحظه می‌شود این آغازگرها دارای تعداد آلل موثر و ارزش PIC خوبی هستند و می‌توان برای مطالعات بعدی نیز از این آغازگرها استفاده نمود. طبق نتایج موجود در جدول ۳، بیشترین و کمترین تنوع درون جمعیتی، که برای هر جمعیت به صورت متوسط هتروزیگوسیتی مورد انتظار در همه جایگاه‌ها برآورد گردیده، به ترتیب در جمعیت‌های کردی (۰/۶۶) و خراسان (۰/۴۶) بدست آمد.



شکل ۲- درخت فیلوژنتیک بدست آمده برای جمعیت‌های مطالعه شده

جدول ۲- اطلاعات مربوط به جایگاه‌های مورد مطالعه

جایگاه	REN144M	REN87O2	FH305	FH29	C26.733	FH297	میانگین
	10	1	3	14	20	5	

²⁵ Polymorphic Information Content

تعداد آل واقعی	۷	۴	۴	۵	۶	۵	۵/۴
تعداد آل موثر	۵/۱	۳	۲	۳/۷	۳/۸	۲/۹	۳/۴
شاخص اطلاعاتی شانون	۱/۷	۱/۲	۰/۹۷	۱/۴	۱/۵	۱/۲	۱/۷
ارزش PIC	۰/۷۷	۰/۶۱	۰/۴۶	۰/۶۸	۰/۷	۰/۶۱	۰/۶۳

جدول ۳- اطلاعات متوسط هتروزیگوسیتی مربوط به جمعیت‌های مورد بررسی

تازی		بومی خراسان		کردی		بومی کردستان		بختیاری		سرابی		بومی البرز	
He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He*	Ho**
۰/۶۱	۰/۳۱	۰/۴۶	۰/۳۱	۰/۶۶	۰/۶۸	۰/۵۴	۰/۳	۰/۶۲	۰/۳۳	۰/۶۲	۰/۶۵	۰/۵۹	۰/۳۲

* و **: به ترتیب هتروزیگوسیتی مورد انتظار و هتروزیگوسیتی مشاهده شده

نتیجه گیری نهایی

با توجه به نتایج بدست آمده از هتروزیگوسیتی مشخص شد که علی رغم کاهش شدید ذخایر این جمعیت ها، هنوز تنوع ژنتیکی در حد قابل قبولیست، پس پیشنهاد می شود جهت حفظ این ذخایر ارزشمند ژنتیکی که امروزه در جهان بسیار مطرح می باشند، تدابیری از طرف دستگاه های اجرایی کشور مانند در نظر گرفتن مکانهای حفاظت شده برای این گونه حیوانی اندیشیده شود.

منابع

۱. رجایی م. ۱۳۸۴. بررسی تنوع ژنتیکی در یک جمعیت بلدرچین ژاپنی با استفاده از نشانگرهای ریزماهورای. پایان نامه کارشناسی ارشد علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس. ۹۵ صفحه.
2. FAO. 2004. Measurement of domestic animal diversity-A review of recent diversity studies. Commission on genetic resources for food and agriculture. Third session.
3. Iranian National Atlas. 2001. Study of biological environment. (1st ed.). Mapping center of Iran publication.
4. Kukekova, A. V., Vorobieva, N. V., Beklemisheva, V. R., Johnson, J. L., Temnykh, S. V., Yudkin, D. V., Trut, L. N., Andre, C., Galibert, F., and Aguirre, G. D. 2009. Chromosomal mapping of canine-derived BAC clones to the red fox and American mink genomes. Journal of Heredity, 100: 42.
5. Lindblad, K., Wade, C.M., Mikkelsen, T. S., Karlsson, E. K. and Jaffe, D. B. 2005. Genome sequence, comparative analysis and haplotype structure the domestic dog. Nature. 438: 803-819.
6. Sutter, N. B. and E. A. Ostrander 2004. Dog star rising: the canine genetic system. Nature Reviews Genetics, 5(12): 900-910.

7. Wayne, R. K. and Ostrander, E. A. (1999). Origin, genetic diversity and genome structure of the domestic dog. *Genes and Genomes*. 21: 247-257.

Phylogenetic analysis in Iranian dog populations using 6 microsatellite markers

Mahdie Montazeri, Ali Akbar Masoudi* and Rasoul Vaez Torshizi

Department of animal Science, Faculty of Agriculture , Tarbiat Modares University, Iran

*Email: masoudia@modares.ac.ir

Abstract

Considering the importance of maintaining the genetic diversity in native animals of the this study conducted to analyse phylogenetic relationship and genetic diversity in iranian native dog populations. Using six microsatellite (C26.73320, REN144M10, REN87O21, FH2914, FH3053, FH2795) . Eight blood and tissue samples were collected from populations. Total DNAs of the samples were extracted using salting out or enzymatic digestion methods. The results indicated that the locus C26.73320 in the Kurdistan population, locus FH3053 in Tazi and loci FH2790 and FH3053 in Bakhtiyari population were in Hardy - Weinberg equilibrium. The number of alleles per populations ranged from 7 (REN144M10) to 4 (FH3053 and REN87O21) with a mean of 5.4. The highest and the lowest effective alleles are shown in REN144M10 (5.1) and FH3053 (2), respectively. The expected heterozygosis varied from 0.66 in Kurdish population to .046 in Khorasan population. The highest genetic distance obtained between Tazi samples and Alborz samples and the lowest genetic distance was observed between Tazi and Sarabi. The results of the current study indicated that the Iranian dog populations show a relativity high genetic variation and breeding strategies should be applied for conservation of the populations.

Keywords: Native Dog- Genetic Diversity- Phylogenetic Relationship- Microsatellite

شناسایی چند شکلی ژن فاکتور رشد شبه انسولینی ۱ (IGF-I) در گوسفند مغانی با روش PCR-SSCP
فاطمه پوربایرامیان^{*}، علی هاشمی^۱، کریم مردانی^۲، محمد قادرزاده^۱، پریسا بیابانی^۱، جواد برومند^۱، فریبا نایری^۳
^۱ گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، ^۲ گروه بهداشت و کنترل کیفی مواد غذایی دانشکده دامپزشکی دانشگاه ارومیه

^۳ گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان

*نویسنده مسئول: فاطمه پوربایرامیان: fatemehpurbayramian@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق چندشکلی ناحیه اگزون یک ژن IGF-I گوسفندان مغانی شناسایی شد. برای این منظور از تعداد ۱۰۰ رأس گوسفند ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند مغانی خونگیری شد. پس از استخراج DNA، قطعه‌ای به اندازه ۲۷۹ جفت باز از ناحیه اگزون یک این ژن با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز تکثیر شد. محصولات PCR بدست آمده با روش SSCP تجزیه شدند که منجر به شناسایی الگوهای نواری متفاوت در گوسفندان مورد مطالعه شد. برای جایگاه ژن IGF-I، سه آلل B، C و D به ترتیب با فراوانی‌های ۰/۵۴۵۰، ۰/۳۲۵۰ و ۰/۱۳ و سه ژنوتیپ BC، BD و BB با فراوانی‌های ۶۵ درصد، ۲۶ درصد و ۹ درصد بدست آمد. براساس نتایج بدست آمده از این پژوهش می‌توان گفت که تنوع ژنتیکی ناحیه اگزون اول ژن IGF-I گوسفند مغانی نسبتاً بالاست و جمعیت در حال تعادل هاردی-واینبرگ نبود.

واژه‌های کلیدی: چندشکلی - فاکتور رشد شبه انسولینی - گوسفند مغانی - PCR-SSCP

مقدمه

پروتئین‌های حاصل از ژن IGF-I در تنظیم هورمون رشد نقش عمده‌ای دارند و ژن کدکننده آنها به عنوان ژن کاندیدا برای بررسی رشد و صفات کیفی گوشت در طرح‌های بهبود ژنتیکی حیوانات مطرح می‌باشد (۳). این ژن در گوسفند روی کروموزوم شماره ۳ قرار دارد و دارای ۶ اگزون می‌باشد (۶، ۷). IGF-I در جلوگیری از مرگ سلولی بافت پستانی به‌ویژه در مراحل اولیه شیردهی از اهمیت بالایی برخوردار است (۴). هورمون IGF-I به‌طور مستقل از هورمون رشد، توانایی تحریک هایپرتروفی در ماهیچه‌های اسکلتی را دارد (۸). IGF-I همچنین باعث تحریک هیپوفیز پیشین و ترشح LH و در نتیجه تنظیم فعالیت‌های تولیدمثلی در پستانداران می‌شود (۲). طهمورث پور و همکاران (۲۰۰۹) با بررسی ژن IGF-I در گوسفند بلوچی سه ژنوتیپ مختلف را برای ژن IGF-I در جایگاه اگزون ۱ گوسفند بلوچی شناسایی کردند (۹). هنرور و همکاران (۲۰۱۲) در بررسی چندشکلی اگزون یک ژن IGF-I در گوسفندان نژاد زل ۴ الگوی ژنوتیپی را شناسایی کردند (۵). هدف از تحقیق حاضر شناسایی چندشکلی ناحیه اگزون یک، ژن IGF-I در گوسفندان نژاد مغانی با استفاده از روش چندشکلی فضایی رشته‌های منفرد مبتنی بر واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR-SSCP) و همچنین تعیین فراوانی‌های آللی و ژنوتیپی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق، تعداد ۱۰۰ رأس گوسفند مرکز پرورش و اصلاح نژاد گوسفند مغانی شهرستان جعفرآباد مغان، به صورت تصادفی برگزیده شدند. خونگیری از محل ورید وداجی انجام شد. و نمونه‌های خون تا زمان استخراج DNA در دمای 20°C - نگهداری شدند. استخراج DNA از نمونه‌های خون، با استفاده از کیت استخراج DNA ژنومی (شرکت سیناژن-ایران) انجام شد. طراحی آغازگرها بر اساس توالی‌های ژن IGFI موجود در بانک ژن با استفاده از نرم افزار Amplifx طراحی گردید.

آغازگر رفت: 5'-CTGAGGGGAGCCAATTACAAAG-3'

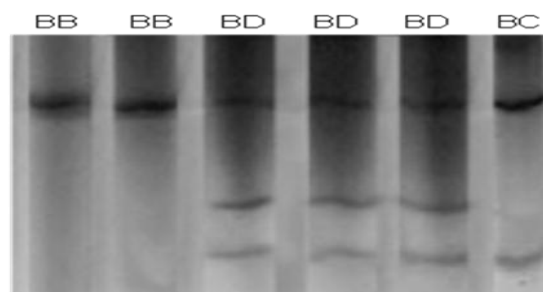
آغازگر برگشت: 5'-ACACATCTGCTAATACACCTTACC-3'

واکنش PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر، شامل: ۴ میکرولیتر dNTP ۱/۲۵ میلی مولار، ۱ میکرولیتر MgCl_2 با غلظت ۵۰ میلی مولار، ۰/۵ میکرولیتر از هر یک از آغازگرها با غلظت ۲۵ میکرومولار، ۲/۵ میکرولیتر بافر PCR با غلظت ۱۰ برابر، ۲/۵ واحد آنزیم DNA پلی‌مراز Taq، ۱۲ میکرولیتر آب دوبار تقطیر و ۴ میکرولیتر از DNA ژنومی انجام گرفت. تکثیر قطعه مورد نظر با استفاده از یک مرحله ابتدایی و اسرشته‌سازی در دمای 95°C به مدت ۵ دقیقه و 35°C چرخه (واسرشته سازی در دمای 94°C به مدت ۴۵ ثانیه، دمای اتصال آغازگرها 57°C به مدت ۴۵ ثانیه و دمای تکثیر 72°C به مدت ۳۰ ثانیه) و یک دمای تکثیر نهایی 72°C به مدت ۵ دقیقه جهت گسترش زنجیره استفاده شد. برای آنالیز محصولات PCR توسط روش SSCP از ژل آکریلامید سرد استفاده شد (شکل ۱).

نتایج و بحث

پس از استخراج DNA به منظور صحت قطعات تکثیر شده واکنش PCR از ژل آگارز ۲ درصد استفاده شد. آنالیز نتایج با تکنیک SSCP و رنگ آمیزی با نیترا ت نقره منجر به شناسایی سه الگوی باندی BC، BD و BB و سه شکل آلی B، C و D در جمعیت مورد مطالعه شد. بیشترین فراوانی آلی مربوط به آل B بود (شکل ۱). معیارهای تنوع درون جمعیت شامل تعداد آل مؤثر و شاخص هتروزیگوسیتی در این تحقیق برای این ناحیه از ژن IGF-I به ترتیب ۲/۳۸ و ۰/۵۸۰۴ بدست آمد (جدول ۱). یالماز و همکاران (۲۰۰۵) چندشکلی ناحیه اگزون ۱ ژن (IGF-I) را در گوسفند آمیخته مطالعه کردند و دو آل A و B و سه نوع ژنوتیپ AA، AB و BB را شناسایی کردند (۱۰) که همانند مطالعه حاضر، ژنوتیپ BB کمترین فراوانی را داشت. طهمورث‌پور و همکاران (۲۰۰۹) با بررسی چندشکلی این ژن در گوسفندان بلوچی دو آل A و B و سه نوع ژنوتیپ مختلف را شناسایی

کردند که بیشترین فراوانی را برای آل A گزارش کردند و در تحقیق حاضر نیز ۳ ژنوتیپ شناسایی شد با این تفاوت که بیشترین فراوانی مربوط به آل B بود (۶)، هنرور و همکاران (۲۰۱۲) با بررسی چندشکلی اگزون ۱ ژن IGF-I در گوسفندان زل ۴ الگوی ژنوتیپی با فراوانی‌های A (۰/۳۷)، B (۰/۴۱)، C (۰/۰۲) و D (۰/۱۸) را بدست آوردند (۵). با توجه به نتایج این تحقیق می‌توان گفت ژن IGF-I در گوسفند نژاد مغانی چندشکلی نسبتاً بالایی دارد و می‌تواند در مطالعات بعدی به عنوان یک نشانگر ژنتیکی مورد استفاده قرار گیرد.



شکل ۱- الگوهای SSCP مشاهده شده ژن IGF-I در گوسفندان مغانی بر روی ژل پلی آکرلامید

جدول ۱- پارامترهای آماری برآورد شده ژن IGF-I در گوسفند مغانی بوسیله نرم افزار PopGene32

ژنوتیپ‌ها (%)			آلل‌ها			اندازه مؤثر	شاخص	χ^2
BB	BD	BC	B	C	D	آللی	هتروزیگوسیتی	
۹	۲۶	۶۵	۰/۵۴۵۰	۰/۳۲۴۰	۰/۱۳	۲/۳۸	۰/۵۸۰۴	۶۸/۷۸

منابع

- ۱- نصیری، م. ر.، ولی زاده، ر.، طهمورث پور، م.، جوادمنش، ع و فروتنی، ص. ۱۳۸۹. بررسی وفور ژنوتیپی جایگاه های ژنی کالپاستاتین، کالپین و بتالاکتوگلوبین در نژاد کردی خراسان شمالی. نشریه پژوهشهای علوم دامی ایران. ۲(۲): ۱۶۳-۱۶۹.
- 2- Adam, D., Cosgrove, L.J., Booker, G.W., Wallace, J.C and Forbes, B. E. 2005. Molecular interactions of the IGF system. Cytokine & Growth Factor Reviews. 16 (4-5): 421-43.
- 3- Andrade, P. C., Grossi, D. A., Paz, C. C., Alencar, M. M., Regitano, L. C. A and Munari, D. P. 2008. Association of an insulin-like growth factor 1 gene microsatellite with phenotypic variation and estimated breeding values of growth traits in Canchim cattle. Animal Genetics. 39 (5): 480-485.
- 4- Coucouvanis, E.C., Martin, G.R and Nadeau, J.H. 1995. Genetic approaches for studying programmed cell death during development of the laboratory mouse. Methods in Cell Biology. 46: 387-440.
- 5-Honarvar, M., Sadeghi, M., Moradi-Shahrehabak, H and Behzadi, S.H. 2012. Study of Polymorphisms in the 5 Flanking Region of the Ovine IGF-I Gene in Zel Sheep. World Applied Sciences Journal. 16 (5): 726-728.
- 6- Imam-Ghali, M.I., Saidi-Mehtar, N and Guerin, G. 1991. Sheep gene mapping: additional DNA markers included (CASB, CASK, LALBA, IGF-I and AMH). Animal Genetics. 22 (2): 165-172.
- 7- Mikawa, S., Yoshikawa, G., Aoki, H and Yamano, Y. 1995. Dynamic aspects in the expression of the

goat insulin-like growth factor-I (IGF-I) gene: diversity in transcription and post-transcription. Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry. 59 (1): 87-92.

8- Musaro, A., McCullagh, K.j., Naya, F.j., Olsen, E.N and Rosenthal, N. 1999. IGF-1 induces skeletal

myocyte hypertrophy through calcineurin in association with GATA-2 and NF-ATc1. Nature. 400 (6744):

581-585.

9-Tahmoorespur, M., Vafaye Valeh, M., Reza Nassiry, M. Heravi Moussavi, A and Ansary, M. 2009. Association of the polymorphism in the 5' flanking region of the ovine IGF-I gene with growth traits in the Baluchi sheep. South African Journal of Animal Scieanc. 39 (5): 97-101.

10- Yilmaz, A., Michael, E., Harold, C.H., Hines and Hoyoung Chung. 2005. Detection of two nucleotide substitutions and putative promoters in the 5' flanking region of the ovine IGF-I gene. Journal of Applied Genetics. 46 (3): 307-309.

Detection of Polymorphism of Insulin-like Growth Factor-I (IGF-I) Gene in Moghani Sheep By PCR-SSCP technique

F. Purbayramian^{1*}, A.Hashemi¹, K. Mardani², M. Ghaderzadeh¹, P. Biabani¹, J. Boromand¹, F. Nayeri³

¹ Department of Animal Science Agriculture Urmia University, ² Department of Food Hygiene and Quality

Control, Faculty of Veterinary Medicine, Urmia University, ³ Department of Animal Science Agriculture Zanjan University

Corresponding E-mail address: fatemehpurbayramian@yahoo.com

Abstract

In the present study the polymorphism of exon 1 of Insulin growth factor 1 gene (IGF-I) of Moghani sheep was investigated. A number of 100 sheep were randomly chosen from Moghani sheep breeding station and blood samples were collected. DNA were extracted from blood samples in order to amplify a fragment of 279 bp in size from IGF-I gene exon 1. PCR products were subjected to SSCP analysis. Based on the obtained SSCP patterns three alleles B, C and D with frequencies of 0.5450, 0.3240 and 0.13 and three genotypes BC, BD and BB with frequencies of 65%, 26% and 9% were identified, respectively. On the basis of obtained results it was revealed that the IGF-I gene had high degree of genetic variation in Moghani sheep and the Chi-square test showed that deviation from Hardy-Weinberg equilibrium was significant.

Key words: polymorphism - Insulin-like growth factor - Moghani Sheep - PCR-SSCP

ارزیابی چند شکلی ژن لپتین و ارتباط آن با صفات شیر در گاوهای نژاد هلشتاین
معصومه نظری*، جلال رستم زاده، امیر رشیدی، عثمان عزیزی و زانا کریمی کردستانی
گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان، سنندج
Email: M.Nazari1391@gmail.com نویسنده مسئول: معصومه نظری*

چکیده

هدف از این مطالعه بررسی پلی-مورفیسم در قطعه ۵۲۲bp از اینترون ۲ و اگزون ۳ ژن لپتین بود. در این مطالعه فراوانی ژنوتیپی و اللی ژن لپتین و ارتباط آن با صفات تولیدی مشخص شد (روش PCR-RFLP به وسیله آنزیم برشی Eco72I). در این پژوهش مجموع ۱۴۵ گاو هلشتاین در منطقه غرب ایران مورد مطالعه قرار گرفت. بیشترین میزان فراوانی ژنوتیپی در گاوهای هلشتاین مربوط به ژنوتیپ GG (۰/۶۰) بود. همچنین میزان فراوانی اللی A و G در گاوهای هلشتاین به ترتیب ۰/۲۲ و ۰/۷۸ بود. گاوهای با ژنوتیپ GG بیشترین میزان تولید شیر را دارا بودند. برای سایر صفات تولیدی شیر تفاوت معنی داری مشاهده نشد ($P > 0.05$). کلمات کلیدی: ژن لپتین - گاو هلشتاین - آنزیم محدودکننده - PCR-RFLP.

مقدمه

در گاوهای شیری یکی از مهمترین اهداف انتخاب، بالا بردن بهره‌وری و بهبود ترکیبات شیر می‌باشد. با به کار بردن تکنیک‌های مولکولی و تعیین ژن‌های اساسی مؤثر بر صفات تولیدی در دام‌ها، می‌توان کارایی برنامه‌های اصلاح نژاد را افزایش داد (۲). ژن لپتین بر روی کروموزوم شماره ۴ گاو واقع شده و شامل سه اگزون و دو اینترون می‌باشد. ولی تنها دو اگزون آن به پروتئین ترجمه می‌شود (۳، ۴ و ۶). ناحیه‌ی کد کننده ژن لپتین (توالی ۵۰۱ نوکلئوتیدی) بر روی اگزون ۲ و ۳ قرار دارد (۳). هورمون لپتین از ۱۴۶ اسید آمینه تشکیل شده که وزن مولکولی آن ۱۶kd و از بافت‌های چربی، به خصوص چربی سفید ترشح می‌شود (۴ و ۸). البته مطالعات اخیر نشان داده‌است که ژن لپتین در بافت‌های دیگر از جمله جفت، موکوس معدی، غدد پستانی، عضلات اسکلتی، مغز و غده‌ی هیپوفیز نیز بیان می‌شود (۴ و ۸). هورمون لپتین اثرات و اعمال متعددی از جمله: کاهش وزن و اصلاح وضعیت متابولیسم بدن (۲ و ۹)، تنظیم مصرف خوراک (۱، ۳، ۶ و ۸)، تعادل انرژی (۳ و ۶)، تنظیم باروری (۱، ۳ و ۸) و غیره را بر عهده دارد.

هدف از این تحقیق ارزیابی پلی-مورفیسم ژن لپتین و ارتباط آن با صفات شیر با استفاده از تکنیک PCR-RFLP در گاوهای هلشتاین غرب ایران و همچنین ارزیابی این جمعیت با تعادل هاردی واینبرگ بود.

مواد و روشها

خونگیری از ۱۴۵ گاو نژاد هلشتاین طی سال‌های ۱۳۸۸ و ۱۳۸۹ در چهار استان غربی ایران (ایلام، کردستان، کرمانشاه و همدان) به صورت نمونه‌گیری تصادفی انجام گرفت. جهت استخراج DNA، از پروتکل استخراج نمکی استفاده شد. جهت تعیین کمیت و کیفیت DNA های استخراج شده از الکتروفورز روی ژل آگارز ۰/۸ درصد و اسپکتروفتومتری استفاده گردید. جهت تکثیر قطعه‌ی ۵۲۲bp ژن لپتین از ۲ آغازگر روبه جلو و برگشتی به ترتیب با طول ۲۲ و ۲۰ باز جهت انجام روش Polymeras Chain Reaction based Restriction Fragment Length Polymorphosm (PCR-RFLP) استفاده گردید (۷).

چرخه های حرارتی واکنش زنجیره ای پلیمرز شامل: واسرشت اولیه در ۹۴ درجه‌ی سانتیگراد و به مدت ۵ دقیقه، تکثیر در ۳۵ چرخه (شامل مراحل: واسرشت در ۹۴ درجه سانتیگراد و به مدت ۳۰ ثانیه، اتصال در ۵۴ درجه سانتیگراد و به مدت ۱ دقیقه و

تکثیر در ۷۲ درجه سانتیگراد و به مدت ۴۵ ثانیه) و تکثیر نهایی در ۷۲ درجه سانتیگراد و به مدت ۵ دقیقه صورت گرفت. جهت اطمینان از عمل تکثیر و صحت واکنش، محصولات PCR بر روی ژل آگارز ۱/۸ درصد الکتروفورز شدند. قطعه‌ی تکثیر یافته حاصل از مرحله‌ی PCR به وسیله‌ی ۱۰U از آنزیم Eco72I و به مدت ۱۶ ساعت مورد برش آنزیمی قرار گرفت. فراوانی اللی و ژنوتیپی، تعادل هاردی واینبرگ، میزان فراوانی هتروزیگوسیتی مشاهده شده، مورد انتظار و هتروزیگوسیتی مورد انتظار نئی با استفاده از نرم افزار PopGene V.1.31 برآورد گردید. ارتباط بین ژنوتیپ‌های مختلف ژن لپتین با مقدار تولید شیر (تصحیح شده برای ۳۰۵ روز، دو بار دوشش و سن بلوغ)، مقدار پروتئین، مقدار چربی، درصد پروتئین و درصد چربی شیر تحت مدل آماری زیر مورد ارزیابی قرار گرفت.

$$y_{ijko} = \mu + HYS_i + A_j + G_k + e_{ijko}$$

در این مدل:

y_{ijko} : صفت مورد نظر، μ : میانگین کل، HYS_i : اثر ثابت i امین گله، سال و فصل زایش، A_j : اثر ثابت j امین سن گاو، G_k : اثرات k امین ژنوتیپ و e_{ijko} : اثر خطای تصادفی می‌باشد. همچنین تفاوت میانگین‌های حداقل مربعات به روش توکی و در دامنه $P < 0.05$ مقایسه شدند.

نتایج و بحث

مقایسه نمونه های DNA استخراج شده با DNA لامبدا بر روی ژل آگارز ۰/۸ درصد و اسپکتروفوتومتری انجام گرفت. نتایج حاصل نشان داد نمونه‌ها از غلظت مناسبی جهت انجام PCR برخوردار بودند. به منظور تایید صحت اندازه قطعه تکثیر یافته، نمونه‌های حاصل از تکثیر PCR با DNA نشانگر (DNA Ladder 50 bp, Fermentas) که بر روی ژل آگارز ۱/۸٪ الکتروفورز مقایسه شدند. در برش قطعه ۵۲۲ جفت بازی (bp) ژن لپتین با آنزیم Eco72I دو الگوی هضمی، شامل الگوی A، با اندازه قطعه ۵۲۲ جفت باز (فاقد محل برش آنزیم) و الگوی G، با اندازه قطعات ۴۴۱ و ۸۱ جفت باز ایجاد کرد. جهت مشاهده نتایج حاصل از برش آنزیمی از ژل اکریل آمید ۸ درصد استفاده شد. در جمعیت مورد بررسی کمترین فراوانی ژنوتیپی مربوط به هموزیگوت AA و بیشترین فراوانی مربوط به ژنوتیپ GG می‌باشد ($AA=0.04$ ، $AG=0.36$ و $GG=0.60$). همچنین فراوانی اللی در این نژاد $A=0.22$ و $G=0.78$ بود.

این نتایج مطابق با نتایج کنفورتوو و همکاران (۱۹۹۹) در نژاد آمیخته‌ی B. Taurus بود. این پژوهشگران پلی مورفیسم ژن لپتین را در این نژاد مشاهده کردند. این نتایج همچنین مطابق با نتایج کودهاری و همکاران (۲۰۰۵) می‌باشد، آن‌ها در نژاد خالص B. Taurus این پلی مورفیسم را مشاهده کردند. این نتایج مطابق با نتایج وچتینی و همکاران (۲۰۰۷) می‌باشد، آن‌ها قطعه مورد نظر ژن لپتین را در سه گروه از تلیسه‌های Nellore مورد بررسی قرار دادند و فراوانی بالای اللی را برای ال G گزارش کردند. این محققان میانگین فراوانی اللی در این سه گروه را برای ال‌های G و A به ترتیب ۰/۵۲۸ و ۰/۴۷۳ گزارش کردند. نتایج حاصل از این پژوهش با نتایج کنفورتوو و همکاران (۱۹۹۹) در نژاد خالص B. Taurus مطابقت ندارد، آن‌ها در این نژاد این پلی مورفیسم را در این ژن مشاهده نکردند.

همانطور که مشاهده می‌شود نتایج حاصل از مطالعات انجام شده در نژادهای مختلف متفاوت می‌باشد. علت این تفاوت‌ها را می‌توان به تعداد نمونه بررسی شده، تفاوت نژادها و برنامه های اصلاحی مختلف توسط دامپروران در نژادهای مختلف مرتبط دانست.

نتایج حاصل از این پژوهش نشان داد بین پلی مورفیسم ژن لپتین در قطعه مورد نظر با تولید شیر از نظر آماری ارتباط معنی داری وجود دارد. بیشترین میزان تولید شیر (تصحیح شده برای ۳۰۵ روز، دو بار دوشش و سن بلوغ) مربوط به گاوهای با ژنوتیپ GG و کمترین میزان تولید مربوط به گاوهای با ژنوتیپ AA می باشد. از نظر آماری اختلاف معنی داری در بین ژنوتیپ های GG و AG و همچنین ژنوتیپ های AG و AA وجود نداشت. با توجه به جدول ۱ برای سایر صفات شیر تفاوت معنی داری مشاهده نشد ($P > 0.05$).

جدول ۱: ارتباط بین ژنوتیپ های مختلف ژن لپتین و صفات تولیدی در گاوهای هلشتاین ($P < 0.05$)

ژنوتیپ	تعداد	MY(kg)	پروتئین (kg)	چربی (kg)	FCM(kg)	پروتئین %	چربی %
پ	د						
GG	۷۴	8719.5 ± 245.9^a	310.6 ± 11.5	321.7 ± 16.1	8119.7 ± 304.6^a	3.48 ± 0.12	3.8 ± 0.05
AG	۲۳	8133.5 ± 305.4^{ab}	290.6 ± 14.8	309.3 ± 20.7	7503.1 ± 376.7^{ab}	3.51 ± 0.15	3.36 ± 0.07
AA	۳	6528.8 ± 845.7^{bc}	238.4 ± 51.0	207.1 ± 71.4	6058.0 ± 883.1^b	3.40 ± 0.53	3.72 ± 0.25

جهت بررسی تعادل هاردی واینبرگ در جمعیت های مورد آزمایش، آزمون χ^2 با استفاده از نرم افزار PopGene در سطح معنی دار ($P < 0.05$) انجام شد. نتایج حاصل در جمعیت مورد بررسی نشان دهنده سطح احتمال بزرگتر از ۰/۰۵ بود، که نشان دهنده وجود تعادل در نمونه های مورد بررسی می باشد.

میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده، هتروزیگوسیتی مورد انتظار و هتروزیگوسیتی مورد انتظار نئی برای جمعیت با استفاده از نرم افزار PopGene برآورد گردید. مقدار هتروزیگوتی مشاهده شده برای ژن لپتین ۰/۳۶۵۵ و بیشتر از میزان هتروزیگوتی مورد انتظار (۰/۳۴۱۳) بود بنابراین میزان تنوع در جامعه در حد مطلوب می باشد.

1. Choudhary, v., Kumar, P., Bhattacharya, T.K., Bhushan, B., Sharma, A., 2005. DNA polymorphism of leptin gene in *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle. *Journal of Genetics and Molecular Biology*. 28(4): 740-742.
2. Dybus, A., Grzesiak, W., kamieniecki, H., Szatkowska, I., Sobek, Z., Blaszczyk, P., Czerniawska-Piatkowska, E., Zych, S., Muszynska, M., 2005. Association of genetic variants of bovine prolactin with milk production traits of Black-and-White and Jersey cattle. *Journal of Animal breeding and genetics*. 48(2): 149-156.
3. Javanmard, A., M. Mohammadabadi, R., Zarrigabayi, G. E., Gharahedaghi, A. A., Nassiry, M. R., Javadmanesh, A., Asadzadeh, N., 2008. Polymorphism within the intron region of the bovine leptin gene in Iranian Sarabi cattle (Iranian *Bos Taurus*). *Russian Journal of Genetics*. 44(4): 495-497.
4. Jin, L., Zhang, Sh., Burguera, B. G., Couce, M. E., Osamura, R. Y., Kulig, E., Lloyd, R.V., 2000. Leptin and leptin receptor expression in rat and mouse pituitary cells. *Journal of Endocrinology*. 141(1): 333-339.
5. Konfortov, B. A, Licence, V. E., Miller, J. R., 1999. Re-sequencing of DNA from a diverse panel of cattle reveals a high level of polymorphism in both intron and exon. *Journal of Mammalian Genome*:10:1142-1145.
6. Kulig, H., Kmiec, M., Kowalewska-Luczak, I., Andziak, G., 2009. Effect of Leptin gene Polymorphisms on milk production traits of Jersey cows. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Science*. 32(2): 143-146.
7. Lien S, Sundvold, H., Klungland, H., Vage, D. I., 1997. Two novel polymorphisms in the bovine obesity gene (OBS). *Journal of Animal Genetics* 28:245.
8. Nassiry M. R., Eftekari Shahroudi, F., Heravi Mousavi, A., Sadeghi, B. Javadmanesh, A., 2008. The diversity of leptin gene in Iranian native, Holstein and Brown swiss cattle. *African Journal of Biotechnology*. 7(15): 2685-2687.
9. Vechetini, M. E., 2007.

CARACTERIZAÇÃO DE POLIMORFISMOS NO GENE DGAT1 E NO GENE DA LEPTINA EM UMA POPULAÇÃO DE NOVILHAS NELORE.

Evaluation of Leptin gene polymorphism and its correlation with milk yield in Holstein cattle
Masume Nazari, Jalal Rostamzadeh, Amir Rashidi, Osman Azizi and Zana Karimi Kurdistan
Department of Animal sciences, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj

*Corresponding author: Masume Nazari. Email: M.Nazari1391@gmail.com

Abstract

The goals of this study were to search for polymorphism in 522bp fragment from intron 2 and exon 3 of Leptin gene. In this study, the frequencies of leptin gene alleles and genotypes and its association with milk production were determined (recognized by restriction enzyme *Eco72I*). In the study 145 Holstein cattle in west of Iran were used. The GG genotype had the highest frequency in Holstein cattle (0.60). Also frequencies of allele A and G were 0.22 and 0.78 in Holstein cattle. Holstein cattle with genotype GG showed the highest milk yield. There was no significant difference between various genotypes in this gene and other milk performance traits ($P > 0.05$).

Keywords: Leptin gene- Holstein cattle- restriction enzyme- PCR-RFLP

اثر همخونی بر صفات تولیدی گاوهای هلشتاین استان قزوین

معصومه نظری^{*}، ابراهیم میرزامحمدی و امیر رشیدی

گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان، سنندج

Email: M.Nazari1391@gmail.com نویسنده مسئول: معصومه نظری^{*}

چکیده

به منظور برآورد اثر همخونی بر صفات تولیدی گاوهای هلشتاین استان قزوین به ترتیب از تعداد ۱۸۶۳۱، ۱۷۲۷۵ و ۱۵۱۴۳ رکورد مقدارشیر، مقدار چربی و مقدار پروتئین مربوط به گاوهای هلشتاین دوره شیردهی اول، که توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور از ۷۱ گله در استان قزوین طی سالهای ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۸ جمع‌آوری شده بود استفاده گردید. افت ناشی از همخونی با روش حداکثر درستی محدود شده با الگوریتم میانگین اطلاعات (AIREML) و با استفاده از نرم افزار Wombat برآورد شد. روندهای همخونی از طریق تابعیت میانگین ضریب همخونی حیوانات بر سال تولد برآورد شدند. تقریباً ۴۸ درصد کل حیوانات همخون بودند. میانگین ضریب همخونی کل جمعیت و حیوانات همخون به ترتیب ۰/۹۰ و ۱/۶۹ درصد برآورد شد. روند همخونی ۰/۰۰۵±۰/۰۰۱ درصد بر سال و غیر معنی‌دار بود. همچنین افت ناشی از همخونی به ازای افزایش یک درصد همخونی در گله برای صفات مقدارشیر، چربی و پروتئین، به ترتیب ۳۵/۸۳±۰/۹۹، -۰/۸۱±۰/۰۱، -۱/۰۸±۰/۰۳ کیلوگرم برآورد شدند.

کلمات کلیدی: افت ناشی از همخونی - مقدار شیر - مقدار چربی - مقدار پروتئین.

مقدمه

همخونی از طریق افزایش هموزیگوسیتی در گله اغلب صفات تولیدی و تولیدمثلی را تحت تأثیر قرار می‌دهد، بطوری که در عمده پژوهش‌ها گزارش شده است با افزایش میزان همخونی در گله تولید شیر کاهش می‌یابد. از طرفی کروکویت و همکاران (۲۰۰۶) گزارش کردند، مشاهده حیوانات بدون رابطه خویشاوندی در اکثر نژادهای گاو بویژه گاو هلشتاین تقریباً غیر ممکن است. بطوری که در اغلب کشورها اندازه مؤثر جمعیت کاهش یافته است و اغلب در سال‌های اخیر روند همخونی در جمعیت گاوهای هلشتاین اکثر کشورها مثبت و معنی‌دار بوده است (۲، ۴ و ۷). این وضعیت در جمعیت گاوهای هلشتاین ایران نیز وجود داشته است (۵ و ۹). بطوری که رکوعی و همکاران (۲۰۱۰) گزارش کرده‌اند افزایش ضریب همخونی گاوهای هلشتاین ایران نسبت به کشورهای آمریکا و کانادا قابل توجه بوده است و میانگین همخونی در جمعیت گاوهای هلشتاین را ۲/۹۰ درصد گزارش کرده‌اند. همچنین از سال ۱۳۶۹ تا ۱۳۸۷ سالانه تقریباً ۰/۲۲ و ۰/۱۵ درصد به میزان همخونی گاوهای هلشتاین ماده و نر افزوده شده است. بنابراین با توجه به اینکه نتایج عمده پژوهشگران نشان داده است در گاوداری‌های صنعتی میزان همخونی به سبب استفاده از اسپرم تعداد محدودی گاو با ارزش اصلاحی بالا در حال افزایش است (۴ و ۵) همیشه این نگرانی وجود دارد که در یک جمعیت خاص میزان همخونی افزایش یافته و آن جمعیت دچار افت ناشی از همخونی برای برخی صفات اقتصادی شود. هدف از این پژوهش برآورد روند همخونی و اثرات نامطلوب آن بر صفات تولیدی گاوهای هلشتاین استان قزوین می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش به منظور برآورد روند همخوانی و برآورد اثرات نامطلوب آن بر صفات تولیدی گاوهای هلشتاین استان قزوین به تعداد ۱۸۶۳۱، ۱۷۲۷۵ و ۱۵۱۴۳ رکورد مقدار شیر، مقدار چربی و مقدار پروتئین شیر مربوط به گاوهای هلشتاین دوره شیردهی اول که توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور طی سالهای ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۸ از ۷۱ گله واقع در استان قزوین جمع‌آوری شده بود، استفاده گردید. همچنین اطلاعات مربوط به شجره حیوانات موجود در استان قزوین از شجره گاوهای هلشتاین کل کشور که طی سالهای ۱۳۴۶ تا ۱۳۸۸ توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور جمع‌آوری و ثبت شده است، استخراج شد. حیوانات دارای رکورد برای صفات تولیدی تا حد ممکن (پنج تا هفت نسل) ردیابی شدند. در نهایت شجره حیوانات موجود در این استان که شامل ۲۹۸۸۸ حیوان بود، تکمیل شد. اطلاعات مربوط به شجره مورد استفاده در این پژوهش در جدول ۱ نشان داده شده است.

جدول ۱- اطلاعات مربوط به شجره گاوهای هلشتاین مناطق گرمسیر ایران

شرح	تعداد
کل حیوانات موجود در شجره	۲۹۸۸۸
حیوانات ماده دارای نتاج	۱۱۴۶۱
حیوانات نر دارای نتاج	۱۱۱۴
حیوانات دارای نتاج	۷۷۴۰
حیوانات نسل پایه	۲۸۰۳

رکوردهای مربوط به صفات مورد مطالعه در مرکز اصلاح نژاد برای ۳۰۵ روز و دو بار دوشش در سال و سن بلوغ تصحیح شده بودند. جهت ویرایش و تنظیم داده‌ها از نرم افزار Microsoft visual FoxPro 9.0 با محدودیت های زیراستفاده شد. مقدار شیر کمتر از ۱۰۰۰ و بیشتر از ۱۴۰۰۰ کیلوگرم، مقدار چربی و پروتئین کمتر از ۳۵ کیلوگرم در طول دوره ۳۰۵ روز، سن در زمان اولین زایش کمتر از ۱۸ ماه و بیشتر از ۳۲ ماه، همچنین گروه‌های هم‌دوره‌ایی که (گله- سال- فصل) کمتر از چهار رکورد داشته‌اند، از فایل داده‌ها حذف گردیدند.

افت ناشی از همخوانی با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده با الگوریتم میانگین اطلاعات (AIREML) و با استفاده از نرم افزار WOMBAT 1.0 (Meyer, 2010) برآورد شدند. تجزیه و تحلیل آماری و برازش مدل مناسب با استفاده از نرم افزار SAS9.1 (2004) و آماده سازی فایل شجره نیز با نرم افزار CFC 1.0 (Sargolzaei et al., 2006) انجام شد. در این پژوهش مدل آماری زیر برای برآورد افت ناشی از همخوانی مورد استفاده قرار گرفت.

$$y_{ijk0} = \mu + HYS_i + a_j + age_l + \beta F_k + e_{ijk0}$$

در این مدل y_{ijk0} = هر یک از مشاهدات، μ = میانگین کل، HYS_i = اثر i مین گله - سال - فصل تولد، a_j = اثر ژنتیک افزایشی j امین حیوان، age_l = اثر l امین سن به ماه، βF_k = ضریب همخوانی K امین حیوان بصورت متغیر کمکی و e_{ijk0} = اثر خطا می‌باشد.

نتایج

نتایج این تحقیق نشان داد، تقریباً ۴۸ درصد کل حیوانات موجود در استان قزوین همخون می‌باشند. میانگین ضریب همخونی کل جمعیت و گاوهای همخون این استان به ترتیب ۰/۹۰ و ۱/۶۹ درصد برآورد شد. این میزان همخونی برای گاوهای هلشتاین این استان تهدید کننده نمی‌باشد. زیرا این مقدار نسبت به میانگین گاوهای کل کشور و گاوهای هلشتاین ایرلند کمتر است (۴ و ۵).

همچنین روند همخونی در جمعیت گاوهای هلشتاین استان قزوین معنی‌دار نبود ($P > 0.05$). در حالی‌که نتایج سایر پژوهشگران نشان داده است در اکثر جمعیت‌ها روند همخونی مثبت و معنی‌دار بوده است. رکوعی و همکاران (۲۰۱۰) روند همخونی گاوهای هلشتاین نر و ماده ایران را ۰/۲۲ و ۰/۱۵ درصد در سال گزارش کرده است. علت معنی‌دار نشدن روند همخونی جمعیت گاوهای هلشتاین در استان قزوین را می‌توان به احتمال تغییر الگوی اسپرم توزیع شده در سطح این استان نسبت داد. نتایج حاصل از این پژوهش نشان داد به ازای افزایش هر یک درصد همخونی در جمعیت گاوهای هلشتاین استان قزوین میزان پسروی ناشی از همخونی برای صفات مقدار شیر، مقدار چربی و مقدار پروتئین به ترتیب $0.99 \pm 0.83/35$ ، $0.01 \pm 0.81/0$ ، $0.03 \pm 0.08/1$ کیلوگرم بود. در مطالعات اخیر میزان پسروی ناشی از همخونی گاوهای هلشتاین ایران برای این صفات در محدوده پژوهش حاضر و به ترتیب $0.70/18$ ، $0.44/0$ و $0.48/0$ گزارش شده است (۵). این میزان برای گاوهای هلشتاین ایرلند در سطوح مختلف همخونی متغیر گزارش شده است. بطوری که در حیوانات با ضریب همخونی کمتر از ۶/۵ درصد پسروی ناشی از همخونی مثبت و تقریباً ۶/۸ بوده است، اما در حیوانات با ضریب همخونی بیشتر از ۲۵ درصد تقریباً ۱۷۲/۵- بوده است (۴).

منابع

1. Croquet, C., Mayeres, P., Gillon, A., Vanderick, S. and Gengler, N. (2006). Inbreeding depression for global and partial economic indexes, production, type, and functional traits. *J. Dairy Sci.*, 89, 2257-2267.
2. Hudson, G. F. S. and L. D. Van Vleck. 1984. Inbreeding of artificially bred dairy cattle in the Northeastern United States. *Journal of Dairy Science*, 67: 161-170.
3. Meyer, K. (2007). WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML.
4. Parland, s. MC., J. F. Kearney., M. Rath., and D. P. Berry. 2007. Inbreeding effects on milk production, calving performance, fertility, and conformation in Irish Holstein-Friesians. *J. Dairy Sci.* 90:4411-4419.
5. Rokouei, M., R. Vaez Torshizi., M. Moradi Shahrababak., M. Sargolzaei, and A. C. Sorensens. 2010. Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. *J. Dairy Sci.* 93 :3294-3302.
6. Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. and Colleau, J. J. (2006). CFC: a tool for monitoring genetic diversity, In: *Proceedings of 8th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production* 13-18 Aug., Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, pp.27-28.

7. SAS Institute Inc. (2003). SAS 9.1.3 Help and Documentation, Cary, NC: SAS Institute Inc.
8. Thompson, R. 1996. Design of experiments to estimate genetic parameters within population. In: Evolution and Animal Breeding. W. G. Hill and T. F. C. Mackay. CAB International. 169-174.
9. Tohidi, R., R. Vaez Torshizi, M. Moradi Shahrababak and M. B. Sayyad Nejad. 2002. Inbreeding and its effects on milk and fat yields of Iran Holsteins. Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., CD-ROM Commun. 01-55.

Inbreeding trend and its effect on production trait in Holstein at Ghazvin province

Masume Nazari*, Ebrahim Mirzamohammadi and Amir Rashidi

Department of Animal sciences, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj

*Corresponding author: Masume Nazari. Email: M.Nazari1391@gmail.com

Abstract

The purpose of this paper was to study the influence of inbreeding on production trait in Holstein at Ghazvin province, using data from 18631, 17275 and 15143 records of milk, fat and protein yield related to first lactation. These data were collected by the Centre of Animal Breeding of Iran, during 1991 to 2009 from 71 herds. Inbreeding depression was estimated based on average information restricted maximum likelihood method with Wombat software. Inbreeding trend was computed as the regression of average of inbreeding coefficient of animals on their birth dates. Around 48 percent of all animals were inbred. The average inbreeding coefficient for the entire population and inbred animals were 0.90 and 1.69%. Inbreeding trend was 0.005 ± 0.001 percent/year and not significant. The inbreeding depression per 1% increase in inbreeding were -35.83 ± 0.99 , -0.81 ± 0.01 , -1.08 ± 0.03 kg and 0.005 ± 0.001 for milk, fat and protein yields, respectively.

keywords: fat yield- inbreeding depression - milk yield-protein yield.

در مرغان بومی مازندران-UCP۲ مطالعه ساختار ژنتیکی ژن

سید محمد موذنی^{۱*}، مصطفی صادقی^۲، محمدرضا محمدآبادی^۳، حسین مرادی شهر بابک^۴، علی اسماعیلی زاده کشکوئیه^۳
۱-دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه شهید باهنر کرمان، ۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه تهران، ۳- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه شهید باهنر کرمان

mohamadmoazeni78@yahoo.com*نویسنده مسئول: سید محمد موذنی،

چکیده

تجزیه توالی آمینواسیدهای UCP، در پستانداران، گیاهان و دیگر موجودات، نشان داده است که این ژن از ۵ زیر خانواده معروف UCPs/PUMPs تشکیل شده است. ژن ucp (پروتئین غیر مزدوج)، به عنوان عضوی از خانواده انتقال دهنده های غشای میتوکندریایی می باشد، که در غشای داخلی میتوکندری باعث ایجاد شیب پروتون می شود و در زنجیره تنفسی، باعث تولید ATP می شود. UCP، نقش مهمی در تنظیم دمای بدن و نفوذ پروتون به درون مغز بازی می کند. چند شکلی های خاصی در این ژن وجود دارد که با صفات رشد و چربی در ارتباط است و نشان می دهد که این ژن در جوجه ها به عنوان یک ژن کاندیدا یا به عنوان ژن اصلی در متابولیسم چربی و ماهیچه مطرح است. در این مطالعه از تعداد ۱۹۰ قطعه مرغ بومی مازندران نمونه خون جمع آوری شده و استخراج DNA به روش نمکی انجام گرفت. پس از تکثیر قطعه ۲۲۲ جفت بازی ژن UCP و به دنبال آن هضم محصولات حاصل به روش RFLP، نتایج نشان داد که این جایگاه در نژاد مرغ بومی مازندران دارای چندشکلی قابل توجهی می باشد.

واژه های کلیدی: ساختار ژنتیکی-پروتئین های غیر مزدوج- مرغ بومی مازندران-PCR-RFLP

مقدمه

شناسایی و استفاده از ژنهای کاندیدای بالقوه برای QTL هایی که اثرات معنی دار بر روی صفات مهم اقتصادی در برنامه های اصلاح نژادی حیوانات دارند، از اهمیت بسزایی برخوردار است. رشد و تولید مثل از خصوصیات بسیار مهم و اقتصادی در صنعت طیور است که تحت کنترل ژنهای بسیاری قرار دارند. نقشه یابی QTL برای صفات رشد و تولید مثل در مرغ همانند وزن بدن و سن در اولین تخم گذاری در دهه گذشته بسیار انجام شده است (۳). UCP (پروتئین غیر مزدوج)، نقش مهمی در تنظیم دمای بدن و نفوذ پروتون به درون مغز بازی می کند (۱). چندشکلی های خاصی از این ژن با صفات ماهیچه ای و چربی در ارتباط هستند که نشان می دهند که این ژن در جوجه ها ممکن است به عنوان یک ژن کاندیدا یا به عنوان ژن اصلی با متابولیسم چربی و ماهیچه در ارتباط باشد. سوخت و ساز ماده متابولیکی UCP، باعث تولید ATP و انرژی کمتر و گرما می شود (۲). در بافت ها و سلول ها واکنش راکسیداز میتوکندریایی، باعث کاهش کوانزیم ها و ADP - فسفریلات می شود. مطالعات قبلی بر روی بافت چربی قهوه ای، که نقش ویژه ای بر روی تنظیم تعادل دمایی سلول ها دارد، نشان داده است که تولید گرما بر اثر انجام فعالیت ها و تولید پروتون های خاص انتقال دهنده در داخل غشای بافت چربی قهوه ای میتوکندریایی است که به آن UCP1 گفته می شود (۴). دیگر همولوگ های UCP اخیرا شناسایی شده اند. UCP2، به طور وسیعی در بافت های انسانی بیان شده است، در حالیکه ucp3، در بافت های ماهیچه ای- اسکلتی انسان بیشتر بیان می شود. هدف این مطالعه تعیین چند شکلی ژن های کاندیدای UCP در مرغان بومی مازندران با استفاده از تکنیک PCR-RFLP می باشد.

مواد و روش ها

از تعداد ۱۹۰ قطعه مرغ و خروس های مرغ بومی مازندران به صورت تصادفی خونگیری به عمل آمد. عملیات خونگیری با استفاده از ونوجکت های آغشته به ماده ضد انعقاد خون EDTA به میزان تقریبی یک میلی لیتر و از سیاهرگ زیر بالی پرندۀ صورت گرفت. استخراج DNA با استفاده از روش استخراج نمکی صورت گرفت. آغازگرهای اختصاصی برای این جایگاه ژنی به صورت زیر است:

توالی آغازگر رفت

5'TACCCCAAGCATGCAGAACTCA3'+UCP

توالی آغازگر برگشت

5' GGAACCGCACCTTGACCAC3'-UCP

قطعه ۲۲۲ جفت بازی از ژن UCP با استفاده از تکنیک PCR به شرح زیر در جدول ۱ تکثیر شده است.

جدول ۱: برنامه دمایی برای تکثیر جایگاه ژنی UCP

۱) واسرشت سازی اولیه DNA	۵ دقیقه	۹۴ درجه سانتی گراد
۲) واسرشت سازی DNA	۳۰ ثانیه	۹۴ درجه سانتی گراد
۳) اتصال آغازگر به DNA	۱ دقیقه	۵۵/۵ درجه سانتی گراد
۴) مرحله بسط	۱ دقیقه	۷۲ درجه سانتی گراد
۵) بسط نهایی	۷ دقیقه	۷۲ درجه سانتی گراد

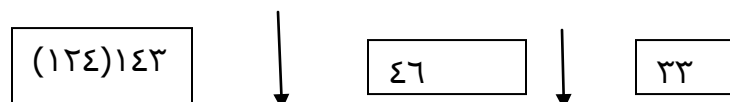
۳۵ چرخه

غلظت مواد مورد استفاده در PCR به شرح زیر بود:

۳ میلی مولار $MgCl_2$ ، ۰/۲ میلی مولار dNTP، ۰/۲۵ میلی مول از هر پرایمر، یک واحد آنزیم برشی و بافر X جهت انجام واکنش هضم ۶ میکرولیتر محصول PCR با ۱/۴ میکرولیتر بافر تانگو و ۱۴/۶ میکرولیتر آب مقطر و ۱ میکرولیتر آنزیم برشی HhaI (۱۰ واحد) مخلوط و به مدت ۱۲ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد در حمام بن ماری می گذاریم. بعد، ۱۰ میکرولیتر از محصول را بر روی ژل آگارز ۳/۵ درصد بارگذاری می کنیم.

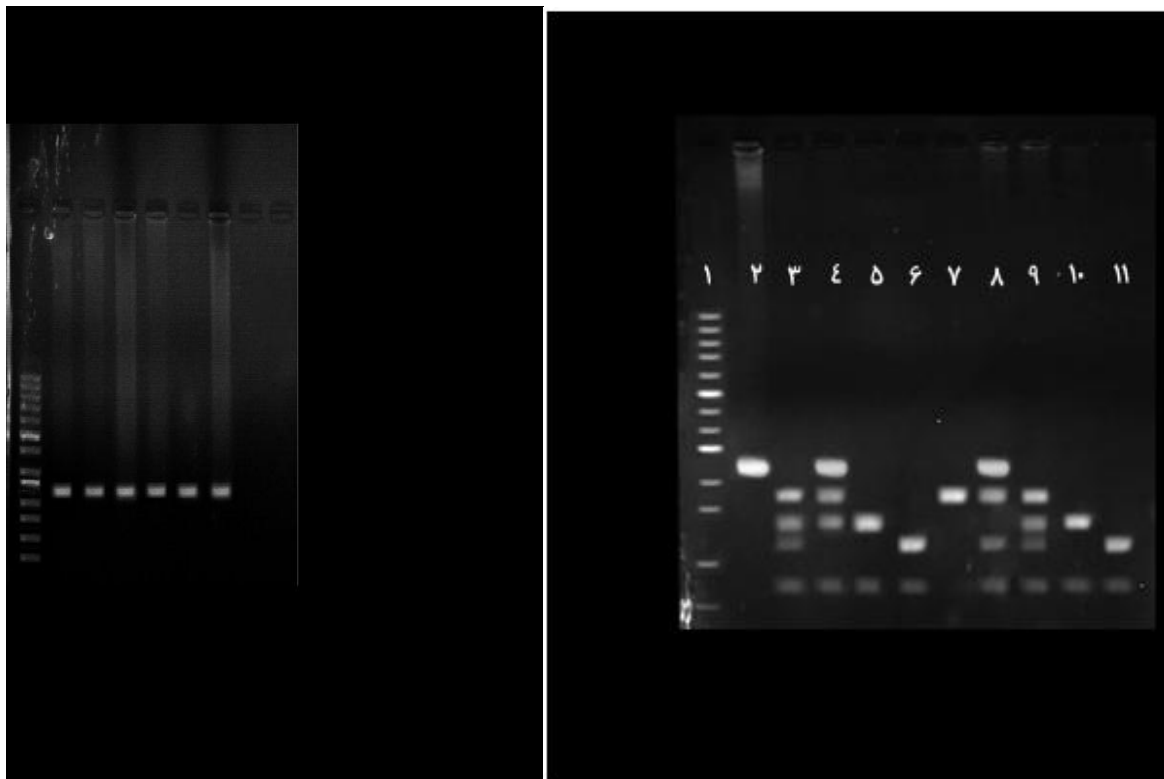
نتایج و بحث

شکل ۱ محصول PCR این جایگاه ژنی را بر روی ژل آگارز ۲ درصد نمایش می دهد. این شکل نشان می دهد که طول جفت باز تکثیر شده ۲۲۲ جفت باز است چون خط پر رنگ بالای آن طول ۲۵۰ جفت باز را نشان می دهد. شکل ۲ نشان می دهد که در این جایگاه ممکن است دو توالی شناسایی برای آنزیم وجود داشته باشد که در این صورت قطعات ۱۴۳ و ۴۶ و ۳۳ جفت باز یا قطعات ۱۲۴ و ۴۶ و ۳۳ جفت باز را تولید می نماید. یک حذف ۱۹ جفت بازی نیز در بعضی حیوانات دیده می شود که همین باعث ایجاد قطعات متفاوت دیگری در ژنوتیپ افراد هموزیگوت و هتروزیگوت می شود.



شکل ۲: قطعات حاصل از هضم با آنزیم *HhaI* (عدد داخل پرائمر طول قطعه با حذف یک قطعه ۱۹ جفت بازی می-باشد)

شکل ۳ محصول هضم را بر روی ژل آگارز ۳/۵ درصد نشان می دهد. در این شکل یک لدر و یک محصول PCR گذاشته شده است تا طول جفت بازهای محصولات هضم مشخص شود. چاهک اول از سمت چپ مارکر ژنتیکی، چاهک دوم محصول PCR، چاهک سوم و هشتم و نهم هتروزیگوت حذف شده، چاهک چهارم هتروزیگوت بدون حذف، چاهک پنجم و دهم و هفتم هموزیگوت بدون حذف، چاهک ششم و یازدهم هموزیگوت حذف شده می باشند.



شکل ۳: الگوهای حاصل از الکتروفورز محصولات هضم

شکل ۱: قطعه تکثیر شده ژن UCP

این مطالعه نشان داد که این جایگاه در نژاد مرغ بومی مازندران دارای چندشکلی قابل توجهی می باشد. از این جایگاه ژنی می توان به عنوان یک ژن کاندیدای مناسب جهت اصلاح نژاد جوجه های گوشتی به منظور بررسی صفات رشد استفاده کرد. با توجه به چند شکلی مشاهده شده در این جایگاه به نظر می رسد ارتباط این چند شکلی ها یا صفات اقتصادی مرغان بومی مازندران باید مطالعه شود تا ارتباط این جایگاه مشخص گردد و در صورت وجود ارتباط معنی داری با صفات اقتصادی در برنامه اصلاح نژادی مورد استفاده قرار گیرد.

منابع

1. Balasubramanian, S., Y. Xia, E. Freinkman, and M. Gerstein. 2005. Sequence variation in G-protein-coupled receptors: Analysis of single nucleotide polymorphisms. *Nucleic Acids Res.* 33:1710–1721.

2. Raimbault, S., S. Dridi, F. Denjean, J. Lachuer, E. Couplan, F. Bouillaud, A. Bordas, C. Duchamp, M. Taouis, and D. Ricquier. 2001. An uncoupling protein homologue putatively involved in facultative muscle thermogenesis in birds. *Biochem. J.* 353:441–444.
3. Talbot, D. A., C. Duchamp, B. Rey, N. Hanuise, J. L. Rouanet, B. Sibille, and M. D. Brand. 2004. Uncoupling protein and ATP/ADP carrier increase mitochondrial proton conductance after cold adaptation of king penguins. *J. Physiol.* 558:123–135.
4. Williams, D. L., R. R. Bowers, T. J. Bartness, J. M. Kaplan, and H. J. Grill. 2003. Brainstem melanocortin 3/4 receptor stimulation increases uncoupling protein gene expression in brown fat. *Endocrinology* 144:4692–4697.

Study of genetic structure of UCP gene in Mazandaran native chickens

S. M. Moazeni^{*1}, M. Sadeghi², M.R. Mohamadabadi³, H. Moradi Shahrabak², A.Esmailizadeh Kashkoei³

1- M.Sc Student , University of Shahid Bahonar Kerman, 2-Faculty of Agriculture, University of Tehran, 3-Faculty of Agriculture, University of Shahid Bahonar Kerman

*Corresponding E-mail address: mohamadmoazeni78@yahoo.com

Abstract:

Amino acid sequence of UCP, in mammals, plants and other organisms have shown that these gene families have 5 follows known UCPs/PUMPs. Gene UCP (Un-Coupling proteins), as a member of a family of membrane transporters in mitochondrial and the mitochondrial inner membrane create the proton gradient in the respiratory chain and produce ATP. UCP plays an important role in regulating body temperature and proton penetration into the brain. Specific polymorphisms associated with muscle and fat traits have shown that this gene may act in chickens as a candidate gene or the major gene associated with the metabolism of fat and muscle. In this study, 190 blood samples collected from Mazandaran native chickens and DNA extracted using salting out method. After the amplify of 222 bp fragment of UCP gene and followed by digestion products with using RFLP, results showed that this polymorphism in Mazandaran native Fowls is high.

Key words: genetic structure- Un-Coupling proteins- Mazandaran native chickens- PCR-RFLP

ارزیابی ژنتیکی مرگومیر در گوساله‌های ماده در گله‌های گاو هلشتاین

مهرنوش فروتن^{۱*}، سعید انصاری مهیاری^۲ و محمد علی ادریس^۳

۱، ۲، ۳ دانشجوی کارشناسی ارشد، استادیار و استاد دانشگاه صنعتی اصفهان

Email: mehrnush.forutan@gmail.com

چکیده

مرگومیر در گله‌های گاو شیری نه تنها با زیان اقتصادی، بلکه مرتبط با آسایش و سلامت حیوانات می‌باشد. بنابراین هدف از این مطالعه برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی صفت مرگومیر گوساله‌های ماده در دوره‌های سنی مختلف تا زمان ۴۵۰ روزگی (سن اولین تلقیح) می‌باشد. اطلاعات مربوط به گوساله‌های ماده متولد شده در سال‌های ۱۳۷۷ تا ۱۳۸۹ از ۵۶ گله گاوشیری هلشتاین مورد استفاده قرار گرفت. پنج دوره سنی شامل ۱ تا ۳۰ روزگی، ۳۱ تا ۶۰ روزگی، ۶۱ تا ۱۸۰ روزگی، ۱۸۱ تا ۳۶۵ روزگی، ۳۶۶ تا ۴۵۰ روزگی و کل دوره (۱ تا ۴۵۰ روزگی) مورد بررسی قرار گرفت. پس از ویرایش اطلاعات بیش از ۶۷۷۰۷ گوساله ماده مورد بررسی قرار گرفت. شجره مورد استفاده شامل ۷۲۵ پدر و ۹۹۳ حیوان بود. به منظور تخمین پارامترهای ژنتیکی از مدل خطی پدری استفاده شد. اثرات منظور شده در مدل شامل اثرات ثابت سال-گله-فصل زایش، شکم زایش، سخت‌زایی و دوقلو زایی، همراه با اثر تصادفی پدر بود. نرخ مرگومیر در ۶ دوره به ترتیب ۲/۲۳، ۰/۸۳، ۲/۶۲، ۱/۹۸، ۰/۷۰ و ۸/۳ درصد بود. اگرچه برآورد وراثت-پذیری مرگ و میر بسیار پایین و در دامنه ۰/۲۱ تا ۰/۹۵ بود، اما واریانس ژنتیکی به اندازه کافی بالا جهت بهبود ژنتیکی صفت مرگومیر گوساله‌های ماده تا زمان اولین تلقیح می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: مرگومیر گوساله- فراسنجه‌های ژنتیکی - وراثت‌پذیری

مقدمه

مطالعات نشان می‌دهد که نرخ مرده‌زایی و مرگومیر در گاوها خصوصاً در نژادهای شیری روبه‌افزایش است (۵). این موضوع نه تنها موجب افزایش نگرانی‌ها در مورد سلامت و آسایش حیوانات شده، بلکه باعث تحمیل خسارت اقتصادی فراوانی به صنعت گاو شیری گردیده است. همچنین مرگومیر گوساله‌ها نه تنها از نقطه نظر اقتصادی بلکه از لحاظ ژنتیکی حائز اهمیت می‌باشد، چرا که افزایش نرخ مرگومیر موجب کاهش شدت انتخاب و در نتیجه کاهش پیشرفت ژنتیکی می‌گردد. در مطالعات صورت گرفته نرخ مرگومیر تا سن ۱۸۰ روزگی در کشور بریتانیا بالغ بر ۶ درصد، در گاو هلشتاین دانمارکی ۶/۶ درصد (در دو جنس) و در گاو جرسی دانمارکی ۱۲/۵ درصد (جنس ماده) گزارش شده است (۳ و ۶). گالیکسن و همکاران در سال ۱۳۸۸ نرخ مرگومیر تا سن یک‌سالگی را در گله‌های گاو شیری نروژ ۳/۷ درصد گزارش کردند (۲). نرخ مرگومیر گوساله‌ها در ایالت متحده حدود ۷/۸ و ۱/۸ درصد به ترتیب در زمان قبل از شیرگیری و در تلیسه‌های از شیر گرفته شده گزارش شده است (۶). در مطالعات صورت گرفته توسط هانسن و همکاران وراثت‌پذیری صفت مرگومیر در دو جنس در دوره سنی ۱ تا ۱۴ روز پس از تولد ۰/۰۰۲۹ و در دوره سنی ۱ تا ۱۸۰ روزگی ۰/۰۰۷۲ گزارش شد (۳). با توجه به اینکه نرخ مرگومیر گوساله‌ها به طور قابل توجهی در بین کشورهای مختلف متفاوت بوده و همچنین مطالعات چندانی در راستای ارزیابی ژنتیکی صفت مرگومیر گوساله ماده تا زمان اولین تلقیح در کشور صورت نگرفته، هدف از این مطالعه ضمن محاسبه و ارزیابی نرخ مرگومیر گوساله‌ها، تخمین واریانس ژنتیکی این صفت و بررسی عوامل موثر بر آن در دوره‌های زمانی مختلف در گله‌های صنعتی گاوشیری استان اصفهان می‌باشد.

مواد و روش‌ها

خصوصیات حیوانات: اطلاعات مربوط به ۹۱۲۷۷ گوساله ماده متولد شده در سالهای ۱۳۷۷ تا ۱۳۸۹ که پس از ۲۴ ساعت بعد از تولد زنده مانده بودند، از شرکت تعاونی کشاورزان و دامپروران صنعتی وحدت اصفهان استخراج شد. در این بررسی تنها گوساله-های با پدر شناخته شده مورد استفاده قرار گرفتند. فقط داده‌های مربوط به حیوانات با اطلاعات تولد کامل مورد استفاده قرار گرفت. رکورد گوساله‌های حاصل از مادران شکم اول کمتر از سن ۲۱ ماه در زمان زایش در آنالیز وارد نشد. حیواناتی که در یک دوره معین کشتار شده بودند و یا به گله دیگری انتقال یافته بودند به‌عنوان گمشده برای آن دوره و دوره‌های بعد در نظر گرفته شدند، در حالی که اطلاعات مربوط به دوره‌های قبلی آنها استفاده شد. پس از آن داده‌ها به گله‌هایی با حداقل ۲۰ رکورد در سال و همچنین پدرانی با حداقل ۲۰ فرزند محدود شد. در نهایت ۶۷۷۰۷ رکورد گوساله ماده مورد استفاده قرار گرفت. آماده‌سازی داده‌ها و آماره‌های توصیفی توسط نرم‌افزار SAS(9.1) صورت پذیرفت.

صفات مورد بررسی: با توجه به اینکه نرخ مرگ‌ومیر گوساله‌ها در دوره‌های سنی مختلف متفاوت است، بنابراین ممکن است توسط ژن‌های مختلفی کنترل شود(۳)، به‌منظور بررسی صفت مرگ‌ومیر دوره‌های سنی زیر مورد بررسی قرار گرفت: دوره سنی ۱ تا ۳۰ روزگی، ۳۱ تا ۶۰ روزگی، ۶۱ تا ۱۸۰ روزگی، ۱۸۱ تا ۳۶۵ روزگی، ۳۶۶ تا ۴۵۰ روزگی و مجموع کل دوره‌ها(۱) تا ۴۵۰ روزگی).

در هر دوره تنها اطلاعات گوساله‌هایی که در شروع هر دوره وجود داشتند استفاده شد. همچنین صفات به‌صورت گسسته (binary) در نظر گرفته شدند، به این معنی که گوساله‌هایی که در دوره مشخص مرده بودند کد یک و در غیر این صورت کد صفر داده شد.

آنالیز آماری: برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی به کمک مدل‌های خطی تک صفتی پدیری با استفاده از روش REML در نرم‌افزار DMU انجام شد(۴). با توجه به اینکه مقدار واریانس مربوط به خطای اندازه‌گیری در مقیاس (صفر و یک) بستگی به فراوانی وقوع دارد. بنابراین جهت کاهش خطای اندازه‌گیری مقادیر وراثت پذیری با استفاده از رابطه زیر تصحیح شد (۳). در این رابطه $h_{underlying}^2$ وراثت پذیری تصحیح شده، $h_{observed}^2$ وراثت پذیری مشاهده شده، p = نسبت زنده‌مانی و i = شدت انتخاب برای نسبت زنده‌مانی است.

$$= h_o^2 \left(\frac{1-p}{i^2 p} \right) h_u^2$$

آزمون معنی‌داری برای اثرات ثابت با استفاده از رویه GLM در نرم‌افزار SAS صورت پذیرفت. اثراتی که برای حداقل یکی از صفات در سطح ۵ درصد معنی‌دار شدند، در مدل ژنتیکی برای تمام صفات در نظر گرفته شد. در نهایت مدل زیر برای هریک از صفات مورد استفاده قرار گرفت:

$$Y_{ijklm} = HYS_i + Parity_j + Ease_k + Twin_l + Sire_m + e_{ijklm}$$

اجزا معادله عبارتند از: Y_{ijklm} : مشاهدات مربوط به صفت مرگ‌ومیر در دوره‌های ۱ تا ۶، HYS_i : اثرات ثابت سال-گله-فصل (گله ۱ تا ۵۶؛ سال ۱۳۷۷ تا ۱۳۸۹؛ فصل ۱ تا ۴)، $Parity_j$: اثر ثابت مربوط به شکم زایش (۵، ۴، ۳، ۲، ۱؛ شکم‌های بالاتر از ۵ نیز معادل ۵ در نظر گرفت شد)، $Ease_k$: اثر ثابت سخت‌زایی (k شامل: آسان‌زا=۱، زایش سخت نیاز به کمی کمک=۲، زایش سخت نیاز به کمک فراوان=۳ و سخت‌زایی و یا سزارین=۴)، $Twin_l$: اثر ثابت دوقلو‌زایی (l شامل: تک‌قلو=۱ و دوقلو=۲)، $Sire_m$: اثر تصادفی ژنتیکی پدر گوساله (۷۲۵، ۷۲۶، ...، m) و e_{ijklm} : خطای باقیمانده.

نتایج و بحث

نرخ مرگومیر در دوره های مختلف در جدول ۱ نشان میدهد در دوره اول تلفات گوساله در گله های مورد مطالعه نسبت به مطالعات والت و همکاران (۱۳۸۹)، که میزان مرگومیر در ۳۰ روز اول پس از تولد را ۳/۲۳ درصد (درجنس ماده) گزارش نمودند، کمتر می باشد (۱). در دوره های بعدی نرخ مرگومیر به ترتیب ۰/۸۳، ۲/۶۲، ۱/۹۸ و ۰/۷۰ بود. ۲۵ درصد از مرگومیر گوساله ها در ۳۰ روزگی در ۴ روز اول پس از تولد مشاهده شد و متوسط سن مرگومیر در کل دوره $126/2 \pm 135/3$ روز بود. همچنین میانه و چارک اول مرگومیر به ترتیب ۹۹ و ۲۳ روز بود (جدول ۱). بنابراین نتایج این تحقیق نشان داد احتمال مرگومیر در مراحل اولیه زندگی بمراتب بالاتر است و می توان ۴ هفته اول پس از تولد را به عنوان یک دوره بحرانی از لحاظ مدیریتی به شمار آورد.

وراثت پذیری صفت مرگومیر در دوره های مختلف از تولد تا زمان اولین تلقیح (در حدود ۴۵۰ روزگی) از حدود ۰/۰۳ تا ۰/۱۷ در مقیاس مشاهده شده و ۰/۲۱ تا ۰/۹۵ در مقیاس تصحیح شده متغیر بود (جدول ۱). مقادیر بدست آمده برای وراثت-پذیری در دوره ۱۸۱ تا ۳۶۵ روز مطابق با گزارش والتی در گاو هلشتاین دانمارکی بود (۱). همچنین سایر برآوردها مشابه با مطالعات پیشین بود، به طوری که در مطالعات هانسن و همکاران مقادیر وراثت پذیری در دوره های ۱ تا ۱۴ روز و ۶۱ تا ۱۸۰ روز به ترتیب ۰/۰۳ و ۰/۰۴ برآورد شده است (۳). با توجه به وجود واریانس ژنتیکی کافی می توان از این صفات در انتخاب و ارزیابی ژنتیکی حیوانات استفاده نمود.

جدول ۱. تعداد مشاهدات، نرخ مرگومیر، میانگین، میانه، چارک اول و وراثت پذیری در دوره های سنی مختلف

دوره های سنی	تعداد	درصد مرگومیر	سن مرگومیر (روز)			وراثت پذیری مشاهده شده	وراثت پذیری تصحیح شده
			میانگین (انحراف معیار)	میانه	چارک اول		
۱-۳۰ روز	۶۷۷۰۷	۲/۲۹	۱۱/۵ (۸/۰)	۱۰	۴	۰/۰۳	۰/۰۲۳
۳۱-۶۰ روز	۶۶۱۴۸	۰/۸۳	۴۴/۰ (۸/۹)	۴۳	۳۶	۰/۰۰۶	۰/۰۹۵
۶۱-۱۸۰ روز	۶۵۳۸۸	۲/۶۲	۱۱۴/۳ (۳۲/۷)	۱۱۱	۸۸	۰/۰۰۳	۰/۰۲۱
۱۸۱-۳۶۵ روز	۶۳۰۰۹	۱/۹۸	۲۶۶/۵ (۵۴/۳)	۲۶۲	۲۱۹	۰/۰۰۹	۰/۰۷۶
۳۶۶-۴۵۰ روز	۶۰۸۶۹	۰/۷۰	۴۰۶/۰ (۳۱/۵)	۴۰۵	۳۸۸	۰/۰۰۵	۰/۰۹۲
کل دوره	۶۵۹۱۸	۸/۳۲	۱۳۵/۳ (۱۲۶/۲)	۹۹	۲۳	۰/۰۱۷	۰/۰۵۵

منابع:

1. Fuerst-Waltl, B., and M. K. Srensen. 2010. Genetic analysis of calf and heifer losses in Danish Holstein. J. Dairy Sci. 93:5436-5442.
2. Gulliksen, S. M., K. I. Lie, T. Lken, and O. Osteras. 2009. Calf mortality in Norwegian dairy herds. J. Dairy Sci. 92:2782-2795.

3. Hansen, M., P. Madsen, J. Jensen, J. Pedersen, and L. G. Christensen. 2003. Genetic parameters of postnatal mortality in Danish Holstein calves. *J. Dairy Sci.* 86:1807–1817.
4. Madsen, P., J. Jensen. 2006. A user's guide to DMU. Version 6, release 4.6. Danish Institute of Agricultural Sciences, Research Centre Foulum, Denmark.
5. McConnel, C. S., J. E. Lombard, B. A. Wagner, and F. B. Garry. 2008. Evaluation of factors associated with increased dairy cow mortality on United States dairy operations. *J. Dairy Sci.* 91:1423–1432.
6. NAHMS. 2007. Page 91 in USDA APHIS: VS, Fort Collins, CO.

Genetic evaluation for mortality in female calves in Holstein dairy cows

Mehrnush Forutan^{1*}, Saied Ansari Mahyari², Mohammad Ali Edriss³

1, 2, 3, M.A. student, assisted professor and professor, Isfahan University of Technology

E-mail: mehrnush.forutan@gmail.com

Abstract

Mortality of calves is not only costly for dairy cattle farmers, but it is also a problem related to animal health and welfare. Thus, the aim of this study was to estimate genetic parameters of mortality in female calves in different age groups until an age of 450 d (nearly first service). Records of female calves born in the years 1998 to 2010 from 56 Holstein dairy herds were used. Five age periods of mortality: d 1 to 30, d31 to 60, d 61 to 180, d181 to 365, d 366 to 450, and the full period d 1 to 450 were considered. After data editing, more than 67707 female calves were investigated. The pedigree consisted of 725 sires and 993 animals, and for the estimation of genetic parameters, linear sire model was applied. Effects accounted for were fixed effects of herd-year- season, number of dam's parity, calving ease, and twin as well as the random effect sire. Mortality rates were 2.23, 0.83, 2.62, 1.98, 0.70, and 8.3% for the six mentioned periods, respectively. Although heritabilities were low, and ranging from 0.003 to 0.017, but genetic and phenotypic variation seemed to be sufficiently high to genetically improve the mortality trait in female calves until first service.

Key words: calf mortality -genetic parameter -heritability

مطالعه ساختار ژنتیکی ژن رسپتور ملانوکورتین ۳ در مرغان بومی مازندران
سید محمد موذنی^۱، مصطفی صادقی^۲، محمدرضا محمدآبادی^۳، حسین مرادی شهر بابک^۴، علی اسماعیلی زاده کشکوئی^۳
۱-دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه شهید باهنر کرمان، ۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه تهران، ۳- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه شهید باهنر کرمان

*نویسنده مسئول: سید محمد موذنی، mohamadmoazeni78@yahoo.com

چکیده

ژن رسپتور ملانوکورتین ۳ نقش مهمی را در تنظیم هموستازی انرژی بر عهده دارد. گیرنده‌های وابسته به ملانوکورتین به عنوان ممانعت کننده‌هایی عمل می‌کنند که سندرم چاقی را از بین می‌برند. MC3R، در جفت، روده و در سلول های ایمنی بیان می‌شوند. در این مطالعه از تعداد ۱۹۰ قطعه مرغ بومی مازندران نمونه خون جمع آوری شده و استخراج DNA به روش نمکی انجام گرفت. تنوع این ژن بوسیله واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR) جهت تکثیر قطعه ۲۳۱ جفت بازی مورد مطالعه قرار گرفت سپس محصولات PCR به روش RFLP با آنزیم برشی MSPI مورد هضم قرار گرفتند. نتیجه هضم ۳ الگوی بانندی بود که فراوانی ژنوتیپ GG ۰/۹۲ بود. فراوانی ژنوتیپ‌های AG و AA به ترتیب ۰/۰۵ و ۰/۰۳ بود. این مطالعه نشان داد که این جایگاه در نژاد مرغ بومی مازندران دارای چندشکلی قابل توجهی می باشد.

واژه‌های کلیدی: ساختار ژنتیکی - گیرنده ملانوکورتین ۳ - مرغ بومی مازندران - PCR-RFLP

مقدمه

بعد از توالی یابی ژنوم مرغ، از دیگر کاربردهای مهم این حیوان می توان به استفاده از آن به عنوان یک مدل برای بیماریهای انسانی نام برد. چون ژنوم فشرده ای دارد و DNA آن از لحاظ تعداد باز یک سوم DNA انسان می باشد. در حالیکه تقریباً همان تعداد ژن را در خود جای داده است. ناحیه مرکزی ملانوکورتین یک قسمت تنظیم کننده مهم رفتار غذایی و هموستازی انرژی در مرغ است و شامل POMC^{۲۶}، AGRP^{۲۷}، NPY^{۲۸}، MCRs^{۲۹} است. این سیستم شامل واحدهای سنتتیک سلول عصبی با دو جمعیت مشخص از نورونهای قوسی از هسته هیپوتالاموس است که روی هم رفته، اعمال آگوستیک و انتاگوستیک هیپوتالاموس را نشان میدهد و بر روی غذای مصرفی و تنظیم وزن بدن دخالت دارند (۴). ملانوکورتین تعداد زیادی گیرنده دارد. همه گیرنده-های ملانوکورتین وابسته به پروتئین G هستند که با گیرنده های یک خانواده بزرگ به هم پیوسته هستند.

نورون های عصبی هیپوتالاموس وابسته به ملانوکورتین برای هموستازی انرژی ضروری هستند که آنها اجتماعی از نورون های عصبی هستند که با سیگنال های هورمونی-عصبی وضعیت انرژی و رفتار مواد غذایی (گوارش) و مصرف انرژی را کنترل می‌کنند (۱). MC3R نقش مهمی را در تنظیم هموستازی انرژی بر عهده دارد، با این حال، عملکرد آن هنوز به طور کامل مشخص نیست (۲). mRNA ژن MC3R بیان شده در هیپوتالاموس، در تنظیم اشتها و اعمال خودمختار و تنظیم هورمون های نورواندوکرینی موثر بر فعالیت متابولیکی محیطی نقش دارد. ژن MC3R ممکن است در تنظیم مصرف غذا و مصرف انرژی درگیر باشد (۳). یک اثر دیگر ژن MC3R ممکن است این باشد که مصرف ماده غذایی را به وسیله اثر مهاري ژن MC3R بر

²⁶ Proopiomelanocortin

²⁷ Agouti – Related Peptid

²⁸ Neuropeptid Y

²⁹ Melanocortin Receptors

روی نوروں های POMC ، تنظیم کند. هدف این مطالعه تعیین چند شکلی ژن های کاندیدای رسپتور ملانوکورتین ۳ در مرغان بومی مازندران با استفاده از تکنیک PCR-RFLP می باشد.

مواد و روش ها

از تعداد ۱۹۰ قطعه مرغ و خروس های بومی مازندران به صورت تصادفی خونگیری به عمل آمد. عملیات خونگیری با استفاده از ونوجکت های آغشته به ماده ضد انعقاد خون EDTA به میزان تقریبی یک میلی لیتر و از سیاهرگ زیر بالی پرنده صورت گرفت. استخراج DNA با استفاده از روش استخراج نمکی صورت گرفت. آغازگرهای اختصاصی برای این جایگاه ژنی به صورت زیر است:

توالی آغازگر رفت

5'CATGATTGCAATCCTGAGCACC3' +MC3R

توالی آغازگر برگشت

5'GATGCAGGAGATCCGGATGAG3' -MC3R

قطعه ۲۳۱ جفت بازی از ژن رسپتور ملانوکورتین ۳ با استفاده از تکنیک PCR و با شرایط ارائه شده در جدول یک تکثیر شد.

MC3R جدول ۱: برنامه دمایی برای تکثیر جایگاه ژنی

۹۴ درجه سانتی گراد	۵ دقیقه	DNA (۱) واسرشت سازی اولیه	} ۳۵ چرخه
۹۴ درجه سانتی گراد	۳۰ ثانیه	DNA (۲) واسرشت سازی	
۵۷ درجه سانتی گراد	۱ دقیقه	DNA (۳) اتصال آغازگر به	
۷۲ درجه سانتی گراد	۱ دقیقه	(۴) مرحله بسط	
۷۲ درجه سانتی گراد	۷ دقیقه	(۵) بسط نهایی	

غلظت مواد مورد استفاده در PCR به شرح زیر بود:

۳ میلی مولار $MgCl_2$ ، ۰/۲ میلی مولار dNTP، ۰/۲۵ میلی مول از هر پرایمر، یک واحد آنزیم برشی و بافر X ۱ جهت انجام واکنش هضم ۶ میکرولیتر محصول PCR با ۱/۴ میکرولیتر بافر تانگو و ۱۴/۶ میکرولیتر آب مقطر و ۱ میکرولیتر آنزیم برشی MSPI (۱۰ واحد) مخلوط و به مدت ۱۲ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد در حمام بن ماری قرار گرفت. بعد، ۱۰ میکرولیتر از محصول بر روی ژل آگارز ۳/۵ درصد بارگذاری شد.

فراوانی های ژنوتیپی: با توجه به دسترس بودن تعداد هر یک از ژنوتیپ ها و اندازه کل جمعیت، فراوانی های ژنوتیپی و ژنی با شمارش مستقیم بدست آمدند. فراوانی های آلی نیز با استفاده از فرمول زیر بدست آمدند:

$$f(X) = \left(\frac{2NBB + NBb}{2NT} \right)$$

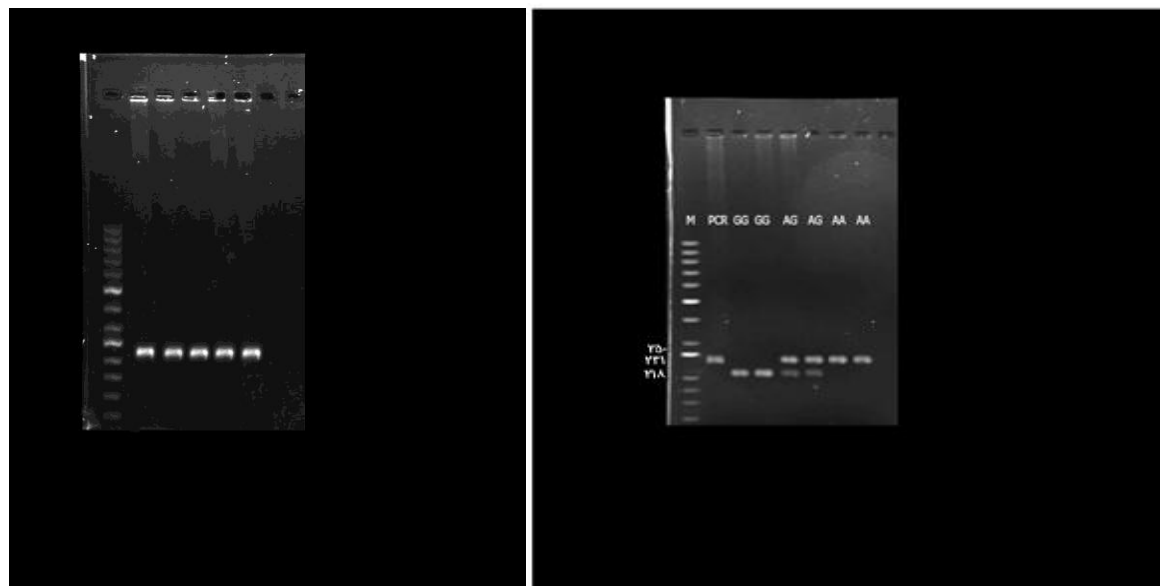
$f(X)$: فراوانی آلی، NBB: تعداد افراد با ژنوتیپ هموزیگوت، NBb: تعداد افراد با ژنوتیپ هتروزیگوت، NT: تعداد کل

افراد ژنوتیپ شده

نتایج و بحث

شکل ۱ قطعه ۲۳۱ جفت بازی تکثیر شده را روی ژل ۲ درصد نشان می‌دهد. نتیجه هضم نمونه‌های مختلف روی ژل ۳/۵ درصد آگارز در شکل ۲ نشان داده شده است.

در صورتی که توالی شناسایی آنزیم MSPI وجود داشته باشد، هضم قطعه ۲۳۱ جفت بازی تولید قطعات ۲۱۸ و ۱۳ جفت بازی می‌نماید که قطعه ۱۳ جفت بازی از ژل خارج می‌شود و قابل ردیابی نیست. بنابراین ژنوتیپ هموزیگوت GG قطعات ۲۱۸ و ۱۳ جفت باز، ژنوتیپ AG قطعات ۲۳۱، ۲۱۸، ۱۳ و ژنوتیپ AA قطعه ۲۳۱ تولید می‌کنند. در این شکل، چاهک اول از سمت چپ، خط کش ژنتیکی ۵۰ جفت بازی، چاهک دوم محصول PCR و بقیه چاهک‌ها ژنوتیپ‌ها را نشان می‌دهد.



شکل ۱: قطعه تکثیر شده ژن MC3R شکل ۲: الگوهای حاصل از الکتروفورز محصولات هضم

شکل ۱: قطعه تکثیر شده ژن MC3R
فراوانی‌های ژنوتیپی: مقدار فراوانی‌های ژنوتیپی در جدول ۲ نشان داده شده است. فراوانی ژنی برای آلل G ۰/۹۵ و برای آلل A ۰/۰۵ می‌باشد.

جدول ۲: تعداد و فراوانی الگوهای ژنوتیپی جایگاه ژنی MC3R در مرغ بومی مازندران

نام الگو	GG	AG	AA	کل
تعداد	۱۷۵	۱۰	۵	۱۹۰
فراوانی	۰/۹۲	۰/۰۵	۰/۰۳	۱

این مطالعه نشان داد که این جایگاه در نژاد مرغ بومی مازندران دارای چندشکلی قابل توجهی می‌باشد. از این جایگاه ژنی می‌توان به عنوان یک ژن کاندیدای مناسب جهت اصلاح نژاد جوجه‌های گوشتی استفاده کرد. با توجه به چند شکلی مشاهده شده در این جایگاه به نظر می‌رسد ارتباط این چند شکلی‌ها با صفات اقتصادی مرغان بومی مازندران باید مطالعه شود تا ارتباط این جایگاه مشخص گردد و در صورت ارتباط معنی‌داری با صفات اقتصادی در برنامه اصلاح نژادی مورد استفاده قرار گیرد.

منابع

1. Bailes, S. M., J. J. Devers, J. D. Kirby, and D. D. Rhoads. 2007. An inexpensive, simple protocol for DNA isolation from blood for high-throughput genotyping by polymerase chain reaction or restriction endonuclease digestion. *Poult. Sci.* 86:102–106.
2. Krude, H., H. Biebermann, and A. Gruters. 2003. Mutations in the human proopiomelanocortin gene. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 994:233–239.
3. Lu, D. S., D. I. Vage, and R. D. Cone. 1998. A ligand-mimetic model for constitutive activation of the melanocortin-1 receptor. *Mol. Endocrinol.* 12:592–604.
4. Yang, Y. K., and C. M. Harmon. 2003. Recent developments in our understanding of melanocortin system in the regulation of food intake. *Obes. Rev.* 4:239–248.

The Study of genetic structure of the gene Melanocortin 3 receptor in Mazandaran native chickens

S. M. Moazeni^{*1}, M. Sadeghi², M.R. Mohamadabadi³, H. Moradi Shahrabak², A.Esmailizadeh Kashkoeiyeh³

1- M.Sc Student , University of Shahid Bahonar Kerman, 2-Faculty of Agriculture, University of Tehran, 3-Faculty of Agriculture, University of Shahid Bahonar Kerman

*Corresponding E-mail address: mohamadmoazeni78@yahoo.com

Abstract:

Melanocortin 3 receptor gene has an important role in regulating energy and homeostasis. Inhibitory receptors that are dependent to Melanocortin and cause obesity syndromes are excluded. MC3R express in the placenta, intestine and in immune cells. In this study 190 blood samples collected from Mazandaran native chicken pieces and DNA extracted using salting out method. Polymerase chain reaction (PCR) used to amplify a 231 bp fragment. PCR products were analyzed by RFLP using MSP1 Enzyme. Banding patterns were three genotypes. Genotype frequencies were 0.92, 0.05 and 0.03 for GG, AG and AA genotypes respectively. This study showed that polymorphism in Mazandaran native Fowls is high. Key words: genetic structure- Melanocortin 3 receptor- Mazandaran native chickens- PCR-RFLP

بررسی صفات کمی و کیفی لاشه در بره‌های نر نژادهای قزل و مهربان کشتار شده در وزن‌های متفاوت
سمیرا اورنگی^{۱*}، نرجس گرگانی فیروزجاه^۱، هادی آتشی^۲، جمشید ایزدی فرد^۳
دانشجویان کارشناسی ارشد^۱، استادیار^۲ و مربی^۳ بخش علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه شیراز
آدرس مکاتبه کننده:

سمیرا اورنگی، بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شیراز، کدپستی: ۷۱۴۴۱-۶۵۱۸۶، شیراز، ایران.

تلفن و فکس: ۰۷۱۱۲۲۸۶۰۷۳، پست الکترونیک: samira.orangi@yahoo.com

مقدمه

زمان مناسب پروار بندی و وزن مناسب کشتار بره‌های پروار شده، اهمیت اقتصادی فراوانی دارد. عوامل تعیین کننده‌ی زمان مناسب پروار شامل قیمت گوشت، میزان تقاضا برای گوشت و قیمت و میزان عرضه‌ی نهاده‌های مورد نیاز به ویژه خوراک در زمان‌های مختلف هستند امروزه، تولید لاشه‌های سنگین با نسبت چربی کمتر یکی از مهمترین چالش‌های پیش‌رو در پرورش گوسفند در ایران است. میزان چربی‌های غیر لاشه‌ای، نسبت چربی لاشه و سایر صفات کیفی و کمی لاشه از عواملی نظیر نژاد، جنس، وزن کشتار، سن کشتار، میزان و ترکیبات جیره متاثر می‌شود (۱، ۴، ۵، ۶). بنابراین، فزون بر استفاده از نژادهای مناسب و جیره‌های با ترکیبات مناسب، می‌توان با بررسی اثر سنین متفاوت شروع دوره‌ی پروار، دوره‌های متفاوت پروار بندی و وزن‌های مختلف کشتار بر صفات کیفی و کمی لاشه، وزن مناسب کشتار برای هر روش پروار در هر نژاد را تعیین کرد (۱، ۵). نژادهای قزل و مهربان از نژادهای عمده‌ی گوسفند در ایران هستند و سازگاری بالایی با شرایط نامساعد محیطی دارند. این دو نژاد دارای سرعت رشد مناسب هستند و مانند دیگر نژادهای گوسفند ایرانی، هدف اصلی از پرورش آنها، تولید گوشت است. در یک مطالعه در راستای تعیین وزن مناسب کشتار در این دو نژاد، وزن مناسب کشتار از نظر صفات کیفی لاشه نظیر ضخامت چربی پشت، میزان چربی‌های لاشه‌ای و غیر لاشه‌ای و همچنین بازده لاشه، بررسی شد. نتایج مطالعه‌ی مذکور نشان داد که وزن مناسب کشتار بره‌هایی که پس از شیرگیری و در فصل تابستان پروار شدند، در نژاد مهربان ۵۰ کیلوگرم و در نژاد قزل بیش از ۵۰ کیلوگرم است (۲). هدف این مطالعه بررسی اثر وزن‌های متفاوت کشتار بر صفات لاشه در بره‌های نر پروار شده در اواخر فصل پاییز و اوایل فصل زمستان، با سن پروار ده ماهگی در نژادهای قزل و مهربان، بود.

مواد و روش‌ها

طرح آزمایش و حیوانات

مطالعه‌ی حاضر با استفاده از ۳۰ بره‌ی نر نژاد قزل و ۳۱ بره‌ی نر نژاد مهربان، در ایستگاه پژوهشی دانشکده کشاورزی دانشگاه شیراز انجام شد. بره‌ها در سن ۳ ماهگی از شیر گرفته شده‌اند. سپس تا سن ده ماهگی با استفاده از علوفه‌ها و پس‌چر مزارع دانشکده کشاورزی تغذیه شدند. سن بره‌ها در هنگام آزمایش ده ماه بود و میانگین وزن آنها، در نژاد قزل ۴۶/۱۵ و در نژاد مهربان ۳۹/۵۱ کیلوگرم بود. پس از یک دوره‌ی ۱۵ روزه‌ی عادت‌دهی و انجام برنامه‌های دامپزشکی (تزریق واکسن آنترتوکسمی و خوراندن داروهای ضد انگل)، بره‌ها با جیره‌ای معادل ۴ درصد وزن بدن و مرکب از یونجه (۵۰ درصد)، دانه‌ی جو (۲۷/۵ درصد)، تفاله‌ی خشک چغندر قند (۱۹ درصد)، کنجاله‌ی پنبه‌دانه (۲/۵ درصد)، پودر استخوان (۰/۵ درصد) و نمک (۰/۵ درصد)

پرورار شدند. بره‌ها به صورت هفتگی در روز و ساعت مشخص و پس از ۱۲ ساعت گرسنگی توزین می‌شدند و چنانچه به وزن کشتار رسیده بودند، کشتار می‌شدند.

وزن کشتار در تیمارهای سبک، متوسط و سنگین در نژاد قزل به ترتیب ۵۰، ۶۰ و ۷۰ و در نژاد مهربان به ترتیب ۴۵، ۵۵ و ۶۵ کیلوگرم بود. آزمایش در اواخر فصل پاییز شروع شد و تا اواخر زمستان ادامه داشت. بره‌ها در هنگامی که به وزن کشتار از پیش تعیین شده می‌رسیدند، کشتار می‌شدند. سپس، پوست، دست و پاها از لاشه‌ها جدا و اندام‌های درونی هر کدام از لاشه‌ها تخلیه شدند. اجزای بدن از قبیل سر، دست و پاها، پوست، کلیه‌ها، جگر، قلب، شش، طحال، چربی کلیوی، چربی اطراف قلب، چربی مزنتریک، و همچنین وزن لاشه‌ی گرم اندازه‌گیری و ثبت شدند. بخش‌های چهارگانه معده در زیر آب سرد شستشو و سپس توزین و ثبت شدند. در گامی بعد، لاشه‌ها به مدت ۲۴ ساعت در یخچال با دمای چهار درجه‌ی سانتی‌گراد قرار داده شدند. وزن لاشه سرد اندازه‌گیری و ثبت شد. طول، عرض ماهیچه‌ی راسته و ضخامت چربی زیر جلدی در بین دنده‌ی دوازدهم و سیزدهم با کولیس اندازه‌گیری و ثبت شد. محیط سطح مقطع ماهیچه‌ی راسته روی کاغذ روغنی با ماژیک نازک مشخص و با پلانیمتر اندازه‌گیری شد. سپس، لاشه‌ها در امتداد ستون فقرات به دو بخش راست و چپ برش داده شدند و بخش سمت راست هر لاشه به برش‌های متداول شامل ران، دست، پیش‌سینه و قلوگاه، راسته و دنبه برش داده شده و وزن هر یک از برش‌ها اندازه‌گیری شد (۳). صفات مورد مطالعه، در رویه‌ی GLM از نرم‌افزار SAS تجزیه شدند. وزن اولیه به عنوان عامل کواریت به مدل اضافه شد. تفاوت معنی‌دار بین میانگین‌ها، با روش میانگین حداقل مربعات و در سطح معنی‌داری پنج درصد بررسی شد.

نتایج و بحث

وزن اولیه تفاوت معنی‌داری در بین تیمارها نداشت و اثر بر صفات بررسی شده اثر نداشت ($P \geq 0.05$). تعداد روزهای پرورار بین ۲۶/۱۸ (۶/۹) در تیمار سبک نژاد قزل تا ۸۴ (۸/۷) روز در تیمار سنگین نژاد مهربان متفاوت بود ($P < 0.05$). میانگین افزایش وزن روزانه در نژاد قزل (۷۰) ۲۸۵ و در نژاد مهربان (۵۲) ۲۳۳ گرم برآورد شد. نتیجه‌ی مشابه‌ای توسط ضمیری و ایزدی‌فرد (۱۰) گزارش شده است. اثر تیمار بر میانگین افزایش وزن روزانه در هیچ کدام از نژادها معنی‌دار نبود ($P \geq 0.05$). کمترین افزایش وزن روزانه در تیمار سبک نژاد مهربان مشاهده شد. در یک مطالعه نشان داده شد، افزایش وزن روزانه‌ی بره‌های پروراری مهربان که از سن ۹ ماهگی به مدت ۸۴ روز پرورار شده بودند، کمتر از بره‌های قزل و آمیخته‌های قزل و مهربان بود (۱۰). وزن لاشه‌ی گرم و وزن لاشه‌ی سرد در هر دو نژاد با افزایش وزن کشتار، افزایش نشان دادند ($P < 0.05$). از آنجا که تیمارهای وزن کشتار در این دو نژاد با هم تفاوت داشت، وزن لاشه‌ی گرم و وزن لاشه‌ی سرد در نژاد قزل در مقایسه با مهربان در هر کدام از تیمارها بیشتر بود ($P < 0.05$). بازده لاشه در دو نژاد و در تیمار وزن کشتار سبک، کمترین بود. این صفت در وزن‌های کشتار متوسط و سنگین در هیچ کدام از نژادها تفاوت معنی‌دار نداشت ($P \geq 0.05$). نتایج این مطالعه نشان داد که با افزایش وزن کشتار، بازدهی لاشه بالا می‌رود و از ۵۰ درصد تجاوز می‌کند. در یک مطالعه‌ی دیگر نشان داده شد که در سن ۱۷ تا ۱۸ ماهگی، بازدهی لاشه در بره‌های قزل بیشتر از بره‌های مهربان است (۹). اثر تیمار وزن کشتار بر صفات غیرلاشه‌ای معنی‌دار ($P < 0.05$) بود و همان گونه که پیش‌بینی می‌شد، اجزای غیرلاشه‌ای در هر دو نژاد با افزایش وزن کشتار، افزایش معنی‌دار ($P < 0.05$) نشان دادند. بیشتر اجزای غیرلاشه‌ای، در بره‌های نژاد قزل در مقایسه با مهربان در تیمار کشتار مشابه، سنگین‌تر بود که به نظر می‌رسد به علت سنگین‌تر بودن بره‌های کشتار شده نژاد قزل در هر تیمار باشد. همان گونه که انتظار می‌رفت، چربی‌های غیرلاشه‌ای در تیمار وزن کشتار سبک در هر دو نژاد کمترین بود. همچنین، میزان چربی‌های غیرلاشه‌ای در دو نژاد در تیمارهای کشتار یکسان تفاوت معنی‌دار نداشت. بر اساس

بدست آمده از نظر میزان چربی‌های غیرلاشه‌ای، کشتار بره‌های قزل در وزن ۶۰ یا ۷۰ و کشتار بره‌های مهربان در وزن کشتار ۵۵ یا ۶۵ کیلوگرم، تفاوت معنی‌دار ندارد.

ضخامت چربی پشت، طول و عرض ماهیچه‌ی راسته در دو نژاد در تیمارهای وزن کشتار یکسان تفاوت معنی‌دار نداشت. با افزایش وزن کشتار در هر دو نژاد، ضخامت چربی پشت افزایش یافت. سطح ماهیچه‌ی راسته در نژاد قزل در تمام تیمارها بیشتر از نژاد مهربان بود. نژاد قزل در مقایسه با مهربان سنگین‌تر است و به همین دلیل سطح ماهیچه‌ی راسته آنها نیز بیشتر است. صفت سطح ماهیچه‌ی در هیچ کدام از نژادها تحت تاثیر وزن کشتار قرار نگرفت. گزارش شده است که میزان قابل قبول ضخامت چربی پشت در لاشه‌ی گوسفند بین ۲/۵ تا ۶/۵ میلی‌متر، می‌باشد (۸). میانگین ضخامت چربی پشت در بره‌های نژاد قزل کشتار شده در وزن ۵۰ و ۶۰ کیلوگرم به ترتیب (۰/۹) ۳/۸۲ و (۰/۹) ۸/۶۰ میلی‌متر بود. میانگین ضخامت چربی پشت در بره‌های نژاد مهربان کشتار شده در وزن ۴۵ و ۵۵ کیلوگرم به ترتیب (۰/۹) ۳/۱ و (۰/۸) ۹/۹۰ میلی‌متر بود. وزن برش ران و دست در تیمارهای وزن کشتار مشابه بین دو نژاد تفاوت معنی‌دار داشت. همچنین این دو صفت همواره با افزایش وزن کشتار، افزایش نشان دادند. وزن دنبه با افزایش وزن کشتار، افزایش یافت، اما در دو نژاد در تیمارهای کشتار یکسان، تفاوت نداشت.

میزان چربی ران، دست و پیش سینه در تیمارهای یکسان دو نژاد تفاوتی معنی‌دار نشان نداد. همان گونه که در بخش‌های پیشین گفته شد، وزن کشتار بره‌های قزل همواره ۵ کیلوگرم بیشتر از مهربان بود، اما بین وزن دنبه در این دو نژاد تفاوتی مشاهده نشد که نشان می‌دهد بالا بودن وزن کشتار به میزان پنج کیلوگرم در بره‌های قزل منطقی است. در نژاد مهربان افزایش وزن برش ران، دست و گردن، با افزایش وزن کشتار از وزن متوسط به سنگین، بیشتر به دلیل افزایش در وزن استخوان و چربی اندام‌ها بوده است و در این حالات افزایش معنی‌داری در میزان گوشت رخ نداده است. در نژاد قزل با افزایش وزن کشتار، میزان گوشت در هر کدام از برش‌های لاشه، افزایش نشان داد. میزان چربی لاشه‌ای در هر دو نژاد با افزایش وزن کشتار، افزایش یافته اما نژاد تاثیر معنی‌دار بر میزان کل چربی لاشه نداشته است. میزان استخوان نیز با افزایش وزن کشتار در هر دو نژاد، افزایش نشان داده است. نژاد مهربان در تیمارهای مشابه، میزان استخوان کمتر داشت. میزان گوشت لحم در دو تیمار متوسط و سنگین در نژاد مهربان تفاوت معنی‌داری نداشت اما در نژاد قزل با افزایش وزن کشتار، میزان گوشت نیز افزایش یافت. نتایج این مطالعه نشان می‌دهد که کشتار بره‌های نژاد قزل در تیمار سنگین مناسب‌تر است، اگرچه میانگین ضخامت چربی پشت در آنها بالاتر از میزان پیشنهادی توسط اسنودر (۸) بود.

منابع:

- 1-Abdullah, A.Y., Qudsieh, R. I. (2008). Carcass characteristics of Awassi ram lambs slaughtered at different weights. *Livestock Science*, 117, 165-175.
- 2-Izadifard, J. & Atashi H. (2012). Determination of the optimal slaughter weight based on carcass characteristics for Ghezel and Mehraban ram lambs. *Iranian Journal of Animal Science*, 42, 23 9-245.
- 3-Izadifard, J. & Dadpasand, M. (2007). Feedlot performance and carcass compositions of Ghezel and Mehraban lambs and their reciprocal crosses. *Iranian Journal Animal of Science*, 40, 59-66.

- 4-Kashan, N. E. J., ManafiAzar, G. H., Afzalzadeh, A. & Salehi, A. (2005). Growth performance and carcass quality of fattening lambs from fat-tailed and tailed sheep breeds. *Small Ruminant Research*, 60, 267-271.
- 5-Perez, P., Maino, M., Tomic, G., Mardones, E. & Pokniak, J. (2002). Carcass characteristics and meat quality of SuffolkDown suckling lambs. *Small Ruminant Research*, 44, 233-240.
- 6-Safdarian, M., Zamiri, M. J., Hashemi, M. & Noorolahi, H. (2008). Relationships of fat-tail dimensions with fat-tail weight and carcass characteristics at different slaughter weights of Torki-Ghashghaii sheep. *Meat Science*, 80, 686-689.
- 7-SAS Institute. (1998). Users Guide: Statistics. SAS Inst, INC., Cary, NC.
- 8-Snowder, G. D., Glimp, H. A. & Field, R. A. (1994). Carcass characteristics and optimal slaughter weights in four breeds of sheep. *Journal of Animal Science*, 72, 932-937.
- 9-Zamiri, M. J. & Izadifard, J. (1997). Relationships of fat-tail weight with fat-tail dimensions and carcass characteristics in two fat-tail breeds of sheep. *Small Ruminant Res*, 26, 261-266.
- 10-Zamiri, M. J. & Izadifard, J. (2007). Effect of supplementary feeding on growth and carcass characteristics of fat-tailed lambs grazing cereal stubble. *Iranian Journal of Veterinary Research*, 8, 123-130.

استخراج DNA از خون اسب با استفاده از پروتکل استخراج DNA گیاهی دلاپورتای تغییر یافته

اکرم سیاوشی^{۱*}، ایه سادات صدر^۱، محمد عباس زاده^۱، مرتضی اصغری مقدم^۱، نغمه اشوری^۲، و طاهره رحمتی^۳
۱ - کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام-مستول از مایشگاه دانشگاه رامین-کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی-کارشناسی
ارشد فیزیولوژی دام -۲- دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح و ژنتیک دانشگاه ازاد مهرشهر -۳- کارشناسی ارشد تغذیه دام
دانشگاه لرستان

*نویسنده مسئول: اکرم سیاوشی Email: syavoshee.s@gmail.com

چکیده

موفقیت در اجرای تکنیک‌های مهندسی ژنتیک و بیوتکنولوژی منوط بر داشتن منبع دی ان ای با غلظت مطلوب و عاری از هر گونه ناخالصی است. تاکنون دستورالعمل‌های متفاوتی برای استخراج دی ان ای از خون توسط متخصصان ارائه گردیده است. که مهمترین آنها استخراج نمکی، فنل-کلروفرم و استفاده از کیت‌های تجاری می‌باشد. این تحقیق در صدد است که از پروتکل دلاپورتای تغییر یافته که برای استخراج دی ان ای بافت‌های گیاهی به کار می‌رود، برای استخراج دی ان ای از خون اسب استفاده کند. کمیت و کیفیت دی ان ای به دست آمده از این روش با استفاده از روش اسپکتروفتومتر و الکتروفورز بر روی ژل آگارز و همچنین با استفاده از انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) مورد بررسی قرار گرفت. دی ان ای به دست آمده دارای غلظت مناسب جهت واکنش زنجیره‌ای پلیمرز بود و عاری از هر گونه آلودگی پروتئینی بود. در این روش نیازی به استفاده از پروتئیناز K در حین عمل استخراج وجود نداشت.

کلمات کلیدی: استخراج دی ان ای، پروتکل دلاپورتای تغییر یافته، کمیت و کیفیت دی ان ای، خلوص دی ان ای

مقدمه:

امروزه برای شناسایی جهش‌های موجود در سطح ژنوم دام‌ها می‌توان از تکنیک‌های مختلفی همچون روش‌های مبتنی بر PCR از جمله Microsatellite، SSCP، AFLP، RFLP، DGGE و ARMS استفاده نمود. این تکنیک‌ها عمدتاً برای نقشه‌یابی ژنها، تشخیص ژنوتیپ‌های مختلف یک ژن مطلوب و همچنین مطالعات جمعیتی و آزمون انساب استفاده می‌شوند (۵) مزیت انکارناپذیر این تکنیک‌ها، تجربه و تحلیل سریع اطلاعات ژنوم در یک جمعیت با استفاده از مقادیر بسیار ناچیزی از DNA می‌باشد (۳). استفاده از کیت‌های استخراج دی ان ای سبب سرعت بخشیدن به عمل استخراج دی ان ای شده است. اما این کیت‌های تجاری اکثراً وارداتی هستند و ممکن است به موقع و همیشه در اختیار محقق نباشند. بنابراین ابداع روش‌های سریع و ارزان قیمت جهت استخراج دی ان ای گریز ناپذیر است. روش تغییر یافته دلاپورتا جهت استخراج دی ان ای گیاهی استفاده می‌شود (۴) که در مطالعه ما، این روش را جهت استخراج دی ان ای از خون اسب به کار بردیم. علنی و همکاران (۱۳۸۴) برای استخراج دی ان ای از قارچ فوزاریوم آگریسپوروم از روش دلاپورتای تغییر یافته استفاده کردند و کیفیت دی ان ای به دست آمده از مطالعه خود را با استفاده از روش آگارز ۰/۸٪ و کمیت دی ان ای به دست آمده را با استفاده از روش اسپکتروفتومتری اندازه گیری کردند. و گزارش کردند که دی ان ای به دست آمده از این روش نسبتاً خالص بوده و نیازی به پروتئیناز k در جریان استخراج نداشته است (۱).

مواد و روشها:

تهیه نمونه خون: در این مطالعه، نمونه‌های خون جهت استخراج دی ان ای با استفاده از لوله‌های خلأ دار ۵ میلی‌متری حاوی EDTA از سیاهرگ و داج گردن اسب تهیه شد. آزمایش در ۱۰ مرحله صورت گرفت. تمامی مراحل در آزمایشگاه مرکزی دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین اهواز انجام شد. در ابتدا تهیه ۱۰۰ CC بافر استخراجی قبل از شروع استخراج به شرح زیر صورت گرفت:

Tris-HCl pH 8 100mM, EDTA 20 mM, NaCl 2 M, CTAB 3 gr, PVP 2.5 gr, β -mercaptoethanol 100 ml

مواد فوق را در ۱۰۰ CC آب مقطر حل کرده و سپس محلول را به حجم ۵۰۰ CC می‌رسانیم.

بعد از تهیه بافر استخراجی ۳۰۰ میکرولیتر از نمونه خون را درون میکروتیوپ ۱۰۰۰ ریخته و ۴۵۰ میکرولیتر بافر استخراج را به همراه ۱ میکرولیتر بتامرکاپتو اتانول به نمونه اضافه کردیم. سپس نمونه را به مدت ۳۰ دقیقه در بن ماری (دمای 65°C) قرار دادیم. نمونه را از بن ماری خارج کرده و به مدت ۱۰-۱۵ دقیقه در دمای آزمایشگاه قرار دادیم. ۱۵۰ میکرولیتر استات پتاسیم اضافه کرده و ۵ دقیقه در دمای یخچال قرار داده و سرد کردیم بعد از این مرحله درب نمونه را بسته و به مدت ۱۵ دقیقه روی یخ قرار دادیم. کلروفرم: ایزو امیل الکل را به نسبت (۲۴:۱) هم حجم نمونه به آن اضافه کرده و به مدت ۱۵ دقیقه در دور (۵۰۰۰rpm) سانتریفیوژ کردیم. مایع رویی را برداشته و به میکروتیوپ دیگری انتقال داده و دو برابر حجم نمونه الکل مطلق اضافه کردیم و در دمای 20°C قرار داده و مانند مرحله قبل سانتریفیوژ میکنیم. بعد از تمامی این مراحل نمونه را ۳ بار با الکل ۷۰٪ شستشو می‌دهیم و در هر سه مرتبه شستشو نمونه را در دمای اتاق خشک میکنیم. در مرحله آخر به نمونه‌های دی ان ای TE اضافه میکنیم و تا حل شدن کامل دی ان ای، آن را در دمای یخچال قرار میدهیم.

تعیین کمیت و کیفیت دی ان ای:

برای تعیین مقدار دی ان ای روشهای زیادی وجود دارد ولی دو روش اسپکتروفتومتری و الکتروفورز بر روی ژل آگارز معمولتر می‌باشند(۴). در روش الکتروفورز بر روی ژل آگارز، نمونه‌های دی ان ای با غلظت نامعلوم همراه با یک دی ان ای معین و استاندارد مانند دی ان ای مربوط به فاژ لاندبا غلظت $1\mu\text{g}/\mu\text{l}$ بر روی ژل آگارز ۰/۸٪ الکتروفورز شدند. مشاهده باندهای شارپ و عاری از اسمیر و کشیدگی نیز مشخص کننده کیفیت عالی دی ان ای می‌باشد. در روش اسپکتروفتومتر غلظت نمونه‌های دی ان ای بر اساس جذب نوری در طول موجهای متفاوت مشخص شد. بهترین غلظت زمانی است که نمونه‌های نور فرابنفش را با طول ۲۶۰ نانومتر جذب کنند.

انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمراز:

با استفاده از آغازگر تصادفی VHL20 با توالی 5'-CAAGTCCTCTTACTTGAAGACTAG-3' قابلیت تکثیر نمونه‌های دی ان ای استخراج شده در واکنش PCR مورد بررسی قرار گرفتند. واکنش PCR با حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر با اجزاء زیر صورت گرفت. ۲/۵ میکرولیتر بافر PCR (10x)، ۰/۷۵ میکرولیتر MgCl_2 (1/5mM)، ۰/۵ میکرولیتر dNTPs (10mM)، ۲ میکرولیتر آغازگر، ۰/۵ میکرولیتر آنزیم تک پلیمراز Taq (5U/Ml) و ۳ میکرولیتر DNA (5ng). شرایط PCR با چرخه دمایی بصورت یک سیکل ۵ دقیقه در دمای ۹۴ درجه سانتی-گراد و ۳۵ سیکل به صورت ۹۴ درجه سانتی-گراد یک دقیقه، ۶۰ درجه سانتی-گراد یک دقیقه و ۷۲ درجه سانتی-گراد و ۲ دقیقه در سیکل ۷۲ درجه سانتی-گراد با استفاده از دستگاه ترموسایکلر Bio-Rad انجام گردید

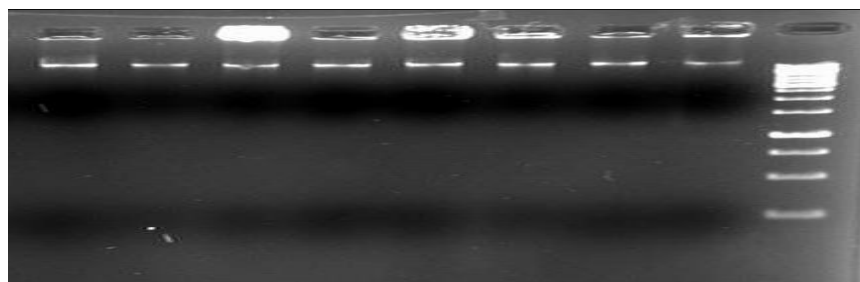
نتایج و بحث

بررسی کیفیت و کمیت دی ان ای:

کیفیت و کمیت دی ان ای به دست آمده از این روش را با استفاده از ۳ روش زیر مورد بررسی قرار دادیم که در زیر شرح داده شده اند.

الف) روش الکتروفورز با ژل آگارز ۰/۸٪

با مقایسه ضخامت باندهای به دست آمده از نمونه ها با باندهای دی ان ای استاندارد (لدر ۱ KB) غلظت نمونه ها تخمین زده شد در شکل ۱ مشاهده می شود که نمونه های دی ان ای هیچگونه کشیدگی در حد فاصل چاهک و باند (نشان دهنده آلودگی پروتئینی است) وجود ندارند. و همچنین اسمیری و کشیدگی باند از سمت باند به طرف انتهای چاهک (نشان دهنده ار ان ای است) وجود ندارد. شکل ۱.



شکل ۱: نمونه های دی ان ای استخراج شده از خون به شیوه دلاپورتای تغییر یافته بر روی ژل آگارز

ب) روش اسپکتروفتومتری

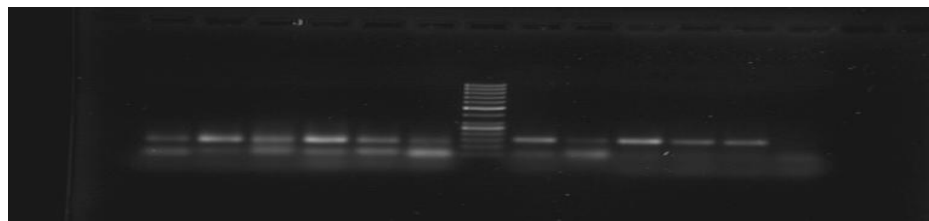
در روش اسپکتروفتومتری دی ان ای، میزان جذب برابر با ۱ در طول موج نانومتر ۲۶۰ معادل ۵۰ میکروگرم در میکرولیتر دی ان ای دو رشته ای است. شکل ۱ ارزیابی های کمی دی ان ای حاصله با استفاده از دستگاه اسپکتروفتومتر نشان داد OD نمونه های دی ان ای بین ۲-۱/۸ است و غلظت ۸ نمونه دی ان ای استخراج شده نیز در این بازه در جدول ۱ آمده است. جدول ۱: اعداد به دست آمده مربوط به غلظت نمونه های ۱ تا ۸ دی ان ای استخراج شده به شیوه دلاپورتای تغییر یافته است با استفاده از روش ژل آگارز و اسپکتروفتومتر (غلظت بر حسب نانوگرم در میکرولیتر است).

DNA	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸
Gel	۴۲/۴	۳۷/۹	۴۲	۴۳	۳۹/۷	۴۰/۵	۴۳	۱۷
Espect	۴۳	۳۷	۴۲/۵	۴۱/۸	۴۰	۳۹	۴۳	۱۹/۵

ج) روش واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR)

دی ان ای به دست آمده در این مطالعه به عنوان الگو برای تکثیر آغازگر VHL20 مورد استفاده قرار گرفت. بعد از اتمام واکنش ۵ میکرولیتر از محصول پی سی ار بر روی ژل آگارز ۰/۸٪ قرار داده شد. در این روش هیچ گونه تکثیر غیر اختصاصی مشاهده

نشد و تولید فرآورده‌های کاذب و دایمرهای پرایمیری بر روی ژل نمایان نبود. که این نشان دهنده این است که دی ان ای استخراج شده دارای کمیت و کیفیت مناسب جهت تکثیر آغازگر تصادفی بوده. شکل ۳



۱- تصویر مربوط به تکثیر جایگاه تصادفی VHL20 با استفاده از دی ان ای استخراج شده به روش دلاپورتا بر روی ژل آگارز (باندهای به دست آمده در محدوده ۱۰۷-۸۹) اندازه باندی جایگاه VHL20 واقع شده اند.

با توجه به کمیت و کیفیت دی ان ای به دست آمده از روش پروتکل تغییر یافته نشان داد که استفاده از این پروتکل برای استخراج دی ان ای از خون اسب مناسب بوده.

منابع

۱- علنی، ب.، مطلبی، م.، زمانی، م.، ضرغامی، ن.، جبارزاده، س.، نویر، ر.، مشایخی، م. ۱۳۸۳. استفاده از روش RAPD جهت بررسی پلی مورفیسم DNA در سویه های جدا شده قارچ فوزاریوم اگزیسپوروم. مجله پزشکی دانشگاه علوم پزشکی تبریز. شماره ۶۳. ۷۰-۶۵. ص.

2. Bushra, C., Y. Afshan, H. Tayyab and S. Riazuddin. 1999. Mini-scale genomic DNA extraction from cotton. Plant Molecular Biology Reporter. 17: 1-7.

3. Dellaporta, S.L. 1983. A plant chromosomal DNA miniprep. Plant Molecular Biology Research. 1:19-27.

4. Karp, A., P.G. Isac and D. S, Ingram. 1998. Molecular tools for screening biodiversity, Plant and animal , first edition. Chapman and hall, London. UK. Pp:428.

5. Montaldo, H. H and Meza-Herrea, C.A. 1998. Use molecular and major genes in the genetic improvement of Livestock electronic. Jorنال of biotechnology. 1(2): 83-89.

DNA extracted from horse blood using DNA extraction protocol modified Dellaporta plant

Akram Syavoshi^{1*}, aye sadr¹

* AKRAM SYAVOSHI :E-mail address: syavoshee.s@gmail.com

Abstract:

Successful implementation of genetic engineering and biotechnology depends on having a source of DNA with the desired concentration and free from any impurities. Since different protocols for extracting DNA from blood has been provided by the experts. Most notably salt extraction, phenol - chloroform and using commercial kits can be. This research is trying for extract DNA, from protocol Dellaporta that used for DNA extraction of plant tissues, can be used to extract DNA from horse blood. Quality and quantity of DNA obtained from this method using a spectrophotometer and agarose gel electrophoresis and also using the polymerase chain reaction (PCR) was evaluated. DNA obtained with the appropriate concentration for polymerase chain. and was free from any contamination of protein. and did not require the use of proteinase K during extraction.

Keywords: DNA extraction, protocol modified Dellaporta, Quality and quantity of DNA, DNA purity.

بر آورد ارزش اقتصادی صفات تولید شیر و طول عمر گاو دورگ استان گیلان

بهاره اطهری مرتضوی*، عبدالاحد شادپرور، سید ابوالحسن میر مهدوی چابک، مختار مهدی زاده

به ترتیب دانش آموخته ژنتیک و اصلاح دام دانشگاه گیلان، دانشگاه گیلان، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان گیلان، سازمان جهاد کشاورزی استان گیلان.

*رشت - خیابان مطهری - چهاربرادران - خمیران زاهدان - بن بست زهری پ ۱۳۷. motazavi@gmail.com

چکیده

با استفاده از یک مدل زیست اقتصادی مناسب برای سیستم دورگ، ارزش‌های اقتصادی برای صفات تولید شیر و طول عمر در گاوهای دورگ استان گیلان و بر اساس آمار هزینه‌ها و درآمدهای جمع‌آوری شده از سطح مناطق مختلف محاسبه شد. ارزش اقتصادی هر صفت به صورت تغییر سود سیستم به ازای یک واحد تغییر در میانگین صفت مورد نظر، در شرایطی که سایر صفات ثابت می‌مانند، بدست آمد. بر اساس نتایج حاصل، درآمد، هزینه و سود سالانه به ازای هر رأس گاو به ترتیب ۲۰۸۲۴۴۶۱، ۲۳۴۰۱۹۱۷ و ۲۵۷۷۴۵- ریال بود. ارزش‌های اقتصادی برای تولید شیر دوره ۲۸۸۸ (کیلوگرم/ریال)، چربی شیر ۲،۱۲ (کیلوگرم/ریال)، پروتئین شیر ۷،۷- (کیلوگرم/ریال) و طول عمر ۷۷۹ (روز/ریال) برآورد شد. منفی بودن ارزش اقتصادی پروتئین به دلیل عدم پرداخت قیمت آن در بازار است.

واژه های کلیدی: ارزش‌های اقتصادی- تولید شیر- طول عمر- گاو دورگ.

مقدمه:

هدف اصلی اصلاح نژاد، بهبود صفات مهمی است که عملکرد دام‌های اهلی را بهبود دهد (۷). اگرچه این بهبود باید در یک جهت مطلوب که در بیشتر موارد سود است، تنظیم شود. اما جهت کلی بهبود، با استفاده از یک هدف اصلاحی تعیین می‌گردد که به این سوال پاسخ می‌دهد که کجا می‌خواهیم برویم؟ در جعبه ابزار یک متخصص اصلاح دام مکانیسم‌هایی برای رسیدن به این هدف وجود دارد که عبارت از ارزیابی عملکرد ژنتیکی، انتخاب حیوانات، و در نهایت طراحی سیستم‌های آمیزشی مناسب که به این سوال پاسخ می‌دهد که چگونه به هدف مورد نظر دست یابیم؟ (۹ و ۱۰). فرایند تعیین اهداف اصلاحی نیاز به دانش کافی از عملکرد دام، سیستم تولیدی، منابع ژنتیکی، اطلاعات تولیدی و اقتصادی و شناسایی صفات مهمی که تولید را در راستای تقاضای بازار قرار می‌دهد، دارد (۸). برای تعیین هدف اصلاحی در یک جمعیت دامی لازم است ارزش اقتصادی صفات مهم آن برآورد شود. گرچه در ایران تحقیقات زیادی در مورد ارزش اقتصادی صفات گاو هلستاین (۲) و بومی (۱) انجام شده، اما ارزش اقتصادی صفات در گاوهای آمیخته کمتر مورد توجه قرار گرفته است. لذا هدف از این تحقیق، برآورد ارزش اقتصادی چند صفت در گاوهای دورگ استان گیلان می‌باشد.

مواد و روش:

در این تحقیق از آمار هزینه‌ها و درآمدهای مربوط به ۶ گله از واحدهای پرورشی گاو دورگ در استان گیلان استفاده شد. منابع درآمد عبارت از فروش دام (گوساله نر، تلیسه و گاوهای حذفی) و فروش شیر بود. هزینه‌های مورد محاسبه عبارت از تغذیه، نیروی انسانی، سلامت، جفت‌گیری، بازاریابی و هزینه‌های متفرقه بودند. در این تحقیق ضریب اقتصادی برای صفات تولید شیر و طول عمر برآورد شد. ضرایب اقتصادی هر صفت به صورت تغییر سود سیستم به ازای یک واحد تغییر در میانگین صفت مورد نظر، در شرایطی که سایر صفات ثابت می‌مانند، بدست آمد. در این گله‌ها، تغذیه به صورت کاملاً دستی و در جایگاه انجام می‌شود. برای محاسبه هزینه تغذیه، با استفاده از معادلات برآورد احتیاجات انرژی AFRC(1990) با ثابت در نظر گرفتن مقدار

کنسانتره مصرفی، برای گاوهای مولد، گوساله‌های نر و ماده در حال رشد و تلیسه‌های جایگزین به صورت جداگانه محاسبه شد. در این سیستم‌های، گوساله‌ها در سه ماهگی از شیر گرفته می‌شوند و از سن دو ماهگی به بعد علاوه بر شیر با خوراک دستی تغذیه می‌شوند. طبق آمار، مصرف شیر در گوساله‌ها به طور میانگین، ۴ کیلوگرم در روز بود. در ۱۸ ماهگی گوساله نر و تلیسه مازاد فروخته و جایگزین می‌شود. در این سیستم، برای باروری گاوها از روش تلقیح مصنوعی استفاده می‌شود. هزینه تولید مثلی را به صورت تابعی از فاصله بین دو زایش در نظر گرفته شد. گاوهای مسن در حدود ۸ سالگی حذف می‌شوند. گوساله‌های نر بر اساس هر کیلو وزن زنده فروخته می‌شود ولی تلیسه به ازای هر رأس در یک قیمت ثابت فروخته می‌شود.

نتایج و بحث:

پارامترهای اقتصادی مدل در جدول (۱) نشان داده شده‌اند. در این سیستم درآمد، هزینه و سود سالانه به ازای هر رأس گاو به ترتیب برابر ۲۰۸۲۴۴۶۱، ۲۳۴۰۱۹۱۷ و ۲۵۷۷۴۵- بود. دلیل عمده منفی بودن سود سیستم دورگ، به هزینه استهلاک دارای‌های ثابت مرتبط است. از آنجایی یک سوم ظرفیت این دامداری‌ها خالی است هزینه استهلاک دارای‌های ثابت به ازای هر رأس افزایش می‌یابد که انتظار می‌رود در صورتی که دامداران با ظرفیت کامل کار کنند، سودشان بیشتر شود.

بر اساس این پارامترها، ارزش اقتصادی تولید شیر ۲۸۸۸ ریال بر کیلوگرم، چربی شیر ۲,۱۲ ریال بر کیلوگرم، پروتئین شیر ۷,۷- ریال بر کیلوگرم و طول عمر ۷۷۹ ریال در روز است. ارزش اقتصادی مثبت برای تولید شیر نشان می‌دهد که بهبود ژنتیکی صفت تولید شیر، اثر مثبتی بر روی سود سیستم فوق دارد. طبق نتایج حاصل از تحقیق حاضر به ازای هر واحد افزایش در میانگین تولید شیر، مقدار مصرف خوراک در زمان شیرواری به دلیل افزایش انرژی مورد نیاز دام برای شیرواری، افزایش می‌یابد. افزایش هزینه تغذیه‌ای و هزینه بازاریابی، به وسیله افزایش درآمد حاصل از فروش شیر جبران می‌شود که ضریب مثبتی را برای شیر ایجاد می‌کند (جدول ۱).

ارزش اقتصادی چربی شیر مثبت بود. به طور کلی افزایش میانگین تولید چربی موجب افزایش قیمت هر کیلوگرم شیر و درآمد حاصل از فروش آن می‌شود. از طرفی این افزایش در همه سیستم‌ها باعث افزایش احتیاجات تغذیه گاو و در نتیجه افزایش هزینه تغذیه آن می‌شود. با اینکه میزان مصرف شیر گوساله تحت تاثیر افزایش میانگین چربی قرار نمی‌گیرد، اما در همه سیستم‌ها هزینه تغذیه مربوط به گوساله‌ها افزایش یافت که علت آن افزایش قیمت هر واحد شیر تولیدی می‌باشد. در مطالعات زیادی ارزش اقتصادی چربی شیر در سیستم‌هایی که بهای پرداخت شیر بر اساس درصد چربی و پروتئین بوده است مثبت برآورد شده است (۱۱، ۵، ۴).

ارزش اقتصادی پروتئین شیر منفی بود. با افزایش میانگین پروتئین شیر، مقدار مصرف خوراک در زمان شیرواری به دلیل افزایش انرژی مورد نیاز دام، افزایش و به دنبال آن هزینه تغذیه افزایش می‌یابد، با افزایش پروتئین شیر، انرژی موجود در شیر افزایش می‌یابد و در نتیجه مقدار کمتری از انرژی مورد نیاز گوساله برای رشد و نگهداری توسط خوراک تامین می‌شود و لذا مصرف خوراک کاهش می‌یابد. در نتیجه هزینه تغذیه کاهش می‌یابد. ولی از آنجایی که قیمت گذاری شیر بر اساس پروتئین شیر نیست، درآمد تغییری نمی‌کند. این ارزش اقتصادی منفی نشان دهنده ضرورت تغییر سیستم قیمت‌گذاری شیر می‌باشد.

ارزش اقتصادی طول عمر مثبت برآورد شد. در اثر یک واحد افزایش طول عمر تولیدی، درآمد حاصل از فروش تلیسه مازاد زیاد می‌شود در حالی که درآمد حاصل از فروش گاو حذفی کاهش می‌یابد. علت افزایش درآمد حاصل از فروش تلیسه مازاد، کم شدن نرخ جایگزینی به دلیل افزایش طول عمر است. همین امر سبب کاهش هزینه‌های پرورش تلیسه هم می‌شود. ضریب مثبت در سیستم‌های دورگ حاکی از این است که افزایش درآمد حاصل از فروش تلیسه مازاد و کاهش هزینه پرورشی تلیسه، می‌تواند

کاهش درآمد فروش گاو حذفی را جبران کند. ذکر این نکته دارای اهمیت است که در سیستم‌های مربوط به گاو دورگ، تلیسه بر اساس هر رأس فروخته می‌شود که نشان دهنده اهمیت تلیسه در سیستم‌های تولیدی می‌باشد. معمولاً ارتباط بین هزینه پرورش تلیسه و ارزش هر کیلو وزن زنده، سیاست‌های جایگزینی مناسب و سودمندی سیستم تولیدی را تحت تاثیر قرار می‌دهد (۱۱). ون آرندوک (۱۹۹۱) دریافت که نادیده گرفتن هزینه‌هایی که در اثر تأخیر جایگزینی رخ می‌دهد سبب بیش از حد برآورد شدن ارزش اقتصادی طول عمر تولیدی می‌شود.

جدول ۱- درآمد و هزینه اولیه، تغییر سود سیستم بعد از یک واحد افزایش در میانگین صفات و ارزش اقتصادی آنها

میزان تغییر بعد از یک واحد افزایش در میانگین صفات					
اولیه	شیر	چربی شیر	پروتئین شیر	طول عمر	
درآمدها (ریال/گاو/سال)					
۱۱۶۴۷۷۹۴	۳۱۸۵	۱۷/۹	۰	۰	شیر
۳۵۳۳۹۷۵	۰	۰	۰	۰	گوساله نر
۳۴۳۹۱۰۶	۰	۰	۰	۱۱۲۷	تلیسه حذفی
۲۲۰۳۵۸۶	۰	۰	۰	-۹۹۹/۸	گاو مسن
۲۰۸۲۴۴۶۱	۳۱۸۵	۱۷/۹	۰	۱۲۸	کل
هزینه ها (ریال/گاو/سال)					
۶۹۶۱۶۶۱	۳۵۶	۱۴/۱	۷/۸۵	۰	گاو بالغ
۱۷۰۲۳۰۱	۰	۰	۰	۰	تغذیه
۵۸۴۶۵	۰	۰	۰	۰	نیروی انسانی
۲۸۱۱۶۲	۰	۰	۰	۰	سلامت
۵۶۵۳۰۴۷	-۳۰	۰/۸۳	-۰/۰۸	-۵۸۰	تولید مثل
۶۷۹۰۴۶	۰	۰	۰	-۵۴	تلیسه
۱۸۲۸۲	۰	۰	۰	-۱/۵	تغذیه
۵۵۶۴۰	۰	۰	۰	-۱۶	نیروی انسانی
۴۳۷۵۵۴۵	-۳۰	۰/۸۳	-۰/۰۸	۰	سلامت
۵۵۹۲۹۰	۰	۰	۰	۰	تولید مثل
۱۵۰۵۸	۰	۰	۰	۰	گوساله نر
۲۰۳۳۹۳۳۹	۲۹۶	۱۵/۸	۷/۷	-۶۵۲	تغذیه
۲۸۸۸	۲/۱۲	-۷/۷	۷۷۹		نیروی انسانی
					سلامت
					کل هزینه جاری
					ارزش اقتصادی

منابع

۱. اطهری مرتضوی، ب.، شادپرور، ع. د.، میر مهدوی چابک، ا.، مهدی زاده، م. ۱۳۸۹. برآورد ضرایب اقتصادی برخی از صفات گاو بومی استان گیلان در سیستم پرورش میان‌بند. چهارمین کنگره علوم دامی ایران.
۲. صادقی سفید مزگی، ع.، مرادی شهر بابک، م.، نجاتی جورمی، ا.، شادپرور، ع. ۱۳۸۷. برآورد ارزش اقتصادی برای صفات تولیدی و طول عمر در گاوهای هولشتاین. علوم کشاورزی ایران. ۳۹ (۲): ۲۲۷-۲۳۵.
3. Cardoso, V. L., Nogueira, J. R., Van Arendonk, J. A. M. 1999b. Optimum replacement and insemination policies for Holstein cattle in the southeastern region of Brazil: the effect of selling animals for production. J. Dairy Sci. 82, 1449-1458.
4. Gibson, J. P. 1989. Economic weights and index selection of milk production traits when multiple production quotas apply. Anim. Prod. 49, 171-181.
5. Groen, A. F. 1989. Cattle breeding goals and production circumstances. PHD. Thesis, Wageningen Agricultural University, Wageningen, The Netherlands.
6. Kahi, A. K., N.Nitter. (2004). Developing breeding schemes for pasture based dairy production systems in Kenya I: Derivation of economic values using profit functions. Livest. Prod. Sci. 88:161-177.
7. Pirchner, F., 1983. Population Genetics in Animal Breeding. Plenum Press, New York.
8. Ponzoni, R. W. and Newman, S. 1989. Development of breeding objectives for Australian beef cattle production. Anim. Prod. 49: 35-47.
9. Rewe TO, Indetie D., J. M. K.Ojango and A. K. Kahi. (2006a). Breeding objectives for the Boran breed in Kenya: Model development and application to pasture - based production systems. J. Anim. Sci. 77: 163-177.
10. Rewe TO, Indetie D., J.M.K.Ojango and A. K. Kahi.(2006b). Economic values for production and functional traits and assessment of their influence on genetic improvement in the Boran cattle in Kenya. J. Anim. Breed. Genet. 123: 23-36.
11. Van Arendonk, J. A. M. 1985. Studies on the replacement policies in dairy cattle. PhD Thesis, Wageningen Agric. University, Wageningen, The Netherlands.

Estimate of economic values of traits milk production and longevity of crossbreed in Guilan Province

Bahare Athari Mortazavi, Abdol Ahad Shadparvar, Seyyed Abolhasan Mirmahdavi Chabok, Mokhtar Mehdizade

In the order: postgraduate genetic of University of Guilan, University of Guilan, Agriculture and Natural Resources Research Center of Guilan, Jihad-e- Keshavarzi organization of Guilan.

Abstract

Using an appropriate bio-economic model for cross bred system, economic values were calculated for milk production traits and longevity in cross bred cow population of Guilan province on the basis of information collected on costs and revenues from various regions. Economic value of each trait was estimated as the amount of change in the annual profit of production system resulted by one unit increase of mean of the trait while the means of other traits were hold constant. On the basis of obtained result, annual income, cost and profit were

20824461, 23401917 and -257745, respectively. The economic values were 2888, 2.12, -7.7, 779 for milk, fat, protein yields and longevity, respectively. Negative economic value obtained for protein because of no payment for this product in current market.

Key words: economic value-milk production- longevity- cross breed

ارزیابی ژنتیکی مرگومیر و سخت‌زایی در گله‌های گاو هلشتاین

مهرنوش فروتن^{۱*}، سعید انصاری مهیاری^۲ و محمد علی ادریس^۳

۱، ۲، ۳ دانشجوی کارشناسی ارشد، استادیار و استاد دانشگاه صنعتی اصفهان

E-mail: mehrnush.forutan@gmail.com

چکیده

در گله‌های گاو شیری انتخاب ژنتیکی به منظور بهبود سلامت و طول عمر حیوانات، هدفی عمده محسوب می‌شود. با این حال توجه کمی به جنبه‌های ژنتیکی صفات زنده‌مانی گوساله‌های گاو شیری شده است. سخت‌زایی یک عامل مخاطره‌آمیز برای مرگ-ومیر گوساله‌های شیری در یک ماه پس از تولد به‌شمار می‌آید. بنابراین هدف از این مطالعه برآورد وراثت‌پذیری و همبستگی میان صفات مرگومیر و سخت‌زایی در گاوهای شکم اول می‌باشد. پس از آماده‌سازی و پردازش اطلاعات، رکورد مربوط به ۵۳۴۳۶ گوساله شیری هلشتاین متولد شده در سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۰ در ۵۹ گله مورد بررسی قرار گرفت. برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی با استفاده از مدل خطی پدیری دو صفتی و بر اساس روش REML صورت پذیرفت. فراوانی مرگومیر در یک ماه پس از تولد و سخت‌زایی به ترتیب ۲/۶ و ۴/۲۲ درصد بود. وراثت‌پذیری صفات مرگومیر و سخت‌زایی به ترتیب ۰/۰۲۲ و ۰/۰۳۹ به دست آمد. همبستگی ژنتیکی افزایشی میان این دو صفت ۰/۱۱- و به‌طور معنی‌داری متفاوت از صفر بود. همبستگی غیر ژنتیکی افزایشی پایین (۰/۰۳۹) و به‌طور معنی‌داری متفاوت از صفر بود ($p < ۰/۰۵$). نتایج این مطالعه نشان می‌دهد که واریانس ژنتیکی برای دو صفت موجود می‌باشد و احتمالاً ژن‌های متفاوتی این دو صفت را کنترل می‌نمایند.

واژه‌های کلیدی: مرگومیر گوساله - سخت‌زایی - فراسنجه‌های ژنتیکی - وراثت‌پذیری

مقدمه

مرگومیر گوساله‌ها نه تنها از لحاظ اقتصادی، بلکه از دیدگاه آسایش و سلامت حیوانات حائز اهمیت می‌باشد. نگرانی‌ها در رابطه با سلامت حیوانات در حال افزایش است، چراکه مطالعات حاکی از افزایش نرخ مرگومیر در گوساله‌های گاو شیری است. بنابراین نیاز است که در برنامه‌های اصلاحی آینده جنبه‌های سلامت حیوانات در نظر گرفته شود (۳). مطالعات متعددی در راستای بررسی عوامل محیطی مؤثر بر مرگومیر صورت گرفته است. مطالعات نشان می‌دهد که نرخ مرگومیر گوساله‌های ماده تا ۲۱ روزگی در شرایط وجود سخت‌زایی ۴/۲ برابر افزایش می‌یابد (۶). لذا هدف از این مطالعه برآورد وراثت‌پذیری و همبستگی دو صفت مرگومیر در یک ماه پس از تولد و سخت‌زایی می‌باشد. برآورد این فراسنجه‌ها در چگونگی در نظر گرفتن این دو صفت در ارزیابی‌های ژنتیکی و برنامه‌های اصلاحی مفید خواهد بود.

مواد و روش‌ها

خصوصیات حیوانات: اطلاعات مربوط به ۶۱۲۰۰ گوساله حاصل از اولین زایش متولد شده در سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۰ که تا ۲۴ ساعت پس از تولد زنده ماندند از شرکت تعاونی کشاورزان و دامپروران صنعتی وحدت اصفهان استخراج شد. تنها گوساله‌هایی با پدر شناخته شده مورد استفاده قرار گرفتند. داده‌ها به حیواناتی با تاریخچه تولد و زندگی کامل محدود شد. تنها رکورد گوساله‌های

تک قلو حاصل از مادران با حداقل سن ۲۱ ماه در زمان زایش در آنالیز وارد شد. پس از آن داده‌ها به گله‌هایی با حداقل ۱۰ رکورد در سال و همچنین پدرانی با حداقل ۱۰ فرزند محدود شد. در پایان ۵۳۴۳۶ رکورد گوساله حاصل از ۷۱۹ پدر مورد بررسی قرار گرفت. آماده‌سازی داده‌ها و آماره‌های توصیفی توسط نرم‌افزار SAS(9.1) صورت پذیرفت.

صفات مورد بررسی: صفت مرگ‌ومیر در دوره سنی ۱ تا ۳۰ روزگی به صورت گسسته (binary) در نظر گرفته شد، به این معنی که گوساله‌هایی که در یک ماه پس از تولد زنده بمانند عدد یک و در غیر این صورت عدد دو داده شد. همچنین صفت سخت-زایی به صورت زیر تعریف شد: آسان‌زا=۱، زایش سخت نیاز به کمی کمک=۲، زایش سخت نیاز به کمک فراوان=۳ و سخت‌زایی و یا سزارین=۴. فراوانی مشاهدات در هر دسته برای دو صفت در جدول ۱ آورده شده است.

جدول ۱. تعداد مشاهدات در هر دسته

دسته	۱	۲	۳	۴
صفت				
سخت‌زایی	۳۴۷۹۷	۱۶۳۸۳	۱۶۷۱	۵۸۵
مرگ‌ومیر	۵۲۰۴۶	۱۳۹۰		

آنالیز آماری: برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی به کمک مدل خطی دو صفتی پدری با استفاده از روش REML در نرم‌افزار DMU انجام شد (۴). آزمون معنی‌داری برای اثرات ثابت با استفاده از رویه GLM در نرم‌افزار SAS(9.1) صورت پذیرفت. مدل ژنتیکی زیر مورد استفاده قرار گرفت:

$$Y_i = X_i b + Z_i s + e_i, (i = 1 \text{ و } 2)$$

اجزا معادله عبارتند از: Y_i : وکتور مشاهدات مربوط به دو صفت مرگ‌ومیر و سخت‌زایی، X_i و Z_i : به ترتیب ماتریس ضرایبی مربوط به اثرات ثابت و تصادفی، e_i : وکتور خطای باقیمانده. b و s : به ترتیب وکتور مربوط به اثرات ثابت و تصادفی ژنتیکی پدر. اثرات ثابتی که در سطح ۵ درصد برای هر صفت معنی‌دار شدند، در مدل ژنتیکی در نظر گرفته شد. اثرات ثابت سال-گله-فصل (گله ۱ تا ۵۹؛ سال ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۰؛ فصل ۱ تا ۴)، جنسیت (نر و ماده) برای هر دو صفت در نظر گرفته شد، همچنین در رابطه با صفت سخت‌زایی سن مادر (شامل ۲۱، ۲۲، ...، ۳۹) به صورت کواریت در مدل قرار گرفت.

نتایج و بحث

در مطالعه حاضر نرخ مرگومیر گوساله‌ها تا ۳۰ روز پس از تولد ۲/۶ درصد به‌دست آمد، که به ترتیب از ۳/۰۵ تا ۲/۲۶ درصد به‌ترتیب در جنس نر و ماده متغیر بود. مطالعات صورت گرفته در این راستا فراوانی متفاوتی را نشان می‌دهند، به‌طوری که کمترین میزان تلفات در کشورهای سوئد و نروژ (به‌ترتیب ۱/۲ و ۱/۵ درصد) و بالاترین میزان در کشورهای دانمارک و آمریکا گزارش شده است (۵). در مطالعات صورت گرفته توسط والت و همکاران در سال ۱۳۸۹ نرخ مرگومیر در دوره سنی ۱ تا ۳۰ روز پس از تولد در جنس ماده ۳/۲۳ درصد گزارش شد (۲). با توجه به پایین بودن واریانس ژنتیکی صفت مرگومیر، تفاوت میان مطالعات ناشی از تفاوت در شرایط مدیریتی و آب‌وهوایی و برنامه‌های به‌گزینی می‌باشد (۳). میزان سخت‌زایی در گاوهای شکم اول ۴/۲۲ درصد بود (فراوانی دسته سوم و چهارم)، که نسبت به مقدار گزارش شده توسط انصاری در فارس که میزان ۹/۸ درصد سخت‌زایی در تلیسه‌ها را گزارش نمود کمتر می‌باشد (۱). تفاوت در فراوانی سخت‌زایی می‌تواند ناشی از تفاوت در نوع دسته‌بندی و تعداد دسته‌ها باشد. هانسن و همکاران مقدار وراثت‌پذیری در دوره ۱ تا ۱۴ روز پس از تولد در دو جنس را ۰/۰۰۲۹ گزارش نمودند (۳). مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده در مطالعه حاضر در رنج مطالعات پیشین به‌دست آمد، به‌طوری که مقدار وراثت‌پذیری برای صفت مرگومیر ۰/۰۰۲۲ برآورد شد. در میان مطالعات صورت گرفته در رابطه با صفت سخت‌زایی در اولین زایش میزان وراثت‌پذیری با استفاده از مدل خطی از ۰/۰۳ تا ۰/۰۹ متغیر می‌باشد. در این مطالعه نیز در توافق با مطالعات پیشین مقدار وراثت‌پذیری برای صفت سخت‌زایی در شکم اول ۰/۰۳۹ به‌دست آمد. برآورد همبستگی ژنتیکی میان این دو صفت یکی از مهمترین اهداف این مطالعه بود. همبستگی ژنتیکی میان دو صفت در حدود ۰/۱۱- و به‌طور معنی‌داری متفاوت از صفر به‌دست آمد. بنابراین ژن‌های متفاوتی احتمالاً این دو صفت را کنترل می‌نمایند. همبستگی محیطی ۰/۰۳۸ و به‌طور معنی‌دار متفاوت از صفر بود، که نشان‌دهنده وجود عوامل غیر ژنتیکی افزایشی مشترک در بروز این دو صفت می‌باشد. بنابراین با اعمال روش‌های مدیریتی مناسب در گله می‌توان نرخ مرگومیر و سخت‌زایی را در گله‌های گاو شیری کاهش داد.

منابع:

1. Ansari-Lari, M. 2007. Study of perinatal mortality and dystocia in Dairy cows in Fars province, southern Iran. *Int. J. Dairy. Sci.*, 2: 85-89.
2. Fuerst-Waltl, B., and M. K. Srensen. 2010. Genetic analysis of calf and heifer losses in Danish Holstein. *J. Dairy Sci.* 93:5436-5442.
3. Hansen, M., P. Madsen, J. Jensen, J. Pedersen, and L. G. Christensen. 2003. Genetic parameters of postnatal mortality in Danish Holstein calves. *J. Dairy Sci.* 86:1807-1817.
4. Madsen, P., and J. Jensen. 2006. A user's guide to DMU. Version 6, release 4.6. Danish Institute of Agricultural Sciences, Research Centre Foulum, Denmark.
5. Svensson, C., A. Linder, and S. O. Olsson. 2006. Mortality in Swedish dairy calves and replacement heifers. *J. Dairy Sci.* 89:4769-4777.
6. Wells, S. J., D. A. Dargatz, and S.L. Ott. 1996. Factors associated with mortality to 21 days of life in dairy heifers in the United States. *Prev. Vet. Med.* 29:9-19.

Genetic evaluation for mortality and calving ease in Holstein dairy herds

Mehrnush Forutan^{1*}, Saied Ansari Mahyari², Mohammad Ali Edriss³

1, 2, 3, M.A. student, assisted professor and professor, Isfahan University of Technology

E-mail: mehrnush.forutan@gmail.com

Abstract

Genetic selection for improved health and longevity is a major goal of dairy cattle breeders however; little attention has been paid to the genetic component of calf mortality. Calving ease is a risk factor for mortality up to a month after birth in dairy calves. So, the aim of this study was to estimate of heritabilities and correlation between mortality and calving ease at first parity. After preparation of data by means of the software package SAS (9.1), records of 53436 Holstein calves born in the years 1991 to 2011 from 59 herds were analyzed. A linear bivariate sire-model was fitted to the data and average information, REML was used to estimate (co)variance components. The frequency of mortality and calving ease were 2.6, and 4.22%, respectively. heritabilities for mortality and calving ease were 0.0022 , and 0.039, respectively. Genetic correlation between two traits was -0.11, and significant from zero. Non-genetic correlation was low (0.038), but significant from zero. This study has shown that genetic variation for two traits exists and suggests that different genes affect two traits.

Key words: calf mortality- calving ease- genetic parameters- heritability

بررسی وضعیت Bottleneck در نمونه‌های از جمعیت کبک ایرانیبا استفاده از آنالیز ریز ماهواره ها

کربلائیان عباس^۱، امیری نیا سیروس^۲، همتی بهزاد^۳ و عمرانی حسین^۴

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دانشگاه آزاد کرج karbala_47@yahoo.com

۲و۴- عضو هیئت علمی موسسه تحقیقات علوم دامی کشور- عضو هیئت علمی دانشگاه آزاد کرج

چکیده

در این تحقیق از ۱۲۰ قطعه کبک بطور تصادفی خونگیری و با استفاده از روش نمکی استخراج DNA صورت گرفت. جایگاه های مورد استفاده عبارت بودند از ARU 1A1, ARU 1K10, ARU 1G49, ARU1I 125, ARU1E7, ARU1E93, ARU 1F25 و ARU 1D39. که پس از بهینه سازی PCR الکتروفورز محصولات آن بر روی ژل اکریل آمید، رنگ آمیزی به روش نیترا ت نقره انجام شد و تعیین ژنوتیپ صورت گرفت داده های آماری با استفاده از نرم افزار های POPGENE و GENALEX مورد آنالیز و همچنین جهت برآورد میزان باتلنک از نرم افزار BOTTLENECK استفاده گردید. تعادل هاردی واینبرگ با آزمون مربع کای χ^2 بدست آمد. در کل جمعیت تمامی مکانهای ژنی مورد مطالعه از تعادل فوق انحراف معنی داری نشان دادند ($P < 0.05$). بیشترین و کمترین تعداد الل مشاهده شده به ترتیب مربوط به جایگاه های ARU1G49 با ۲۱ الل و ARU 1K10 با ۴ الل بود. میانگین فراوانی اللی (NA)، شاخص شانون و PIC، به ترتیب $9/333$ ، $1/8283$ و $0/7092$ بود. تنوع درون جمعیتی بر اساس آنالیز مقادیر هتروزیگوسیتی بررسی شد که میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده $0/203$ و میانگین هتروزیگوسیتی مورد انتظار نا اریب در این جمعیت $0/797$ بود. تعداد مورد انتظار جایگاههای با فزونی هتروزیگوسیتی با استفاده از مدل IAM و TPM به ترتیب $3/56$ و $3/54$ بدست آمد. مقادیر احتمالات نیز در این دو مدل به ترتیب $0/4331$ و $0/04228$ محاسبه شد که بر اساس آن می توان گفت BOTTLENECK اتفاق نیفتاده است.

واژه های کلیدی: کبک ایرانی - نشانگرهای ریز ماهواره- هتروزیگوسیتی BOTTLENECK-

مقدمه

افزایش اطلاعات از ساختار ژنتیکی پرندگان مثل کبک وبلدرچین (عمرانی و همکاران ۱۳۸۸) می تواند مقدمه ای بر برنامه ریزیهای اصلاح نژادی آتی باشد. این تحقیق بعنوان دومین بررسی بر روی ساختار ژنتیکی کبک ایرانی انجام شد، به علت کاهش افراد، علایم inbreeding depression در جمعیت پدیدار می شود. در واقع فراوانی های ژنی دستخوش تغییر می شوند. ژنهایی با فراوانی بالاتر احتمال باقی ماندنشان بیشتر و ژنهای نادر احتمال عدم وجودشان در جمعیت Bottleneck یافته بسیار زیاد است. به دلیل ثبات آلل های کشنده و کاهش واریانس تیکی روی Fitness تاثیر منفی می گذارد. ضمناً موتاسیونهای مفید کمتری رخ می دهد (به دلیل کاهش سایز جمعیت) و به سبب رانده شدن ژنی بسیاری آللهای مفیدی که در اثر موتاسیون ایجاد شده بود نیز حذف خواهند شد (Reed, D.H 2003). بسیاری از جمعیتهای bottleneck یافته به این ترتیب متعرض شده اند یا در معرض خطر انقراض هستند. هدف از این تحقیق بررسی احتمال بروز Bottleneck در نمونههای از جمعیت کبک ایرانی می باشد.

مواد و روش ها

از ۲۰۰ میکرولیتر خون گرفته شده از ۱۲۰ قطعه کبک ۵ ماهه موجود در موسسه تحقیقات علوم دامی (جمع آوری شده از مراتع کشور)، استخراج نمکی DNA (Miler و همکاران ۱۹۹۸) صورت گرفت. پس از استخراج، برای تعیین کیفیت DNA ژنومی (KarpA و همکاران ۱۹۹۸) دوروش اسپکتروفتومتریو ژل آگارز ۲ درصد استفاده شد. برای تعیین میزان چند شکلی (PIC)، تعداد آل^۲، تعداد آل موثر^۳ و میزان هتروزیگوسیتی از آغازگرهای طراحی شده توسط Ferrero (۲۰۰۷) استفاده شد که توالی آغازگرها به صورت جدول شماره ۱ بودند. برای انجام واکنش زنجیره ای پلیمرز از بافر PCR، dNTPs، MgCl₂ و آنزیم Taq ساخته شده توسط شرکت GeneCraft آلمان استفاده شد. برنامه های دمایی واکنش زنجیره ای پلیمرز شامل ۳۵ سیکل تکثیر با دمای واسرشت اولیه ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۲ دقیقه، دمای واسرشت ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، دمای اتصال متغیر (جدول ۲) به مدت ۳۰ ثانیه، دمای تکثیر ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه و دمای تکثیر نهایی ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۵ دقیقه بود. سپس محصول واکنش زنجیره ای پلیمرز روی ژل پلی اکریلامید ۸٪ الکتروفورز و متعاقباً باروش نیترا ت نقره رنگ آمیزی گردید و سپس تعیین ژنوتیپ صورت گرفت و داده های آماری با استفاده از نرم افزار GENALEX مورد آنالیز قرار گرفت. همچنین جهت برآورد میزان باتلنک از نرم افزار BOTTLENECK استفاده شد. برای تعیین کیفیت DNA، نمونه ها بر روی ژل آگارز ۲٪ بارگذاری و سپس در زیر نور ماورای بنفش مشاهده و عکس برداری شدند. نمونه ها عاری از هر گونه کشیدگی و شکستگی بودند که نشان از کیفیت خوب و عدم آلودگی آنها داشت و کیفیت آنها برای PCR مناسب ارزیابی گردید. بجر دو نشانگر Aru1F25 و Aru1A1 باقی نشانگرهای مورد مطالعه پس از بهینه سازی واکنشهای PCR تکثیر شدند.

جدول ۱- مشخصات جایگاههای انتخاب شده برای تحقیق حاضر

شماره دسترسی	واحد تکرار شونده	سایز (bp)	توالی آغازگرها	نام جایگاه
AEF54663	(CCAT)19	-۲۵۲ ۲۳۲	GGAAGCCAGATGAACCAAGG F	Aru1A1
			ATGCATGCGTGGAGGCTGAG R	
EF546639	(GT)16	-۱۶۰ ۱۵۰	ATGTGGAGACCTGGCGAGGA F	Aru 1D39
			CCACTTCACATCAACACCCA R	
EF546640	(GGAT)12	-۲۱۲ ۱۷۶	CCACTTCACATCAACACCCA F	Aru 1E7
			GACACTGGATTTCGGTTTGG R	
EF546648	(GAGAA)31	-۳۳۳ ۲۳۳	TTCTACGATCTGGTCAGCCTC F	Aru 1G49
			GCACTTCTTCAGGCGCAGCT R	
EF546649	(GCT)8	۹۱-۹۷	TTCTACGATCTGGTCAGCCTC F	Aru 1I121
			TGCCTGCTAAGGAGCCCAC R	
EF546642	(GACA)32	۸۲-۱۲۶	CACGTCAATATGCTAGAGCG F	Aru 1E93
			TGCCTGCTAAGGAGCCCAC R	
EF546651	(GT)14	۹۱-۹۷	GTGGAGAAGATATTGTTC F	Aru 1K10
			GGGAGCATTCAATTTATTG R	
EF546645	(CCAT)15	-۲۴۰ ۱۷۴	CCTAATGCTGTGTCCACCTC F	Aru 1F25
			CCTAATGCTGTGTCCACCTC R	

نتایج و بحث

قبل از انجام واکنش های PCR، اجزا و چرخه های دمایی PCR طبق پیشنهاد FERRERO و همکاران (۱۹۹۶) (جدول ۳) بهینه سازی شد. اندازه الی، تعداد الی مشاهده شده و دمای اتصال برای هر جایگاه بررسی که به شرح جدول ۲ نشان داده شده است.

در این تحقیق، دامنه مقادیر هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho) از ۰/۹۴ تا یک متغیر می باشد که کمترین مقدار در جایگاه Aru 1D39 و بیشترین مقدار در جایگاه های Aru1E7, Aru1G49 می باشد. میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده در این مطالعه ۰/۷۹۴ بدست آمد.

میانگین الی واقعی در این مطالعه ۶/۲۲ بدست آمد در حالیکه Ferrero و همکاران (۲۰۰۷) که از جایگاه های مشابه تحقیق حاضر بر روی کبک های اسپانیا استفاده کرده بودند، ۷/۴۵ و ۸/۱۵ مورد گزارش نمودند (جدول ۲). با توجه به مقادیر محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) محاسبه شده مربوط به نشانگر Aru 1G49 در جمعیت کبکهای مورد مطالعه، با وجود تعداد ۲۱ آللهای مشاهده شده در آندارای بیشترین چندشکلی است. شاخص اطلاعات شانون (I) نیز تایید کننده این مطلب است. همچنین نشانگرهای Aru 1K10 که ۴ الی دارد، چند شکلی کمتری دارد.

جمعیت مورد مطالعه در تعادل هاردی واینبرگ می باشد، تنوع ژنی مورد انتظار در تعادل از روی تعداد آللهای مشاهده شده با فرض ثابت بودن اندازه جمعیت (فرض تعادل) محاسبه می شود. فرض مدل TPM (جهش دو مرحله ای) برای انجام آزمون Bottleneck پیشنهاد می گردد و همکاران (۱۹۹۸). مدل TPM حد واسطه دو مدل SMM (جهش مرحله ای) و IAM (نامحدود) می باشد و نسبت به این دو مدل، برای ریز ماهواره ها مناسب تری می باشد. برای تعیین معنی دار بودن یا نبودن تعداد جایگاههایی که فزونی تنوع ژنی دارند سه آزمون بکار گرفته شد. آزمون sign test، که از لحاظ آماری آزمونی ضعیف شناخته می شود، آزمون standardized different test یا آزمون تفاوت های استاندارد شده که این آزمون به حداقل ۱۰ جایگاه چند شکل برای داشتن دقت بالاتر نیاز دارد و آزمون رتبه ای Wilcoxon (آزمون ناپارامتری) با توجه به تعداد ۶ جایگاه این مطالعه نسبت به دو آزمون دیگر توانمند تر است. (این آزمون برای تعداد جایگاه کم، ویا برای هر جمعیت با هر تعداد فرد می تواند مورد استفاده قرار بگیرد (سیدآبادی و همکاران ۱۳۸۸)).

جدول ۲- خلاصه ای از وضعیت تکثیر جایگاه های مورد مطالعه

دامنه اندازه	دامنه اندازه	تعداد الی	تعداد الی	دامی	دامی	جایگاه
الی در	الی بدست	مشاهده شده در	الی	اتصال در	اتصال	
گزارش	(BP) آمده	گزارش	مشاهد	گزارش	بدست	
FERRE RO		FERRERO CADIZ /ALAVA	ه شده	FERRERO	آمده	
۱۵۰-۱۶۰	۱۴۰-۱۷۰	۴ / ۵	۷	۵۸	۵۸	Aru1D39
۱۷۶-۲۱۲	۱۷۵-۲۱۵	۷ / ۸	۹	۵۵	۵۵	Aru1E7
۲۳۳-۲۳۳	۲۳۵-۲۳۵	۱۵ / ۱۵	۲۱	۶۲	۶۲	Aru1G49

Aru1I121	۶۲	۶۲	۶	۲ / ۳	۹۰-۹۸	۹۱-۹۷
Aru K10	۵۲	۵۲	۴	۲ / ۴	۹۰-۹۷	۹۱-۹۷
Aru1E93	۵۶	۵۶	۹	۷ / ۷	۸۰-۱۲۰	۸۲-۱۲۶

جدول ۳- غلظت و میزان اجزاء مورد استفاده در این تحقیق

غلظت	اجزاء واکنش
1X	BUFFER
2 MM	PCR
1.5μM	MGCL2
1.5μM	PRIMERF
200μM	PRIMERR
0.5U/REAC	DNTPS
TION	TAQ
150	DNA
NG/REACT	DDH2O
ION	
-	
20ML	حجم نهایی

جدول ۴-۷ آزمون فرض صفر با استفاده از مدل تکامل ریزماهورای

Test/Model	IAM		TPM		SMM	
	انتظار	احتمال	انتظار	احتمال	انتظار	احتمال
sign test	۳/۵۶	۰/۴۳۳۱	۳/۵۴	۰/۰۴۲۲۸	۳/۵۵	۰/۵۲۵۶۶
Wilcoxon test	۳/۵۱۷	۰/۰۰۰۲۲	۲/۹۱۰	۰/۰۰۱۸۰	۱/۲۳۴	۰/۰۱۰۸۵
standardized different test	۱/۰۰۰	۰/۰۰۷۸۱	۱/۰۰۰	۰/۰۰۷۸۱	۰/۹۷۶۵۶	۰/۳۹۰۶

منابع و ماخذ:

۱- سیدآبادی حمیدرضا و همکاران (۱۳۸۸) در بررسی تنوع ژنتیکی و احتمال وقوع Bottleneck در جمعیت اسبچه خزر با استفاده از نشانگرهای ریزماهورای.

۲- عمرانی، حسین- نجاتی، اردشیر - امیری نیا، سیروس- اسماعیل خانیان، سعید- علیوردی نسب، رامین- جوانروح علی. آنالیز تنوع ژنتیکی در جمعیت بلدرچین با استفاده از مارکرهای ریزماهورای. موسسه تحقیقات علوم دامی کشور. گزارش نهایی. ۱۳۸۸.

- 3-Ferrero,M.E,Gonzalez,P.DAVILA,P.(2007). Sixteen new polymorphic microsatellite markers isolated for red legged partridge (*Alectoris rufa*) and related species.molecular Ecology Notes.2007. Volume 7 Issue 6, Pages 1349 – 1351
- 4-Karp. A., P. G. Isaac., and D. S. Ingram. 1998. Molecular tools for screening biodiversity, Plants and Animals, First edition. Chapman & Hall, London. UK.
- 5-Luikart G., Allendorf F.W., Cornuet J.M. & Sherwin W.B. (1998) Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks. The Journal of Heredity 89, 238-247.
- 6-Reed.D.H, E.H.Lowe, D.A.Briscoe and R.Frankham, 2003, Fitness and adaptation in novel environment :Effect of inbreeding , prior environment and lineage.

An Investigation on Bottleneck in a Persian Partridge Population Sample by using Microsatellite Markers

Karbalaieian, A.¹, Amirinia, S.², Hemmati, B.³ And omrani, H.⁴

1. Graduate student of animal genetic improvement. karbala_47@yahoo.com 2,4 Faculty member of animal science institute,
3. Faculty member of Islamic Azad university, Karaj branch, Iran

Abstract

This study was aimed to investigate the genetic variation and bottleneck probability in a Persian partridge population and the loci used in this study were Aru 1F25, Aru1E93, Aru1E7, Aru1I 125, Aru 1G49, Aru 1K10, Aru 1A1, and Aru 1D39. All loci in this population showed a significant bias from the Hardy-Weinberg equilibrium (Table 4, $P < 0.05$). The maximum and minimum frequency for observed alleles were Aru1G49 (21 alleles) and Aru 1K10 (4 alleles) respectively. The average allele frequency (n_a), Shannon diversity index and PIC were 9.333, 1.8283 and 0.7092 respectively. Intra-population diversity investigated based on heterozygosity values. Based on data analysis of the given population, the average of observed and expected unbiased heterozygosity was 0.203 and 0.797 respectively. The number of expected loci with increasing of heterozygosity determined by IAM and TPM models was 3.56 and 3.54 with the probability of 0.4331 and 0.04228 respectively. Based on standardized different test, sign test and the more potent Wilcoxon test, probability values calculated in these models showed no bottleneck occurrences in the population.

Key words: Persian partridge - micro satellite markers - heterozygosity- Bottleneck

برآورد روند ژنتیکی برای جوامع با اطلاعات شجره ناقص

محمد رکوعی

استادیار، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

مسئول مقاله: محمد رکوعی

تلفن: ۰۹۱۳۳۷۲۰۵۳۱

Email: Rokouei@uoz.ac.ir

چکیده:

در این تحقیق جامعه‌ای با سه وراثت‌پذیری و چهار نوع مختلف انتخاب برای ۲۰ نسل شبیه‌سازی شد و برای هر نسل به نسبت‌های مختلف ۱۰، ۲۰، ۴۰ و ۶۰ درصد اطلاعات شجره حذف گردید. برای بررسی امکان استفاده از مدل حیوانی به همراه گروه‌های ژنتیکی برای جوامع با اطلاعات شجره ناقص دو مدل حیوانی با و بدون گروه‌های ژنتیکی برای تمام حالات برازش گردید. نتایج نشان داد که روند ژنتیکی برای مدل با اطلاعات ناقص شجره، کمتر از روند واقعی برآورد شده است اما روند ژنتیکی حاصل از مدل حیوانی با گروه‌های ژنتیکی کمی بیشتر از روند ژنتیکی واقعی برآورد شد. به نظر می‌رسد که مدل حیوانی به همراه گروه‌های ژنتیکی، وقتی اطلاعات شجره کامل نیست بسیار مناسبتر از مدل حیوانی ساده است.

واژه‌های کلیدی: اطلاعات شجره- شبیه‌سازی- مدل حیوانی با گروه‌های ژنتیکی

مقدمه

رابطه ژنتیکی معیاری برای بیان میزان شباهت ارزش‌های اصلاحی بین حیوانات است و ارزش‌های اصلاحی از روی ارزش فنوتیپی صفات، به کمک رابطه ژنتیکی قابل پیش‌بینی است. افزایش حجم اطلاعات مورد استفاده در ارزیابی‌های ژنتیکی و به دنبال آن افزایش تعداد گله‌های وارد شده در ارزیابی از یک سو، و وجود تفاوت در نحوه مدیریت پرورش بین گله‌های مختلف از سوی دیگر، همچنین وجود روند محیطی و ژنتیکی برای صفات مختلف، وضعیت بسیار پیچیده‌ای را در ارزیابی ژنتیکی بوجود می‌آورد. اهمیت ماتریس خویشاوندی در از بین بردن این پیچیدگی و درهم آمیختگی اثرات ژنتیکی و محیطی است (Henderson, 1975a). هندرسن (۱۹۴۹) گروه‌بندی ژنتیکی را برای پیش‌بینی واقعی‌تری از ارزش‌های اصلاحی، برای رکوردهای فنوتیپی سال‌های مختلف، پیشنهاد نمود. برای این گروه‌بندی‌ها، سال تولد، سالی که اولین دختر حیوان نر رکورد ایجاد می‌کرد یا سالی که حیوان نر برای تلقیح مورد استفاده قرار می‌گرفت، در نظر گرفته می‌شد. در واقع این گروه‌بندی برای محاسبه روند ژنتیکی در طی سال‌های مختلف در نظر گرفته می‌شد (Pollak and Quaas, 1983a). استفاده از مدل‌های حیوانی با گروه‌های ژنتیکی در دهه ۱۹۸۰ ارائه شد (Quaas, 1988; Robinson, 1986; Westell et al., 1988). مطالعات در این مورد، امکان استفاده از گروه‌های ژنتیکی در تجزیه و تحلیل‌های چند صفتی را فراهم نمود (Wiggans et al., 1988؛ ۱). تحقیقات تکاملی دیگر نحوه وارد کردن آثار گروه‌های ژنتیکی را در مدل‌های همراه با آثار مادری ارائه داد (۱). استفاده از مدل‌های حیوانی به همراه گروه‌های ژنتیکی برای رسیدن به دقت مناسب بسیار اهمیت دارد (Pollak and Quaas, 1983b). اطلاعات شجره‌ای موجود در ایران در اکثر موارد از شاخص کیفی مناسبی برخوردار نیست. به عنوان مثال در بیشتر موارد متوسط معیار کامل بودن شجره برای گاوهای هلشتاین ایران کمتر از ۰/۷ است (Rokouei et al., 2010). همچنین مطالعات اولیه شجره نژادهای مختلف گوسفند در ایران نشان داد که اطلاعات شجره ناکامل بوده و در بیشتر موارد خطوط پدری در این شجره‌ها

نامشخص است. بنابراین ممکن است استفاده از گروه‌های ژنتیکی در ارزیابی‌های ژنتیکی بر پایه اطلاعات ایران، باعث صحیح‌تر و دقیق‌تر شدن برآوردها ارزش اصلاحی شود. در همین راستا هدف از انجام این تحقیق تعیین اثر استفاده از مدل حیوانی به همراه گروه‌های ژنتیکی بر صحت و دقت ارزش‌های اصلاحی برآورد شده است که به صورت شبیه‌سازی انجام شد.

روش تحقیق

یک جامعه پایه شامل ۱۰۰۰ حیوان (۸۰۰ ماده و ۲۰۰ نر) برای یک صفت پولی‌ژنتیک با واریانس فنوتیپی ۱۲ به صورت تصادفی تولید گردید و بر اساس سه وراثت‌پذیری مختلف ۰/۱، ۰/۲۵ و ۰/۵۰ با چهار نوع مختلف انتخاب، انتخاب تصادفی با شدت ۰/۷۹۸ برای حیوان‌های نر (M1)، انتخاب برای حیوانات نر بر اساس ارزش اصلاحی واقعی با سه شدت مختلف ۰/۷۹۸ (M2)، ۱/۲۷۱ (M3) و ۱/۶۴۷ (M4) برای ۲۰ نسل متوالی به کمک نرم‌افزار QMSim (Sargolzaei et al., 2009) تولید گردید. سپس به صورت تصادفی ۱۰، ۲۰، ۴۰ و ۶۰ درصد اطلاعات شجره‌ای در هر نسل حذف گردید و برای محاسبه ارزش‌های اصلاحی دو مدل حیوانی با (Westell et al., 1988) و بدون اثر گروه‌های ژنتیکی با یک اثر ثابت میانگین به کمک بسته نرم‌افزاری ASReml-R (۲۰۰۹) محاسبه گردید. ۴۲ گروه ژنتیکی کلی در تجزیه و تحلیل در نظر گرفته شد که ۲ گروه برای نسل پایه و برای هر نسل دیگر به تفکیک دو جنس، دو گروه ژنتیکی در نظر گرفته شد. روند ژنتیکی ارزش اصلاحی واقعی و برآورد شده توسط تابعیت خطی متوسط ارزش‌های اصلاحی واقعی و برآورد شده به نسل به کمک نرم‌افزار R2.15.0 محاسبه شد.

نتایج و بحث

روند ژنتیکی صفت مورد نظر برای ارزش‌های اصلاحی واقعی بر اساس سه وراثت‌پذیری و چهار برنامه مختلف انتخاب و ارزش‌های اصلاحی برآورد شده برای تمام حالات با و بدون در نظر گرفتن گروه‌های ژنتیکی در جدول ۱ ارائه شده است. برای مدل اول (M1) که انتخاب به صورت تصادفی در نظر گرفته شد، روند تغییرات ژنتیکی بسیار جزئی مشاهده شد. برای مدل‌های ۲ تا ۴ با افزایش شدت انتخاب و افزایش وراثت‌پذیری روند ژنتیکی واقعی و برآورد شده افزایش یافت (جدول ۱). تغییرات بر اساس درصدهای مختلف حذف اطلاعات والدین با و بدون در نظر گرفتن گروه‌های ژنتیکی برای مدل ۱ تغییرات منظمی را نشان نداد. برای مدل‌های ۲ تا ۴ با افزایش درصد حذف اطلاعات شجره، روند ژنتیکی برآورد شده برای مدل بدون گروه‌های ژنتیکی کمتر از روند ژنتیکی واقعی بود. اما روند ژنتیکی برای مدل همراه با گروه‌های ژنتیکی بیشتر از روند واقعی تغییرات ژنتیکی بود. این در حالی است که تفاوت بین روند ژنتیکی برآورد شده برای مدل بدون گروه‌های ژنتیکی بسیار بیشتر از مدل با گروه‌های ژنتیکی مشاهده شد. به طور کل در تمامی موارد با افزایش درصد حذف اطلاعات شجره، تفاوت بین روند ژنتیکی با روند ژنتیکی واقعی افزایش نشان داد اما این تفاوت برای مدل همراه با گروه‌های ژنتیکی بسیار کمتر از مدل بدون گروه‌های ژنتیکی برآورد شد. به عنوان مثال در M1 با وراثت‌پذیری ۰/۱ برای درصدهای ۱۰ تا ۶۰ درصد حذف اطلاعات شجره برای مدل بدون گروه‌های ژنتیکی به ترتیب ۲۶، ۴۱، ۶۳ و ۷۷ درصد روند ژنتیکی کمتر مقدار واقعی برآورد شد. همین نسبت تفاوت در مدل به همراه گروه‌های ژنتیکی به ترتیب ۵، ۷، ۱۰ و ۱۱ درصد برآورد شد. وضعیت مشابهی برای تمام حالات دیگر نیز مشاهده شد. اما تغییرات نشان داد که هرچه وراثت‌پذیری صفت افزایش پیدا کند، نسبت کاهش در روند ژنتیکی برای درصد حذف اطلاعات شجره مشابه کمتر است. به عنوان مثال برای M1 با حذف ۱۰ درصد اطلاعات شجره با افزایش وراثت‌پذیری به ترتیب درصد تغییرات ۲۶، ۱۷ و ۱۱ درصد و برای مدل همراه با گروه‌های ژنتیکی به ترتیب ۵، ۲ و ۱ درصد مشاهده شد. با افزایش شدت انتخاب نیز میزان تفاوت در روند ژنتیکی برای هر دو مدل با و بدون گروه‌های ژنتیکی کمتر برآورد شد.

نتیجه گرفته شد که هرچه اطلاعات شجره کامل تر باشد روند ژنتیکی برآورد شده به روند ژنتیکی واقعی نزدیکتر است و با افزایش حذف اطلاعات شجره روند ژنتیکی با تفاوت بیشتر، کمتر از مقدار واقعی برآورد خواهد شد. با بکار گیری گروه‌ها ژنتیکی روند ژنتیکی برآورد شده هرچند کمی بیشتر از مقدار واقعی برآورد خواهد شد اما در مقایسه با مدل بدون گروه‌های ژنتیکی بسیار نزدیک‌تر به مقدار واقعی برآورد شد. هرچه وراثت‌پذیری صفت بیشتر باشد تاثیر حذف اطلاعات شجره بر برآورد روند ژنتیکی کمتر خواهد بود و اختلاف کمتری بین آن با روند ژنتیکی واقعی مشاهده می‌شود. به طور کلی استفاده از گروه‌های ژنتیکی زمانی که اطلاعات شجره نا کامل است می‌تواند راه‌حل مناسبی برای برآورد صحیح‌تر روند ژنتیکی صفات باشد.

جدول ۱: روند ژنتیکی مدل‌های مختلف

مدل	h ²	TBV	روند ژنتیکی با درصد‌های مختلف حذف ارتباط - های شجره				روند ژنتیکی با گروه‌های ژنتیکی بر اساس درصد‌های مختلف حذف ارتباط‌های شجره			
			٪۱۰	٪۲۰	٪۴۰	٪۶۰	٪۱۰	٪۲۰	٪۴۰	٪۶۰
M 1	۰/۱	۰/۰۰۰۷	۰/۰۰۰۷	۰/۰۰۰۸	۰/۰۰۰۶	۰/۰۰۰۴	۰/۰۰۱۳	۰/۰۰۱۴	۰/۰۰۰۲	۰/۰۰۰۳
M 1	۰/۲۵	۰/۰۰۰۲	۰/۰۰۰۲	۰/۰۰۰۲	۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۰۲	۰/۰۰۰۵	۰/۰۰۰۲	۰/۰۰۰۳
M 1	۰/۵	۰/۰۰۰۲	۰/۰۰۰۲	۰/۰۰۰۲	۰/۰۰۰۲	۰/۰۰۰۲	۰/۰۰۰۲	۰/۰۰۰۳	۰/۰۰۰۲	۰/۰۰۰۳
M 2	۰/۱	۰/۰۰۰۸	۰/۰۰۱۸	۰/۰۰۱۷	۰/۰۰۰۹	۰/۰۰۰۴	۰/۰۰۰۸	۰/۰۰۵۶	۰/۰۰۰۶	۰/۰۰۰۶
M 2	۰/۲۵	۰/۰۰۰۸	۰/۰۰۲۴	۰/۰۰۲۵	۰/۰۰۱۶	۰/۰۰۰۸	۰/۰۰۰۷	۰/۰۰۹۳	۰/۰۰۰۶	۰/۰۰۰۵
M 2	۰/۵	۰/۰۰۰۹	۰/۰۰۰۳	۰/۰۰۰۳	۰/۰۰۲۲	۰/۰۰۱۲	۰/۰۰۰۸	۰/۰۰۳۱	۰/۰۰۰۸	۰/۰۰۰۸
M 3	۰/۱	۰/۰۰۰۶	۰/۰۰۲۴	۰/۰۰۲۳	۰/۰۰۱۴	۰/۰۰۰۶	۰/۰۰۰۵	۰/۰۰۷۱	۰/۰۰۰۴	۰/۰۰۰۴
M 3	۰/۲۵	۰/۰۰۰۸	۰/۰۰۳۴	۰/۰۰۳۶	۰/۰۰۲۵	۰/۰۰۱۳	۰/۰۰۰۷	۰/۰۰۷۲	۰/۰۰۲۵	۰/۰۰۰۴
M 3	۰/۵	۰/۰۰۱۱	۰/۰۰۴۱	۰/۰۰۴۳	۰/۰۰۳۲	۰/۰۰۱۸	۰/۰۰۱۰	۰/۰۰۶۵	۰/۰۰۰۹	۰/۰۰۰۸
M 4	۰/۱	۰/۰۰۰۷	۰/۰۰۳۱	۰/۰۰۳۳	۰/۰۰۲۳	۰/۰۰۱۱	۰/۰۰۰۶	۰/۰۰۸۷	۰/۰۰۰۴	۰/۰۰۰۳

(۰/۰۰۶)	(۰/۰۰۷)	(۰/۰۰۸)	(۰/۰۰۸)	(۰/۰۲۰)	(۰/۰۳۷)	(۰/۰۴۸)	(۰/۰۴۵)	(۰/۰۰۹)	۲۵	M
۱/۴۰۵	۱/۴۰۰	۱/۳۹۵	۱/۳۹۱	۰/۶۰۳	۰/۸۴۵	۱/۰۷۵	۱/۱۹۳	۱/۳۸۸	۰/	4
(۰/۰۰۸)	(۰/۰۰۸)	(۰/۰۰۸)	(۰/۰۰۹)	(۰/۰۲۷)	(۰/۰۴۴)	(۰/۰۵۷)	(۰/۰۵۵)	(۰/۰۰۹)	/۵	M
۱/۹۸۹	۱/۹۸۶	۱/۹۸۲	۱/۹۸۰	۱/۱۲۷	۱/۳۹۶	۱/۶۴۰	۱/۷۶۵	۱/۹۷۷	۰	4

منابع

- 1- Cantet, R. J., L. R. Schaeffer, and C. Smith. 1992. Reduced animal model with differential genetic grouping for direct and maternal effects. *Journal of Animal Science* 70(6):1730-1741.
- 2- Da, Y., and M. Grossman. 1991. Multitrait Animal Model with Genetic Groups1. *J Dairy Sci* 74(9):3183-3195(Abstr.)
- 3- Henderson, C. R. 1972. Sire evaluation and genetic trends. In *Proc. Anim. Breeding Genet. Symp. in Honor of Dr. Jay L. Lush*. Am. Soc. Anita. Sci. and Am. Dairy Sci. Assoc. , Champaign, IL.
- 4- Henderson, C. R. 1975a. Use of All Relatives in Intraherd Prediction of Breeding Values and Producing Abilities. *J. Dairy Sci.* 58(12):1910-1916.
- 5- Henderson, C. R. 1975b. Use of Relationships Among Sires to Increase Accuracy of Sire Evaluation. *J. Dairy Sci.* 58(11):1731-1738.
- 6- Kennedy, B. W., and J. E. Moxley. 1975. Comparison of Genetic Group and Relationship Methods for Mixed Model Sire Evaluation. *J. Dairy Sci.* 58(10):1507-1514.
- 7- Pollak, E. J., and R. L. Quaas. 1983a. Definition of Group Effects in Sire Evaluation Models. *J. Dairy Sci.* 66(7):1503-1509.
- 8- Pollak, E. J., and R. L. Quaas. 1983b. Definition of Group Effects in Sire Evaluation Models. *J Dairy Sci* 66(7):1503-1509.
- 9- Quaas, R. L. 1988. Additive Genetic Model with Groups and Relationships. *J Dairy Sci* 71(5):1338-1345.
- 10- Robinson, G. K. 1986. Group Effects and Computing Strategies for Models for Estimating Breeding Values. *J Dairy Sci* 69(12):3106-3111.
- 11- Rokouei, M., R. Vaez Torshizi, M. Moradi Shahrababak, M. Sargolzaei, and A. C. Sorensen. 2010. Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. *J Dairy Sci* 93(7):3294-3302.
- 12- Sargolzaei, M. and F. S. Schenkel. 2009. QMSim: a large-scale genome simulator for livestock. *Bioinformatics*, 25: 680-681. First published January 28, 2009, doi:10.1093/bioinformatics/btp045.
- 13- Westell, R. A., R. L. Quaas, and L. D. Van Vleck. 1988. Genetic Groups in an Animal Model. *J Dairy Sci* 71(5):1310-1318.
- 14- Wiggans, G. R., I. Misztal, and L. D. Van Vleck. 1988. Animal Model Evaluation of Ayrshire Milk Yield with All Lactations, Herd-Sire Interaction, and Groups Based on Unknown Parents. *J Dairy Sci* 71:115-125.

Estimation of genetic trend in populations with incomplete pedigree information

M. Rokouei

Department of Animal Science, Zabol University, Zabol, Iran

Corresponding Author: Mohammad Rokouei

E-mail: Rokouei@uoz.ac.ir

ABSTRACT

The population with three different heritability and four selection scenarios for 20 generations was simulated. Pedigree information per generation with different percentages (10, 20, 40 and 60%) was eliminated. For evaluation of using animal model with groups for incomplete pedigree information, two animal models (with and without genetic groups) for all scenarios were fitted. The results indicated that the genetic trend by incomplete pedigree information was estimated lower than the real genetic trend. Furthermore, the genetic trend by animal model with grouping was estimated a little higher than the real genetic trend. Finally, the results suggest that when pedigree information is incomplete, the animal model with grouping is more feasible than simple animal models.

Key words: Pedigree information- Simulation- Animal model with Grouping

مطالعه چند شکلی اگزون ۳ ژن لپتین در گوسفندان کردی خراسان شمالی

عباس شبیک^{۱*}، محمد باقر منتظر تربتی^۱، همایون فرهنگ فر^۱، رضا اشکانی فر^۲، امید فانی مکی^۱

۱- دانشگاه بیرجند، دانشکده کشاورزی، گروه علوم دامی ۲- کارشناس ارشد مرکز اصلاح نژاد گوسفند کردی خراسان

شمالی

*نویسنده مسئول: a.shibak@yahoo.com

چکیده

نشخوار کنندگان کوچک از قبیل گوسفند و بز اساسا منابع مهم تامین کننده گوشت قرمز در بسیاری از کشورها خصوصا ایران هستند. نرخ رشد و وزن بلوغ از جمله صفات اقتصادی مهم در برنامه های اصلاح نژاد دام می باشند. گوسفند کردی خراسان شمالی دارای پتانسیل ژنتیکی مطلوب برای نرخ رشد بره ها، آداپته پذیری و مقاومت به بیماری ها می باشد. اطلاعات ژنتیکی و انتخاب به کمک نشانگر برای صفی خاص می تواند به وسیله شناسایی حیوانات حامل تنوع ژنتیکی مطلوب باعث بهبود دقت انتخاب و افزایش پیشرفت ژنتیکی شود. ژن لپتین می تواند به عنوان یک ژن کاندید برای صفات رشد باشد چرا که در تنظیم خوراک مصرفی، مصرف انرژی و فشار خون نقش قابل ملاحظه ای دارد. در این تحقیق به منظور بررسی چند شکلی ژن لپتین از ۱۲۰ راس گوسفند نر و ماده کردی خراسان شمالی بطور تصادفی خونگیری به عمل آمد. پس از استخراج DNA با استفاده از روش نمکی بهینه یافته، واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR) برای تکثیر قطعه ۲۷۵ جفت بازی اگزون شماره ۳ این ژن انجام شد. چند شکلی فضایی تک رشته ای (SCCP) محصولات RCR با استفاده از ژل اکریل آمید و رنگ آمیزی نیترات نقره بدست آمد. برای اگزون ۳ این ژن در نمونه مورد مطالعه ۳ الگوی بانندی AA، AB و BC مشاهده شد که فراوانی های آنها به ترتیب ۰/۲۷۵، ۰/۴۲۵ و ۰/۳۰ بود.

واژگان کلیدی: ژن لپتین- گوسفندان کردی شمال خراسان- چند شکلی.

مقدمه

با توجه به پیشرفتهایی که در زمینه ی ژنتیک مولکولی صورت گرفته است، استفاده از نشانگرهای DNA در اصلاح دام به علت تاثیر پذیرفتن از شرایط محیطی، زمینه ی مناسبی جهت بررسی صفات مهم در دامها و شناسایی سریع و دقیق ژنهای کنترل کننده ی صفات تولیدی را فراهم کرده است (9). شناخت ژنهای بزرگ اثر موثر بر صفات تولیدی از علاقمندی های اخیر محققان اصلاح نژاد دام می باشد. لپتین یک پروتئین ۱۶ کیلو دالتونی است. این هورمون در نتیجه ی جهش ایجاد شده در سطح ژن مسئول چاقی تولید می شود. منبع اصلی تولید و ترشح لپتین، سلول های بافت چربی یا آدیپوسیتها می باشند. لپتین عمده ترین کنترل کننده ی اشتها، متابولیسم انرژی بلوغ، سندرم چاقی، افزایش وزن، تغییر برون ده سمپاتیک و دیابت نوع دوم در انسان می باشد. ژن لپتین دارای ۳ اگزون و ۲ اینترون است و این ژن در انسان روی کروموزوم ۷ و در گاو، گوسفند و بز روی کروموزوم ۴ نقشه یابی شده است (11). لپتین، با نگهداری تعادل میان دریافت غذا و مصرف انرژی، وزن بدن را کنترل می کند (6، 8). چند شکلی ها در ژن لپتین گاو ارتباط معنی داری با مصرف غذا (7)، تولید شیر (5) و صفات کیفیت گوشت و لاشه (10) دارند. طهمورث پور و همکاران (2) برای اولین بار به بررسی چند شکلی ژن لپتین در گوسفندان بلوچی با استفاده از PCR-SSCP پرداختند و سه الگوی بانندی برای اگزون ۳ در ژن لپتین گزارش کردند. در بررسی چند شکلی ژن لپتین گوسفند کرمانی به روش SSCP ده الگوی بانندی مشاهده شد که نشان از چندشکلی بالا در این نژاد بود (1). با توجه به اطلاعات اندک مربوط به ژن لپتین در

گوسفندان ایران، بررسی چند شکلی این ژن و ارتباط با صفات مرتبط با خود، مهم و ضروری می باشد. هدف از تحقیق حاضر مطالعه چند شکلی اگزون ۳ ژن لپتین به روش PCR-SSCP بود.

مواد و روشها

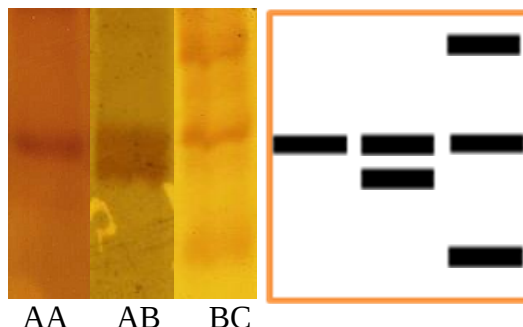
در پژوهش حاضر، از ۱۲۰ راس گوسفند کردی که در مرکز اصلاح نژاد شهرشیروان استان خراسان شمالی پرورش داده می- شدند، توسط ونژکت های حاوی EDTA خون گیری بعمل آمد و تا زمان استخراج DNA در دمای ۲۰ - درجه سانتیگراد نگهداری شدند. پس از استخراج DNA با استفاده از روش نمکی بهینه یافته، غلظت DNA نمونه های استخراج شده، با روش مبتنی بر اسپکتوفوتومتری تعیین شد. توالی هر یک از آغازگرهای استفاده شده بصورت ذیل بود:

LeptF: 5'-GCT CCA CCC TCT CCT GAG TTT GTC C-3
LeptR: 5-TGT CCT GTA GAG ACC CCT GTA GCC G-3

واکنش PCR در حجم ۲۵ میکرولیتر و با برنامه ی حرارتی ۹۵ درجه سانتیگراد جهت واسرشت اولیه ی DNA بمدت ۲۴۰ ثانیه، واسرشت ثانویه در دمای ۹۵ درجه سانتی گراد به مدت ۴۵ ثانیه، دمای ۶۷/۵ درجه سانتیگراد جهت اتصال آغازگرها بمدت ۵۵ ثانیه، دمای ۷۲ درجه سانتیگراد جهت بسط آغازگرها بمدت ۷۵ ثانیه و ۷۲ درجه سانتی گراد برای بسط نهائی به مدت ۶۰۰ ثانیه و به تعداد ۳۸ سیکل انجام شد. صحت طول قطعه بدست آمده از محصول PCR با استفاده از ژل آگارز ۱ درصد صورت گرفت. جهت انجام SSCP، ۴ میکرولیتر از محصولات تکثیر شده با ۸ میکرولیتر بافر بارگذاری SSCP Day مخلوط شد. میکروتیوب ها برای مدت ۱۰ دقیقه درون ترموسایکلر با دمای ۹۵ درجه سانتیگراد قرار داده شدند. سپس، بلافاصله پس از خارج کردن، میکروتیوب ها روی یخ قرار گرفتند. بعد از گذشت ۷-۵ دقیقه ۱۲ میکرولیتر از مخلوط محصولات PCR و بافر بارگذاری SSCP با استفاده از سیستم الکتروفورز عمودی حاوی بافر TBE 1X و با ولتاژ ۱۵۰ به مدت ۸-۱۰ ساعت روی ژل آکرل امید غیرواسرشته ساز ۱۰ درصد در دمای ۴ درجه سانتی گراد الکتروفورز شد. برای مشاهده ژنوتیپها از رنگ آمیزی نیترات نقره استفاده شد (۳). عکس های تهیه شده از ژل مورد نظر، بررسی والگوهای بانندی ایجاد شده شمارش شدند. بر اساس الگوهای بانندی ژنوتیپ حیوانات تعیین و سپس با استفاده از نرم افزار Pop GENE 32 معیارهای مربوط به چند شکلی ژن لپتین محاسبه گردید.

نتایج و بحث

تکثیر قطعه ۲۷۵ جفت بازی از اگزون ۳ ژن لپتین به کمک واکنش زنجیره ای پلی مراز با استفاده از آغازگرهای اختصاصی بخوبی صورت گرفت و صحت طول قطعات تکثیر شده با ژل آگارز 1 درصد تایید شد. چند شکلی فضائی تک رشته ای (SSCP) جایگاه ژنی لپتین در گوسفند کردی خراسان شمالی، بطور موفقیت آمیزی انجام شد و برای آن ۳ الگوی بانندی مشاهده شد (شکل ۱). آزمون کای اسکوار نشان داد که جمعیت مورد مطالعه برای این جایگاه ژنی در تعادل هاردی وینبرگ نبود که این امر می تواند به دلیل کوچک بودن جمعیت و اعمال گزینش در آن باشد. تعداد ژنوتیپ ها و درصد فراوانی آن ها در جدول ۱ و فراوانی آلی ژن لپتین نیز در جدول ۲ نشان داده شده است. میانگین شاخص شانون (I) و نئی (h) نیز به ترتیب ۱/۰۵ و ۲/۷۸ بود. با توجه به وجود چند شکلی و تنوع خوب ژن لپتین در این جمعیت، امید می رود که با بررسی بیشتر این ژن و ارتباط آن با صفات تولیدی خصوصاً صفات رشد بتوان از آن به عنوان شاخصی در انتخاب گوسفندان کردی شمال خراسان استفاده نمود.



شکل ۱- الگوهای بانندی حاصل از ژل آکریل آمید و رنگ آمیزی با نیترات نقره

جدول ۱- تعداد ژنوتیپ ها و درصد فراوانی آنها

الگوها	AA	AB	BC	جمع
تعداد	۳۶	۳۳	۵۱	۱۲۰
فراوانی (درصد)	۳۰	۲۷۵	۴۲۵	۱۰۰

جدول ۲- فراوانی آللی

آلل	A	B	C	جمع
فراوانی	۰/۴۳۷	۰/۳۵	۰/۲۱۲	۱

منابع

- ۱- شجاعی م. محمدآبادی م. ر. اسدی فوزی م. اسمعیلی زاده کشکوئیه ع. فردوسی م. ترابی ا. طیارزاده م. میرزاخانی ح. ۱۳۸۹. چگونگی استفاده از روش PCR-SSCP برای بررسی چند شکلی ژن لپتین گوسفند کرمانی. مجله پژوهش های علوم دامی - جلد ۲۰/ شماره ۲.
- ۲- طهمورث پور م. نصیری م. ر. انصاری م. هروی موسوی ع. وفای واله م. افتخار شاهرودی ف. ۱۳۸۷. بررسی چند شکلی ژن لپتین و ارتباط آن افزایش وزن روزانه در گوسفند بلوچی. سومین کنگره علوم دامی کشور. دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد.

- 3- Bassam BJ., G.C. Anolles P.M. Gresshoff. 1991. Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. Anal Biochem 196: 80-83.
- 4- Buchanan F.C., V. kessel A.G. Waldner. 2003. Hot topic. An Association between A Leptin single polymorphism and milk and protein yield, J Dairy Sci 86: 3164-3166.
- 5- Friedman J.M, J.L, Halaas. 1998. Leptin and the regulation of body weight in mammals. Nature 395: 763-770.

- 6- Lagonigro R.P., F. Wiener, J.A. Pilla J. Woolliams. 2003. A new mutation in the coding region of the bovine leptin gene associated with feed intake. *Anim Genetic* 34(5): 371-374.
- 7- Matarese G., A. La Cava, V. Sanna, G.M. Lord, R.I. Lechler S. Fontana. 2002. Balancing susceptibility to infection and autoimmunity: a role for leptin. *Trends in Immunology* 23:182-187.
- 8- Moores S., L.L. Sargeant, T.J. King, J.S. Mattick, M. Georges D.J.S. Hatzel. 1991. The conservation of dinucleotide microsatellites among mammalian genomes allow the use of heterologous RCR primer pairs in closely related species. *Genomics* 10:654-660.
- 9- Schenkel F.S., S.P. Miller, Ye. X. Moores S, J.D. Nkrumah C. Li. 2005. Association of single nucleotide polymorphisms in the leptin gene with carcass and meat quality traits of beef cattle. *J AnimSci* 83: 2009-2020.
- 10-Stone RT, S.M. Kappes C.W. Beattie. 1996. The bovine homolog of the obese gene maps to chromosome 4. *Mamm Genome* 7: 399-400.
- 11-Tessanne, K., H.C. Hines, M.E. Davis. 1999. Relationships of polymorphism in the bovine leptin gene with differences in beef carcass traits. The ohio state University Department of Animal Sci.
- 12-Zwierzchowski, L., J. Krzyzewski, N. Strzalkowska, E. Siadkowska and Z. Rynieweaz. 2002.

Effects of polymorphism of growth hormone, Pit-1, leptin gene, cows age, lactation stage and somatic cell count on milk yield and composition of Polish Black- White cows
Animal science papers and reports: Vol. 20(4): 213-27.

Study of genetic polymorphisms of Exon 3 leptin gene in north Khorasan Kourdi sheep
A Shibak^{1*}, MB Montazertorbate², H Farhangfar³, R Ashkanifar⁴, O Fanimacki⁵

1- Department of Animal Science, Agriculture Faculty, Birjand University. 2- Expert of Center Breeding Kourdi Sheeps North Khorasan

* Corresponding author E-mail address: a.shibak@yahoo.com

Abstract

Small ruminants such as sheep and goats are basically important source of supplying red meat in many countries as well as in Iran. The rate of growth and mature weight are important economic traits in sheep breeding programs. North KhorasanKurdi sheep has often the favorite genetic potential for growth rate of the lambs, adaptation and disease resistance. Marker-assisted selection and genotypic information provided by DNA testing could help to improve the accuracy of selection and increase the rate of genetic progress by identifying animals carrying desirable genetic variants for a given trait at an earlier age. Leptin gene may be one of the candidate genes for growth traits because of its role in food intake regulation, energy expenditure and blood pressure. In order to investigate leptin gene polymorphism blood samples were collected from 120 kurdi sheep located at the breeding center of north khorasankurdi sheep. DNA was extracted by salting out method and PCR-SSCP was used to amplify a fragment of 275 bp from third exon and to genotype all animal for this gene. The results showed that this region is polymorphic; three patterns were observed and frequencies were 0.3, 0.275 and 0.425 respectively.

Keywords: North KhorasanKurdisheep- Polymorphism- leptin gene

بررسی اثر فصل زایش، سن مادر(زایش) و جنس گوساله بر روی وزن تولد گوساله‌های بومی استان لرستان

همایون بنانی راد^{۱*}، جمال فیاضی^۲، الهام جاودان^۱ و فاطمه بیرانوند^۱

۱ - دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، ۲- استادیار دانشگاه کشاوری و منابع طبیعی رامین خوزستان، گروه

علوم دامی

* نویسنده مسئول: همایون بنانی راد، اهواز، ملاثنی، دانشگاه کشاوری و منابع طبیعی رامین خوزستان، گروه علوم

دامی، پست الکترونیک: homayonbananirad@yahoo.com

چکیده

وزن تولد به عنوان یکی از مهمترین فاکتورهای تأثیر گذار بر اقتصاد واحدهای گاو داری محسوب می شود بررسی عواملی که بر این فاکتور مهم (وزن تولد) تأثیر گذارند، برای بالا بردن بازدهی بهتر واحدهای تولیدی و کاهش خسارات اقتصادی و کاهش هزینه‌ها ضروری به نظر می‌رسد. در این پژوهش اثر فصل زایش، سن مادر و جنس گوساله بر روی وزن تولد گوساله‌های بومی استان لرستان مورد مطالعه قرار گرفت. داده‌های مورد استفاده، وزن تولد ۳۳۸۷ رأس گوساله نر و ماده متولد شده در سال‌های ۱۳۸۷ تا ۱۳۹۰ بودند. داده‌های آزمایشی با استفاده از نرم افزار SAS به کمک رویه GLM تجزیه شدند. نتایج تحلیل‌ها نشان داد که گوساله‌های متولد شده در زمستان (با متوسط ۳۲/۶۶ کیلوگرم) سنگین‌تر از گوساله‌های متولد شده در تابستان (۳۲/۴۷ کیلوگرم) و پاییز (۳۲/۶۲ کیلوگرم) و بهار با متوسط (۳۲/۳۲ کیلوگرم) می‌باشند ($p < 0/05$). میانگین وزن تولد گوساله‌های متولد شده در زایش‌های دوم تا چهارم به تدریج افزایش یافته و بیشترین و کمترین میانگین وزن تولد گوساله‌ها به ترتیب مربوط به زایش هفتم و نهم بودند ($p < 0/05$). اثر جنس بر روی وزن تولد گوساله‌های متولد شده معنی‌دار نبود ($p < 0/05$). با توجه به این یافته‌ها چنین استنتاج می‌شود که عوامل فصل زایش و سن مادر اثر معنی‌داری بر وزن تولد گوساله‌ها گذاشته‌اند و اگر بتوان برای تصحیح اثر هر عامل ضریب مناسب و معتبری پیدا نمود، می‌توان وزن گوساله‌ها را با یکدیگر مقایسه کرد و از آن در انتخاب بهترین تلیسه‌های جایگزین و یا گوساله‌های نر اصلاح نژادی بهره گرفت.

کلید واژه‌ها: وزن تولد، گوساله، بومی، فصل زایش، سن مادر، جنس گوساله

مقدمه

وزن تولد گوساله یکی از پارامترهایی که تأثیر مهمی بر رشد گوساله بخصوص در دوره قبل از شیرگیری دارد (۱۱). به عنوان نمونه در تحقیقات انجام شده مشخص شده است که به ازای هر کیلوگرم افزایش در وزن تولد، مصرف خوراک تا ۳۵ روزگی یک کیلوگرم بیشتر خواهد شد. همچنین به ازای هر یک کیلوگرم در افزایش وزن تولد، وزن از شیرگیری ۱/۵ کیلوگرم افزایش می‌یابد (۱۲). در نژادهای شیری تفاوت وزن تولد بین جنس‌ها متغیر و از ۰/۵ تا ۳/۶ کیلوگرم و بطور متوسط ۲ کیلوگرم در گوساله‌های نر بیشتر گزارش شده است (۵).

مواد و روش‌ها

داده‌های مورد استفاده در تحقیق حاضر مربوط به وزن تولد ۳۳۸۷ رأس گوساله متولد شده از سال ۱۳۸۷ تا ۱۳۹۰ در استان لرستان بودند. داده‌ها با استفاده از نرم افزار SAS آنالیز شدند. بررسی عوامل محیطی و موثر بر وزن تولد با استفاده از مدل زیر انجام گرفت:

$$Y_{ijk} = \mu + S_i + AM_j + SX_k + e_{ijk}$$

Y: وزن تولد هر گوساله

μ : میانگین وزن تولد گوساله

S_i : اثر فصل تولد بر روی وزن تولد گوساله در چهار سطح

AM_j : اثر شکم زایش بر روی وزن تولد گوساله در هشت سطح

Se_k : اثر جنس بر روی وزن تولد گوساله در دو سطح

e : خطای تصادفی برای هر مشاهده

در انتها بین سطوح مختلف هر عامل (موثر بر وزن تولد گوساله) به روش آزمون توکی در ۵ درصد مقایسه میانگین انجام شد.

نتایج

در جدول ۱ موجود در متن، میانگین‌های تصحیح شده و خطای معیار آنها برای وزن تولد گوساله‌ها به تفکیک فصل، سن مادر (زایش) و جنس ارائه شده است. بر اساس نتایج جدول ۱ عوامل فصل و سن مادر (زایش) بر وزن تولد گوساله اثر معنی‌داری نشان دادند ولی جنس اثر معنی‌داری نشان نداد ($p < 0.05$).

جدول ۱ جدول تجزیه واریانس عوامل در نظر گرفته شده بر روی وزن تولد گوساله

منبع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات جزء	F	pvalue
جنس	۱	۱۰/۰۷	۲/۰۳	۰/۱۵۴
شکم	۷	۲۵۸/۶۴	۷/۴۵	۰/۰۰۰۱
فصل	۳	۵۸/۳۱	۳/۹۲	۰/۰۰۸۳
خطا	۳۳۷۵	۱۶۷۲۷/۸۸		
کل	۳۳۸۶	۱۷۰۴۲/۹۶		

داشتن حداقل یک حرف مشابه در زایمانهای متفاوت بیانگر غیر معنی‌دار بودن است.

اثر جنس گوساله

در بررسی انجام شده جنس گوساله تاثیر معنی‌داری بر وزن تولد گوساله نشان نداد ($p < 0.05$). مشخص شده است که بطور کلی دوره آبستنی در زمانی که دام، گوساله نر در رحم دارد نسبت به زمانی که گوساله ماده دارد کمی طولانی‌تر است (۷). طولانی شدن دوره آبستنی می‌تواند بر روی سنگین‌تر شدن گوساله نر اثر گذار باشد (۶،۳،۱). جوهانسون و برگر اعلام نمودند که گوساله‌های نر به دلیل سنگین‌تر بودن ۲۵٪ بیشتر از گوساله‌های ماده در هنگام تولد به مراقبت و کمکهای زمان تولد نیاز دارند (۸).

اثر سن مادر

داده‌های این پژوهش نشان داد که اثر سن مادر (شکم) بر روی وزن تولد گوساله‌ها اثر معنی‌داری نشان دادند ($p < 0.05$). بدین ترتیب میانگین وزن تولد گوساله‌های متولد شده در زایش‌های دوم تا چهارم به تدریج افزایش یافته و بیشترین کمترین میانگین وزن تولد گوساله‌ها به ترتیب مربوط به زایش هفتم و نهم بودند ($p < 0.05$). گاوشیری در سن پنج تا شش سالگی به بلوغ فیزیولوژیکی می‌رسد و تا قبل از سن بلوغ فیزیولوژیکی، گاو آبستن (در حال رشد) با جنین داخل رحم خود، برای کسب مواد مغذی مورد نیاز جهت رشد بدن در رقابت می‌باشند (۴،۲). در زایش‌های ۴ و ۵ هنگامی که گاو به حداکثر رشد خود رسیده

است، سنگین ترین گوساله ها را نیز به دنیا می آورد (صرف نظر از تاثیر سایر عوامل). در تحقیق کرتز و همکاران وزن تولد گوساله های متولد شده در زایش های دوم به بعد با ۷ تا ۸ درصد افزایش گزارش شده است (۱۰).
جدول ۲ میانگین وزن تولد گوساله ها در زایش های مختلف (کیلوگرم)

زایش	دوم	سوم	چهارم	پنجم	ششم	هفتم	هشتم	نهم
تعداد	۱۵۶	۷۲۲	۴۳۴	۱۰۵۶	۲۷۶	۳۹۹	۱۵۴	۱۹۰
میانگین	۳۲/۲۷	۳۲/۴۱	۳۲/۸۳	۳۲/۵۷	۳۲/۴۶	۳۲/۹۸	۳۲/۶۲	۳۲/۷۹
SDE	±۰/۰۳۱	±۰/۰۳۱	±۰/۰۳۱	±۰/۰۳۱	±۰/۰۳۱	±۰/۰۳۱	±۰/۰۳۱	±۰/۰۳۱

داشتن حداقل یک حرف مشابه در زایمانهای متفاوت بیانگر غیر معنی دار بودن است.

اثر فصل زایش

نتایج این تحقیق نشان می دهد، بین میانگین وزن تولد گوساله های متولد شده در فصل بهار، تابستان، پاییز و زمستان تفاوت معنی داری وجود دارد ($p < 0.05$). به طوری که وزن تولد در فصل زمستان بیشترین مقدار و در فصل بهار کمترین مقدار را دارد (جدول ۳). بنابراین گوساله های سنگین تر را در زمستان و گوساله های سبک تر را در بهار خواهیم داشت و در فصول تابستان و پاییز وزن گوساله ها حد واسط این دو قرار خواهد داشت ($p < 0.05$). در گزارش جوهانسون و همکاران آمده است که گوساله هایی که در زمستان متولد شدند به دلیل وزن بیشتر، از ۳۶٪ خطر سخت زایی و مرگ و میر بیشتری نسبت به گوساله هایی که در تابستان متولد شدند، برخوردار بودند (۸). در تحقیقی گوساله های متولد شده در پاییز نسبت به گوساله های متولد شده در زمستان و بهار دارای وزن تولد و وزن از شیرگیری بیشتری بودند (۷).

جدول ۳ میانگین وزن تولد گوساله ها در فصول مختلف (کیلوگرم)

فصل	بهار	تابستان	پاییز	زمستان
تعداد	۵۳۳	۷۵۶	۹۳۹	۱۱۵۹
میانگین	۳۲/۳۲	۳۲/۴۷	۳۲/۶۲	۳۲/۶۶
SDE	±۰/۰۱۸	±۰/۰۱۸	±۰/۰۱۸	±۰/۰۱۸

داشتن حداقل یک حرف مشابه در زایمانهای متفاوت بیانگر غیر معنی دار بودن است.

بر اساس نتایج جدول ۱ عوامل فصل و سن مادر (زایش) بر وزن تولد گوساله اثر معنی داری نشان دادند ولی جنس اثر معنی داری نشان نداد ($p < 0.05$). میانگین وزن تولد گوساله های متولد شده در زایش های دوم تا چهارم به تدریج افزایش یافته و بیشترین کمترین میانگین وزن تولد گوساله ها به ترتیب مربوط به زایش هفتم و نهم بودند ($p < 0.05$). وزن تولد در فصل زمستان بیشترین مقدار و در فصل بهار کمترین مقدار را دارد (جدول ۳). بنابراین گوساله های سنگین تر را در زمستان و گوساله های سبک تر را در بهار خواهیم داشت و در فصول تابستان و پاییز وزن گوساله ها حد واسط این دو قرار خواهد داشت ($p < 0.05$).

منابع

۱. ضمیری، ج. ۱۳۷۲؛ تولید مثل در گاو، مرکز نشر دانشگاه شیراز، ترجمه.
۲. ضمیری، ج. ۱۳۷۲؛ پرورش گاوشیری، مرکز نشر دانشگاه شیراز.

۳. هاشمی، م. حسنی، س. ۱۳۷۲؛ فیزیولوژی تولید مثل، انتشارات فرهنگ جامع، ترجمه.

4. Berglund, B. and J. Philipsson. 1987; the influence of relative birth weight and certain other factors on calving performance in Swedish dairy cattle breeds. *Animal Reproduction Sci* .15: 1-2, 81-93.

5. Braude, R. and D. M. Walker. 1949. Mortality, weight, and body measurements at birth of dairy Shorthorn calves. *J. Agr.* 39: 156.

6. Gregory, K. E., S. E. Echtenkamp and L. V. Cundiff. 1996; Effects carcass traits and cow productivity. *J. Animal Sci* .74:6, 1223-1233.

7. Johanson, J. M. and P. J. Berger. 2003; Birth weight as a predictor of calving ease and prenatal mortality in Holstein cattle. *J. Dairy Sci* .86: 3745-3755.

8. Kertz, A. F., L. F. Reutzel, B. A. Barton and R. L. Ely. 1997; body weight, body condition score and wither height of prepartum Holstein cows and birth weight and sex of calves by parity. *J. Dairy Sci* .80: 3, 525-529.

9. Koch, Robert M. 1951; size of calves at weaning as a permanent characteristic of Herford cow. *J. Animal Sci* .10: 768.

10. Nugent, R. A., D. R. Notter and W. E. Beal. 1991; body measurements of newborn calves and relationship of shape to sire breeding values for birth weight and calving ease. *J. Animal Sci* .69: 6, 2413-2421.

11. Nugent, R. A., D. R. Notter. 1991; body measurements of crossbred calves sired by Simmental bulls divergently selected for progeny, first calf calving ease in relation to birth weight. *J. Animal Sci* .69:6, 2422-2433.

12. Robert, M. and R. T. Clark. 1985; influence of sex, season of birth and age of dam on economic traits in range beef cattle. *J. Animal Sci* .17: 1, 342.

Effects of birth season, maternal age and sex of calf on weight birth of local calves of Lorestan province

Homayoon Banani Rad^{1*}, Jamal Fayazi², Elham Javdan¹, Fatemeh Beyranvand¹

¹ MSc student, Ramin agriculture and Natural Resources University, ² Assistant professor, animal science department, Ramin agriculture and Natural Resources University

* Corresponding E-mail address : homayonbananirad@yahoo.com

Birth weight is considered one of the most effective factors on the economy of cattle herds. To improve the efficiency and decreasing the economic loss of producing units, examination of the factors which effect birth weight is very important. In this research the impact of season, the mother's age, and the gender of the native calves of Lorestan were studied. The using data was the birth weight of 3387 male and female calves born between 1387 and 1390. The experimental data was analyzed by the SAS software and the GLM method. The results show that the calves born in winter are heavier (32-66 kgs) than those of summer (32-47 kgs) and the spring and autumn calves are respectively 32 and 32/62 kilograms. The average weight of calves between the second and forth labor increases gradually and the lowest average of the birth weight belongs to the seventh and ninth labor. The factor of gender was not significant on the birth weight of the calves. Considering this data it can be deduced that the factors of age and season have had a significant effect on the birth weight of the newborn calves; and if one in order to remove the effect of each factor can find a suitable and valid coefficient they can compare the weight of the

calves with each other and benefit from that to fine the best “two-year-old female calves” and the “eugenic bull calves”.

Keywords: Birth Weight, Calf, Native, Calving season, Age of mother, Sex of calf

مقایسه برخی صفات ایمنی دو سویه از مرغان تجاری و بومی ایران

علی مقصودی^۱، رسول واعظ ترشیزی^۱، علی اکبر مسعودی^۱، محمدامیر کریمی ترشیزی^۲

^۱ دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح دام، دانشیار و استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران

^۲ استادیار گروه پرورش و تولید طیور، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران

چکیده

در این آزمایش از اطلاعات ۴۹ پرندگی لاین سنگین آراین (۲۶ پرندگی ماده و ۲۳ پرندگی نر) و ۷۹ پرندگی بومی (۴۰ پرندگی ماده و ۳۹ پرندگی نر) استفاده شد. برای تعیین عیار پادتن تولید شده علیه گلوبول قرمز گوسفند، از روش هم‌آگلوتیناسیون میکروتیتر استفاده شد. همچنین میزان ایمونوگلوبولین‌های Y و M نیز تعیین گردید. میانگین حداقل مربعات ($\pm SE$) میزان عیار پادتن‌های تولید شده در دو سویه ی آراین و بومی و دو جنس نر و ماده برآورد شد. پاسخ ایمنی کل و میزان ایمونوگلوبولین‌های Y بین پرندگان بومی و آراین تفاوت معنی‌داری داشت ($P < 0.001$)، ولی بین غلظت پلاسمایی ایمونوگلوبولین‌های M این دو سویه اختلاف معنی‌داری مشاهده نشد ($P > 0.05$). این نتایج نشان داد که سیستم ایمنی پرندگان بومی در تماس با عوامل بیماری‌زا پاسخ هم‌وال بیشتری نسبت به پرندگان آراین دارد. در بین تمام پرندگان، خروس‌های آراین پائین‌ترین پاسخ را نسبت به تزریق گلوبول قرمز گوسفندی از خود نشان دادند.

واژه‌های کلیدی: لاین آراین - مرغ بومی - ایمنی هم‌وال

مقدمه

طی بیش از ۶۵ سال، تمرکز بیش از حد اهداف اصلاح نژادی بر روی صفات تولیدی و برخی از صفات تولید مثلی در لاین‌های تجاری طیور و در عین حال عدم توجه کافی به صفات ایمنی موجب شده است که پاسخ ایمنی پرندگان تجاری در تماس با اجرام بیماری‌زا بطور قابل ملاحظه‌ای نسبت به اجدادشان کاهش یابد. درحالی‌که در اواسط قرن بیستم برای رسیدن یک پرندگی به وزن ۱۵۰۰ گرم به بیش از ۱۲۰ روز زمان نیاز بود، اما امروزه به کمک روش‌های مختلف انتخاب و آمیخته‌گری، این وزن به راحتی در ۳۰ روز حاصل می‌شود. این در حالی است که سیستم ایمنی پرندگی به طور طبیعی طی مدت ۱۲۰ روز قادر خواهد بود به تکامل مورد نیاز برای پاسخ‌گویی به نیازهای یک پرندگی ۱۵۰۰ گرمی دست یابد، بنابراین، برای پرندگی‌ای که طی ۳۰ روز به این وزن می‌رسد، سیستم ایمنی به اندازه کافی کارایی نخواهد داشت (۱). حساسیت بالای پرندگان گوشتی صنعتی موجب رواج مصرف انواع آنتی‌بیوتیک‌ها و داروها در این صنعت شده است که بطور جدی سلامت مصرف‌کنندگان را تهدید می‌کند (۲).

ایمونوگلوبولین‌ها دسته‌ای از مولکول‌های زیستی هستند که در سیستم ایمنی فعال هستند و با حرف اختصاری (Ig) نشان داده می‌شوند. ایمونوگلوبولین‌ها به طور اختصاصی علیه آنتی‌ژن‌ها یا پادگن‌ها ترشح می‌شوند و اگر برای آنتی‌ژنی ترشح شده باشد به آن آنتی‌بادی یا پادتن می‌گویند. ایمونوگلوبولین‌ها از نظر ساختمان سوم پروتئینی به شکل کروی هستند. به همین دلیل به آنها ایمونوگلوبولین می‌گویند که چهار بخش عمده در آنها قابل تشخیص است که عبارت‌اند از: آلبومین و گلوبولین‌های آلفا، بتا و گاما. ایمونوگلوبولین بیشتر در منطقه گاما قرار می‌گیرند و در دسته گاماگلوبولین‌ها هستند. ایمونوگلوبولین‌ها بر مبنای خواص فیزیکی، شیمیایی و ایمن‌شناختی به ۵ گروه عمده IgA، IgM، IgG، IgD، IgE تقسیم می‌شوند. IgG که شکل اختصاصی آن در مرغ IgY نامیده می‌شود، با ۴ فرم مختلف وظیفه تأمین ایمنی (برپایه آنتی‌بادی) در مقابل پاتوژن‌ها را دارد. این ایمونوگلوبولین

تنها پادتن (آنتی‌بادی) است که توانایی عبور از جفت و تأمین ایمنی جنین را دارا می‌باشد. IgM در لنفوسیت بی ساخته شده و توانایی تشکیل پیوند بالایی دارد.

دو ابزار مهم در اصلاح نژاد هر پرنده، انتخاب و آمیخته‌گری است. از آنجایی که انتخاب برای بهبود عملکرد پرندگان، طی سال‌ها فعالیت اصلاحی حاصل شده است، استفاده از روش انتخاب به منظور افزایش عملکرد سیستم ایمنی نیز ممکن است سال‌ها به طول انجامد. از طرفی پرندگان بومی که ذخایر ژنتیکی بسیار ارزشمندی در کشور ایران محسوب می‌شوند، به راحتی در محیط آلوده خارج از سالن‌های پرورش و بدون نیاز به افزودنی‌های شیمیایی و حتی واکسیناسیون در شرایط روستایی پرورش داده می‌شوند. از جمله مهمترین دلایلی که نژادهای بومی بصورت صنعتی پرورش داده نمی‌شوند، سطح تولید پائین آنها در مقایسه با نژادهای صنعتی است. چنانچه بتوان با آمیخته‌گری سویه‌های پرتولید صنعتی و نژادهای مقاوم بومی نتایج تولید کرد که سطح ایمنی و تولید مناسبی داشته باشند، می‌توان از نژاد سنتزی مزبور برای تولید جوجه یک روزه مورد نیاز کشور استفاده نمود. اما لازم است تفاوت در صفات ایمنی سویه‌های صنعتی و بومی کشور تعیین گردد. هدف این مطالعه بررسی تفاوت در عملکرد سویه‌های بومی و پرتولید کشور از نظر برخی فاکتورهای ایمنی خونی بود.

مواد و روش‌ها

در این آزمایش از اطلاعات ۴۹ پرنده سنگین وزن لاین آرین (۲۶ مرغ و ۲۳ خروس) و ۷۹ مرغ بومی (۴۰ مرغ و ۳۹ خروس) استفاده شد. پرندگان سویه آرین از ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد مرغ لاین آرین واقع در بابلکنار و پرندگان بومی از ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد مرغ بومی استان آذربایجان غربی، با سن تقریبی ۱۰ هفته، به مرغداری دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس انتقال داده شدند. این پرندگان، که هویت آن‌ها با شماره بالی ثبت شده است، با شرایط یکسان در قفس‌های انفرادی در یک سالن نگهداری شدند. جیره‌ی غذایی پرندگان در طی دوره‌ی پرورش ترکیب مشابه داشته و به صورت کنترل شده در اختیار آن‌ها قرار داده شد. در سنین ۲۰ و ۲۱ هفتگی مقدار ۰/۲ میلی‌لیتر از سوسپانسیون گلبول قرمز گوسفند (SRBC) ۵ درصد در بافر فسفات استریل، به عضله سینه تمام پرندگان تزریق شد. پس ۷ روز (سن ۲۲ هفتگی) از ورید بال تمامی پرندگان نمونه خون در سرنگ آغشته به EDTA گرفته شد. از این نمونه‌ها برای تعیین میزان پاسخ ثانویه ایمنی همورال استفاده شد. روش تعیین عیار پادتن تولید شده علیه گلبول قرمز گوسفند، هم‌آگلوتیناسیون میکروتیتر بود (۳ و ۴). برای تعیین میزان ایمونوگلوبولین‌های Y (IgY) و M (IgM) به طور جداگانه از ۲- مرکاپتواتانول استفاده شد. تمام قسمت‌های کار مشابه مرحله قبل بود با این تفاوت که ۲۵ میکرولیتر از ۲- مرکاپتواتانول ۰/۰۲ مولار نیز با ۲۵ میکرولیتر از هر نمونه پلاسما مخلوط شد. برای تجزیه و تحلیل داده‌های مربوط به صفات ایمنی همورال در سویه‌های بومی و آرین به تفکیک جنس از مدل‌های آماری ۱ و ۲ استفاده شد:

$$y_{ij} = \mu + H_i + e_{ij} \quad \text{مدل ۱}$$

$$y_{ij} = \mu + S_i + e_{ij} \quad \text{مدل ۲}$$

در این مدل‌ها y_{ij} ، عملکرد هر یک از صفات ایمنی پرندگان (آنتی‌بادی کل و ایمونوگلوبولین‌های Y و M) در دوسویه بومی و آرین و به تفکیک جنس؛ μ ، میانگین؛ H_i ، آلمین سویه (آرین و بومی)، S_i ، آلمین جنس از هر یک از دو سویه (خروس‌های آرین،

مرغ آرین، خروس بومی و مرغ بومی) می‌باشد. داده‌ها با استفاده از روش GLM و توسط نرم‌افزار SAS تجزیه و تحلیل شدند (۵). برای مقایسه میانگین‌ها از روش توکی استفاده شد.

نتایج و بحث

در جدول ۱ میزان عیار پادتن‌های تولید شده علیه گلبول قرمز گوسفند در پاسخ ثانویه پرندگان آرین و بومی به صورت پادتن کل (anti-SRBC)، آنتی‌بادی حساس به ۲- مرکاپتواتانول (IgM) و همچنین آنتی‌بادی مقاوم به ۲- مرکاپتواتانول (IgY) نشان داده شده است. نتایج نشان داد که بین پاسخ ایمنی کل و IgY پرندگان بومی و آرین تفاوت معنی داری وجود داشت ($P < 0.001$)؛ ولی از نظر غلظت پلاسمایی IgM بین این دو سویه اختلاف معنی داری مشاهده نشد ($P > 0.05$). بنابراین می‌توان انتظار داشت که سیستم ایمنی پرندگان بومی در تماس با عوامل بیماری‌زا پاسخ همورال بیشتری نسبت به پرندگان آرین از خود نشان دهند. میزان عیار پادتن‌های تولید شده علیه گلبول قرمز گوسفند در پاسخ ثانویه پرندگان آرین و بومی به تفکیک جنس در جدول ۲ ارائه شده است. همان‌طور که مشاهده می‌شود که بین پرندگان آرین از نظر پادتن کل و IgY، دو شکلی جنسی وجود دارد. به عبارت دیگر، پرندگان نر با دریافت SRBC نسبت به پرندگان ماده آرین از نظر آماری پاسخ ایمنی همورال پائین‌تری را نشان داده‌اند. این در حالی است که بین پرندگان نر و ماده بومی برای تمامی صفات اندازه‌گیری شده از نظر آماری تفاوت معنی داری مشاهده نشد. در مقایسه‌ی تفاوت بین دو جنس پرندگان، نکته قابل توجه عدم تفاوت معنی داری میزان عیار پادتن‌های تولید شده علیه گلبول قرمز گوسفند در مقایسه پرندگان ماده آرین با سویه بومی است. در این آزمایش عملکرد پرندگان ماده سویه آرین در مورد صفات پادتن کل و IgY هیچ‌گونه تفاوتی معنی‌داری با عملکرد پرندگان بومی نداشت. مقدار IgM پلاسمای پرندگان آرین و بومی در پاسخ به تزریق سینه‌ای گلبول قرمز گوسفند نیز معنی‌دار نبود ($P > 0.05$).

نتیجه‌گیری

گرچه بین عملکرد صفات ایمنی خونی مرغ‌های پرتولید آرین با سویه بومی تفاوت معنی‌داری مشاهده نشد، اما بین پرندگان نر آرین با سویه بومی تفاوت معنی‌داری از نظر آماری وجود داشت. بنابراین با توجه به وزن بیشتر سویه آرین نسبت به سویه بومی و در مقابل پاسخ بالاتر سویه بومی نسبت به پرندگان نر آرین، به نظر می‌رسد در صورت تولید نتاج آمیخته‌ای که پدرشان آرین و مادرشان بومی باشد، نتاجی با عملکرد مناسب از لحاظ پاسخ ایمنی تولید شود. با وجود این، لازم است صفات ایمنی دیگری برای اثبات این تفاوت مورد بررسی قرار گرفته و نتاج آمیخته آن‌ها نیز مقایسه شوند.

جدول ۱. میانگین حداقل مربعات ($\pm SE$) میزان عیار پادتن‌های تولید شده علیه گلبول قرمز گوسفند در دو سویه آرین و بومی

تعداد پرندگان	پادتن کل	IgY	IgM	
۴۹	5.458 ± 0.28^a	4.437 ± 0.28^a	1.021 ± 0.09	لاین آرین
۷۹	6.443 ± 0.22^b	5.589 ± 0.22^b	0.855 ± 0.07	مرغ بومی
	۰/۰۰۷	۰/۰۰۲	۰/۱۳۰	P-value

جدول ۲. میانگین حداقل مربعات ($\pm SE$) میزان عیار پادتن های تولید شده علیه گلبول قرمز گوسفند به تفکیک جنس در دو سویه آراین و بومی

IgM	IgY	پادتن کل	تعداد پرندگان	
$1/0.91 \pm 0.13$	$^a 3/318 \pm 0.40$	$^a 4/409 \pm 0.40$	۲۳	خروس آراین
$0/962 \pm 0.12$	$^b 5/385 \pm 0.36$	$^b 6/346 \pm 0.37$	۲۶	مرغ آراین
$0/744 \pm 0.09$	$^b 5/474 \pm 0.30$	$^b 6/218 \pm 0.30$	۳۹	خروس بومی
$0/963 \pm 0.09$	$^b 5/700 \pm 0.29$	$^b 6/663 \pm 0.30$	۴۰	مرغ بومی
۰/۱۳۸	۰/۰۰۰	۰/۰۰۰		P-value

تقدیر و تشکر

نویسندگان این مقاله از کارکنان و کارشناسان مرکز پرورش و اصلاح نژاد مرغ بومی استان آذربایجان غربی بخصوص آقایان بستانچی و عزیزاده و همچنین کارکنان و کارشناسان مرکز پرورش و اصلاح لاین گوشتی آراین بویژه آقایان ملاصالحی، اقبالیان و یوسفی تقدیر و تشکر بعمل می آورند.

منابع

- Decuyper E, Bruggeman V, Barbato GF, & Buyse J (2003) Growth and Reproduction Problems Associated with Selection for Increased Broiler Meat Production. Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology, eds Muir WM & Aggrey SE (CABI Publishing), pp 13-28.
- Koeleman E (2010) Antibiotic resistance a hot topic among veterinarians. World Poultry 26(6):10-11.
- Wegmann T & Smithies O (1966) A simple hemagglutination system requiring small amounts of red cells and antibodies. Transfusion 6:67-75.
- Peterson AL, Qureshi MA, Ferket PR, & Fuller JCJ (1999) Enhancement of cellular and humoral immunity in young broilers by the dietary supplementation of β -hydroxy- β -methylbutyrate. Immunopharmacology and Immunotoxicology 21(2):307-330.
- SAS Institute. 2007. SAS/STAT User's Guide. Version 9.2 ed. SAS Institute Inc., Cary, NC.

Comparison of some immune traits in two strains of Iranian commercial and native hens
Ali Maghsoudi¹, Rasoul Vaez Torshizi¹, Ali Akbar Masoudi¹, Mohammad Amir Karimi Torshizi²

¹PhD student of animal genetics and breeding, Associate and Assistant professors of animal science department, agriculture faculty, Tarbiat Modares University, Tehran; ²Assistant professor of poultry science department, agriculture faculty, Tarbiat Modares University, Tehran

Abstract

In the current study, information of 49 heavy birds of the Arian line (26 females and 23 males) and 79 native birds (40 female and 39 male) were used. Microtitr haemagglutination method was

utilized for determine the titration of produced antibody against sheep red blood cell. Indeed, titers of immunoglobulin Y and M were measured. Least square means ($\pm$ SE) were estimated for titration of produced antibodies between two strains and sexes. According to the estimated values, total immune response and IgY were significantly different between Arian and native strains ($P<0.001$), however, differences in plasma levels of IgM in both strains were not statistically significant ($P>0.05$). Hence, it is expected that the immune system of native fowls show higher response against antigens than those of Arian birds. Among all of examined birds, Arian male birds showed lower response to sheep red blood cell injection.

Key words: Arian line – native fowl – humoral immunity

بررسی روند تغییرات همخوانی طی نسل های متوالی و اثر آن بر صفات تولیدی در یک جمعیت شبیه سازی شده از گاوهای

هلشتاین ایران

محمد محمودزاده^۱، محمدباقر منتظر تربتی^۲، حسین نعیمی پور^۲

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه بیرجند ۲- عضو هیئت علمی دانشگاه بیرجند

msoorena@gmail.com

چکیده:

از آنجا که میزان همخوانی در گاوهای هلشتاین ایران برای صفات تولیدشیر، تولیدچربی و تولید پروتئین، به ترتیب: ۳/۱۳، ۳/۱۱ و ۳/۳۸ درصد می باشد با استفاده از نرم افزار *populus*، یک جمعیت ۲۰۰ راسی از گاوهای هلشتاین ایران را به منظور بررسی روند همخوانی و تاثیر آن بر صفات تولیدی مذکور طی ۲۰ نسل آمیزش خویشاوندی بررسی نمودیم. داده های مربوط به ضرایب F_t ، F_a و F_f که به ترتیب عبارتند از: ضریب همخوانی نظری، فراوانی واقعی افراد هموزایگوس در جمعیت و هموزایگوسیتی جمعیت، از خروجی نرم افزار بدست آمد و سپس به منظور بررسی ارتباط آماری از نرم افزار *SPSS* استفاده گردید. نتایج نشان داد که در مورد صفت تولیدشیر ضریب F_t با F_a و ضریب F_a با F_f تفاوت معنی دار آماری دارند ($P < 0.05$) اما بین F_f و F_t تفاوت معنی داری مشاهده نشد. در رابطه با صفت تولید چربی، F_t با F_f ، تفاوت معنی دار آماری نشان داد که بیان می کند کاهش هتروزیگوسیتی در طول زمان با افزایش هموزایگوسیتی جمعیت ارتباط معنی داری دارد. در رابطه با صفت تولید پروتئین، بین F_t و F_a و همچنین بین F_f و F_t ، تفاوت معنی دار آماری مشاهده گردید که نشان می دهد کاهش هتروزیگوسیتی بر اثر همخوانی برای صفت تولید پروتئین به میزان واقعی هموزایگوسیتی افراد در جمعیت و نه هموزایگوسیتی جمعیت، مربوط می شود.

کلمات کلیدی: همخوانی - صفات تولیدی - *populous* - شبیه سازی - گاو هلشتاین.

مقدمه:

اسپریم گاوهای نر به طور گسترده هایدربینگله های مختلف استفاده می شود که منجر به ایجاد رابطه خویشاوندی بین دخترانی میشود که ممکن است از لحاظ جغرافیایی فاصله زیادی با هم داشته باشند. به علاوه انتخاب برای اهداف اصلاح نژادی مشابه، باعث استفاده از گاوهای نر محدودی به عنوان والدین نسل بعدی می شود. این پیشرفت ها در زمینه اصلاح نژاد احتمال تولید حیوانات این برد را افزایش داده است. یک تصور اشتباه نسبت به همخوانی این است که خیلی ها فکر می کنند همخوانی همان هموزیگوسیتی است. در حالی که همخوانی میزان هموزیگوسیتی مازاد میباشد (۲). اگر چه میزان همخوانی به صورت خطی افزایش نمیابد ولی چنانچه اثر لوکوسها افزایشی باشد با افزایش همخوانی عملکرد فنوتیپی به صورت خطی کاهش میابد. این بریدینگ به اندازه مؤثر جمعیت بستگی دارد. از آنجا که در حیوانات اهلی اغلب جنس های نر و ماده به تعداد نا برابری در آمیزش ها و در نتیجه تشکیل نسل بعد مشارکت می کنند، برای محاسبه تعداد مؤثر جمعیت از فرمول تقریبی زیر استفاده میشود (۲):

$$N_e = \frac{4N_m N_f}{N_m + N_f}$$

N_m تعداد نرها، N_f تعداد ماده ها، N_e اندازه مؤثر جمعیت

چشمگیرترین پیامد این بریدینگ کاهش فنوتیپی صفاتی است که با کارایی فیزیولوژیکی و ظرفیت تولیدمثلی در ارتباط هستند که به این پدیده پسروری در نژادآوری (Inbreeding Depression) گفته می شود (۳ و ۴).

مواد و روش:

تعداد حیوانات در جمعیت شبیه سازی شده مورد نظر ۲۰۰ راس در نظر گرفته شد که به مدت ۲۰ نسل آمیزش خویشاوندی داشتند. به منظور بررسی روند همخوانی و اثر آن بر صفات تولیدی از نرم افزار Populus(version 5.4) استفاده گردید. صفات تولیدی بررسی شده شامل صفت تولید شیر، تولید چربی و تولید پروتئین می باشد که به ترتیب با MY، FY و PY نشان داده می شوند. در نرم افزار Populus برای بررسی همخوانی از سه نوع ضریب: F_t ، F_a و F_f استفاده می شود. F_t مربوط به ضریب همخوانی نظری بر اساس کاهش هتروزیگوسیتی در طول زمان می باشد که این کاهش هتروزیگوسیتی از معادله زیر قابل محاسبه است.

$$H_t = (1 - 1/2N_e)^t H_0$$

معادله شماره ۱

H_t = هتروزیگوسیتی در نسل t، H_0 = هتروزیگوسیتی در نسل پایه، t = زمان یا تعداد نسل، N_e = اندازه موثر جمعیت که از معادله زیر قابل محاسبه است.

$$N_e = 1/2F_t$$

معادله شماره ۲

با جایگزینی معادله ۲ در معادله ۱ داریم:

$$H_t = (1 - F_t)^t H_0$$

معادله شماره ۳

F_a ، فراوانی واقعی افراد هموزایگوت در جمعیت می باشد که در خارج از نرم افزار Populus، F_i نامیده می شود. F_f ، هموزایگوسیتی جمعیت می باشد. با توجه به آنکه رکوعی و همکاران در سال ۱۳۹۰ ضریب همخوانی اولیه (initial F) را در گاوهای هلشتاین ایرانی در دوره شیردهی اول برای صفات تولید شیر، چربی و پروتئین به ترتیب: ۳/۱۳، ۳/۱۱ و ۳/۳۸، گزارش کردند (۱)، مقادیر ضرایب F_t ، F_a و F_f برای جمعیت مذکور برای صفات تولیدی مورد نظر، با استفاده از Populus محاسبه گردید و گراف های مربوطه بدست آمد سپس به منظور بررسی ارتباط آماری بین ضرایب مذکور (F_t ، F_a ، F_f) از نرم افزار SPSS استفاده شد. مقادیر N_e و H_t با توجه به معادله شماره ۳ و ۲ محاسبه گردید.

نتایج:

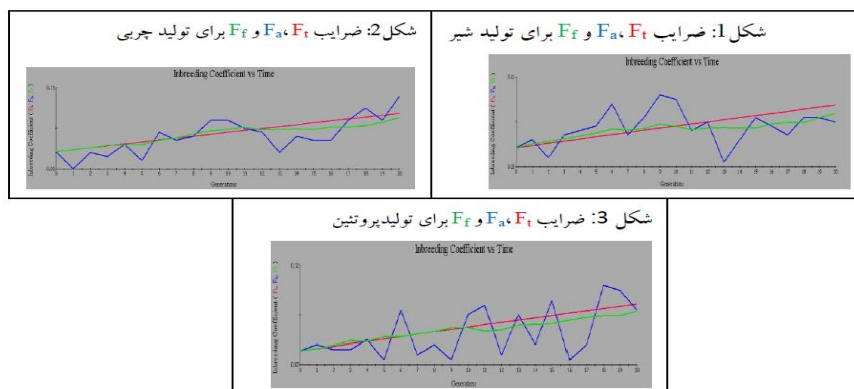
با توجه به جدول شماره یک نتایج نشان داد که در مورد صفت تولید شیر (MY)، ضریب F_t با F_a و ضریب F_a با F_f تفاوت معنادار آماری دارند اما بین F_t و F_f تفاوت معناداری مشاهده نشد. در رابطه با صفت تولید چربی (FY)، F_t با F_f ، تفاوت معنادار آماری نشان داد که بیان می کند کاهش هتروزیگوسیتی در طول زمان با افزایش هموزایگوسیتی جمعیت ارتباط معناداری دارد. در رابطه با صفت تولید پروتئین، بین F_t و F_a و همچنین بین F_t و F_f ، تفاوت معنادار آماری مشاهده گردید که نشان می دهد کاهش هتروزیگوسیتی بر اثر همخوانی برای صفت تولید پروتئین به میزان واقعی هموزایگوسیتی افراد در جمعیت و نه هموزایگوسیتی جمعیت، مربوط می شود.

جدول شماره یک: آمار توصیفی ضرایب (F_t ، F_a ، F_f) صفات تولیدی شیر، تولید چربی و تولید پروتئین

آمار توصیفی	تولید شیر			تولید چربی			تولید پروتئین		
	F_t	F_a	F_f	F_t	F_a	F_f	F_t	F_a	F_f
میانگین	0/055138a	0/045062b	0/053981a	0/053018b	0/048624ab	0/054943a	0/057285a	0/049705b	0/0575777a
انحراف معیار	0/0191867	0/0146748	0/0172307	0/0141180	0/0220425	0/0146778	0/0140953	0/0156694	0/0146369

بحث:

با توجه به نتایج می توان گفت که تولید شیر و همچنین تولید پروتئین بر اثر همخوانی می تواند تحت تاثیر هر سه فاکتور F_a ، F_t و F_f قرار گیرند در حالی که مقدار چربی تنها تحت تاثیر دو فاکتور F_t و F_f قرار دارد. با توجه به معادله ۳ و ۲، مقدار H_t در نسل ۱۱ برای صفات تولید شیر، چربی و پروتئین به ترتیب: ۰/۵۲، ۰/۵۲ و ۰/۵۱ و مقادیر N_e به ترتیب: ۸/۶، ۸/۷ و ۸/۳ می باشد که از این مقادیر استنباط می شود حداکثر استفاده از یک یا چند اسپرم خاص در یک جمعیت از گاوهای هلشتاین ایران در حدود ۱۰ سال می باشد از آنجا که میزان هتروزیگوسیتی برآورد شده براساس معادله ۳ در نسل ۵ برای صفات تولیدی مورد نظر به ترتیب ۰/۸، ۰/۸ و ۰/۷۹ می باشد، توصیه می شود برای داشتن عملکرد تولیدی بهینه هر ۵ الی ۶ سال از اسپرم های جدید در گله استفاده شود (اشکال ۱ و ۲ و ۳).



منابع:

- ۱- رکوعی م.ر.، واعظ ترشیزیم.، مرادی شهربابک م.، سرگل زایی ا.، کریستین سورنسن. ۱۳۹۰. اثر همخوانی بر پارامترهای صفات تولیدی و تولید مثل و روند ارزش های اصلاحی گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران. ۱(۴۲): ۱-۱۰.
 - 2-Cassell, B. G., V. Adames and R. E. Pearson. 2003. Effect of incomplete pedigree on estimates of inbreeding depression for days to first service and summit milk yield in Holsteins and Jersey. J. Dairy Sci. 86:2967-2976.
 - 3-Cassel, B. G. 2007. Mechanisms of inbreeding depression and heterosis for profitable dairying. Virginia Polytechnic Institute and State University, Blacksburg.
 - 4-Sewalem, A., G. J. Kistemaker, F. Miglior and B. J. Vandoormal. 2006. Analysis of inbreeding and its relationship with functional longevity in Canadian dairy cattle. J. Dairy Sci. 89:2210-2216.
- Investigation of Inbreeding coefficient trend over consecutive generations and its effect on milk production traits in a simulated population from of Iranian Holstein dairy cattle

M. Mahmoodzadeh¹, M B. Montazer Torbati², H. Naeemipour²
 1-graduate student at the University of Birjand. 2-Birjand university
msoorena@gmail.com

Abstract

Previous studies show that the average of inbreeding coefficient in Iranian Holstein dairy cattle for milk, fat and protein yield is 3.13, 3.11 and 3.28 percent respectively. In order to investigate the inbreeding coefficient trend and its effect on production traits during 20 generations of inbreeding mating system, a population of 200 dairy cattle was simulated using Populus program. The results showed three types of inbreeding coefficients: F_t is the "theoretical"

inbreeding coefficient based on the decline in heterozygosity over time, F_a (actual frequency of homozygous individuals in the population) and F_f (population homozygosity) are both based on the observed frequency of homozygotes genotypes in the simulated population. Results showed significant difference between the coefficients of F_t with F_a and F_a with F_f for milk yield trait ($P < 0.05$). For fat percentage F_t and F_f had a significant difference ($P < 0.05$) that explain the decline in heterozygosity over time is related to increasing in homozygosity in population. Results also showed significant difference between F_t & F_a and F_t & F_f for protein percentage that elucidate the decline in heterozygosity by inbreeding is related to the real amount of individual homozygosity in population and not population homozygosity.

Key words: inbreeding- production traits- populous- simulation- Holstein cattle.

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن تولد و وزن شیرگیری در گوسفند مغانی

فریبا نایری کلخوران^{۱*}، مراد پاشا اسکندر نسب^۲ و رضا سید شریفی^۳

^{۱، ۲} گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان و ^۳ گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه اردبیل

* نویسنده مسئول Email: faribanayeri65@gmail.com

چکیده

به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن تولد و وزن از شیرگیری از اطلاعات ۱۲۴۰۰ رأس گوسفند مغانی که طی ۲۲ سال (۱۳۶۷-۱۳۸۸) توسط ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند مغانی جمع‌آوری شده بود استفاده گردید. پارامترهای ژنتیکی با ۱۲ مدل مختلف در قالب مدل دام با روش REML و با استفاده از نرم افزار Wombat برآورد شدند. از آزمون AIC برای تعیین مدل مناسب برای هر صفت استفاده شد. مدل مناسب برای آنالیز وزن تولد، شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی مادری، ژنتیکی افزایشی مادری و محیط مشترک بود. برای وزن شیرگیری مدل مناسب شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیک افزایشی مادری، همبستگی بین ژنتیک افزایشی مستقیم و مادری و محیط مشترک بود. ضریب وراثت پذیری مستقیم برای صفات وزن تولد و وزن شیرگیری به ترتیب 0.09 ± 0.02 و 0.11 ± 0.02 برآورد شد. وراثت پذیری مادری برای صفات مورد مطالعه به ترتیب 0.09 ± 0.02 و 0.11 ± 0.02 برآورد گردید. همچنین محیط مشترک برای هر دو صفت مؤثر بوده است. کلمات کلیدی: گوسفند مغانی، وزن تولد، وزن شیرگیری، وراثت‌پذیری، پارامترهای ژنتیکی

مقدمه

گوسفند مغانی یکی از مهمترین نژاد گوشتی کشور است و قابلیت خوبی برای تولید بره‌های سنگین را دارد (۴). محققین امکان استفاده از معیارهای مختلف را برای انتخاب در قوچ‌ها و میش‌ها به منظور افزایش بهره‌وری گزارش کردند. در این گزارش-ها غالباً برای انتخاب میش‌ها صفات مربوط به تولیدمثل و برای قوچ‌ها صفات مربوط به رشد را به عنوان معیار انتخاب پیشنهاد نموده‌اند. از آنجایی که تولید گوشت یکی از مهمترین پارامترهای تعیین کننده سود اقتصادی در پرورش گوسفند در ایران می‌باشد لذا جهت دستیابی به حداکثر راندمان تولید گوشت، صفات رشد اغلب به عنوان یک معیار مناسب برای انتخاب جهت بهبود راندمان تولید گوشت از طرف پژوهشگران پیشنهاد شده است (۴). همچنین اهمیت تخمین وراثت‌پذیری صفات در اصلاح نژاد برای پیش‌بینی ارزش ارثی افراد و پاسخ به انتخاب است که با شناخت آن می‌توان مناسبترین روش انتخاب و سیستم آمیزش را در گله اجراء نمود. بنابراین هدف از این تحقیق برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات قبل از شیرگیری در بره‌های گوسفند مغانی می‌باشد (۱ و ۵).

مواد و روش‌ها

در این پژوهش از ۱۲۴۰۰ رکورد مربوط به وزن تولد و وزن شیرگیری که طی سالهای ۱۳۶۷ تا ۱۳۸۸ توسط ایستگاه اصلاح-نژاد گوسفند جعفرآباد مغان جمع‌آوری شده بود، استفاده گردید. صفات مورد مطالعه در این بررسی شامل وزن تولد و وزن شیرگیری بود. ویرایش و تنظیم داده‌ها با نرم‌افزار Microsoft visual FoxPro 9.0 (2009) و تهیه فایل شجره با نرم افزار

Excel انجام شد. مؤلفه های واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورد مطالعه با روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) و با استفاده از نرم افزار Wombat و با در نظر گرفتن ۱۲ مدل زیر برآورد

$y = Xb + Z_a a + e$	مدل ۱
$y = Xb + Z_a a + Z_c c + e$	مدل ۲
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$	مدل ۳
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$	مدل ۴
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$	مدل ۵
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$	مدل ۶
$y = Xb + Z_a a + Z_l l + e$	مدل ۷
$y = Xb + Z_a a + Z_c c + Z_l l + e$	مدل ۸
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e$	مدل ۹
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e$	مدل ۱۰
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_l l + e$	مدل ۱۱
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_l l + e$	مدل ۱۲

شدند.

در این مدل ها: y بردار مشاهدات، b بردار اثرات عوامل ثابت، a بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، m بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، c بردار اثرات محیطی دائمی مادری، l بردار اثرات محیط مشترک، e بردار اثرات باقیمانده و A ماتریس رابطه خویشاوندی است. X, Z_a, Z_c, Z_m, Z_l ماتریس های طرح هستند، که ارتباط اثرات ثابت، ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات محیطی دائمی مادری، اثرات ژنتیکی افزایشی مادری و اثرات محیط مشترک را با بردار مشاهدات برقرار می کنند. همچنین σ_{am} کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی افزایشی مادری را نشان می دهد. جهت تعیین مناسب ترین مدل از رابطه زیر استفاده شد.

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

در این رابطه: AIC_i معیار آکایک، $\log L_i$ نسبت لگاریتم درستنمایی، P_i تعداد پارامترهای موجود در مدل است. در نهایت مدلی که کمترین مقدار AIC را داشت به عنوان مناسب ترین مدل در نظر گرفته شد (۳).

نتایج و بحث

همانطور که در جدول ۱ نشان داده شده است مدل مناسب برای آنالیز وزن تولد، شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی مادری، ژنتیکی افزایشی مادری و محیط مشترک بود (مدل ۱۱). برای وزن شیرگیری مدل مناسب شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیک افزایشی مادری، همبستگی بین ژنتیک افزایشی مستقیم و مادری و محیط مشترک بود (مدل ۱۰).

جدول ۱: معیار آکایک* برای تعیین مدل دام مناسب

مدل	وزن تولد	وزن شیرگیری
۱	۳۴۵/۸۱	۴۳/۱۸
۲	۲۰۵/۱۴	۳۲/۱۴
۳	۲۰۶/۵۶	۲۷/۷۴
۴	۲۰۸/۰۲	۱۲/۹
۵	۱۸۹/۶۲	۲۹/۱۳
۶	۱۹۱/۳	۱۳/۷۸
۷	۷۷/۵۱	۲۳/۱۳
۸	۱۸/۷۱	۱۹/۶۹
۹	۲/۰۸	۱۴/۵۲
۱۰	۳/۴	۰
۱۱	۰	۱۶/۵۲
۱۲	۱/۳۸	۱/۸۹

※: تمام اعداد هر ستون در جدول ۱ از کمترین عدد (مناسب ترین مدل) کسر شده است.

نتایج پارامترهای ژنتیکی برآورد شده برای صفات مورد مطالعه در جدول ۲ ارائه شده است، ضریب وراثت پذیری مستقیم برای صفات وزن تولد و وزن شیرگیری به ترتیب 0.09 ± 0.02 ، 0.19 ± 0.04 برآورد شد که مقدار وراثت پذیری با افزایش سن از تولد تا شیرگیری افزایش یافته است که یکی از دلایل آن این است که با افزایش سن صفات بیشتر تحت تاثیر اثرات ژنتیکی مستقیم دام است که این نتایج با نتایج سایر محققین مطابقت دارد (۳). همچنین محیط مشترک برای هر دو صفت مؤثر بوده است که احتمالاً مهمترین دلیل آن بالا بودن میزان دوقلو زایی در این نژاد بوده است. نتایج مشابهی برای بز مرخز گزارش شده است و اثر محیط مشترک در این نژاد یک عامل معنی دار بوده است (۶). مقدار وراثت پذیری مادری برای صفات وزن تولد و وزن شیرگیری به ترتیب 0.09 ± 0.02 و 0.11 ± 0.02 برآورد گردید که مقدار وراثت پذیری مادری برای صفت وزن از شیرگیری نسبت به وراثت پذیری مستقیم کمتر برآورد گردید که این نتایج با نتایج دیگر محققین دیگر مطابقت دارد (۶).

جدول ۲- پارامترهای ژنتیکی برآورد شده با مناسبترین مدل

وزن شیر گیری	وزن تولد	پارامتر*
۱۰	۱۱	مدل
$h_a^2 \pm S.E$	0.09 ± 0.02	0.19 ± 0.04
$h_m^2 \pm S.E$	0.09 ± 0.02	0.11 ± 0.02
$p^2 \pm S.E$	0.04 ± 0.02	-
$l^2 \pm S.E$	0.33 ± 0.02	0.12 ± 0.03
$r_{a,m} \pm S.E$	-	-0.75 ± 0.08
σ_p^2	0.37 ± 0.01	14.7 ± 0.29

h_a^2 = وراثت پذیری مستقیم، h_m^2 = وراثت پذیری مستقیم مادری، p^2 = محیط دائمی، l^2 = محیط مشترک، $r_{a,m}$ = همبستگی بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری و σ_p^2 = واریانس فنوتیپی

منابع

۱. درستکار، م.، س.، ع.، رافت، ج.، شجاع و ن. پیرانی. ۱۳۸۸. بررسی روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد در بره های مغانی. مجله پژوهش های علوم دامی. ۴(۲۰): ۲۶-۱۵.
۲. مختاری، م.، س.، ا. رشیدی، ع. اسماعیلزاده کشکویی و ج. فیاضی. ۱۳۸۹. برآورد پارامترهای ژنتیکی مجموع وزن بره های شیرگیری شده در میش مغانی. چهارمین کنگره علوم دامی ایران، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی تهران (کرج). ۳۴۴۵-۳۴۴۹.
۳. وطن خواه، م.، م.، م. شهربابک، ا. نجاتی جوارمی، س. ر. میزائی آشتیانی و ر. واعظ ترشیزی. ۱۳۸۴. بررسی پارامترهای صفات رشد برای برخی از نژادهای گوسفند ایرانی. پژوهش و سازندگی امور دام و آبزیان. ۶۹: ۲۸-۱۹.

4. Hossein-Zadeh, N. G and M. Ardalan. 2010. Comparison of different models for the estimation of genetic parameters of body weight traits in Moghani sheep. Agricultural and Food Science. 19: 207-213.
5. Rashidi, A., M.S. Mokhtari, A. Safi Jahanshahi and M.R. Mohammad Abadi. 2008. Genetic parameter estimates of pre-weaning growth traits in Kermani sheep. Small Ruminant Research. 74: 165-171.
6. Rashidi, A., S.C. Bishop and O. Matika. 2011. Genetic parameter estimates for pre-weaning performance and reproduction traits in Markhoz goats. Small Ruminant Research. 100: 100-106.

Genetic parameter estimates of birth weight and weaning weight traits in Moghani sheep
Fariba nayeri kalkhoran^{1*}, Morad pasha eskandar nasab² and Reza seyed sharify³

^{1,2}Department of animal science, college of agriculture, university of Zanjan and ³Department of animal science, college of agriculture, university of Ardebil

* Corresponding E-mail address: faribanayeri65@gmail.com

Abstract

Data of 12400 head of sheep during 22 years (1988-2009) from Jafar-abad sheep breeding Research Station were used to estimate genetic parameters for birth weight and weaning weight traits. The most appropriate model for each trait was determined based on Akaike's Information Criterion (AIC). appropriate model were for birth weight including direct genetic effects, maternal additive genetic effects, maternal permanent environmental effects and common litter effects. Also appropriate model were for weaning weight including direct genetic effects, maternal additive genetic effects, covariance between direct and maternal genetic effects and common litter effects. Genetic parameters were estimated with 12 different animal models using restricted maximum likelihood (REML) and analyses of Wombat software. Estimated direct heritabilities for traits birth weight and weaning weight were 0.09 ± 0.02 and 0.19 ± 0.04 respectively. The estimates for the maternal additive genetic for traits birth weight and weaning weight were 0.09 ± 0.02 and 0.11 ± 0.02 respectively. whereas common litter effect were high for birth weight and weaning weight.

Keywords: Moghani sheep- birth weight- weaning weight- heritability- genetic parameters.

بررسی اثر عوامل مادری بر روی جمعیت مرغان بومی اصفهان با استفاده از روش بیزی
رامین جعفرزاده قدیمی^{۱*}، امین یوسفی زنوز^۱، صادق علیجانی، مهدی جسوری^۱، مهدی بهلولی^۱
۱- کارشناس ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، ۲- استادیار گروه علوم دامی، دانشگاه تبریز

*نویسنده مسئول: رامین جعفرزاده قدیمی، دانشگاه تبریز، گروه علوم دامی، Raminjafarzadehghadimi@yahoo.com

چکیده

در تحقیق حاضر برای برآورد مولفه های واریانس و پارامتر های ژنتیکی از داده های مربوط به ۱۵ نسل، که در خلال سال های ۱۳۷۴ تا ۱۳۹۰ توسط مرکز اصلاح نژاد و تکثیر و ترویج مرغان بومی استان اصفهان جمع آوری شده بود، استفاده گردید. صفات مورد مطالعه شامل وزن بدن در ۸ هفتگی، سن بلوغ جنسی، میانگین وزن تخم مرغ در (۲۸،۳۰ و ۳۲) هفتگی، و تعداد تخم مرغ بود. پارامتر های ژنتیکی و فنوتیپی با استفاده از ۴ مدل حیوانی با آماری روش بیزی برآورد گردید. مقادیر وراثت پذیری افزایشی مستقیم برآورد شده برای صفات متوسط وزن تخم و سن بلوغ جنسی بر اساس مدل ۴ که بعنوان مدل مناسب در نظر گرفته شد به ترتیب برابر با ۰/۳۱ و ۰/۲۸ بود که این مقادیر برای صفت وزن بدن در هشت هفتگی بر اساس مدل ۲ و برای صفت تعداد تخم مرغ بر اساس مدل ۳ بعنوان مدل های مناسب بترتیب برابر با ۰/۱۲ و ۰/۱۰ بود. نتایج این تحقیق نشان داد که منظور نکردن اثرات مادری در مدل باعث برآورد بیش از حد مولفه های واریانس ژنتیک افزایشی و وراثت پذیری مستقیم برای صفات تحت مطالعه می شود اما با در نظر گرفتن این اثرات در مدل آماری باعث برآورد دقیقتر پارامتر های ژنتیکی شده و از بیش از حد برآورد شدن آنها جلوگیری می کند. همچنین همبستگی بین واریانس ژنتیک افزایشی مستقیم و مادری در تمامی صفات تحت مطالعه منفی برآورد گردید.

کلمات کلیدی: مولفه های واریانس، پارامتر های ژنتیکی، روش بیزی، اثرات مادری

مقدمه

مرغان بومی به دلیل مقاومت به شرایط نامناسب محیطی و بیماریها از جمله مهمترین ذخایر ژنتیکی هر کشور محسوب می شود. در دهه های اخیر برنامه های متعدد اصلاح نژادی و همچنین پیشرفت های ژنتیکی بسیار، در موقعیت ژنتیکی طیور لاین های تجاری تاثیر زیادی داشته است. سوالی که اینجا مطرح می شود این است که آینده ی تنوع ژنتیکی این لاین ها به چه صورت خواهد بود. در تحقیقاتی که قبلا صورت گرفته است، نشان داده اند که ۵۰٪ یا بیشتر تنوع ژنتیکی موجود در نسل اجداد در لاین های تجاری خالص وجود ندارد (۵). این نقیصه از عدم شرکت تعداد زیادی از حیوانات در تشکیل نسل های آینده ناشی می شود. با توجه به این مطالعات، اهمیت توجه به نژاد های بومی بعنوان ذخایر ژنتیکی نسل های آینده مطرح می شود. از آنجاییکه اثرات مادری فنوتیپ نتاج را تحت تاثیر قرار می دهند، لذا بدلیل وجود تفاوت در مادر ها میزان این تاثیرات در حیوانات مختلف متفاوت خواهد بود. در مطالعه ای میزان همبستگی بالایی بین اثرات مادری بر روی وزن جوجه ها و اثر ژنتیک مستقیم بر روی وزن تخم مرغ گزارش شده است (۲). هدف از تحقیق حاضر برآورد پارامتر های ژنتیکی و بررسی اثرات مادری و همبستگی بین این اثرات با اثر ژنتیک افزایشی مستقیم بر روی داده های مرغان بومی استان اصفهان با استفاده از روش آماری بیزی در قالب مدل های گوناگون و مقایسه مدل ها و انتخاب بهترین مدل می باشد.

مواد و روش ها

در این تحقیق از اطلاعات ۱۵ نسل مربوط به مرغان بومی استان اصفهان که استفاده گردید. داده ها مربوط به صفات میانگین وزن تخم مرغ در هفته های ۲۸،۳۰ و ۳۲ هفتگی (AEW)، وزن بدن در هشت هفتگی (BW8)، تعداد تخم مرغ (EN) و سن بلوغ جنسی (ASM) می شد. ابتدای داده ها توسط نرم افزار مورد بررسی قرار گرفت و داده های پرت حذف گردیدند و همچنین بررسی معنی داری اثرات ثابت برای هر صفت بطور جداگانه صورت گرفت ۴ مدل آماری بصورت زیر برای آنالیز داده ها استفاده شد.

$$y = Xb + Z_1 a + e \quad \text{مدل (۱)}$$

$$y = Xb + Z_1 a + Wc + e \quad \text{مدل (۲)}$$

$$y = Xb + Z_1 a + Z_2 m + e \quad \text{مدل (۳)} \quad \text{COV}(a, m) \neq 0$$

$$y = Xb + Z_1 a + Z_2 m + Wc + e \quad \text{مدل (۴)} \quad \text{COV}(a, m) \neq 0$$

در این مدل ها، y بردار مشاهدات، a بردار اثر ژنتیک افزایشی مستقیم، c بردار اثر محیط دائم مادری، m بردار اثر ژنتیک افزایشی مادری و e بردار اثر باقیمانده و X, Z_1, Z_2 و W ماتریس های طرح هستند که مشاهدات را به ترتیب به اثر عوامل ثابت (نسل - نوبت جوجه کشی - جنس)، اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم حیوان، اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مادری و اثر تصادفی محیطی مادری ربط می دهند. آنالیز بوسیله نرم افزار GIBBS3F90 صورت گرفت گردید (۴). به منظور مقایسه و انتخاب بهترین مدل در روش بیزی مبتنی بر تکنیک نمونه گیری گیبس از شاخص، معیار اطلاع بخشی انحراف (DIC) استفاده گردید. برای محاسبه DIC از معادله زیر استفاده شد:

$$DIC = 2 * \bar{D} - D(\bar{\theta})$$

که در این رابطه $\bar{D}$ برابر با امید ریاضی تابع انحراف یعنی $D(\theta) = -2 \log(p(y|\theta)) + c$ ، که از طریق میزان درستنمایی محاسبه می شود، می باشد و $D(\bar{\theta})$ نیز برابر با میزان انحراف با استفاده از میانگین $\bar{\theta}$ (مولفه های واریانس) می باشد. لازم به ذکر است که در رابطه بالا C مقدار ثابتی است که در مقایسات مدل ها غیر ضروری می باشد. شاخص DIC هر اندازه کوچکتر باشد، مطلوب می باشد، بنابراین مدلهایی با کمترین مقدار این شاخص به عنوان مدل های مطلوب در نظر گرفته شدند.

نتایج و بحث

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات متوسط وزن تخم مرغ، وزن هشت هفتگی، تعداد تخم مرغ و سن بلوغ جنسی حاصل از بهترین مدل با اثر تصادفی عوامل مختلف در جدول ۲ نشان داده شده است. مقدار وراثت پذیری مستقیم برای صفت متوسط وزن تخم مرغ بر اساس مدل مناسب ۰/۳۱ برآورد شد. میزان همبستگی بین اثر عوامل ژنتیک مادری و مستقیم منفی و برابر ۰/۴۶- برآورد شد. همچنین با توجه به مقادیر بدست آمده، اثر ژنتیک مادری نسبت به اثر محیط مادری دارای تاثیر بیشتری بر روی این صفت بوده است. مقدار وراثت پذیری مستقیم ۰/۱۲ برآورد شده برای صفت وزن بدن نشان دهنده پایین بودن این پارامتر در جمعیت مرغان بومی اصفهان می باشد که با یافته های مطالعات دیگر بر روی جمعیت های بومی تطابق چندانی ندارد (۱). با توجه به نتایج بدست آمده اثر عوامل محیط مادری بر روی صفت وزن بدن بیشتر از اثرات ژنتیک مادری می باشد. مقدار وراثت

پذیری بدست آمده برای صفت تعداد تخم مرغ برابر ۰/۱۰ بدست آمد که با یافته های تحقیقات پیشین برای مرغان بومی مطابقت دارد (۳). با توجه به نتایج بدست آمده بر اساس مقایسه مدل های مختلف تاثیر اثرات ژنتیک مادری بر روی صفت تعداد تخم مرغ بیشتر بوده و عوامل محیط مادرب تاثیر چندانی بر روی این صفت در این جمعیت نداشته اند. همبستگی ژنتیکی بین اثر عوامل ژنتیک مادری و اثرات ژنتیکی مستقیم برابر ۰/۲۷- بود که اهمیت اثرات مادری را در برازش مدل های آماری برای آنالیز داده ها نشان می دهد. مقدار وراثت پذیری بدست آمده برای صفت سن بلوغ جنسی بر اساس مدل مناسب ۰/۲۸ بدست آمد که با یافته های تحقیقات پیشین مطابقت کمتری دارد. اثرات محیط مادری بر روی این صفت بیشتر از اثرات ژنتیک مادری بوده است. همبستگی ژنتیکی بین اثرات ژنتیک مادری و اثرات ژنتیکی مستقیم منفی و برابر ۰/۶۵- بدست آمد.

جدول ۱- خلاصه اطلاعات آماری برای صفات مورد بررسی

صفت	AEW (گرم)	BW8 (گرم)	EN (تعداد)	ASM (روز)
میانگین	۴۹/۴۴	۸۱۵/۹۱	۴۸	۱۷۹/۲۶
حداقل	۳۰	۱۷۵	۱	۱۳۲
حداکثر	۷۷/۶	۱۴۰۰	۹۸	۲۳۵
ضریب تغییرات (%)	۸/۰۱	۱۷/۵۶	۲۲/۴۱	۹/۲۳

جدول ۲- پارامتر های ژنتیکی برآورد شده صفات مختلف

صفت	مدل	$h_a^2 \pm SE$	$h_m^2 \pm SE$	$c^2 \pm SE$	r_{am}
AEW	۴	۰/۳۱ $\pm$ ۰/۰۱۵	۰/۰۳۳ $\pm$ ۰/۰۰۵	۰/۰۱۴ $\pm$ ۰/۰۰۶	-۰/۴۶
BW8	۲	۰/۱۲ $\pm$ ۰/۰۱۶	۰/۰۳۱ $\pm$ ۰/۰۰۵	-	-
EN	۳	۰/۱۰ $\pm$ ۰/۰۱۲	۰/۰۱۵ $\pm$ ۰/۰۰۲	-	-۰/۲۷
ASM	۴	۰/۲۸ $\pm$ ۰/۰۱۳	۰/۰۱۷ $\pm$ ۰/۰۰۴	۰/۰۲۷ $\pm$ ۰/۰۰۷	-۰/۶۵

h_a^2 وراثت پذیری مستقیم، c^2 نسبت واریانس محیط مادری بر واریانس فنوتیپی، h_m^2 وراثت پذیری مادری، r_{am} همبستگی بین اثر ژنتیک افزایشی مادری، SE انحراف خطا

منابع

۱- سراج ا. واعظ ترشیزی ر و نجاتی جوارمی ا. ۱۳۸۵. بررسی اثر عوامل مادری بر صفات تولید مثل مرغان بومی استان مازندران. ۵۴۲ - ۵۳۵

۲- محقق دولت آبادی م. ۱۳۷۸. بررسی صفات اقتصادی مرغان ایرانی. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران

۳- فتحی ع. ۱۳۸۲. بررسی اثر عوامل متدیری بر صفات تولیدی و تولید مثل جوجه های گوشتی یک لاین تجاری . پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی ، دانشگاه تربیت مدرس، ۹۹ صفحه

4. Misztal, M.L. 1999. GIBBS3F90 Manual. Available from URL: <http://nce.ads.uga.edu/igancy/numpub/bilupf90/docs/gibbs3f90.pdf>.

5. Muir William, M., G.K.S. Wong., Y. Zhang., J. Wang., M.A.M. Groenen., P.M.A. Richard., J.M. Crooijmans., Z. Huanmin., R. Okimoto., A. Vereijken., A. Jungerius., G.A.A. Albers., S.T. Lawlay., M.E. Delany., S. Maceachern and H.H. Cheng. 2008. Genome-wide assessment of worldwide chicken SNP genetic diversity indicates significant absence of rare alleles in commercial breeds. *Agricultural science*. 105:17312-17317.

Study of Maternal effects on Esfahan Native Fowl Population using Bayesian method
Ramin Jafarzadeh Gadimi^{*1}, Amin yousefi zonuz¹, Sadegh Alijani², Mehdi Jasouri¹, mehdi bohloli¹

1- MS.c in Animal Genetic and Breeding, 2-Assistant Professor, Department of Animal Science, University of Tabriz,

*Corresponding E-Mail address: Raminjafarzadehghadimi@yahoo.com

Abstract:

In the present research for estimation of variance component the data from 15 generation of native fowl center of Esfahan that collected during the 1986-2011 were used. The studied traits were body weight at 8 weeks old, age at sexual maturity, average egg weight (28, 30, 32 weeks of age) and egg number. Genetic and phenotypic parameters using four animal model and Bayesian method were estimated. The estimated heritability for average egg weight and age at sexual maturity, based on model 4 as a best model were 0.31 , 0.28 respectively that these values for body weight at 8 weeks old based on model 2 and for egg number based on model 3 were 0.12 , 0.10 respectively. The result of present research showed that considering maternal effects in models resulted in accurate estimation of genetic parameters. Ignoring maternal effects in model resulted in over estimation of direct variance component and heritability for studied traits. The genetic correlations between maternal and direct genetic effects were negative in studied traits.

Keywords: Genetic Parameters-Maternal effect- Native fowl

محاسبه تداوم شیردهی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از پارامترهای ژنتیکی حاصل از مدل رگرسیون تصادفی چند شکم زایش صادق علیجانی^{۱*}، خبات خیرآبادی^۲

^۱عضو هیأت علمی دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز، ^۲دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز

*نویسنده مسئول: E-mail: sad-ali@tabrizu.ac.ir

چکیده

پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر سه شکم اول گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل روز آزمون رگرسیون تصادفی چند شکم زایش و روش بیزی برآورد شدند. در این مطالعه برای کل دوره شیردهی واریانس‌های باقی مانده هگن فرض شدند. ۶ معیار متفاوت محاسبه تداوم صفات تولیدی استفاده شده عبارت بودند از: ۱) P1، تفاوت منحنی شیردهی (ارزش اصلاحی) بین روزهای ۲۹۰ و ۹۰ دوره شیردهی، ۲) P2، تفاوت منحنی شیردهی بین روزهای ۱ تا ۱۰۰ از روزهای ۱۰۱ تا ۲۰۰، ۳) P3، اختلاف متوسط ارزش اصلاحی برآورد شده برای روزهای ۲۵۵ تا ۳۰۵ از روزهای ۵۰ تا ۷۰، ۴) P4، مجموع اختلاف برای روزهای ۶۱ تا ۲۸۰ از روز ۶۰، ۵) P5، مجموع اختلاف برای روزهای ۶۰ تا ۲۷۹ از روز ۲۸۰، ۶) P6، تفاوت منحنی شیردهی بین روزهای ۱ تا ۱۰۰ از روزهای ۲۰۱ تا ۳۰۰. توارث پذیری‌ها بعنوان تابعی از زمان با استفاده از پارامترهای منحنی برآورد شده محاسبه شدند. همبستگی‌های ژنتیکی بین تداوم شیردهی و ۳۰۵ روز برای شکم دوم و سوم بیشتر از این مقادیر برای نخستین شکم بود.

واژه‌های کلیدی: تداوم شیردهی - مدل روز آزمون - رگرسیون تصادفی چند شکم

مقدمه:

فاکتورهای اصلی تعیین مقدار کل شیرتولیدی در طی یک دوره شیردهی عبارتند از اوج تولید، تداوم و طول دوره شیردهی. تداوم شیردهی بعنوان توان حفظ سطح تولید بعد از اوج تولید تعریف شده است. دلیل عمده مناسب بودن حیوانات با منحنی شیردهی مسطح، عبارت دیگر با تداوم شیردهی بالا، در مقایسه با حیوان دارای مقدار تولید یکسان اما با تداوم شیردهی پائین‌تر کاهش هزینه خوراک مصرفی بعلت افزایش سهم علوفه مصرفی در جیره غذایی آنها می‌باشد (۵). جنگلر (۱۹۹۵) اثر بهبود تداوم شیردهی روی کاهش هزینه خوراک مصرفی، صفات بهداشتی و تولیدمثلی را به ترتیب ۳ و ۷ درصد شیر تولیدی گزارش کرد. علیرغم کارهای انجام شده با استفاده از مدل‌های روز آزمون رگرسیون تصادفی در ایران، تاکنون برآوردهای حاصل از مدل روز آزمون رگرسیون تصادفی چندشکم گزارش نشده است. این تحقیق با هدف محاسبه تداوم شیر تولیدی بر حسب پارامترهای ژنتیکی برآورد شده با استفاده از مدل روز آزمون رگرسیون تصادفی ۳ شکم اول، بطور همزمان، گاوهای هلشتاین ایران انجام شد.

مواد و روشها

رکوردهای روز آزمون

در این تحقیق از رکوردهای TD جمع‌آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد کرج استفاده شد. تعداد دفعات دوشش ۲-۳ بار در روز و طول دوره شیردهی بین ۵ تا ۳۰۵ محدود شد. حیواناتی که نخستین رکورد TD آنها بالاتر از ۹۰ روزگی بود از فایل داده‌ها حذف و فاصله بین رکوردها حداقل ۱۵ روز منظور گردید. محدوده شیر تولیدی برای هر شکم ۱ تا ۷۰ کیلوگرم منظور گردید. سن در موقع زایش به ۲۲ تا ۴۵، ۳۲ تا ۶۵، و ۴۲ تا ۸۰ ماهگی، به ترتیب، برای شکم اول، دوم، و سوم محدود شد. چهار فصل (بهار، تابستان، پائیز، و زمستان) و ۶ کلاس سن در موقع زایش برای شکم اول (< ۲۶)، ۲۶-۲۸، ۲۸-۲۹، ۳۰-۳۱، ۳۲-۳۳، و > ۳۳

ماهگی)، ۴ کلاس برای شکم دوم (<40)، $40-42$ ، $43-45$ ، و >45) و ۳ کلاس برای شکم سوم (<54)، $54-58$ ، و >58 ماهگی) منظور گردید. بطوریکه در نهایت اثر سن - فصل در موقع زایش به ترتیب برای شکم اول، دوم، و سوم در ۲۴، ۱۶، و ۱۲ کلاس رده بندی شدند. اثر سن - فصل زایش بصورت جداگانه در داخل شکم زایش های مختلف به حالت آشیانه ای استفاده شد. حداقل تعداد رکورد TD برای گاوهای دارای رکورد در فایل نهایی برای هر شکم ۵ رکورد منظور گردید. بعلاوه زمان بر بودن آنالیزها داده های حجیم، در این تحقیق بعد از اعمال محدودیت های لازم روی فایل داده ها بصورت تصادفی، ۳۰۰۰ حیوان دارای رکورد در هر سه شکم انتخاب و مورد آنالیز قرار گرفتند. فایل داده ها در نهایت شامل ۷۵۸۸۵ رکورد TD بود. اما در مورد فایل شجره، تمامی اطلاعات خویشاوندی برای سال های ۱۳۶۹ تا ۱۳۹۰ و از ۱۰۹۷۴۶۰ حیوان استفاده شد. در این تحقیق برای توصیف منحنی شیر تولیدی از تابع لژاندر درجه ۳ (کرک پاتریک و همکاران، ۱۹۹۰) استفاده شد. مدل ماتریسی برآورد اجزاء

$$y = Xb + Q(Za + Zp) + e$$

واریانس :

y = بردار صفت تولیدی شیر برای سه شکم؛ b = بردار اثرات ثابت: گله $\times$ سال $\times$ ماه رکوردبرداری، سال زایش، تعداد دفعات دوشش (برای هر شکم بصورت جداگانه)؛ p = بردار ضرایب رگرسیون تصادفی برای اثر محیط دائم؛ a = بردار ضرایب رگرسیون تصادفی برای اثر ژنتیک افزایشی (برای هر شکم بصورت جداگانه)؛ Q = ماتریس چند جمله ای لژاندر (با ۴ ضریب)؛ X و Z = ماتریس اثرات مختلف؛ و e = بردار اثرات باقی مانده. مولفه های (کو)واریانس با استفاده از روش بیزی و الگوریتم نمونه برداری گیبس (۵۵۰۰۰ دور نمونه برداری و ۵۰۰۰ دور بعنوان دوره قلق گیری و فاصله نمونه گیری ۱۰۰ سیکل) برآورد شدند. توارث پذیری بعنوان تابعی از ۳۰۵ روز دوره شیردهی، و تداوم صفات تولیدی محاسبه شدند (۵):

تداوم: در این تحقیق از ۶ معیار مختلف برای محاسبه تداوم شیردهی (P1, P2, P3, P4, P5, P6) استفاده شد.

$$P1 = (EBV290 - EBV90)$$

P1: تفاوت منحنی شیردهی بین روزهای ۲۹۰ و ۹۰

$$P2 = \sum_{i=101}^{200} EBVi - \sum_{i=1}^{100} EBVi$$

P2: تفاوت منحنی شیردهی بین روزهای ۱۰۱ تا ۲۰۰ از روزهای ۱ تا ۱۰۰

$$P3 = \frac{1}{51} \sum_{i=255}^{305} EBVi - \frac{1}{21} \sum_{i=50}^{70} EBVi$$

P3: تفاوت منحنی شیردهی بین روزهای ۲۵۵ تا ۳۰۵ از روزهای ۵۰ تا ۷۰

$$P4 = \sum_{i=61}^{280} (EBVi - EBV60)$$

P4: تفاوت منحنی شیردهی بین روزهای ۶۱ تا ۲۸۰ از روز ۶۰

$$P5 = \sum_{i=60}^{279} (EBVi - EBV280)$$

P5: تفاوت منحنی شیردهی بین روزهای ۶۰ تا ۲۷۹ از روز ۲۸۰

$$P6 = \sum_{i=201}^{300} EBVi - \sum_{i=1}^{100} EBVi$$

P6: تفاوت منحنی شیردهی بین روزهای ۱ تا ۱۰۰ از روزهای ۲۰۱ تا ۳۰۰

نتایج و بحث

محاسبه تداوم صفات تولیدی در برنامه های اصلاحی گاوهای شیری بعنوان یک صفت با اهمیت اقتصادی بالا مطرح می باشد. به

نظر می‌رسد معیار تداوم شیردهی دارای واریانس ژنتیکی و توارث پذیری بالا، و همبستگی ژنتیکی پائین با ۳۰۵ روز تولید مناسب می‌باشد (۳). براساس یافته‌های تحقیق برای توارث پذیری معیارهای مختلف تداوم شیردهی، بین معیارهای متفاوت مورد استفاده برای صفت شیر، معیارهای P6، P6، و P3 به ترتیب برای شکم زایش‌های اول، دوم، و سوم برای شرایط ایران پیشنهاد می‌شود. اگرچه خورشیدی و همکاران (۲۰۱۲) معیار P3 را برای صفت شیر شکم اول پیشنهاد دادند اما این ممکن است بعلت عدم استفاده از دیگر معیارهای مورد استفاده در این تحقیق بوده باشد. توارث پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی محاسبه شده برای معیارهای مختلف محاسبه تداوم شیردهی و ۳۰۵ روز دوره شیردهی صفت تولیدی شیر سه شکم اول به ترتیب در جداول ۱ تا ۳ آورده شده است. حداکثر و حداقل توارث پذیری‌های محاسبه شده برای صفت تولیدی شیر سه شکم اول به ترتیب برای P6 - P5 ؛ P4 - P3 و P4 - P3 مشاهده شدند. خورشیدی و همکاران (۲۰۱۲) مقدار توارث پذیری محاسبه شده صفت شیر تولیدی نخستین دوره شیردهی برای P1، P3، و P5 را مقداری پائین‌تر و برای ۳۰۵ روز مقداری بالاتر (۰/۳۱) گزارش کردند.

جدول ۱: توارث پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی معیارهای مختلف تداوم شیردهی و ۳۰۵ روز شکم اول

معیار	توارث پذیری	P1	P2	P3	P4	P5	P6	۳۰۵ روز
P1	۰/۱۸	۱	۰/۴۷	۰/۹۶	۰/۸۳	-۰/۹۸	۰/۸۸	۰/۱۷
P2	۰/۳۷		۱	۰/۶۹	۰/۸۷	-۰/۲۹	۰/۸۳	۰/۴۶
P3	۰/۳۳			۱	۰/۹۴	-۰/۸۹	۰/۹۷	۰/۲۷
P4	۰/۲۱				۱	-۰/۷۱	۰/۹۹	۰/۳۵
P5	۰/۱۲					۱	-۰/۷۷	-۰/۰۹
P6	۰/۳۸						۱	۰/۳۶
۳۰۵ روز	۰/۲۹							۱

جدول ۲: توارث پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی معیارهای مختلف تداوم شیردهی و ۳۰۵ روز شکم دوم

معیار	توارث پذیری	P1	P2	P3	P4	P5	P6	۳۰۵ روز
P1	۰/۲۵	۱	۰/۴۷	۰/۹۷	۰/۷۸	-۰/۹۸	۰/۸۹	۰/۳۶
P2	۰/۳۷		۱	۰/۶۵	۰/۹۰	-۰/۳۲	۰/۸۱	۰/۷۹
P3	۰/۴۰			۱	۰/۹۰	-۰/۹۲	۰/۹۷	۰/۵۰
P4	۰/۲۰				۱	-۰/۶۶	۰/۹۷	۰/۶۸
P5	۰/۲۲					۱	-۰/۸۰	-۰/۲۵
P6	۰/۴۱						۱	۰/۶۳
۳۰۵ روز	۰/۳۲							۱

جدول ۳: توارث پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی معیارهای مختلف تداوم شیردهی و ۳۰۵ روز شکم سوم

معیار	توارث پذیری	P1	P2	P3	P4	P5	P6	۳۰۵ روز
P1	۰/۲۹	۱	۰/۳۴	۰/۹۷	۰/۶۱	-۰/۹۷	۰/۸۵	۰/۴۵
P2	۰/۳۱		۱	۰/۵۵	۰/۹۰	-۰/۱۳	۰/۷۷	۰/۶۸
P3	۰/۴۵			۱	۰/۷۸	-۰/۸۸	۰/۹۵	۰/۵۶
P4	۰/۱۸				۱	-۰/۴۰	۰/۹۳	۰/۶۳
P5	۰/۲۹					۱	-۰/۷۰	-۰/۳۴
P6	۰/۴۰						۱	۰/۶۶
۳۰۵ روز	۰/۲۹							۱

1. Gengler, N., J. F. Keown and L. D. Van Vleck. 1995. Various persistency measures and relationships with total partial and peak milk yields. Brazil. J. Genetics. 2:237-243.
2. Jakobsen, J. H., P. Madsen, J. Jensen, J. Pedersen, L. G. Christensen and D. A. Sorensen. 2002. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimated in random regression models using REML. J. Dairy Sci. 85:1607-1616.
3. Kirkpatrick, M., D. Lofsvold and M. Bulmer. 1990. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. Genetics 124:979-993.

4. Khorshidie, R., A. A. Shadparvar, N. Ghavi Hossein-Zadeh and S. Joezy Shakalgurabi. 2012. Genetic trends for 305-day milk yield and persistency in Iranian Holsteins. *Livestock Science* 14:211-217.

Account of milk persistency of Iranian Holstein cows using genetic parameters of multi lactation random regression model

Abstract

Genetic parameters of milk yield in the first three lactations for Iranian Holstein cows were estimated with using multi lactation random regression test day model and Bayesian method. In this research, the homogeneous residual variance was assumed throughout lactations. Six different persistency measures were included: 1) P1, different lactation curve (EBVs) between d 290 to d 90; 2) P2, the area under the lactation curve from d 1 to 100 subtracted from the area under the lactation curve from d 101 to 200; 3) P3, the average of estimated breeding values (EBVs) from day 255 to day 305 as a deviation from the average of EBVs from day 50 to day 70; 4) P4, a summation of the contribution for each day in the period from d 61 to 280 as a deviation from d 60; 5) P5, a summation of the contribution for each day in the period from d 60 to 279 as a deviation from d 280; and 6) P6, The average of different lactation curve from d 201 to 300 as a deviation from d 1 to 100. Heritabilities as a function of time were calculated from the estimated curve parameters. Genetic correlations between persistency and 305-d production were higher for first two lactations than for first lactation.

Keywords: Persistency - Test-day model - Multi lactation random regression

بررسی چند شکلی ژن گیرنده لپتین در گوسفندان کردی خراسان شمالی

عباس شبیک^{۱*}، محمد باقر منتظر تربتی^۱، همایون فرهنگ فر^۱، رضا اشکانی فر^۲، مجتبی فروزان مهر^۱، مهشید محمد پناه^۱

۱- دانشگاه بیرجند، دانشکده کشاورزی، گروه علوم دامی ۲- کارشناس ارشد مرکز اصلاح نژاد گوسفند کردی خراسان شمالی

*نویسنده مسئول: a.shibak@yahoo.com

چکیده

با توجه به پیشرفت های قابل توجه ای که در تکنیک های مولکولی حاصل شده است، می توان جهت پیشرفت سریعتر و افزایش توان تولیدی دام، از انتخاب به کمک نشانگرها در برنامه های اصلاح نژادی استفاده نمود. در روش انتخاب به کمک نشانگر، براساس وجود پیوستگی نشانگرها با ژن می توان به وجود ژن و مکان آن پی برد و با توجه به اطلاعاتی که از نشانگر مولکولی (از قبیل میزان ناخالصی، ظرفیت اطلاعات چند شکلی و ...) حاصل می شود، قبل از زمان بیان ژن، اقدام به انتخاب نمود و پیشرفت ژنتیکی را سرعت بخشید. ژن گیرنده لپتین (LEPR) می تواند به عنوان یک ژن کاندیدا برای صفات تولید در نظر گرفته شود چرا که درمیزان اشتها، تنظیم خوراک مصرفی، مصرف انرژی و فشار خون نقش قابل ملاحظه ای دارد. در این تحقیق به منظور بررسی چند شکلی ژن گیرنده لپتین از ۱۲۰ رأس گوسفند نر و ماده کردی خراسان شمالی بطور تصادفی خونگیری به عمل آمد. پس از استخراج DNA با استفاده از روش نمکی بهینه یافته، واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR) برای تکثیر قطعه ۲۶۹ جفت بازی این ژن انجام شد. چند شکلی فضایی تک رشته ای (SCCP) محصولات RCR با استفاده از ژل اکریل آمید و رنگ آمیزی نیترا ت نقره بدست آمد. برای این ژن در نمونه مورد مطالعه ۳ الگوی باندهای AA، AB و AC مشاهده شد که فراوانی های آنها به ترتیب ۰/۲۱، ۰/۲۴ و ۰/۵۵ بود. واژگان کلیدی: ژن گیرنده لپتین - گوسفندان کردی شمال خراسان - چند شکلی.

مقدمه

لپتین یک پروتئین ۱۶ کیلو دالتونی، متشکل از ۱۷۶ اسید آمینه می باشد که اساسا توسط بافت چربی و در سطوح کمتر از بافت هایی مثل معده، عضلات اسکلتی و جفت تولید می شود (۶). تا امروز فقط لپتین و انسولین برای عمل کردن به عنوان سیگنال چاقی شناخته شده اند و نبود لپتین و گیرنده آن منتج به عدم کنترل غذا و در نتیجه چاقی می شود (۳). گیرنده ژن لپتین دارای شش ایزوفرم مختلف است که همه اشکال گیرنده ژن لپتین توسط ژن db تولید می شود. طولانی ترین ایزوفرم یعنی ObRb، توانایی کامل دریافت پیام های داخل سلولی را دارد. این گیرنده باعث فعال سازی آنزیم JAK2 می شود که این آنزیم با تنوع وسیعی از فعالیت های بیولوژیکی در بافتهای مختلف در ارتباط است. ObRb به وفور در هیپوتالاموس بیان می شود و چند شکلی آن باعث تاثیر در افزایش وزن و چاقی می شود (۲). در تحقیقی که توسط هانس و همکاران به منظور بررسی چند شکلی گیرنده ObRb ژن لپتین بر روی انسان انجام شد، ارتباط معناداری بین چند شکلی این گیرنده و اوزان بدن مشاهده شد ($P < 0.05$) (۵). گیرنده های ژن لپتین در چرخش خون جنینی بسیاری از گونه های حیوانی از جمله گوسفند و همچنین در بافت های جنینی خصوصا در توسعه غضروف و استخوان شناسایی شده است. این نتایج منجر به این

فرضیه شده است که لپتین و گیرنده های آن در کنترل رشد جنین، برحسب مواد مغذی موجود در رحم درگیر هستند (۴). هدف از تحقیق حاضر مطالعه چند شکلی ژن گیرنده لپتین به روش PCR-SSCP و برآورد فراوانی های ژنی و ژنوتیپی این جایگاه ژنی در گوسفندان کردی خراسان شمالی بود.

مواد و روشها

در پژوهش حاضر، از ۱۲۰ راس گوسفند کردی که در مرکز اصلاح نژاد شهر شیروان استان خراسان شمالی پرورش داده می-شدند، توسط ونوزکت های حاوی EDTA خون گیری بعمل آمد و تا زمان استخراج DNA در دمای ۲۰ - درجه سانتیگراد نگهداری شدند. پس از استخراج DNA با استفاده از روش نمکی بهینه یافته، غلظت DNA نمونه های استخراج شده، با روش مبتنی بر اسپکتوفتومتری تعیین شد. توالی هر یک از آغازگرهای استفاده شده به صورت ذیل بود:

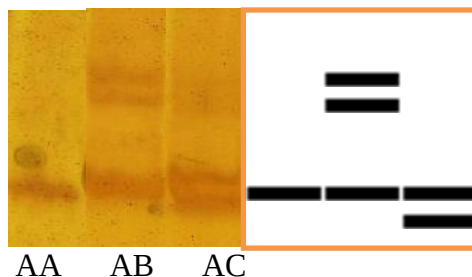
LepRF: 5'-TGGCATATCCAATTACTCCCTG -3

LepRR: 5-ATGCCTTCCCTTCAATGTCATC -3

واکنش PCR در حجم ۲۵ میکرولیتر و با برنامه ی حرارتی ۹۵ درجه سانتیگراد جهت واسرشت اولیه ی DNA بمدت ۲۴۰ ثانیه، واسرشت ثانویه در دمای ۹۵ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، دمای ۵۸ درجه سانتیگراد جهت اتصال آغازگرها بمدت ۴۰ ثانیه، دمای ۷۲ درجه سانتیگراد جهت بسط آغازگرها بمدت ۴۰ ثانیه و ۷۲ درجه سانتی گراد برای بسط نهائی به مدت ۶۰۰ ثانیه و به تعداد ۳۸ سیکل انجام شد. صحت قطعه ی طول قطعه بدست آمده از محصول PCR با استفاده از ژل آگارز ۱ درصد صورت گرفت. جهت انجام SSCP، ۴ میکرولیتر از محصولات تکثیر شده با ۸ میکرولیتر بافر بارگذاری SSCP Dye مخلوط شد. میکروتیوب ها برای مدت ۱۰ دقیقه درون ترموسایکلر با دمای ۹۵ درجه سانتیگراد قرار داده شدند. سپس، بلافاصله پس از خارج کردن، میکروتیوب ها روی یخ قرار گرفتند. بعد از گذشت ۷-۵ دقیقه ۱۲ میکرولیتر از مخلوط محصولات PCR و بافر بارگذاری SSCP با استفاده از سیستم الکتروفورز عمودی حاوی بافر TBE 1X و با ولتاژ ۱۵۰ به مدت ۱۰-۸ ساعت روی ژل آکرل امید غیرواسرشته ساز ۱۰ درصد در دمای ۴ درجه سانتی گراد الکتروفورز شد. برای مشاهده ژنوتیپها از رنگ آمیزی نیترات نقره استفاده شد (۱). عکس های تهیه شده از ژل مورد نظر، بررسی والگوهای بانندی ایجاد شده شمارش شدند. بر اساس الگوهای بانندی ژنوتیپ حیوانات تعیین و سپس با استفاده از نرم افزار PopGENE 32 معیارهای مربوط به چندشکلی ژن لپتین محاسبه گردید.

نتایج و بحث

تکثیر قطعه ۲۶۹ جفت بازی ژن گیرنده لپتین به کمک واکنش زنجیره ای پلی مراز با استفاده از آغازگرهای اختصاصی بخوبی صورت گرفت و صحت طول قطعات تکثیر شده با ژل آگارز ۱ درصد تایید شد. چند شکلی فضائی تک رشته ای (SSCP) جایگاه ژنی گیرنده لپتین در گوسفند کردی خراسان شمالی، بطور موفقیت آمیزی انجام شد و برآیند ۳ الگوی بانندی مشاهده شد (شکل ۱). آزمون کای اسکوار نشان داد که جمعیت مورد مطالعه برای این جایگاه ژنی در تعادل هاردی وینبرگ نبود که این امر می تواند به دلیل کوچک بودن جمعیت و اعمال گزینش در آن باشد. تعداد ژنوتیپ ها و درصد فراوانی آن ها در جدول ۱ و فراوانی آللی ژن لپتین نیز در جدول ۲ نشان داده شده است. میانگین شاخص شانون (I) و نئی (h) نیز به ترتیب ۰/۹۱۵ و ۲/۱۹۶ بود. با توجه به وجود چند شکلی و تنوع خوب ژن گیرنده لپتین در این جمعیت، امید می رود که با بررسی بیشتر این ژن و ارتباط آن با صفات تولیدی خصوصاً صفات رشد بتوان از آن به عنوان شاخصی در انتخاب گوسفندان کردی شمال خراسان استفاده نمود.



شکل ۱- الگوهای باندهای حاصل از ژل آکریل آمید رنگ آمیزی شده با نیترات نقره

جدول ۱- تعداد ژنوتیپ ها و درصد فراوانی آنها

الگوها	AA	AB	AC	جمع
تعداد	25	29	66	۱۲۰
فراوانی (درصد)	۲۱	2۴	۵۵	۱۰۰

جدول ۲- فراوانی آللی

آلل	A	B	C	جمع
فراوانی	0/۶۰۴	0/۱۲	0/۲۷۵	۱

منابع

1. Bassam, B. J., G.C. Anolles, P. M. Gresshoff. 1991. Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. Anal Biochem 196: 80-83.
2. Castracane, V., C. Henson. 2006. Leptin. Springer publications. Library of congress Control. Number: 20059389989. Chpter 2.
3. Delavaud, C., Bocquier, F. Chilliard, Y. Keisler, D. H. Gertler, A.G. Kann. 2000. Plasma leptin determination in ruminants: effect of utritional status and body fatness on plasma leptin concentration assessed by a specific RIA in sheep. Journal of Endocrinology. 165: 519-526.
4. Forhead, A., M. Christopher, J. Lamb, A. Franko, L. Kathryn, O. Connor, M. Deirdre, F. Wooding, B. Cripps, L. Roselle. 2008. Role of leptin in the regulation of growth and carbohydrate metabolism in the ovine fetus during late gestation. Journal of Physiology. 586.9 (2008) pp 2393-2403.
5. Iserentant, H., F. Peelman, D. Defeau, J. Vandekerckhove, L. Zabeau, J. Tavernier. 2005. Mapping of the interface between leptin and the leptin receptor CRH2 domain. Journal of Cell Science. 118, 2519-2527.

6. Zhang, Y., R. Proenca, M. Maffei, M. Barone, L. Leopold, J. M. Friedman. 1994. Positional cloning of mouse obese gene and its human homologue. *Nature*, 372: 425-432.

Study of genetic polymorphisms for leptin receptor gene in north
Khorasan Kourdi sheep

A Shibak^{1*}, MB Montazertorbate¹, H Farhangfar¹, R Ashkanifar², M Frozanmehr¹, M
Mohammadpanah¹

1- Department of Animal Science, Agriculture Faculty, Birjand University. 2- Expert of Center
Breeding Kourdi Sheeps North Khorasan

* Corresponding author E-mail address: a.shibak@yahoo.com

Abstract

With respect to tremendous improvements in molecular genetics, marker assisted selection technique could be utilized to make more rapid progress and as a result to increase animal's production. In marker assisted selection, gene location could be detected based upon linkage map. Information obtained from the molecular marker could be used for selection before expressing the gene. Leptin receptor gene (LEPR) could be a candidate gene for production traits in sheep because of its roles in the regulation of appetite, food and energy intake and blood tension. In order to investigate genetic polymorphism in LEPR gene, blood samples were collected randomly from 120 north Khorasan sheep located at the breeding center of Shirvan. DNA was extracted by salting out method and PCR-SSCP was used to amplify a fragment of 261 bp from first exon and to genotype all animal for this gene. Our results showed that this region is polymorphic; three patterns were observed and frequencies were 0.21, 0.24 and 0.55 respectively. Keywords: North Khorasan Kurdi sheep-Polymorphism-leptin receptor gene

ارزیابی دقت اندازه گیریهای خطی بدن در بره های مغانی برای پیش بینی میزان لاشه تولیدی و محتوای چربی لاشه پس از کشتار
سید مهدی حسینی وردنجانی^{۱*}، سید رضا میرابی آشتیانی^۲، عباس پاکدل^۳ و حسین مرادی شهراباک^۴

۱، دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه تهران

۲، ۳، ۴، به ترتیب استاد، دانشیار و استادیار گروه علوم دامی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران

نویسنده مسئول: سید مهدی حسینی وردنجانی smhosseini2020@ut.ac.ir

چکیده

ذخایر چربی بدن نقش مهمی در تعیین کیفیت لاشه و درجه بندی آن دارد. هدف از این تحقیق برآزش معادلات رگرسیون چندگانه با استفاده از اندازه گیریهای خطی بدن برای تخمین وزن لاشه و ذخایر چربی بدن می باشد. پس از اندازه گیری وزن بدن همراه با قد و طول حیوان، محیط دورسینه، دور شکم و دور گردن در ۳۸ راس بره نر مغانی، گوسفندان مذکور کشتار شدند. سپس لاشه ها تجزیه شد و دنبه از آنها جدا و وزن شد. آنالیز داده ها نشان داد که ضرایب همبستگی بین وزن کل چربی تولید شده در حیوان با محیط دور شکم و دور گردن به ترتیب ۰/۵۲ و ۰/۶۰، بین وزن بدن با وزن دنبه و عمق چربی زیر پوستی به ترتیب ۰/۳۳ و ۰/۳۶، بین وزن بدن با وزن لاشه ۰/۹۲، بین وزن لاشه با محیط دور شکم و محیط گردن به ترتیب ۰/۶۳ و ۰/۶۷ می باشد. مقادیر ضرایب تشخیص در معادلات رگرسیون برای تخمین وزن بدن، وزن لاشه گرم، وزن دنبه، عمق چربی زیر پوستی و وزن کل چربی با استفاده از برخی اندازه گیریهای خطی با روش Step wise و اپتیمم کردن آماره ی مالو (cp)، به ترتیب ۰/۷۴، ۰/۶۱، ۰/۳۴، ۰/۲۳ و ۰/۶۰ می باشد. نتایج حاصل نشان می دهد که می توان وزن ذخایر چربی بدن و همچنین وزن لاشه را با استفاده از این روش با دقت نسبتا بالا برآورد نمود.

کلمات کلیدی: اندازه گیری خطی - ترکیبات لاشه - چربی لاشه - ضرایب همبستگی - رگرسیون چندگانه

مقدمه

گوشت به عنوان مهمترین منبع پروتئین حیوانی، معمولا نقش بسزایی در تامین احتیاجات بدن به اسیدهای آمینه از طریق جیره غذایی انسان برعهده دارد. ترکیبات لاشه از لحاظ کمی و کیفی در بین گونه های مختلف حیوانات و همچنین در داخل یک گونه تفاوت های بارزی دارد. این تفاوت ها نه تنها از دیدگاه اصلاح نژاد برای دست یافتن به پتانسیل برتر ژنتیکی حائز اهمیت است، بلکه می تواند منبع مهمی در تامین انواع ذائقه های مصرف کنندگان به شمار آید. این مسئله همواره مد نظر اصلاح کنندگان قرار داشته است. مصرف کننده بعنوان آخرین لایه از زنجیره غذایی، خواستار لاشه ای با حداکثر میزان عضله و کمترین چربی می باشد (۳). لذا تلاش برای برآورده کردن خواسته مصرف کننده، افزایش درآمد در هر واحد پرورشی را بدنبال خواهد داشت. برای باقی ماندن در عرصه رقابت باید به تولید گوشت و لاشه مطلوبتر و بهبود صفات مرتبط با آن پرداخت. با این حال دونکتها سید را نیز مینمایند مد نظر قرار گیرد: نکتهاول بهبود شایستگی لاشه در مقیاس وسیع و نکته دوم انتخاب ابزار مناسب مورد نیاز پرورش دهندگان برای درک بهبود حاصل شده می باشد که در عین مقرون به صرفه بودن باید از دقت کافی نیز برخوردار باشد (۵). برخی از اندازه گیری های خطی بدن نظیر طول بدن، محیط دور ران و... به عنوان پیش بینی کننده ترکیبات لاشه مطرح هستند (۴). به طور سنتی در برنامه های پرورشی گوسفند گرایش خاصی به انتخاب حیوانات، پیش بینی وزن کشتار، کیفیت لاشه و... بر اساس ارزیابی شکل ظاهری و یا تطابق های ظاهری به عنوان شاخص هایی از عضلانی بودن وجود دارد (۲). هدف از این تحقیق بررسی امکان استفاده از اندازه گیری های خطی بر روی حیوان زنده برای پیش بینی ترکیبات لاشه در گوسفند نژاد مغانیمی - باشد.

مواد و روش‌ها

مطالعه حاضر با استفاده از گوسفندان نژاد مغانی به عنوان یکی از تیپ‌های گوسفندان گوشتی کشور که دنبه‌دار نیز می‌باشد، انجام گرفت. ۳۸ راس بره نر مغانی با میانگین وزن $31/35 \pm 2/94$ خریداری و تحت یک دوره‌ی پرورش دوماهه قرار گرفتند. در پایان دوره با استفاده از یک متر نواری محیط دورگردن، محیط دورسینه، محیط دوربطن حیوان، قد حیوان (ارتفاع جدوگاه از سطح زمین) و طول بدن این گوسفندان با دقت یک سانتی‌متر اندازه‌گیری و در فرم‌های خاص ثبت گردید. وزن زنده هر حیوان با استفاده از باسکول اندازه‌گیری و ثبت شد. سپس گوسفندان به شکل مرسوم کشتار شدند. پس از کشتار و کندن پوست، کلیه امعاء و احشا از بدن خارج گردید و لاشه وزن و به عنوان وزن لاشه گرم ثبت شد. با برش بین دنده‌های ۱۲ و ۱۳ و استفاده از کولیس عمق چربی زیرپوستی در این ناحیه اندازه‌گیری شد. دنبه و محتوای چربی مربوط به هر لاشه از لاشه جدا و وزن شد.

وارد کردن داده‌های حاصل برای آنالیزهای آماری بعدی در محیط Excel ۲۰۰۷ انجام شد. آنالیزهای بعدی با استفاده از Proc corr و Proc reg در نرم افزار SAS به ترتیب برای برآورد ضرایب همبستگی و تابعیت انجام شد. برای آنالیز رگرسیون از مدل آماری زیر استفاده شد:

$$V(y) = \sigma^2 e, y = X\beta + e, E(y) = X\beta, E(e) = 0$$

که در آن y بردار مشاهدات، x ماتریس طرح، β بردار ضرایب رگرسیون متغیرهای مستقل، e بردار باقیمانده، $\sigma^2 e$ واریانس عوامل باقیمانده و E امید ریاضی می‌باشد.

نتایج و بحث

توصیف آماری مربوط به اندازه‌گیری‌های خطی بدن، همراه با وزن لاشه و وزن دنبه در جدول یک نمایش داده شده است.

جدول ۱- میانگین $\pm$ اشتباه معیار مربوطه، انحراف استاندارد و ضریب تغییرات هر کدام از صفات اندازه‌گیری شده

ضریب تغییرات	انحراف استاندارد	اشتباه معیار	میانگین	صفت (سانتی متر)
۵/۹۵	۲/۱۱	۰/۳۴	۳۵/۵۲	محیط دور گردن حیوان
۵/۱۳	۳/۳۵	۰/۵۴	۶۵/۴۷	قد حیوان
۲/۷۳	۱/۴۴	۰/۲۳	۵۲/۷۶	طول بدن حیوان
۸/۶۲	۷/۳۴	۱/۱۹	۸۵/۲۱	محیط دور سینه حیوان
۳/۹۶	۳/۸۱	۰/۶۱	۹۶/۳۴	محیط دوربطن حیوان
۳۱/۷۰	۰/۲۶	۰/۰۴	۰/۸۲	عمق چربی زیر پوستی
۲۱/۷۸	۱/۲۸	۰/۲۰	۵/۹۱	وزن دنبه (کیلوگرم)
۹/۰۸	۲/۵۰	۰/۴۰	۲۷/۵۳	وزن لاشه گرم (کیلوگرم)
۹/۳۰	۴/۷۳	۰/۷۶	۵۰/۶۲	وزن بدن (کیلوگرم)

یکی از موارد نشان دهنده تنوع در جامعه ضریب تغییرات مربوط به آن صفت در جامعه است که تنوع همعامل پیشرفت ژنتیکی است. همانطور که در جدول یک ملاحظه می‌شود بالاترین ضرایب تغییرات مربوط به عمق چربی زیر پوستی با ضریب تنوع ۳۱/۷۰ و وزن دنبه با ضریب تنوع ۲۱/۷۸ می‌باشد که نشان دهنده پتانسیل بالقوه برای اصلاح در برای کاهش چربی لاشه که

مورد علاقه مصرف کننده نیز می باشد، است. در تحقیقی متوسط ارتفاع جدوگاه ۶۵/۶ و متوسط محیط دورسینه ۸۰/۲ سانتی- متر گزارش شده است که با تحقیق حاضر تقریباً مشابه می باشند (۶).

ضرایب همبستگی پیرسون بین اندازه گیری های خطی، وزن بدن و سایر صفات در جدول ۲ نمایش داده شده است.

جدول ۲- ضرایب همبستگی فنوتیپی بین اندازه گیری های خطی بدن و سایر صفات (سطح معنی داری)

صفت	دنبه	عمق چربی زیر پوستی	لاشه گرم	قد حیوان	طول بدن	محیط دور سینه	محیط دور شکم	محیط دور گردن
وزن بدن	۰/۳۳	۰/۳۶	۰/۹۲	۰/۵۵	۰/۵۸	۰/۴۲	۰/۶۲	۰/۶۳
	(۰/۰۴)	(۰/۰۲)	(۰/۰۰۰۱)	(۰/۰۰۰۴)	(۰/۰۰۰۱)	(۰/۰۰۰۲)	(۰/۰۰۰۱)	(۰/۰۰۰۱)
لاشه گرم	۰/۵۲	۰/۳۷	۱	۰/۴۱	۰/۴۰	۰/۴۱	۰/۶۳	۰/۶۷
	(۰/۰۰۰۹)	(۰/۰۲)		(۰/۰۰۹)	(۰/۰۱)	(۰/۰۰۹)	(۰/۰۰۰۱)	(۰/۰۰۰۱)
کل چربی	۰/۷۸	۰/۴۱	۰/۷۴	۰/۳۶	۰/۰۸ (n.s)	۰/۳۳	۰/۵۲	۰/۶۰
	(۰/۰۰۰۱)	(۰/۰۱)	(۰/۰۰۰۱)	(۰/۰۲)		(۰/۰۴)	(۰/۰۰۰۹)	(۰/۰۰۰۱)

کلیه ضرایب همبستگی از متوسط تا بالا بودند و دامنه ی آنها از ۰/۳۳ تا ۰/۹۲ متغیر بود. گزارش شده که تغییرات وزن بدن از بدو تولد تا بلوغ به عنوان الگوی بدن بال تغییرات بافت های داخلیدن مطرح می باشند (۱). برطبق مشاهدات حاصل از این تحقیق نیز ضریب همبستگی بالا و مطلوب (۰/۹۲) بین وزن بدن و لاشه گرم ملاحظه شد. که نشان از تغییرات مستقیم این دو صفت با هم دارد. ضریب همبستگی بین وزن بدن و لاشه سرد با وزن بدن ۰/۸۰ گزارش شد (۳). در تحقیق انجام شده بر روی ۴۰ راس بره Akkaraman نیز همبستگی بین وزن لاشه سرد با وزن بدن ۰/۹۵ گزارش شد (۶). که تقریباً مشابه تحقیق حاضر است. همچنین ضریب همبستگی بین وزن بدن با چربی زیر پوستی و وزن دنبه به ترتیب ۰/۳۶ و ۰/۳۳ مشاهده شد. هر دو این ضرایب متوسط ولی مطلوبند، چرا که تغییرات مشترک وزن بدن با محتوای چربی لاشه (دنبه و چربی لاشه) بسیار زیاد نخواهد بود و امکان افزایش وزن بدن برای رسیدن به وزن بیشتر لاشه در حالی که چربی زیاد بالا نرود وجود دارد. ولی بهر حال انتخاب باید با توجه به هر دو پارامتر افزایش وزن لاشه و کاهش چربی صورت گیرد. ضرایب همبستگی موجود بین وزن لاشه و وزن بدن نیز با اندازه گیری های خطی همگی بالایی باشند.

معادلات رگرسیون چندگانه برای آورد صفات مختلف براساس اندازه گیری های خطی بدن در جدول ۳ نمایش داده شده است. برطبق نتایج حاصل ضریب تعیین پیش بینی وزن لاشه بر اساس تنها محیط شکم و محیط گردن $R^2=0/61$ می باشد. این امر نشان می دهد با اندازه گیری این دو پارامتر، با دقت $R=0/78$ می توان وزن لاشه را پیش بینی کرد. پیش بینی وزن کل چربی تولید شده در حیوان نیز با همین مقدار دقت (۰/۷۸) مقدور است. در مطالعه ای ضریب تعیین پیش بینی کل چربی لاشه بر اساس وزن بدن و محیط دور سینه ۰/۸۷ بیان شد (۶). میزان دقت در پیش بینی وزن دنبه به عنوان یکی از ذخایر مهم چربی در اکثر گوسفندان ایرانی، براساس طول بدن، محیط دور سینه و محیط دور گردن با دقت ۰/۵۸ میسر است.

جدول ۳- معادلات رگرسیون چندگانه با استفاده از اندازه گیری های خطی برای پیش بینی وزن بدن، وزن لاشه و ذخایر چربی

SS _e	cp	R ²	معادلات تابعیت	صفت

BW	$-98.27+0.37(\text{Hb})+1.1(\text{Lb})+0.46(\text{Vc})+0.61(\text{Nc})$	۰/۷۴۴	۴/۳۹	۲۱۲/۵۶
HCW	$-21.56+0.26(\text{Vc})+0.58(\text{Nc})$	۰/۶۱۵	۳/۳	۸۸/۹۳
Fattail	$5.67-0.26(\text{Lb})+0.04(\text{Hg})+0.28(\text{Nc})$	۰/۳۴	۲/۶	۴۰/۶۶
Total fat	$17.44+0.26(\text{bw})-0.48(\text{Lb})+0.16(\text{Nc})$	۰/۶۰۴	۲/۳۸	۳۹/۱۶
CFT	$-24.63+0.22(\text{Vc})+0.31(\text{Nc})$	۰/۲۳	۱/۳۱	۱۹۹/۵۱

BW: وزن بدن، HCW: وزن لاشه گرم، Fat tail: وزن دنبه، Total fat: کل چربی (وزن دنبه + چربی لاشه)، CFT: عمق چربی زیرپوستی، Lb: طول بدن، Hb: قد حیوان، Vc: محیط دور شکم، Nc: محیط دور گردن، R^2 : ضریب تبیین، cp: آماره مالو، SS_e : مجموع مربعات باقیمانده

نتیجه گیری

برطبق نتایج حاصل از این تحقیق می توان با اندازه گیری برخی خصوصیات فنوتیپیدر حیوان زنده که براحتی قابل رکورد گیری می باشد، خصوصیات لاشه و ذخایر چربی آن را تعیین کرد. بنابراین ارزیابی حیوانات با این روش برای برنامه های اصلاحی و تغذیه ای نسبت به کشتار دام آسانتر و مقرون به صرفه تر خواهد بود.

منابع

- 1- Butterfield, R. (1988). New Concepts of Sheep Growth. Griffin Press, Australia, 168 pp.
- 2- Nsoso, S., Young, M., & Beatson, P. (2000). A review of carcass conformation in sheep: assessment, genetic control and development. Small Ruminant Research, 35: 89-96.
- 3- Orman, A., Çalıskan, GÜ., Dikmen, S., Üstüner, H., Ogan, M. M., & Çalıskan, Ç. (2008). The assessment of carcass composition of Awassi male lambs by real-time ultrasound at two different live weights. Meat science, 80: 1031-1036.
- 4- Stanford, K., Jones, S., & Price, M. (1998). Methods of predicting lamb carcass composition: a review. Small Ruminant Research, 29: 241-254.
- 5- Wilson, D. E. (1992). Application of ultrasound for genetic improvement. Journal of Animal Science, 70: 973-983.
- 6- Yardimci, M., Çetingül, I., & Bayram, I. (2009). Estimation of carcass composition and fat depots by means of subcutaneous adipocyte area and body and tail measurements in fat-tailed Akkaraman lambs. South African Journal of Animal Science, 38: 215-221.

Evaluation the accuracy of body linear measurements in Moghani lambs to predict carcass production and carcass fat content after slaughter

Abstract

Body fat stores play an important role in determining the quality of carcass and its grading. The purpose of this study was to establish multiple regression equations using linear body measurements to estimate carcass weight and body fat stores. After measuring body weight, height and length of the animal, the chest, ventricle and neck circumference in 38 Moghani male lambs, sheep's were slaughtered. Then, carcasses were analyzed and fat-tail was separate and weighed. Data analysis showed high correlation coefficients between total fat with ventricle and neck circumference 0.52 and 0.60, between body weight with fat-tail and subcutaneous fat depth

0.33 and 0.36, between body weight with carcass weight 0.92, between carcass weight with ventricle and neck circumference 0.63 and 0.67, respectively. Coefficient of determination in the multiple regression equations to estimates body weight, carcass weight, fat-tail weight, subcutaneous fat depth and total fat, by the use of linear measurements with step wise methods and the optimal statistic (cp) were 0.74, 0.61, 0.34, 0.23 and 0.60, respectively. According to the results can be estimates the carcass weight and fat reserves weight with high accuracy by using a linear measure of body.

Keywords: linear measurements- body composition- body fat- Correlation coefficients- multiple regression

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران

مهدی کیقبادی^۱، خبات خیرآبادی^{۲*}، صادق علیجانی^۳

^۳عضو هیأت علمی دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز، ^۱دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه ساری،

^۲دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز

E-mail: kheirabadi89@ms.tabrizu.ac.ir : نویسنده مسئول *

چکیده

مؤلفه های (کو) واریانس صفات تولیدی (شیر، چربی، و پروتئین) نخستین دوره شیردهی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل روزآزمون رگرسیون تصادفی تک صفت به روش REML برآورد شدند. فایل دادهها برای همه صفات شامل ۱۱۳۶۸ حیوان با ۱۰۰۶۷۹ رکورد روزآزمون بود. رکوردها مربوط به گاوهایی بودند که زایش آنها بین سالهای ۱۳۸۰ تا ۱۳۹۰ بوده باشد. محدوده وراثت پذیری ۳۰۵ روز دوره شیردهی صفات تولیدی ۲۵ تا ۳۲ درصد برآورد شد. بیشترین همبستگی ژنتیکی برای صفت پروتئین مشاهده شد.

واژه های کلیدی: صفات تولیدی - رکوردهای روزآزمون - شمارسلولهای بدنی - مدل روزآزمون رگرسیون تصادفی

مقدمه

برای پرورش دهندگان گاوهای شیری تولیدات شیر، چربی، و پروتئین منابع اصلی درآمد بوده و مهمترین صفات در اهداف انتخاب محسوب میشوند. عملکرد ۳۰۵ روز با استفاده از قوانین نسبتاً ساده سارگنت و همکاران (۱۹۶۸) برای تک رکوردهای فردی برآورد میشود. در این مدل فرض میشود که برای هر حیوان همبستگی ژنتیکی بین کلیه جفت رکوردها برابر با یک بوده، واریانس همه رکوردها مساوی است و همبستگی محیطی بین کلیه جفت رکوردها نیز یکسان و برابر میباشد (۳). با استفاده از مدل روزآزمون (TD) برخی از مشکلات مدل ۳۰۵ روز رفع میشود. در مدل TD بسط دوره شیراری لازم نبوده و نیز اثرات محیطی برای روزآزمونهای متفاوت در نظر گرفته میشود. یک مدل مناسب برای آنالیز دادههای تکرار شده در سنین مختلف، مدلی است که ساختار میانگین و کواریانس، که در طول زمان و یا زندگی حیوان متغیر میباشد، را در برآورد پارامترهای ژنتیکی مدنظر قرار دهد (۳). این تحقیق با هدف برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی نخستین دوره شیردهی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل روزآزمون رگرسیون تصادفی تک صفتی انجام شد.

مواد و روشها

در این تحقیق از رکوردهای TD نخستین دوره شیردهی گاوهای هلشتاین ایران، جمعآوری شده برای سالهای ۱۳۸۰ تا ۱۳۹۰ به توسط مرکز اصلاح نژاد کرج، استفاده شد. به منظور بهبود ساختار فایل دادهها تنها از حیواناتی استفاده شد که در فایل شجره دارای پدر و مادر بوده باشند. در ساخت فایل داده، گاو با نخستین رکورد ثبت شده بالاتر از ۶۰ روزگی دوره شیردهی از فایل دادهها حذف شدند، و تنها از رکوردهایی استفاده شد که برای هر گاو سه بار در روز (MT) ثبت رکورد شده باشد. فواصل بین رکوردها به نحوی تنظیم شد که در نهایت فاصله بین رکوردهای باقی مانده در فایل داده کمتر از ۱۵ روز نباشد. رکوردها برای

روزهای ۵ تا ۳۰۵ دوره شیردهی محدود شدند. برای صفات تولیدی شیر (۱-۷۰ کیلوگرم)، چربی (۹-۱/۵٪)، و پروتئین (۷-۱٪) نیز محدودیتهایی اعمال شد. سن در موقع زایش برای روزهای ۶۶۰ تا ۱۰۰۰ محدود، و به ۳ کلاس سنی (۸۰۰، ۹۰۰-۸۰۰، و ۹۰۰+) رده بندی شد. همچنین برای فصل زایش کلاسه بندی به چهار فصل مختلف (بهار، تابستان، پائیز، و زمستان) صورت گرفت. بطوریکه در نهایت برای اثر ثابت سن - فصل (AS) در موقع زایش ۱۲ کلاس تعیین شد (۴). اثر AS در موقع زایش بصورت رگرسیون ثابت و حالت آشیانه ای در روز آزمونهای مختلف منظور گردید. حداقل تعداد رکورد TD، برای گاوهای دارای رکورد در فایل نهایی، ۸ رکورد منظور گردید. به منظور اطمینان از ارتباط مناسب بین داده ها و کاهش اشتباه برآوردها، حداقل زایش سالانه در هر گله ۱۰ راس و نیز همین تعداد بعنوان حداقل تعداد دختران به ازاء هر والد نر منظور گردید (۱). داده ها در نهایت شامل ۱۰۰۶۷۹ رکورد TD برای هر یک از صفات تولیدی در نخستین دوره شیردهی جمع آوری شده از ۱۱۳۶۸ گاو شیری هلستاین بود. به منظور استفاده از حداکثر روابط خویشاوندی از فایل شجره کلی، با ۱۰۹۷۴۶۰ راس حیوان برای سالهای ۱۳۶۹ تا ۱۳۹۰، استفاده شد. توضیحات بیشتر برای فایل داده ها در جدول ۱ آورده شده است. در این تحقیق برای توصیف منحنی صفات تولیدی از تابع لژاندر درجه ۳ (با ۴ ضریب) استفاده شد.

مدل برآورد اجزاء واریانس برای هر یک از صفات تولیدی:

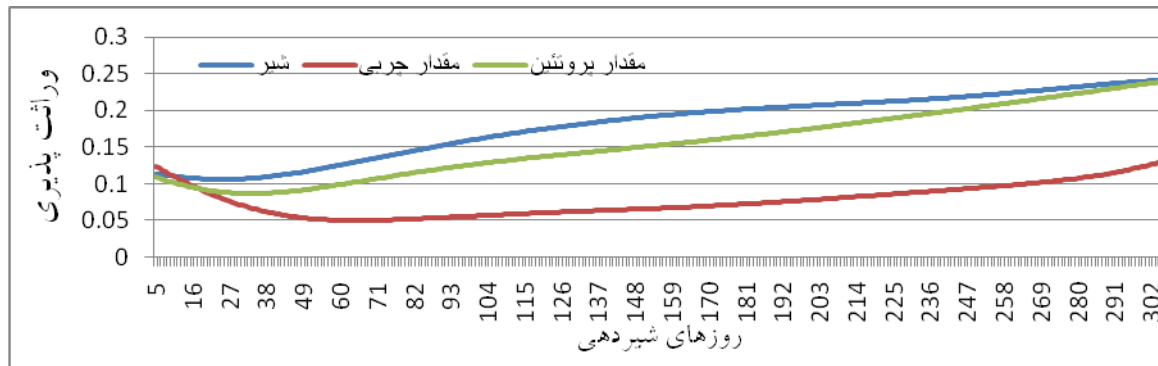
$$y_{ijklm} = YCi + HTDj + ASk + \sum_{m=0}^4 \alpha_{ln} + \sum_{m=0}^4 p_{eln} + e_{ijklm},$$

که: امین رکورد گاو، برای امین کلاس، و امین؛ اثر ثابت سال زایش؛ اثر ثابت گله -تاریخ رکوردبرداری؛ و به ترتیب ضرایب رگرسیون تصادفی ژنتیک افزایشی و محیط دائمی؛ = واریانس باقی مانده مربوط به؛

نتایج و بحث

وارث پذیری ۳۰۵ روز دوره شیردهی برای صفات شیر، چربی، و پروتئین به ترتیب ۲۸٪، ۲۵٪، و ۳۱٪ برآورد گردید. در تحقیق قبلی با استفاده از مدل حیوانی تک متغیره، وراثت پذیری صفات شیر و چربی تولیدی، به ترتیب ۲۷٪ و ۲۲٪ گزارش شده است (۲). وراثت پذیری روزآزمونهای مختلف دوره شیردهی برای همه صفات در شکل ۱ آورده شده است. همبستگی ژنتیکی روزهای مختلف دوره شیردهی برای هر یک از صفات تولیدی بصورت جداگانه برآورد گردید و در اشکال ۲ تا ۴ آورده شده است. بر اساس یافته های تحقیق، بیشترین همبستگی ژنتیکی بین روزهای مختلف دوره شیردهی مربوط به صفت تولیدی پروتئین میباشد.

شکل ۱: وراثت پذیری روزهای مختلف شیردهی هر یک از صفات تولیدی

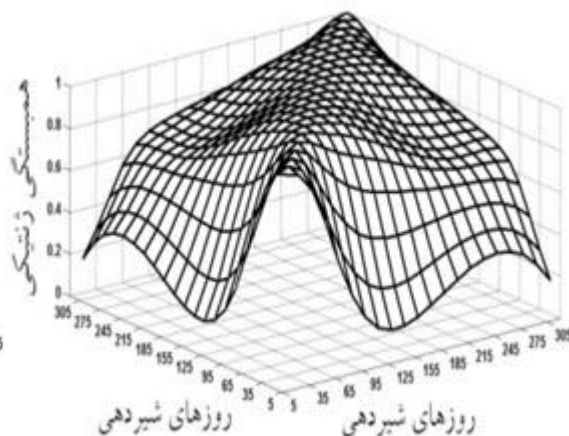
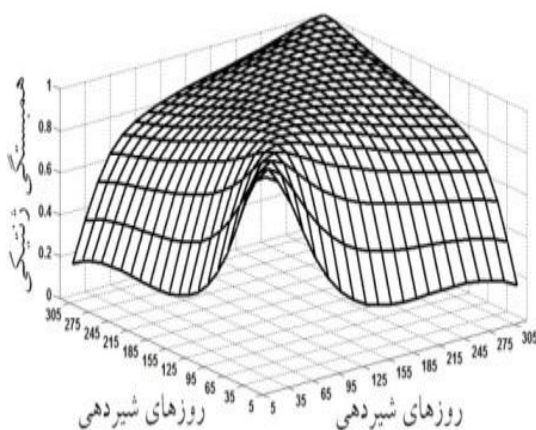


جدول ۱: آمار توصیفی فایل داده‌ها

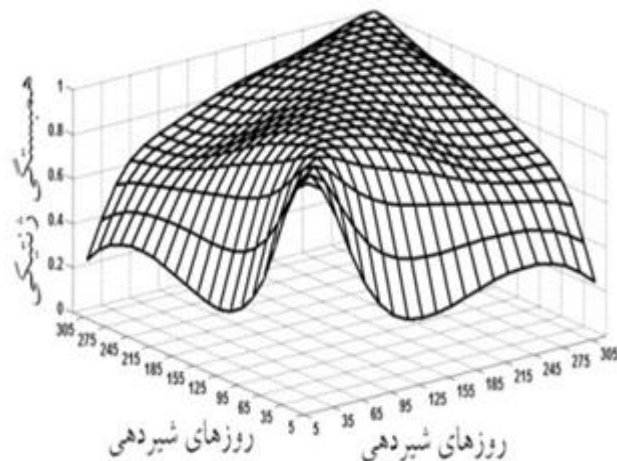
میانگین (انحراف معیار)	
۲۹/۳۴ (۶/۶۴)	شیر
۰/۹۷۴ (۰/۳۹۴)	چربی
۰/۸۹۱ (۰/۲۲۶)	پروتئین
۱۰۰۲۵۰۱	تعداد حیوانات در فایل شجره
۱۱۳۶۸	تعداد حیوانات رکورد دار
۱۰۰۶۷۹	تعداد رکورد TD برای هر صفت
۳۴۳	تعداد والد تر
۳۳/۱۴	متوسط تعداد دختران به ازاء هر والد تر
۸/۸۶	متوسط تعداد رکوردهای TD به ازاء هر حیوان
۲۸/۳۴	متوسط تعداد رکوردهای TD به ازاء هر کلاس HTD

شکل ۳: همبستگی ژنتیکی روزهای مختلف دوره

شکل ۲: همبستگی ژنتیکی روزهای مختلف دوره شیردهی صفت شیر
شیردهی مقدار چربی



شکل ۴: همبستگی ژنتیکی روزهای مختلف دوره شیردهی مقدار پروتئین



منابع

۱. رزم کبیر م. مرادی شهر بابک م. پاکدل ع. نجاتی جوارمی الف. ۱۳۸۷. برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روزآزمون تولید شیر در گاوهای شیری. سومین کنگره علوم دامی کشور.

۲. شیخلو م. ر. شجاع ج. پیرانی ن. علیجانی ص. رافت س ع. ۱۳۸۸. برآورد وراثت پذیری و تکرار پذیری صفات تولید شیر و چربی گاوهای هلشتاین ایران با کمک مدل‌های تک متغیره و چند متغیره. مجله پژوهشهای علوم دامی. جلد ۱۹ شماره ۱.

3. Mrode, R. A. 2005. Linear models for the prediction of animal breeding values. Second Edition

4. Zavadilova, L., J. Wolf, M. Stipkova, E. Nemcova and J. Jamrozik. 2011. Genetic parameters for somatic cell score in the first three lactations of Czech Holstein and Fleckvieh breeds using a random regression model. Czech J. Anim. Sci. (6):251-260

Estimate of Genetic parameters of production traits of Iranian Holstein cows

Mehdi Keyghobadi¹, Khabat Kheirabadi^{*2}, Sadegh Alijani³

³Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Tabriz

¹M Sc Students, Department of Animal Science, University of Sari, Sari, Iran

^{2*}M Sc Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Tabriz

*Corresponding author E mail: kheirabadi89@ms.tabrizu.ac.ir

Abstract

(Co) variance component of production traits (milk, fat, and protein yield) of first lactation were estimated for Iranian Holstein cows with used of random regression test day model and REML method. For all traits data file included 11368 cows, with 100679 test-day records. Records were of cows calving from 2001 to 2011. The resulting period heritability for production traits ranged from 0.25-0.32. The large correlation was observed for protein yield.

Keywords: Production traits – Test day records – Somatic cell count – Test-day random regression model

سپاسگزاری:

بدین وسیله از مساعدت‌های جناب آقایان دکتر امیر رشیدی و دکتر عبدالاحد شادپور و نیز همکاری مرکز اصلاح نژاد کرج صمیمانه تشکر و قدردانی میشود.

فواصل اطمینان حاصل از روشهای مختلف مکانیابی و بررسی آنها با استفاده از شبکه عصبی مصنوعی

کریم نوبری^{۱*}، علی اصغر اسلمی نژاد^۲، محمد رضا نصیری^۳، مجتبی طهمورث پور^۴، علی اسماعیلی زاده کشکوئیه^۵
^۱ دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، ^۲ دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، ^۳ دانشیار بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان
*نویسنده مسئول: کریم نوبری، مشهد-میدان آزادی-دانشگاه فردوسی-دانشکده کشاورزی-گروه علوم دامی،
k_nobari_ir@yahoo.com

چکیده

این مطالعه با هدف بررسی اثر برخی از پارامترهای آزمایشی بر روی فواصل اطمینان بدست آمده از روشهای مختلف تجزیه طرح F_2 انجام شد. بعد از شبیه سازی و مکانیابی، اندازه فاصله اطمینان با ۵ روش مختلف در هر تکرار از سناریوها بدست آمد. سپس میزان فواصل اطمینان صحیح (PACI) و میانگین فواصل اطمینان صحیح (MACI) در هر کدام از سناریوها بررسی گردید. مشخص گردید که در فواصل اطمینان ۹۹ و ۹۵٪ حاصل از روش بوت استرپ با وجود بالا بودن PACI میزان MACI نیز بالا بود. فاصله اطمینان $1/5$ LOD پشتیبان بیشتر تحت تاثیر پارامترهای آزمایشی قرار گرفتند. بنابراین روش 1 LOD پشتیبان و روش فاصله معتبر بیزی (BCI) برای بررسیهای بیشتر پارامترها با استفاده از شبکه عصبی مصنوعی (ANN) مورد بررسی قرار گرفت. یک شبکه پرسپترون چند لایه که با الگوریتم پس انتشار آموزش می دید مورد استفاده قرار گرفت. این مطالعه نشان داد که ANN روابط بین پارامترهای آزمایشی و فاصله اطمینان را به خوبی پیش بینی می نماید. به طوری که به طور میانگین R^2 بدست آمده در تمام روشها برای پیش بینی MACI حدود $0/98$ بود. مدل بدست آمده از شبکه عصبی برای بررسی سطوح گسترده تری از پارامترهای آزمایشی مورد بررسی به کار گرفته شد.

واژگان کلیدی: فواصل اطمینان - مدلسازی شبکه عصبی مصنوعی - مکانیابی QTL

مقدمه

پیشرفت نقشه های ژنتیکی بر اساس چند شکلی DNA ابزار قدرتمندی را برای اصلاحگران حیوانات و گیاهان جهت مطالعه تغییرات صفات کمی فراهم نموده است. روش رگرسیونی هالی و نات که می تواند در هر بسته نرم افزاری آماری معمول مورد استفاده قرار گیرد در سال ۱۹۹۲ (۲) ارائه گردید و به طور گسترده در مکانیابی QTL مورد استفاده قرار گرفت (۱). با استفاده از یک مثال ثابت شد که نتایج بدست آمده از این روش مشابه نتایج بدست آمده از روش مکانیابی فاصله ای حداکثر درست نمایی می باشد.

برای بدست آوردن موقعیت دقیق QTL، فاصله اطمینان ۹۵٪ موقعیت QTL معیار مهمی برای ارزیابی آزمایش مکانیابی می باشد. در این مطالعه اثر پارامترهای مختلف آزمایشی مذکور بر روی فواصل اطمینان بدست آمده از روشهای مختلف مورد بررسی قرار گرفته است.

تکنیک شبکه عصبی مصنوعی (ANN) برای حل مسائل پیچیده غیر قابل حل با روشهای ریاضی در علوم مختلف مورد استفاده قرار می گیرد. یک مدل یا شبکه ANN می تواند چندین متغیر وابسته را بر اساس متغیرهای مستقل پیش بینی نماید در حالی که روشهای ریاضی در هر مرتبه فقط یک متغیر وابسته را می تواند پیش بینی نماید (۴).

در این تحقیق یک مطالعه شبیه سازی گسترده برای بررسی تاثیر فاصله نشانگری، اندازه جمعیت، انحراف استاندارد اثر QTL نسبت انحراف استاندارد اثر افزایشی به غالبیت و موقعیت QTL نسبت به نشانگرهای در بر گیرنده آن بر روی در صد فواصل اطمینان صحیح و میانگین فواصل اطمینان صحیح انجام شد. سپس مطالعه با استفاده از ANN مدلسازی و با استفاده از بهترین مدل برای تعداد گسترده تری از سناریوها فواصل اطمینان پیش بینی گردید. روش بسط مطالعات شبیه سازی توسط نوبری و همکاران ۲۰۱۲ (۳) ارائه گردید.

مواد و روشها

یک کروموزوم که در روی آن ۱۱ نشانگر و یک QTL در میانه آن بود در دو لاین شبیه سازی گردید. طول کروموزوم مورد بررسی بسته به فاصله نشانگری مورد استفاده در سناریوهای مختلف ۵۰ یا ۱۰۰ سانتی مورگان بود. هر یک از لاینها دارای آللهای مختلفی در جایگاههای نشانگر و QTL بودند. بنابراین عدم تعادل کامل بین جایگاهها در نسل F₁ ایجاد گردید و برای ایجاد نسل F₂ جمعیت نسل F₁ به طور تصادفی با یکدیگر آمیزش داده شدند. در محاسبه نوترکیبی بین جایگاهها از تابع نقشه ای هالدان استفاده شد. فنوتیپ طراحی شده برای هر یک از افراد جمعیت بر اساس ژنوتیپ QTL و اثر تصادفی دارای یک انحراف معیار بود. ترکیبات مختلفی از پارامترهای آزمایشی برای شبیه سازی جمعیت مورد بررسی، ژنوم و فنوتیپ آن مورد استفاده قرار گرفت. از ترکیب سه سطح اندازه جمعیت، دو سطح فاصله نشانگری، سه سطح انحراف استاندارد اثر QTL، سه سطح موقعیت نسبی QTL به نشانگرهای دو طرف آن و سه سطح نسبت اثر افزایشی به غالبیت ۱۶۲ سناریوی مختلف ایجاد گردید. برای هر سناریو به تعداد ۱۰۰ تکرار جمعیت شبیه سازی شده و مورد مکانیابی قرار گرفته و فواصل اطمینان حاصل از روشهای مختلف ثبت گردید. آستانه معنی داری ۵٪ هر یک از تکرارها با استفاده از آزمون تبدیل تعیین گردید به طوری که داده های ژنوتیپی و فنوتیپی هر یک از تکرارها به طور مستقل به تعداد ۱۰۰۰ مرتبه انتخاب و مورد مکانیابی قرار گرفت و مقدار آماره LODی که ۵٪ از داده های فوق از آن بیشتر بودند به عنوان آستانه معنی داری در نظر گرفته شد.

تجزیه آمایش با استفاده از روش هالی- نات و به کمک پکیج R/qtl صورت گرفت. روش رگرسیون هالی - نات بر اساس رگرسیون فنوتیپ بر ماتریس احتمال شرطی ژنوتیپ QTL بر اساس ژنوتیپ نشانگر می باشد. برای کلیه نقاط کروموزوم مورد بررسی مقادیر LOD در هر تکرار ترسیم شد و به این ترتیب فاصله بین نقاطی از کروموزوم که ۱ و ۱/۵ LOD از حداکثر LOD بدست آمده در کروموزوم کمتر بودند و در دو طرف نقطه حداکثر قرار داشتند به عنوان فاصله اطمینان دارای ۱ و ۱/۵ LOD پشتیبان تعریف گردید. برای بدست آوردن فاصله اطمینان بوت استراپ نیز به مانند آزمون تبدیل نمونه گیری تصادفی صورت گرفت با این تفاوت که در اینجا نمونه گیری بدون جایگذاری بود. نمونه گیری تصادفی به تعداد ۱۰۰۰ مرتبه برای هر یک از تکرارها صورت گرفت و محدوده ای از کروموزوم که تعداد ۹۵۰ و ۹۹۰ QTL یافت شده در ۱۰۰۰ نمونه گیری تصادفی را در بر می گرفت به ترتیب به عنوان فاصله اطمینان بوت استراپ ۹۵ و ۹۹٪ در نظر گرفته شد. با فرض اولیه اینکه احتمال وجود QTL در هر نقطه از کروموزوم توزیع پسین برای LOD تغییر مقیاس داده شده به 10^{LOD} تابع فاصله محتمل حضور QTL به صورت $f(\theta|data) = 10^{LOD(\theta)} / \sum_{\theta} 10^{LOD(\theta)}$ می باشد. بنابراین فاصله معتبر ۹۵٪ بیزی ناحیه ای از کروموزوم است که در آن $\sum_{\theta \in I} f(\theta|data) \geq 0.95$ برقرار باشد.

برای بدست آوردن درصد فواصل اطمینان صحیح (PACI) و میانگین فواصل اطمینان صحیح (MACI) در هر سناریو از فرمولهای زیر استفاده شد.

$$PACI = \frac{\text{مجموع اندازه فواصل اطمینان صحیح}}{\text{تعداد تکرارهای معنی دار برای هر سناریو}}$$

$$MACI = \frac{\text{تعداد حدود اطمینانهای صحیح}}{\text{تعداد تکرارهای معنی دار برای هر سناریو}}$$

بعد از محاسبه PACI و MACI برای هر یک از سناریوها، یک مدل ANN تهیه گردید که در آن پارامترهای آزمایشی به عنوان ورودی و PACI و MACI به عنوان خروجی در نظر گرفته شد. سپس از مدل تهیه شده برای پیش بینی میانگین فواصل اطمینان برای روشهای فاصله معتبر بیز و فاصله اطمینان داری ۱ LOD پشتیبان پیش بینی گردید. تعداد سناریوهای مورد بررسی در این بخش از ترکیب ۱۳ سطح اندازه جمعیت، ۶ سطح فاصله نشانگری، ۷ سطح انحراف استاندارد QTL و ۶ سطح نسبت اثر افزایشی به غالبیت بدست آمد که در مجموع ۳۲۷۶ سناریوی مختلف را ایجاد می کرد.

نتایج و بحث

PACI حاصل از همه روشها با افزایش اندازه جمعیت و قرار گرفتن QTL در نزدیکی نشانگر افزایش یافت. PACI مربوط به ۱ LOD پشتیبان به شدت تحت تاثیر انحراف استاندارد کلی QTL قرار گرفتند همچنین کاهش فاصله نشانگری بخصوص در مواردی اندازه انحراف استاندارد QTL کوچک بسیار مشهود بود. PACI بدست آمده از ۱/۵ LOD پشتیبان بخصوص موقعی که اندازه انحراف استاندارد QTL از ۰/۲ به ۰/۵ افزایش یافت. افزایش تراکم نشانگری در مواقعی که انحراف استاندارد QTL متوسط و بالا بود تاثیر زیادی بر روی PACI بدست آمده از روش ۱/۵ LOD پشتیبان نداشت. افزایش مقدار انحراف استاندارد QTL کمابیش باعث کاهش PACI بدست آمده از روش بیزی گردید. PACI بدست آمده از هر دو روش بوت استرپ تحت تاثیر پارامترهای مورد بررسی قرار نگرفتند.

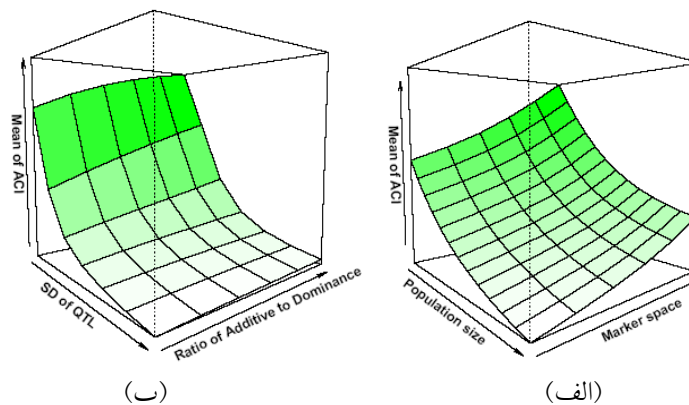
در خصوص MACI همه روشها تحت تاثیر پارامترهای مورد بررسی قرار گرفتند ولی به طور کلی تاثیر انحراف استاندارد QTL، اندازه جمعیت و فاصله نشانگری از همه مشهود تر بود. در کلیه روشها MACI بدست آمده با یک روند مشابه تحت تاثیر پارامترهای آزمایشی قرار گرفتند. در کل روش یک LOD پشتیبان و روش بیزی در کلیه ترکیبات MACI کمتری نسبت به بقیه موارد بدست دادند.

با بررسی شبکه های مختلف برای پیش بینی PACI یک LOD پشتیبان و روش بیزی حاصل از روشهای شبکه ای با ساختار ۵ - ۱۰ - ۹ - ۵ - ۲ (به ترتیب تعداد ورودی، تعداد نرونها در لایه پنهان اول، دوم، سوم و تعداد خروجی) بدست آمد. آماره های R^2 و RMSE برای روش یک LOD پشتیبان و روش بیزی برای کل داده ها (سری داده آموزش + سری داده آزمون) به ترتیب برابر با ۰/۷۸، ۰/۸۶ و ۰/۸۶، ۰/۶۶ بود.

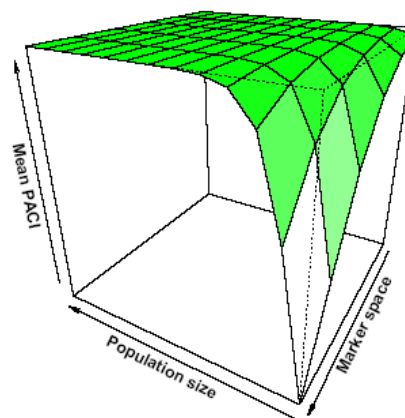
شبکه ای با ساختار ۴ - ۱۰ - ۵ - ۵ برای پیش بینی MACI به عنوان بهترین ساختار شبکه انتخاب گردید. آماره های R^2 و RMSE برای کل داده ها (سری داده آموزش + سری داده آزمون) در روش یک و یک و نیم LOD پشتیبان برابر با ۰/۹۸، ۰/۳۳ و ۰/۹۸، ۰/۳۱ بود و برای روش بیزی برابر با ۰/۹۸، ۰/۳۱ بود و همچنین برای روشهای روش بوت استرپ ۹۵ و ۹۹٪ برابر با ۰/۹۹، ۰/۳ و ۰/۹۹، ۰/۳ بود.

با استفاده از مدل ANN بدست آمده برای پیش بینی PACI و MACI به تعداد ۳۲۷۶ سناریوی مختلف MACI و PACI پیش بینی گردید. تاثیر پارامترهای آزمایشی مختلف بر روی مقادیر PACI و MACI با وضوح بیشتری قابل مشاهده بود. در شکل ۱ الف تاثیر سطوح مختلف اندازه جمعیت و فاصله نشانگری بر مقدار MACI بدست آمده از روش یک LOD پشتیبان آورده شده است. در شکل ۱ ب نیز تاثیر ترکیبات مختلف سطوح انحراف استاندارد QTL و نسبت انحراف استاندارد

افزایشی به غالبیت بر مقدار MACI بدست آمده از روش یک LOD پشتیبان آورده شده است. در بررسی تاثیر سطوح مختلف اندازه جمعیت و فاصله نشانگری بر روی PACI بدست آمده از روش یک LOD پشتیبان در شکل ۲ آورده شده است.



شکل ۱- تاثیر سطوح مختلف اندازه جمعیت و فاصله نشانگری (الف) و ترکیبات مختلف سطوح انحراف استاندارد QTL و نسبت انحراف استاندارد افزایشی به غالبیت بر مقدار MACI بدست آمده از روش یک LOD پشتیبان (ب)



شکل ۲- تاثیر سطوح مختلف اندازه جمعیت و فاصله نشانگری بر روی PACI بدست آمده از روش یک LOD پشتیبان

منابع

- 1- Feenstra B, Skovgaard IM and Broman KW. 2006. Mapping quantitative trait loci by an extension of the Haley-Knott regression method using estimating equations. *Genetics* 173: 2269–2282.
- 2- Haley C and Knott S. 1992. A simple regression method for mapping quantitative trait loci in line crosses using flanking markers. *Heredity* 69: 315–324.
- 3-Nobari, K., M.R. Nassirya, A.A. Aslaminejada, M. Tahmoorespur and A. Esmailzade. 2012. Effects of QTL parameters and marker density on efficiency of HaleyKnott regression interval mapping of QTL with complex traits and use of artificial neural network for prediction of the efficiency of HK method in livestock. *Journal of Applied Animal Research*, 1-9, iFirst article.
- 4- Zhang Q, Yang SX, Mittal GS and Yi S. 2002. Prediction of performance indices and optimal parameters of rough rice drying using neural networks. *Biosystems Eng.* 83: 281–290.

Confidence Intervals Obtained from Different Methods and Their Consideration Using Artificial Neural Network

Karim Nobari^{1*}, Ali Asghar Aslaminejad¹, Mohammad Reza Nassiry¹, Mojtaba Tahmoorespur¹, Ali K Esmaili²

¹Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad,

²Department of Animal Science, College of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman.

k_nobari_ir@yahoo.com

Abstract

This study was conducted to consideration of the effect of many experimental parameters on confidence intervals (CI) obtained from different methods for F_2 design. CI obtained for 5 methods from QTL mapping of simulated data for each replicate of the scenarios. Percent of accurate confidence interval (PACI) and mean of ACI (MACI) were calculated for each scenario. The study shows that although 95 and 99% bootstrap methods have high PACI, size of MACI of the methods was large. 1.5 LOD support interval more affected by experimental parameters. Thus using artificial neural network, 1 LOD support interval and Bayesian credible interval (BCI) were more considered. A multilayer perceptron network training by backpropagation algorithm was used. This study indicated that ANN adequately predicts the relation between experimental parameters and CI. Thus in average 0.98 of R^2 obtained for prediction of MACI in all methods. The obtained model of neural network used for considering combinations of more levels of experimental parameters.

Key Words: Confidence Interval - ANN Modeling – QTL Mapping

بررسی روش ساده پیشنهاد شده و روش شبکه عصبی برای محاسبه فواصل اطمینان موقعیت QTL در طرح F₂

کریم نوبری^{*۱}، علی اصغر اسلمی نژاد^۲، محمد رضا نصیری^۳، مجتبی طهمورث پور^۴، علی اسماعیلی زاده کشکوئیه^۵
^۱ دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، ^۲ دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، ^۳ دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان
^۴ نویسنده مسئول: کریم نوبری، مشهد-میدان آزادی-دانشگاه فردوسی-دانشکده کشاورزی-گروه علوم دامی،

k_nobari_ir@yahoo.com

چکیده

شناسایی موقعیت QTL موجود در ژنوم همراه با خطا می باشد. فاصله ای از ژنوم که شامل فاصله اطمینان ۹۵٪ موقعیت QTL است در مکانیابی مهم می باشد. قدرت تجزیه که به عنوان ۹۵٪ فاصله اطمینان موقعیت QTL تعریف می گردد، آستانه اندازه فاصله مارکری می باشد. این مطالعه برای بررسی روشهای مختلف محاسبه فاصله اطمینان صورت گرفت. اثر افزایشی QTL، نسبت اثر افزایشی به غالبیت و اندازه جمعیت طرح F₂ فاصله اطمینان را تحت تاثیر قرار می دهد. با داشتن پارامترهای فوق و نتایج قدرت تجزیه از داده های شبیه سازی، دو نوع روش که شامل فرمولهای پیشنهاد شده و مدل شبکه عصبی مصنوعی پرسپترون چند لایه برای پیش بینی قدرت تجزیه در طرح F₂ مورد بررسی قرار گرفتند. شبکه عصبی مورد مذکور با استفاده از الگوریتم پس انتشار آموزش می دید. مدل شبکه عصبی با داشتن R² به مقدار ۰/۹۹ و RMSE به مقدار ۳/۳۴ بسیار دقیق بود. سپس برای بررسی تاثیر هر یک از پارامترهای مورد بررسی بر روی فاصله اطمینان، برای تعداد زیادی از سناریوها با استفاده از مدل شبکه عصبی مصنوعی فاصله اطمینان پیش بینی گردید. در بررسی سناریوهای زیاد نشان داده شد که اثر پارامترهای مورد بررسی بر روی فاصله اطمینان معنی دار بود. همچنین اثر متقابل اندازه جمعیت با اثر جایگزینی آلی و نسبت اثر غالبیت به افزایشی برای پیش بینی فاصله اطمینان معنی دار بود.

واژگان کلیدی: طرح F₂ - قدرت تجزیه - شبکه عصبی مصنوعی - مدل سازی - بسط مطالعه

مقدمه

مکانیابی QTL روش مناسبی برای شناسایی نقاط ژنومی موثر بر روی صفات کمی می باشد. به هر حال در مکانیابی ممکن است جایگاه شناسای شده از موقعیت واقعی آن کمی منحرف باشد. در مکانیابی داشتن نظری در رابطه با دقت جایگاه مکانیابی شده مهم می باشد. روشهای مختلفی برای محاسبه فاصله اطمینان وجود دارد. لندر و بوتستین (۴) روش LOD پشتیبان را برای محاسبه فاصله اطمینان پیشنهاد نمودند سپس روش بیزی، روش بوت استرپ نیز پیشنهاد شدند. در این مطالعه از قدرت تجزیه که توسط داروآسی و همکاران (۱) پیشنهاد گردیده استفاده شد. در این روش هر سناریو به تعداد ۱۰۰۰ مرتبه شبیه سازی و با استفاده از روش حداکثر درست نمایی لندر و بوتستین مورد تجزیه قرار می گیرد. موقعیتی از ژنوم که در آن ۹۵٪ از QTL های شناسایی شده از ۱۰۰۰ تکرار را شامل شود به عنوان قدرت تجزیه یا ۹۵٪ فاصله اطمینان در نظر گرفته می شود.

مدلسازی شبکه عصبی مصنوعی برای حل طیف گسترده ای از مشکلات در علوم و مهندسی مورد استفاده قرار می گیرد. این روش بخصوص در مواردی که مدل سازی ریاضی قابل استفاده نباشد مورد بهره برداری قرار می گیرد. روش شبکه عصبی برای

قادر به حل مسائل پیچیده خیلی بزرگ می باشد. یکی از مهمترین خصوصیات ANN که آن را اینگونه قدرتمند می سازد توان یادگیری آن است. برای آموزش شبکه، الگوریتم پس انتشار یکی از معروفترین و متداولترین الگوریتم ها می باشد (۳ و ۵). این مطالعه در جهت مدل سازی شبکه عصبی مصنوعی (ANN) و همچنین مقایسه مدل شبکه و فرمول های پیشنهاد شده توسط داروآسی و سولر (۲) صورت گرفت. با استفاده از فرمول های پیشنهاد شده می توان فاصله اطمینان را با داشتن اندازه جمعیت، اثر جایگزینی آللی QTL، نوع طرح آزمایشی و نسبت اثر غالبیت به افزایشی می توان محاسبه نمود. هدف دیگر این مطالعه پیش بینی فواصل اطمینان برای تعداد خیلی بیشتری از سناریوهای مورد بررسی بود. بنابراین ترکیبات گسترده تری از سطوح مختلف اندازه جمعیت، اندازه اثر QTL و نسبت اثر غالبیت به افزایشی مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روشها

داده های این مطالعه از داده های شبیه سازی داروآسی و سولر (۲) بدست آمده است. این داده ها مبنای ارائه فرمولهای ساده محاسبه فاصله اطمینان بودند، بنابراین مدل سازی شبکه عصبی با استفاده از این داده ها صورت گرفت تا مقایسه آن با فرمولهای ساده ارائه شده دارای صحت بیشتری باشد. داده های فاصله اطمینان برای ترکیبات مختلف ۷ سطح اثر جایگزینی آللی جایگاه QTL، سه سطح نسبت اثر غالبیت به افزایشی و ۶ سطح اندازه جمعیت که در مجموع ۱۲۶ سناریو را ایجاد می کردند ارائه شده است. فواصل اطمینان ذکر شد، قدرت تجزیه می باشد که توسط داروآسی و همکاران (۱) ارائه شده بود.

برای برآزش مدل ANN دارای چند ورودی (اثرات، نسبت اثرات و اندازه جمعیت) و یک خروجی (قدرت تجزیه)، ۸۷ سناریو به طور تصادفی انتخاب شد و به عنوان سری داده آموزش در نظر گرفته شد. ۳۹ سناریوی دیگر نیز به عنوان داده آزمون در نظر گرفته شده اند. یک شبکه پرسپترون چند لایه که آموزش آن با استفاده از الگوریتم پس انتشار صورت می گرفت مورد استفاده قرار گرفت. برای بدست آوردن بهترین شبکه مقادیر مختلف نرخ یادگیری، ضریب مومنتوم، تابع انتقال، قانون یادگیری، تعداد لایه های پنهان، تعداد نرون در هر یک از لایه های پنهان و دوره های آموزش آزمون شد. بهترین مقادیر برای هر یک از خصوصیات شبکه با استفاده از ارزیابی آنها بدست آمد. به طوری که بعد از تغییر هر یک از مقادیر برای ارزیابی نتایج میزان R^2 و RMSE محاسبه گردید. برای بدست آوردن مقادیر مناسب طیف وسیعی از مقادیر برای هر یک از خصوصیات فوق مورد استفاده قرار گرفت. فرمولهای ساده پیشنهاد شده شامل دو فرمول بودند که در اینجا با فرمول ۱ و ۲ مشخص خواهد شد.

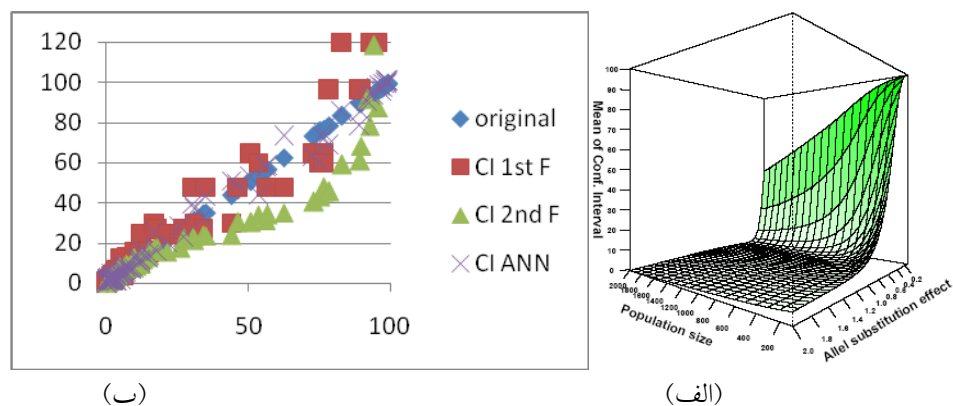
$$\text{فرمول اول} = \frac{3000}{(2Nd^2)} \quad \text{فرمول دوم} = \frac{530}{Nv}$$

در اینجا N اندازه جمعیت، d اثر جایگزینی آللی و v نسبت واریانس تشریح شده توسط QTL می باشد.

جهت مقایسه فرمولها و مدل شبکه آماره های R^2 و RMSE در پیش بینی های هر یک از مدلها در مورد سناریوهای مورد بررسی مورد مقایسه قرار گرفتند. به منظور بسط مطالعه شبیه سازی بعد از یافتن بهترین مدل ANN، با استفاده از آن برای تعداد گسترده تری از سطوح اثر جایگزینی آللی (۳۱ سطح)، نسبت اثر غالبیت (۱۱ سطح) و اندازه جمعیت (۲۰ سطح) مقادیر فاصله اطمینان پیش بینی گردید. از ترکیبات سطوح فوق در مجموع ۶۸۲۰ سناریوی مختلف ایجاد گردید.

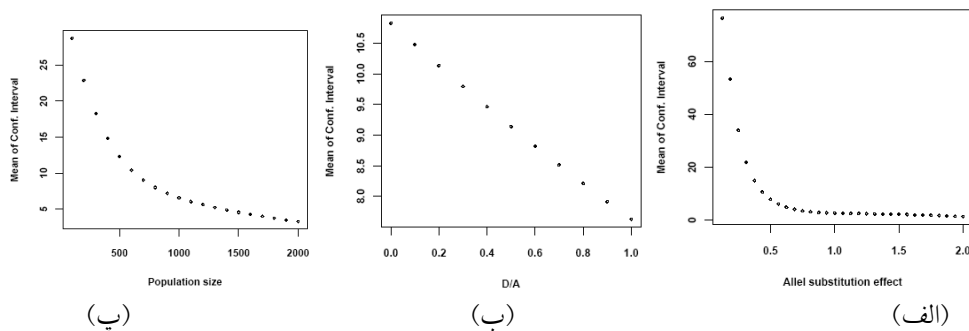
نتایج و بحث

بهترین مدل دارای ساختار ۳-۸-۳ بود که به ترتیب تعداد ورودی، تعداد نرون در لایه پنهان اول، تعداد نرون در لایه پنهان دوم و تعداد خروجی می باشد. شبکه بدست آمده به ترتیب ۰/۹۹ و ۳/۳۴ مربوط به R^2 و RMSE را کل داده ها بدست داد، این مقادیر برای داده های آزمون و آموزش به ترتیب ۰/۹۸، ۴/۶۲ و ۰/۹۹۵، ۲/۵۷ بودند. مقادیر R^2 و RMSE برای اولین و دومین فرمول به ترتیب ۰/۴۷، ۱۴۷/۸۸ و ۰/۴۶۵، ۸۳/۱۵ بودند. با توجه به مقادیر R^2 و RMSE حاصل از شبکه و فرمولها می توان نتیجه گرفت که شبکه عصبی تهیه شده روابط بین ورودیها و خروجی را به خوبی برآزش داده است. در شکل ۱ (الف) منحنی مقادیر فاصله اطمینان واقعی (حاصل از شبیه سازی اصلی)، مقادیر پیش بینی شده توسط فرمولها و مدل ANN ارائه گردیده است. در شکل محور افقی مقادیر واقعی فواصل اطمینان (بدست آمده از شبیه سازی واقعی) و محور عمودی مقادیر پیش بینی شده توسط روشهای مختلف ارائه شده است. مقادیر بدست آمده از ANN بسیار نزدیک به محدوده پارامتر بودند در حالی که در فرمولها مقادیر فاصله اطمینان ۱۲۰۰ نیز مشاهده گردید، به دلیل اینکه طول کروموزوم مورد بررسی در این مطالعه ۱۰۰ سانتی مورگان بود مقادیر بالای ۱۰۰ برای فاصله اطمینان خارج از محدوده پارامتر محسوب می شود. در مطالعه بسط یافته نیز تاثیر متقابل اندازه جمعیت و اثر جایگزینی آلی در شکل ۱ (ب) آورده شده است. تاثیر اصلی هر یک از عوامل مورد بررسی بر روی فاصله اطمینان در شکل ۲ نشان داده شده است. بنابراین مشخص می گردد که تاثیر نسبت غالبیت بر روی فاصله اطمینان به صورت خطی می باشد در حالی که تاثیر اثر جایگزینی آلی و جمعیت به صورت غیر خطی بودند.



شکل ۱- منحنی مقادیر فاصله اطمینان بدست آمده از شبیه سازی و مقادیر پیش بینی شده توسط روشهای مختلف (الف) و

منحنی اثر متقابل بین اندازه جمعیت و اثر جایگزینی آلی در مطالعه بسط یافته (ب)



شکل ۲- تاثیر اثر جایگزینی آلی (الف)، نسبت اثر غالبیت (ب) و اندازه جمعیت (پ) بر روی فاصله اطمینان

منابع

1. Darvasi, A., Weinreb, A., Minke, V., Wellert, J.I., & Soller, M., 1993. Detecting Marker-QTL Linkage and Estimating QTL Gene Effect and Map Location Using a Saturated Genetic Map. *Genetics*. 134, 943-951.
2. Darvasi, A., & Soller, M., 1997. A Simple Method to Calculate Resolving Power and Confidence Interval of QTL Map Location. *Behavior Genetics*. 27, 125-131.
3. Drummond, S.T., Sudduth, K.A., Joshi, A., Birrell, S.J., & Kitchen, N.R., 2004. Statistical and neural methods for site-specific yield prediction. *Trans. ASAE*. 46, 5-14.
4. Lander, E.S., & Botstein D.B., 1989. Mapping Mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. *Genetics*. 121, 185-199.
5. Zhang, Q., Yang, S.X., Mittal, G.S., & Yi, S., 2002. Prediction of performance indices and optimal parameters of rough rice drying using neural networks. *Biosystems Eng.* 83, 281-290.

Consideration of simple method and Artificial Neural Network method for calculating
Confidence Interval of QTL location in F2 design

Karim Nobari^{1*}, Ali Asghar Aslaminejad¹, Mohammad Reza Nassiry¹, Mojtaba Tahmoorespur¹,
Ali K Esmaili²

¹Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad,

²Department of Animal Science, College of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman.

k_nobari_ir@yahoo.com

Abstract

Localization of genomic regions containing QTL will deviate from the true location. Range of genome that has 95% probability to contain possible QTL location is an important in QTL Mapping. Resolving power is defined as 95% of confidence interval and the threshold size for marker spacing. This study conducted to consideration of different methods to calculating the confidence interval (CI). Additive effect of QTL, ratio of additive to dominance and population size of the F2 design experiment affects the confidence interval. With having mentioned input parameters, recommended simple formulas and multilayer preceptron Artificial Neural Network (ANN) model trained by back propagation algorithm were compared to predict confidence interval for F2 design. The ANN model was very accurate than other methods with 99% R^2 and 0.030285 root MSE. then calculation of confidence interval for large scale scenarios using the ANN method developed to consideration the effect of the mention parameters on the confidence interval. Effect of input parameters was significant for the predicted CI using the ANN model. Interaction of population size, either with allele substitution effect and ratio of dominance to additive effect was significant to prediction of the CI.

Key Words: F₂ Design – Resolving Power – Artificial Neural Network – Modeling – Expanding of the Study

استفاده از مدل روز آزمون رگرسیون تصادفی چندصفتی در برآورد پارامترهای ژنتیکی گاوهای هلشتاین ایران

خبات خیرآبادی^{۱*}، صادق علیجانی^۲، سید عباس رأفت^۳، غلامعلی مقدم^۴

^۱عضو هیأت علمی دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز، ^۲دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشکده کشاورزی

دانشگاه تبریز

*نویسنده مسئول: E-mail: kheirabadi89@ms.tabrizu.ac.ir

چکیده

پارامترهای ژنتیکی گاوهای هلشتاین ایران برای صفات شیر و مقدار چربی تولیدی نخستین دوره شیردهی با استفاده از مدل روزآزمون برآورد شدند. داده‌های مورد آنالیز شامل ۶۸۹,۸۳۱ رکورد روزآزمون از ۸۴,۸۰۱ گاو هلشتاین بود. رکوردهای روزآزمون مربوط به دوره اول شیردهی زایش‌های سال‌های ۱۳۸۳ تا ۱۳۸۹ بود. مولفه‌های (کو) واریانس با استفاده از روش REML و مدل رگرسیون تصادفی دوصفتی برآورد گردید. بخش رگرسیون ثابت و تصادفی با استفاده از چند جمله‌ای‌های لژاندر (مرتبه ۴) از روز شیردهی، به ترتیب، در داخل گروه‌های سن درموقع زایش - فصل زایش، و ژنتیک افزایشی و محیط دائمی به صورت آشیانه‌ای در مدل منظور گردیدند. در این تحقیق، همبستگی ژنتیکی ۳۰۵ روز بین مقدار شیر و چربی تولیدی ۵۸٪ و وراثت پذیری آنها به ترتیب ۱۸٪ و ۲۴٪ برآورد گردید.

واژه‌های کلیدی: صفات تولیدی - رکورد روزآزمون - مدل رگرسیون تصادفی چندصفتی - مولفه‌های کوواریانس

مقدمه

مدل روز آزمون^{۳۱} (TD) یک مدل ژنتیکی با برآوردهای بسیار نزدیک به توان حقیقی گاوهای شیری و برآورد بهتر اثرات محیطی به ویژه در سطح گله می‌باشد (۶). چون در مدل چندصفتی روابط بین صفات در نظر گرفته می‌شود، لذا این مدل، مدلی مناسب و بهینه برای ارزیابی حیوانات محسوب می‌گردد (۵). از جمله معایب این مدل نیاز به محاسبات طولانی و در نتیجه حافظه کامپیوتری بسیار بالا است (۳). استفاده از مدل رگرسیون تصادفی^{۳۲} (RR) برای ارزیابی صفات تولیدی در گاوهای شیری توسط شفر و دکرز در پنجمین کنگره کاربرد ژنتیک در اصلاح نژاد حیوانات ارائه شد. تاکنون بیشتر مطالعات انجام شده در زمینه رگرسیون تصادفی در داخل ایران به صورت تک صفتی و یا بر روی داده‌های کم انجام شده است. علت این کار عمدتاً به خاطر نبود نرم افزارهای مناسب برای آنالیزهای چندصفتی و محدودیت در توان محاسباتی برای چنین مدل‌هایی بوده است. این تحقیق با هدف برآورد مولفه‌های (کو) واریانس صفات تولیدی شیر و چربی نخستین دوره شیردهی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل روز آزمون RR چند صفتی با روش حداکثر درست نمائی محدود شده (REML) و با استفاده از نرم افزار REMLF90 (میشل، ۲۰۰۲) صورت گرفت.

مواد و روش‌ها

³¹ Test-day

³² Random regression

در این تحقیق از داده‌های مربوط به رکوردهای TD نخستین دوره شیردهی گاوهای هلشتاین ایران، جمع آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد کرج، استفاده شد. معیارهایی اعمال شده جهت ویرایش فایل داده‌ها عبارت بودند از: استفاده از رکوردهای TD سال-های ۱۳۸۹-۱۳۸۳، حذف حیوانات دارای نخستین رکورد بالاتر از ۹۰ روزگی دوره شیردهی، حفظ رکوردهای TD با حداقل فاصله دو رکورد متوالی ۱۵ روز در بازه ۵ تا ۳۰۵ دوره شیردهی، وجود حیوانات در فایل نهائی با داشتن حداقل ۵ رکورد TD، منظور گرفتن تعداد زایش سالانه برای هر گله حداقل ۵۰ رأس (۱). برای عملکرد صفات تولیدی شیر (۱ - ۷۰ کیلوگرم) و چربی (۱/۵ - ۹٪) روزانه نیز محدودیت‌هایی اعمال شد. سن در موقع زایش به ۲۱ تا ۴۵ ماهگی محدود شد. برای سن در موقع زایش ۶ رده (۲۶٪، ۲۶-۲۷، ۲۸-۲۹، ۳۰-۳۱، ۳۲-۳۳، و ۳۳) و برای فصل زایش ۴ رده (بهار، تابستان، پاییز، و زمستان) منظور گردید (۲). اثر سن- فصل در موقع زایش بصورت رگرسیون ثابت و حالت آشیانه‌ای در روز آزمون‌ها مختلف منظور گردید. توضیحات بیشتر برای فایل داده‌ها در جدول ۱ آورده شده است.

برآورد اجزاء واریانس بر اساس مدل ماتریسی زیر انجام شد (۲).

$$y = Xb + Q(Za + Zp) + e$$

y = بردار مشاهدات تولید شیر، و چربی؛ b = بردار اثرات ثابت: سال زایش $(YC)^{33}$ ، تعداد دفعات دوشش روزانه $(MT)^{34}$ ، گله-تاریخ رکورد برداری $(HTD)^{35}$ ؛ a = بردار ضرایب RR برای اثر ژنتیک افزایشی، p = بردار ضرایب RR برای اثر محیط دائمی، Q = ماتریس چندجمله‌ای لژاندر، X و Z = ماتریس‌های مربوط به مشاهدات اثرات مختلف.

نتایج و بحث

در این تحقیق وراثت پذیری ۳۰۵ روز دوره شیردهی برای صفت شیر و چربی تولیدی به ترتیب ۰/۱۸ و ۰/۲۴ برآورد شد. همایی و همکاران (۲۰۰۸) مقدار وراثت پذیری ۳۰۱ روز دوره شیردهی را برای صفت شیر شکم اول ۰/۱۷، و استرابل و جمورازیک (۲۰۰۶) این مقدار را ۰/۱۸ گزارش کردند. همچنین میزان همبستگی بین مقدار شیر و چربی، برای ۳۰۱ روز تولید، ۰/۵۸ برآورد گردید، این مقدار برای تحقیق مویر و همکاران (۲۰۰۷) ۰/۴۹٪ تا ۰/۵۲، و برای تحقیق همایی و همکاران (۲۰۰۸) ۰/۹۳٪ گزارش شده است. برآورد وراثت پذیری روزآزمون‌های مختلف تولید شیر و چربی در شکل ۱ آورده شده است. واریانس ژنتیک افزایشی و محیط دائمی روزآزمون‌های مختلف تولید شیر و چربی در شکل ۲ آورده شده است. مدل رگرسیون تصادفی چندصفتی به دلیل در نظر گرفتن روابط موجود بین صفات مختلف در برآورد پارامترهای ژنتیکی برای ارزیابی رکوردهای روزآزمون صفات مختلف و در نهایت کمک به تصمیم‌گیری‌های مدیریتی با دقت بالا می‌تواند مناسب باشد.

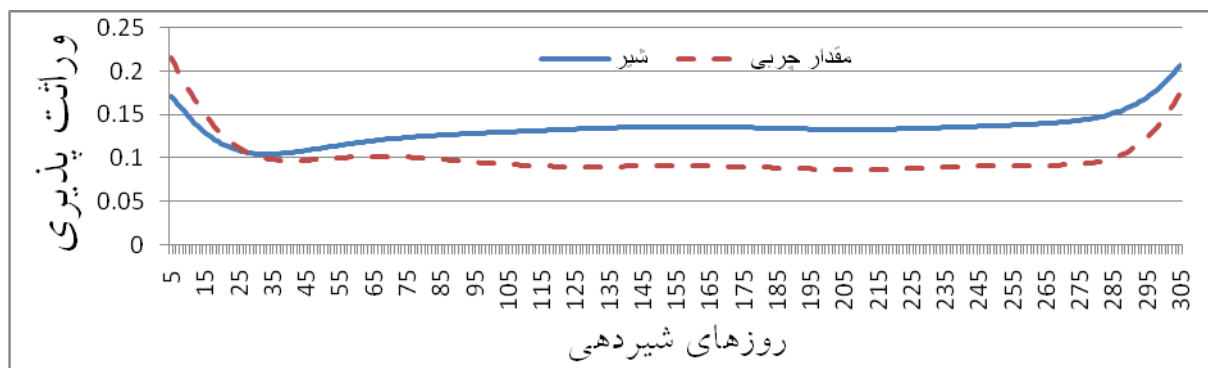
³³Year of calving

³⁴Milking time

³⁵Herd test date

جدول ۱: توضیح فایل داده‌ها (انحراف معیار داخل پراکنش)	
تعداد رکورد مورد استفاده در فایل نهایی	۶۸۹۸۳۱
میانگین شیر تولیدی (کیلوگرم)	۳۰/۴۱ (۷/۳۶)
میانگین چربی تولیدی (کیلوگرم)	۱/۰۰ (۰/۳۳)
تعداد گاوهای رکورددار استفاده شده در فایل نهایی	۸۴۸۰۱
تعداد حیوانات موجود در فایل شجره	۱۰۰۲۱۰۵
تعداد حیوانات دارای رابطه خویشاوندی با حیوانات رکورددار	۹۴۹۵۲
تعداد گله	۱۳۴
تعداد والد نر برای فایل نهایی	۳۵۵۳
متوسط تعداد دختران به ازاء هر والدین	۲۳/۹
متوسط تعداد رکوردهای روزآزمون به ازاء هر گاو	۸/۱۳
متوسط تعداد رکوردهای روزآزمون به ازاء هر کلاس HTD	۹۹/۹۶

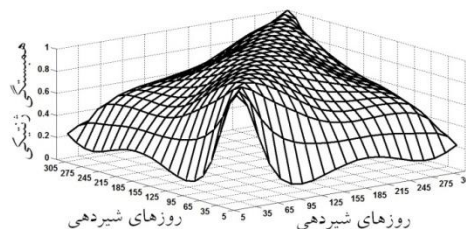
شکل ۱: وراثت پذیری صفات شیر و مقدار چربی تولیدی



شکل ۲: واریانس‌های ژنتیک افزایشی و محیط دائمی صفت شیر



شکل ۳: همبستگی ژنتیکی بین روزهای مختلف شیردهی صفت شیر



منابع

- ۱ - رزم کبیر م. مرادی شهربابک م. پاکدل ع. نجاتی جوارمی الف. ۱۳۸۷. برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روزآزمون تولید شیر در گاوهای شیری. سومین کنگره علوم دامی کشور.
- 2- Hammami, H., B. Rekik, H. Soyurt, A. Ben Gara and N. Gengler. 2008. Genetic parameters for Tunisian Holsteins using a test-day random regression model. J. Dairy Sci. 91:2118-2126.
- 3- Jensen, J. 2001. Genetic evaluation of dairy cattle using test-day models. J. Dairy Sci. 84:2803-2812
- 4- Misztal, I. 2002. REMLF90 Manual. <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/remlf90.pdf> Accessed May 8, 2007.
- 5- Mrode, R. A. Linear models for the prediction of animal breeding values. Second Edition
- 6- Muir, B. L., G. Kistemaker, J. Jamrozik and F. Canavesi. 2007. Genetic parameters for a multiple-trait multiple-lactation test-day model in Italian Holsteins. J. Dairy Sci. 90:1564-1574
- 7- Strabel, T. and J. Jamrozik. 2006. Genetic analysis of milk production traits of polish black and white cattle using large-scale random regression test-day models. J. Dairy Sci. 89:3152-3163

Use of Multi-trait Random Regression Test-Day model for Estimate of Genetic Parameters of Iranian Holsteins

ABSTRACT

Genetic parameters of milk, and fat yield were estimated in the first lactation for Iranian Holsteins. Data included 689,831 test-day production records collected on 84,801 Holstein cattle. Records were of cows calving from 2004 to 2010. (Co) variance components were estimated by REML methods and multi-trait random regression model. Part of fixed and random regression with used of the Legendre polynomial (4 order), nested to age- season of calving and additive genetic and permanent environmental, respectively. In this research, genetic correlation for 305-d between milk and fat yield was 58% and heritability for them were 18% and 24%, respectively.

Keywords: Production traits - Test day record - Multi-trait random regression model - Covariance components

برآورد پارامترهای شیردهی، ترکیبات شیر و عوامل موثر بر آنها در گوسفندان نژاد قزل و دورگ های قزل×آرخارمرینوس و

مغانی×آرخارمرینوس

عباس حاجی حسینلو^۱، سعادت صادقی^{۲*}، سید عباس رافت^۳، مهدی بهلولی^۴، محمد رضا بحرینی بهزادی^۵

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام دانشگاه ارومیه ۲- دانشجویان کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام دانشگاه

تبریز ۳- دانشیار گروه علوم دامی دانشگاه تبریز ۴- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه یاسوج

* نویسنده مسئول: سعادت صادقی (ssadegi42@yahoo.com)

چکیده

این تحقیق به منظور بررسی برخی از عوامل موثر بر شیر برآورد شده ی روزانه، ترکیبات شیر، سرعت شیردهی و مدت زمان دوشش ماشینی در دورگ های نسل سوم قزل-آرخارمرینوس و مغانی-آرخارمرینوس (۱۵ رأس) و نژاد قزل (۱۱ رأس) انجام شد. رکورد برداری شیر شش ساعته برای برآورد شیر روزانه از هفته ی اول زایش شروع و هر دو هفته یک بار تا پایان دوره ی شیردهی با کمک دستگاه شیردوشی انجام گرفت. در سه مرحله (اوایل، اواسط و اواخر شیردهی) نمونه گیری شیر (به منظور تعیین ترکیبات شیر) انجام گرفت. میانگین کل مقدار شیر روزانه برآورد شده در نژادهای قزل، قزل-آرخارمرینوس و مغانی-آرخارمرینوس به ترتیب، ۶۷۹، ۴۱۹ و ۴۷۲ گرم بود. میانگین برآورد شده ی مدت زمان دوشش در نژادهای قزل، قزل-آرخارمرینوس و مغانی-آرخارمرینوس به ترتیب ۱۳۱/۶۹، ۱۳۴/۷۷ و ۱۲۳/۹۱ ثانیه بود. تفاوت معنی داری ($P<0/001$) بین تولید شیر نژاد قزل با دورگ های قزل-آرخارمرینوس و مغانی-آرخارمرینوس و همچنین تفاوت معنی دار ($P<0/05$) بین دورگ های قزل-آرخارمرینوس و مغانی-آرخارمرینوس وجود داشت. اثر نژاد، نوبت زایش، مرحله ی شیردهی، بر روی سرعت شیردهی معنی دار ($P<0/05$) بود.

کلمات کلیدی: قزل-دورگ-ماشین شیردوشی-چربی

مقدمه

امروزه به علت رونق صنعت گاو شیری توجه کمتری به صنعت تولید شیر گوسفند شده است (۶) این در حالی است که طبق آمار سازمان خواربار جهانی (۲۰۰۹) کشور ایران ۵ درصد کل گوسفندان جهان (۵۳۸۰۰۰۰۰ رأس) و همچنین ۶/۲ درصد کل تولید شیر جهان (۵۷۷۰۳۰ تن شیر در سال) را به خود اختصاص داده است (۲). هم اکنون برنامه های پرورشی در مورد گوسفندان شیری در کشورهای حوزه مدیترانه به طور عمده روی تولید شیر و بهبود صفات شیردهی متمرکز شده است. اهمیت شیر گوسفند به دلیل وزن مخصوص، ویسکوزیته و ضریب شکست بالای آن نسبت به شیر گاو و همچنین نقطه انجماد پایین تر آن است. از دیگر خصوصیات ممتاز شیر گوسفند می توان به عوامل فیزیکی شیمیایی شامل: pH، اندازه میسل های کازئینی، میزان کلسیم درون کازئین، غلظت مواد معدنی و همچنین خصوصیات کمی شیر از جمله پروتئین، چربی و دیگر فاکتورهای بهداشتی دانست. در سال های اخیر اصلی ترین معیار توجه به شیر گوسفند، اهمیت ویژه تولید پنیر گوسفندان بوده است (۴). باریله و همکاران (۲۰۰۱) مقدار تولید شیر، مقدار و درصد ترکیبات شیر از جمله پروتئین و چربی و در مورد توانایی شیردهی، نرخ (سرعت) شیردهی را از مهمترین اهداف اصلاح نژادی روی شیر گوسفند بیان کردند. با توجه به آمار FAO بیشترین سهم تولید شیر گوسفند مربوط به کشورهای حوزه ی مدیترانه است و این در حالی است که کشورهای حوزه ی مدیترانه از نظر تعداد رأس گوسفند در بین ده کشور اول دنیا نیستند که دلیل آن اصلاح نژاد و همچنین استفاده از تکنولوژی دوشش ماشینی در امر دوشش

گوسفند است (۲). از اینرو با توجه به پتانسیل بالای شیر گوسفند و وجود نژادهای متنوع پرداختن به تولید شیر گوسفند و دیگر جنبه های آن کشور ایران را در این زمینه حائز اهمیت جلوه می دهد.

مواد و روش ها

این تحقیق در ایستگاه خلعت پوشان وابسته به دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز انجام گرفت. در این تحقیق ۴۱ رأس گوسفند در دوره های زایش اول و دوم شامل نژاد قزل (۱۱ رأس) و دورگ های قزل-آرخارمرینوس (۱۵ رأس)، مغانی-آرخارمرینوس (۱۵ رأس) مورد آزمایش قرار گرفتند. از آنجا که تغذیه یکی از اصلی ترین عوامل و موانع پیشبرد تولید در گوسفندان به شمار می آید در طراحی برنامه های تغذیه ای گوسفندان ایستگاه تلاش شده است که عمدتاً از مواد غذایی موجود در منطقه استفاده شود. علاوه بر این تلاش شده که شرایط تغذیه ای گوسفندان ایستگاه تفاوت زیادی با سیستم سنتی نداشته باشد. به طور کلی تغذیه گوسفندان ایستگاه شامل دو مرحله تغذیه در مراتع و پس چراهای مزارع و تغذیه دستی بود. رکوردگیری شیر از هفته اول زایش گوسفندان شروع و تا پایان دوره شیردهی (۲۳ هفته) انجام گرفت به طوری که بعد از رکوردگیری در هفته ی اول شیردهی، از گوسفندان مورد مطالعه در این تحقیق هر دو هفته یکبار رکورد روز آزمون شیر ۶ ساعته گرفته شد و در مجموع ۱۲ رکورد روز آزمون شیر ۶ ساعته از هر حیوان ثبت شد. برای بدست آوردن رکورد روز آزمون ۶ ساعته شیر، ابتدا بره ها به مدت ۱۲ ساعت از مادرانشان جدا شده تا در شرایط گرسنگی قرار گیرند سپس بره ها را برای مدت ۲ ساعت نزد مادرانشان قرار گرفتند تا شیر موجود در پستان مادرشان را کاملاً تخلیه کنند و سپس آنها را از مادرانشان جدا شدند و بمنظور تخلیه کامل پستان دوشش دستی بعد از جدا کردن بره ها انجام گرفت و میش ها بعد از ۶ ساعت، با کمک دستگاه شیردوشی، مورد دوشش قرار می گرفتند. این مدت کمتر از ۳ و بیشتر از ۶ ساعت نبود زیرا کمتر از ۳ ساعت حیوان زمان لازم برای تولید و ترشح شیر را در اختیار ندارد و مدت زمان بیش از ۶ ساعت باعث افزایش فشار داخل پستان می شود در نتیجه کاهش ترشح شیر را در پی خواهد داشت. از نظر فیزیولوژیکی اوج تولید شیر، ۴-۶ ساعت بعد از تخلیه ی کامل پستان است. سپس شیر بدست آمده در این مدت زمان ۶ ساعت جمع آوری شد و با کمک رکورد روز آزمون شیر ۶ ساعته و ضرب آن در عدد ۴، برآورد تولید شیر روزانه (۲۴ ساعته) از هر حیوان بدست می آمد (هرناندز و هوهنبوکن، ۱۹۷۹). در این آزمایش ۳ نوبت نمونه گیری شیر (هر بار ۴۱ میش) از اوایل (هفته دوم)، اواسط (هفته یازدهم) و اواخر دوره ی شیردهی (بیست و سوم) از هر حیوان گرفته شد. سپس نمونه ها جهت تعیین ترکیبات شیر از جمله درصد چربی، پروتئین و ماده خشک به آزمایشگاه فرستاده شد. سرعت شیردهی (نسبت شیر ۶ ساعته به زمان دوشش) و برآورد مدت زمان شیردهی (مدت زمان دوشش ۶ ساعته در عدد ۴) نیز از دیگر فاکتورهایی بودند که طی سه مرحله (هفته دوم، یازدهم و نوزدهم) مورد ارزیابی قرار گرفتند. برای تجزیه و تحلیل داده رویه GLM نرم افزار آماری SAS استفاده شد.

مدل
$$Y_{ijk} = \mu + A_i + B_j + C_k + A_i * B_j + A_i * C_k + e_{ijk}$$

اماری

Y = صفت وابسته، μ = میانگین کل، A = اثر نژاد (۱، ۲، ۳)، I = B = اثر نوبت زایش (۱، ۲، ۳)، j = C = اثر مرحله ی شیردهی (۱، ۲)، k = $B_j * A_i$ = اثر متقابل نوبت زایش و گروه ژنتیکی، $C * A_i$ = اثر متقابل مرحله ی شیردهی و گروه ژنتیکی و E_{ijk} = اثر خطای تصادفی

نتایج و بحث

با توجه به جدول ۱، تفاوت معنی داری بین قزل با دورگ های قزل-آرخارمرینوس و مغانی-آرخارمرینوس از نظر مقدار شیر برآورد شده وجود دارد ($P < 0.001$). همچنین بین دورگ های قزل-آرخارمرینوس با مغانی-آرخارمرینوس اختلاف معنی داری از

نظر مقدار شیر برآورد شده وجود داشت ($P < 0/05$). تولید بالای شیر در نژاد قزل به دلیل شیری بودن این نژاد نسبت به دورگ-هایی تلاقی داده شده با آرخارمرینوس (نژاد پشمنی) می‌باشند. در این تحقیق نشان داده شده که گوسفند مغانی نسبت به نژاد قزل و تلاقی آن با نژاد پشمنی آرخارمرینوس، باعث بهبود تولید شیر در این نژاد پشمنی می‌شود. معنی داری نژاد با نتایج مارتینز و همکاران (۲۰۱۱)، مارسلا و همکاران (۲۰۰۵) و کارتا و همکاران (۲۰۰۹) مطابقت و اما با نتایج گابینا و همکاران (۱۹۹۳) مغایر بود. سرعت شیردهی در نژاد قزل تفاوت معنی داری ($P < 0/05$) با دورگ های قزل-آرخارمرینوس و مغانی-آرخارمرینوس دارد (جدول ۱). دلیل کاهش سرعت شیردهی در قزل-آرخارمرینوس را می‌توان به دلیل تلاقی آن با نژاد پشمنی نسبت داد. معنی دار بودن ترکیب ژنتیکی روی سرعت شیردهی با نتایج باریله و همکاران (۲۰۰۱) مطابقت اما با نتایج مارسلا و همکاران (۲۰۰۵) مغایرت داشت.

تفاوت معنی داری ($P < 0/05$) بین هیچ کدام از گروه های ژنتیکی از نظر درصد چربی وجود نداشت. با توجه به دامنه‌ی تغییرات بالای چربی شیر، می‌توان استنباط کرد که چون تأثیر خوراک بر روی درصد چربی فاحش است و هر سه نژاد از یک جیره استفاده کرده‌اند. در نتیجه تفاوت معنی داری در بین نژادهای مشاهده نشده است. تفاوت معنی داری ($P < 0/05$) بین نژاد قزل و قزل-آرخارمرینوس از نظر درصد پروتئین وجود داشت. زارع شحنه و همکاران (۱۳۸۴) میانگین درصد پروتئین در - نژادهای شال و زندی به ترتیب ۵/۵ و ۵/۴۵ گزارش کردند. تفاوت معنی داری بین نژاد قزل و قزل-آرخارمرینوس از نظر درصد SNF، وجود داشت ($P < 0/05$). زارع شحنه و همکاران (۱۳۸۴) میانگین درصد SNF در نژادهای شال و زندی به ترتیب ۱۱/۷۷ و ۱۱/۵۵ گزارش کردند. تفاوت معنی داری بین نژاد قزل و قزل-آرخارمرینوس از نظر درصد ماده خشک وجود داشت ($P < 0/05$). پارک و همکاران (۲۰۰۷) گزارش کردند که در اواخر شیردهی ترکیبات شیر از جمله درصد چربی، ماه خشک شیر و مواد معدنی شیر افزایش و میزان لاکتوز کاهش پیدا می‌کند. دلایل وجود تفاوت معنی دار درصد پروتئین، SNF و ماده‌ی خشک شیر نسبت به چربی را می‌توان به تغییرات زیاد چربی شیر با توجه به جیره‌ی غذایی نسبت داد (۴).

جدول: ۱ - میانگین حداقل مربعات $SE \pm$ برای پارامترهای شیردهی و ترکیبات شیر به تفکیک گروه ژنتیکی

گروه ژنتیکی	مقدار شیر روزانه (گرم)	سرعت شیردهی (گرم دوشش (ثانیه)	مدت زمان	درصد چربی	درصد پروتئین	درصد SNF	درصد ماده‌ی خشک
قزل	$674/88 \pm 18/5$	$5/35 \pm 0/4$	$131/9 \pm 7/8$	$6/14 \pm 0/2$	$5/73 \pm 0/1$	$11/04 \pm 0/6$	$17/18 \pm 0/6$
قزل-آرخارمرینوس	$419/32 \pm 16/1$	$3/18 \pm 0/3$	$135/37 \pm 6/8$	$6/33 \pm 0/2$	$5/96 \pm 0/1$	$13/09 \pm 0/5$	$19/34 \pm 0/5$
مغانی - آرخارمرینوس	$481/93 \pm 16/8$	$3/84 \pm 0/3$	$124/25 \pm 7/1$	$6/24 \pm 0/2$	$5/96 \pm 0/1$	$11/96 \pm 0/5$	$18/15 \pm 0/5$

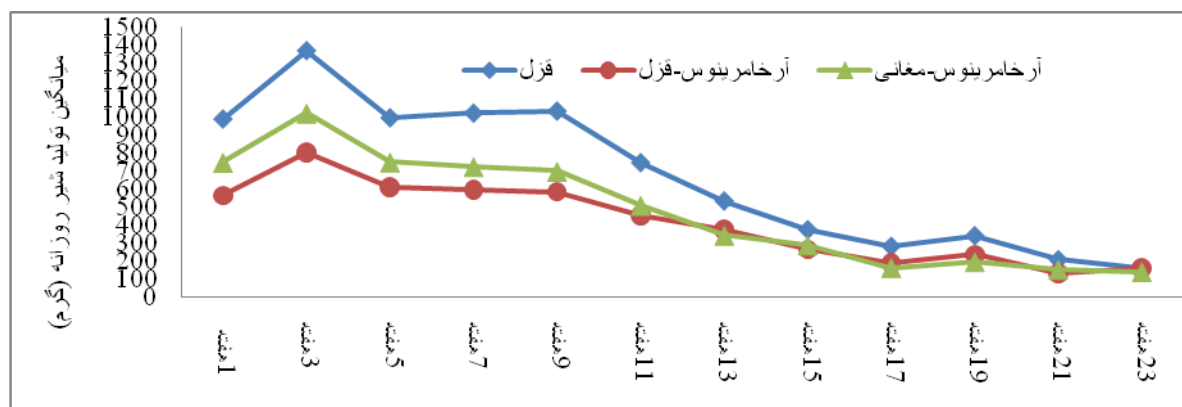
حروف لاتین دارای حرف مشابه در هر ستون بیانگر عدم وجود اختلاف معنی دار در سطح احتمال پنج درصد می‌باشد نتایج جدول ۲ نشان می‌دهد که مرحله‌ی شیردهی اثر معنی داری ($P < 0/05$) روی درصد چربی دارد. دلیل تغییرات زیاد چربی شیر در طی مراحل شیردهی را می‌توان به خاطر همبستگی منفی بین تولید شیر و درصد چربی شیر و همچنین تأثیر پذیری درصد چربی شیر تحت تأثیر تغذیه را عنوان کرد. این نتایج با نتایج پارک و همکاران (۲۰۰۷) و راینال و همکاران (۲۰۰۸) مطابقت داشت دلیل این امر را می‌توان همبستگی منفی بین میزان شیر تولیدی و درصد چربی دانست.

با توجه به جدول ۲، تفاوت معنی داری ($P < 0.05$) بین سرعت شیردهی در اوایل شیردهی و اواسط شیردهی دیده نشد اما تفاوت معنی دار ($P < 0.05$) بین سرعت شیردهی در اوایل و اواسط شیردهی نسبت به اواخر شیردهی دیده شد که دلیل آن را می توان به تولید بالای شیر در اوایل شیردهی نسبت به اواخر شیردهی نسبت داد. هرچند که در اواخر شیردهی زمان دوشش کمتر از اوایل شیردهی است ولی تأثیر افزایش تولید شیر بیشتر از کاهش ناشی از زمان دوشش در اواخر شیردهی است. همچنین تفاوت معنی داری ($P < 0.05$) بین مدت زمان دوشش در اوایل و اواسط شیردهی از نظر زمان دوشش نسبت به اواخر دوره شیردهی وجود داشت. تفاوت معنی داری بین زمان دوشش اوایل و اواسط شیردهی مشاهده نشد. که دلیل آن کاهش ناشی از تولید شیر در اواخر شیردهی نسبت به اوایل شیردهی است.

جدول: ۲ - مقایسات میانگین حداقل مربعات $SE \pm$ اثر مرحله شیردهی بر روی درصد ترکیبات شیر، سرعت شیردهی و زمان دوشش

مرحله شیردهی	چربی %	پروتئین %	SNF %	ماده خشک %	سرعت شیردهی	مدت زمان دوشش
اوایل شیردهی	$5.78^{a} \pm 0.16$	5.86 ± 0.06	11.70 ± 0.05	17.78 ± 0.01	$5.17^{a} \pm 0.32$	$154/90^{a} \pm 6/90$
اواسط شیردهی	$5.89^{ab} \pm 0.16$	5.87 ± 0.08	12.25 ± 0.05	18.51 ± 0.01	$4.65^{a} \pm 0.32$	$136/75^{a} \pm 6/90$
اواخر شیردهی	$6.37^{b} \pm 0.16$	5.94 ± 0.01	12.35 ± 0.05	18.74 ± 0.01	$2.55^{b} \pm 0.32$	$98/26^{b} \pm 6/90$

حروف لاتین دارای حرف مشابه در هر ستون بیانگر عدم وجود اختلاف معنی دار در سطح احتمال پنج درصد می باشد با توجه به نمودار ۱ مشاهده می شود که تولید شیر در هفته اول دوره شیردهی تحت تأثیر نژاد قرار می گیرد به طوری که در هفته های اول، پنجم، هفتم و نهم شیردهی تفاوت معنی داری ($P < 0.05$) بین نژاد قزل و دورگ های قزل-آرخارمرینوس وجود دارد در هفته های اول، پنجم، هفتم و نهم شیردهی بین قزل و دورگ های قزل-آرخارمرینوس و همچنین بین دورگ های قزل-آرخارمرینوس و قزل-آرخارمرینوس تفاوت معنی داری ($P < 0.05$) وجود نداشت. در هفته سوم دوره شیردهی تفاوت معنی داری ($P < 0.05$) بین نژاد قزل و دورگ های قزل-آرخارمرینوس و مغانی-آرخارمرینوس وجود دارد. در هفته سوم شیردهی بین دورگ های قزل-آرخارمرینوس و قزل-آرخارمرینوس تفاوت معنی داری ($P < 0.05$) وجود نداشت. از هفته نهم به بعد به علت روند نزولی تولید شیر تفاوت معنی داری بین نژادهای مورد آزمایش وجود نداشت.



نمودار ۱- نمودار اثر متقابل مرحله شیردهی و گروه ژنتیکی

منابع مورد استفاده

۱. زارع شهنه، ا. رشتی، س و صالحی. ع. ۱۳۸۴، تعیین ویژگی‌های شیردهی، ترکیبات شیر میش‌ها، و رشد بره‌های نژاد شال و زندگی. مجله علوم کشاورزی و منابع طبیعی. سال دوازدهم ویژه نامه علوم دامی. ۱۳۶: ۱۱۷-۱۳۱.
۲. صادقی سعادت، رافت س ع، شجاع غیاث ج، آزادی اسکویی س. ۱۳۹۰. بررسی عوامل موثر بر تولید شیر گوسفند قزل و دورگ‌های قزل-آرخامرینوس، قزل-بلوچی، مغانی-آرخامرینوس و بلوچی-مغانی با استفاده از دستگاه شیردوشی ماشینی. اولین کنگره ملی علوم و فناوریهای نوین کشاورزی، زنجان. ۵۴۳-۵۴۶. ص.
3. Barillet, F., C. Marie, M. Jacquin, G. Lagriffoul and J.M. Astruc. 2001. The french lacaune dairy sheep breed: use in france and abroad in the last 40 years. *livest Production Science*. 71 :17-2.
4. Carta, A., C. Sara and S. Salaris. 2009. Current state of genetic improvement in dairy sheep. *Journal of Dairy Science*. 92 :5814-5833.
5. Gabina, D., F. Arrese, J. Arranz and I. De Heredia. 1993. Average milk yields and environmental effects on latxa sheep. *Journal of Dairy Science*, 1993: 1191-1198.
6. Marisela, P.L., A.T.A. Arturo, P.V.O. Pastor, M.B.V. Jose and G.V. Carlos. 2005. Factors affecting milk yield and lactation curve fitting in the creole sheep of chiaPas-mexico. *Small Ruminant Research*, 58: 265-273.
7. Martinez, M.E., C. Calderon, R. De La Barra, L.F. De La Fuente and C. Gonzalo, 2010. Udder morphological traits and milk yield of Chilota and Suffolk down sheep breeds. *Chilean journal of agricultural research*. 71:90-95.
8. Park, Y.W., M. Juarez, M. Ramos and G.F.W. Haenlein. 2007. Physico-chemical characteristics of goat and sheep milk. *Small Ruminant Research*, 68: 88-113.
9. Raynal, L.K., G. Lagriffoul, P. Paccard, I. Guillet and Y. Chilliard. 2008. Composition of goat and sheep. milk products. *Small Ruminant Research*, 79: 57-72.

Estimated of milking characteristic, milk composition and their determinants effects in Ghezel pure breed ewes and Ghezel×Arkhamerino, Moghani×Arkhamerino crossbreds
Abbas Hajihossinlo¹, Saadat Sadeghi^{2*}, Seyed Abbas Rafat³, Mehdi Bohluli², Mohammad Reza Bahrani Behzadi⁴

3- M.Sc. Students of Genetics and Animal Breeding, University of Urmia

4- M.Sc. Students of Genetics and Animal Breeding, University of Tabriz
of Tabriz 2-Associate Professor of Animal Science, University
of Yasoj 4-Departments of Animal Science, University

* Corresponding E-mail address: ssadegi42@yahoo.com

Abstract

The research was a study of estimated daily milk yield, it's composition, milking time in third generation crossbreds of Ghezel-Arkhamerino (15 ewes), Moghani-Arkhamerino (15 ewes) and Ghezel breed (11 ewes). The 6h milk records started at first week postpartum and then daily milk records was recorded every two weeks and continued to end of lactation. Three of milk samples was taken for analysis of milk composition in beginning, middle and end of lactation. Avrage of estimated daily milk yield in Ghezel breed and crossbreds of Ghezel-Arkhamerino, Moghani-

Arkhamerino was 679.419 and 472 gram respectively. Average time of milking in Ghezel breed and crossbreeds of Ghezel-Arkhamerino, Moghani-Arkhamerino was 131.69, 134.77 and 123.91 second, respectively. Between Ghezel breed with crossbreeds of Ghezel-Arkhamerino and Moghani-Arkhamerino exist difference significant ($P < 0.01$) on milk yield. Significant difference was between crossbreeds of Ghezel-Arkhamerino and Moghani-Arkhamerino on test-day milk yield ($P < 0.05$). The genotype, age and stage of lactation had significant ($P < 0.01$) effects on milking rate.

Keywords: Ghezel-Crossbred-Machine Milking- Fat.

بررسی تاثیر برخی پارامترهای آزمایشی و جایگاه صفت کمی بر روی انحراف برآورد موقعیت QTL بدست آمده از روش حداکثر درست نمایی

بهنام عباسپور^۱، شکوفه غضنفری^{۲*}

^۱ دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه علوم دام و طیور، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران، آستادیار گروه علوم دام و طیور، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران

نویسنده مسئول: شکوفه غضنفری، تهران، دانشگاه تهران، دانشکده کشاورزی پردیس ابوریحان، گروه علوم دام و طیور،

shghazanfari@ut.ac.ir

چکیده

مکانیابی جایگاههای موثر بر صفات کمی (QTL) در جهت استفاده آنها در انتخاب به کمک مارکر (MAS) و یا جستجوی ژنهای کد کننده پروتئین های موثر بر صفات صورت می گیرد. در اکثر حیوانات مدل انسان و حیواناتی که تهیه لاینهای همخون در آنها امکانپذیر است، از طرحهای مکانیابی QTL مبتنی بر تلاقی گری استفاده می گردد. این مطالعه جهت بررسی تاثیر برخی از عوامل ژنومی و عامل آزمایشی بر روی مقدار انحراف موقعیت QTL برآورد شده از مقدار شبیه سازی شده صورت گرفت. طرح آزمایش F₂ مورد مطالعه با روش مکانیابی فاصله ای حداکثر درست نمایی مورد تجزیه قرار گرفت. در این مطالعه نشان داده شد که تراکم مارکری به طور خطی بر میزان انحراف تاثیر می گذارد به طوری که افزایش تراکم باعث کاهش میزان انحراف می گردد. افزایش اندازه جمعیت و اثر جایگاه QTL به طور غیر خطی باعث کاهش انحراف موقعیت QTL برآورد شده گردید به گونه ای که افزایش این دو عامل از مقادیر حداقل، با شیب بیشتری باعث کاهش انحراف گردید. موقعیت نسبی QTL و همچنین اندازه نسبی اثر افزایشی جایگاه QTL به طور غیر خطی بر انحراف مورد نظر تاثیر داشتند. اثرات متقابل قابل توجه ای بین عوامل مورد بررسی مشاهده نگردید. به طور کلی به ترتیب اثر QTL، اندازه جمعیت، تراکم مارکر، موقعیت نسبی QTL و اندازه نسبی اثر افزایشی بر روی انحراف موقعیت QTL برآورد شده تاثیر داشتند.

واژگان کلیدی: حداکثر درست نمایی - مکانیابی QTL - انحراف موقعیت QTL برآورد

مقدمه

مکانیابی جایگاههای صفات کمی در ارتباط با ارزیابی دقیق و کم هزینه حیوانات با استفاده از مارکرها صورت می گیرد به طوری که با یافتن QTL و مارکر مرتبط با آن می توان مارکر را به عنوان نماینده آللهای QTL مورد انتخاب قرار داد که به انتخاب به کمک مارکر (MAS) معروف می باشد. در حیوانات مدل انسان مکانیابی و در نهایت کلون کردن جایگاه یافت شده منجر به یافتن ژنهای موثر بر حساسیت و یا جهشهای موثر بر روی آن ژنها خواهد شد. در جهت مکانیابی جایگاههای موثر بر صفات کمی نظیر صفات تولیدی، صفات مقاومت به بیماریها روشهای آماری متعددی مورد استفاده قرار گرفته است. روش مکانیابی فاصله ای به کمک حداکثر درست نمایی، هرچند به دلیل پیچیدگی روش آن کمتر مورد استفاده قرار گرفته ولی به عنوان مطمئن ترین روش معرفی گردیده است. این روش که توسط لندر و بوتستین (۱۹۸۹) ارائه گردید. یکی از مهمترین مزایای این روش می توان به استفاده مناسب از اطلاعات ژنوتیپ مارکرها اشاره نمود (برومن و سن، ۲۰۰۹).

در آزمایش مکانیابی QTL، شناسایی دقیق موقعیت آن یکی از نتایج مهم می باشد. به طوری که شناسایی موقعیت دقیق آن منجر به شناسایی نزدیکترین نشانگر به آن جایگاه شده و دقت انتخاب به کمک مارکر افزایش می یابد. برای بررسی این موضوع در داده های واقعی به دلیل تاثیر عوامل غیر قابل کنترل محقق از جمله عدم شناخت کامل با ژنوم (ژنها)، عوامل محیطی موثر بر آن و اثرات متقابل ژنتیک و محیط بسیار مشکل (در حیوانات آزمایشگاهی) و حتی غیر ممکن می باشد. بنابراین برای بررسی تاثیر عوامل ژنومی و آزمایش مختلف، شبیه سازی ژنوم مورد بررسی در راستای سناریوهای مختلف برای بررسی دقیق تر دارای شناخت لازم می باشد.

در این تحقیق به منظور بررسی تاثیر عوامل ژنومی شامل تراکم مارکرها، موقعیت QTL نسبت به مارکر، اثرات QTL، نسبت اثرات افزایش به غالبیت و همچنین عامل آزمایش اندازه جمعیت بر روی انحراف موقعیت QTL برآورد شده از روش تجزیه حداکثر درست نمایی مورد بررسی قرار گرفت. تاثیر عوامل آزمایشی فوق به طور مستقل در مطالعات مختلف مورد بررسی قرار گرفته اند و ثابت شده است که تاثیر زیادی بر روی صحت موقعیت QTL دارند. در یکی از مطالعات همه عوامل فوق با یکدیگر و با استفاده از روش رگرسیونی هالی و نات مورد بررسی قرار گرفته است (نوبری و همکاران، ۲۰۱۲).

مواد و روشها

جمعیت مورد استفاده در این تحقیق یک جمعیت F_2 بود که از تلاقی دو لاین خالص بدست آمده بود. جمعیت مورد نظر با استفاده از نرم افزار R مورد شبیه سازی قرار گرفت. در هر یک دو لاین خالص مذکور در هر جایگاه مارکر و در جایگاه QTL آللهای متفاوتی تثبیت شده بود به طوری که در جمعیت F_1 حاصل از تلاقی مذکور بین جایگاهها عدم تعادل کامل ایجاد گردید. در جمعیت مورد بررسی ژنوم دارای یک کروموزوم و با طول متفاوت (بسته به سناریوی مورد بررسی) در حال تفرق بود در کلیه موارد یک جایگاه موثر بر صفت کمی در میانه این کروموزوم در حال تفرق بود.

ژنوتیپ های افراد F_2 از ترکیب گامتهای نسل F_1 ایجاد گردیدند، به طوری که نوترکیبی بین جایگاهها با استفاده از تابع نقشه یابی هالدان صورت گرفت. فنوتیپ افراد با توجه به ژنوتیپ جایگاه QTL و اثر تصادفی باقیمانده دارای انحراف معیار ۱ و میانگین صفر شبیه سازی گردید.

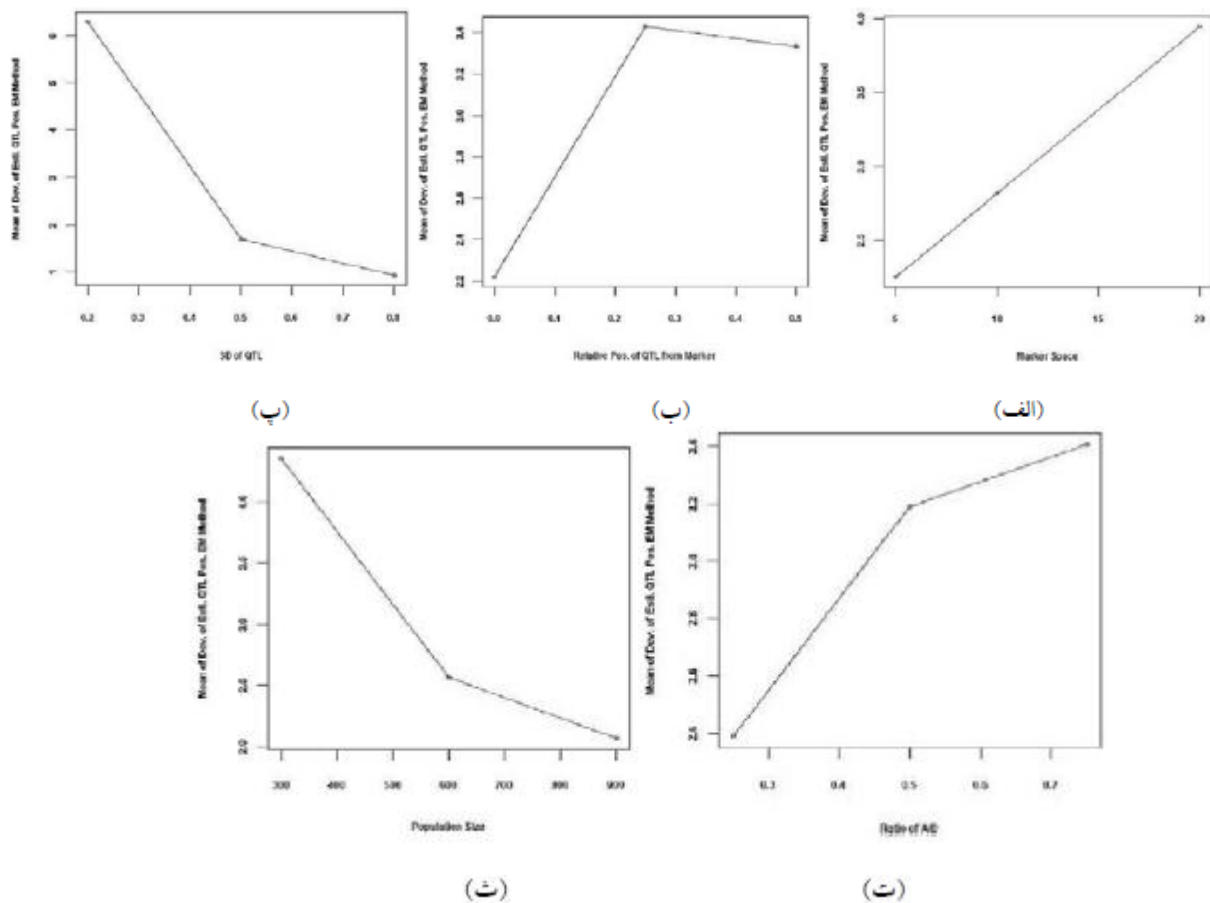
عوامل ژنومی مورد بررسی سه سطح تراکم نشانگر، سه سطح موقعیت QTL نسبت به مارکر، سه سطح اثر QTL و سه سطح نسبت اثر افزایشی به غالبیت بود که در مجموع ۸۱ سناریوی مختلف را ایجاد می کرد. عوامل ژنومی در ترکیب با سه سطح عامل آزمایشی اندازه جمعیت ۲۴۳ سناریوی مختلف را ایجاد کرد. هر یک از سناریوها به تعداد ۱۰۰ تکرار شبیه سازی گردید و با استفاده از روش حداکثر درست نمایی مورد تجزیه قرار گرفتند.

مکانیابی QTL با استفاده از پکیج R/qlt در نرم افزار R صورت گرفت. همانطور که ذکر گردید، تجزیه به کمک روش مکانیابی فاصله ای حداکثر درست نمایی صورت گرفت. روش مکانیابی حداکثر درست نمایی یا روش استاندارد مکانیابی فاصله ای، از الگوریتم EM برای برآورد پارامترهای مربوط به تجزیه استفاده می نماید.

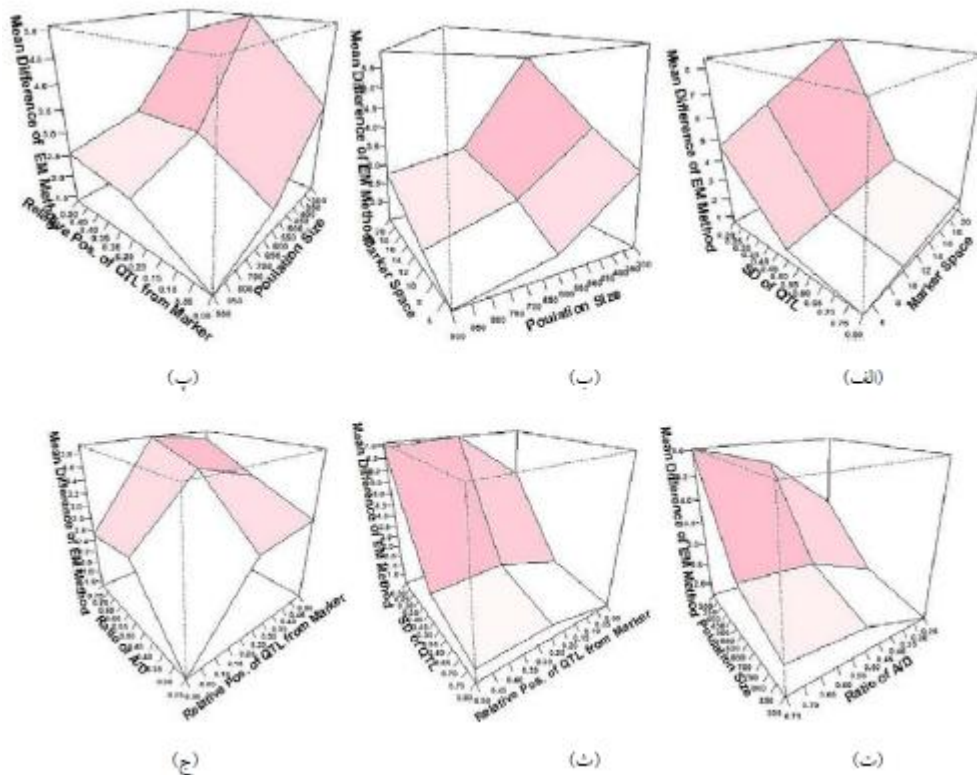
در تکرارهای معنی دار هر یک از سناریوها میزان انحراف موقعیت QTL برآورد شده محاسبه و میانگین انحرافات بدست آمده از تکرارهای هر سناریو به عنوان انحراف موقعیت QTL برآورد شده در آن سناریو در نظر گرفته شد. بنابراین تاثیر هر یک از عوامل ژنومی و عامل آزمایشی بر روی آن مورد بررسی قرار گرفت.

نتایج و بحث

بررسی تاثیر اصلی عوامل موثر نشان داد که کاهش تراکم مارکری به صورت خطی باعث افزایش انحراف موقعیت QTL برآورد می گردد (شکل ۱ الف). تاثیر موقعیت QTL نسبت به مارکرهاي احاطه کننده آن غير خطی بود. تاثیر این عامل به طوری بود که قرار گرفته QTL بر روی مارکر باعث کاهش انحراف موقعیت برآورد شده و دور شدن موقعیت QTL از نشانگر باعث افزایش انحراف می شود. با این وجود قرار گرفتن موقعیت QTL در میانه دو مارکر باعث کاهش انحراف برآورد شده نسبت به موقعی گردید که QTL در بین نقطه میانی دو مارکر و یکی از مارکرها قرار داشت (شکل ۱ ب). افزایش اندازه اثر QTL کاهش میزان انحراف موقعیت QTL برآورد شده گردید. کاهش انحراف در اثر افزایش اثر QTL خطی نبود به طوری که افزایش اثر QTL از مقادیر خیلی پایین به مقادیر بالا باعث کاهش شدید انحراف می گردد. در حالی که افزایش اثر از مقادیر میانی به مقادیر بالاتر با شیب کمتری باعث کاهش انحراف برآورد شده می گردد (شکل ۱ پ). افزایش نسبت اثر افزایشی نسبت به اثر غالبیت باعث افزایش انحراف موقعیت QTL از مقدار شبیه سازی شده گردید. تاثیر افزایش نسبی اثر افزایشی به صورت خطی نبود به طوری که افزایش نسبت اثر افزایشی از مقادیر پایین به طرف مقادیر میانی (۵۰٪) باعث افزایش شدید تر مقدار انحراف گردید. در صورتی که شیب افزایش انحراف با افزایش نسبت اثر افزایشی از مقادیر میانی به مقادیر بالاتر کمتر بود (شکل ۱ ت). افزایش اندازه جمعیت باعث کاهش میزان انحراف گردید ولی این کاهش در افزایش جمعیت از مقادیر پایین به مقادیر بالاتر شیب بیشتری داشت (شکل ۱ ث). در بررسی اثرات متقابل بین عوامل مورد بررسی تداخل بین سطوح مختلف عوامل مورد بررسی مشاهده نشد. در بررسی اثر متقابل هر یک از عوامل روند تاثیر اصلی خود را داشتند (شکل ۲). در بررسی اثرات اصلی و متقابل به ترتیب اندازه اثر QTL، اندازه جمعیت، تراکم مارکر، موقعیت QTL نسبت به موقعیت نشانگر و نسبت اثر افزایشی به غالبیت بر روی میزان انحراف موقعیت QTL برآورد شده از مقدار شبیه سازی شده موثر بودند.



شکل ۱: تاثیر عوامل مختلف بر روی میزان انحراف موقعیت QTL برآورد شده از موقعیت شبیه سازی شده



شکل ۲: تاثیر متقابل عوامل موثر بر روی انحراف موقعیت QTL برآورد شده از موقعیت واقعی الف:فاصله مارکر و اثر QTL، ب: اندازه جمعیت و تراکم مارکر، پ: اندازه جمعیت و موقعیت نسبی QTL، ت: اندازه جمعیت و نسبت اثر افزایشی، ث: اندازه جمعیت و موقعیت نسبی QTL، ج: نسبت اثر افزایشی و موقعیت نسبی QTL

منابع

1. Broman, K.W., and Sen, S. 2009. A Guide to QTL Mapping with R/qtl. 1st Ed. Springer. New York. USA.
2. Lander, E.S., and D.B. Botstein. 1989. Mapping Mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. Genetics 121: 185-199.
3. Nobari K., M.R. Nassirya, A.A. Aslaminejada, M. Tahmoorespur and A. Esmailzade (2012). Effects of QTL parameters and marker density on efficiency of HaleyKnott regression interval mapping of QTL with complex traits and use of artificial neural network for prediction of the efficiency of HK method in livestock. Journal of Applied Animal Research, 1-9, iFirst article.

Consideration of Some Experimental and QTL parameters on Deviation of QTL Position
Estimated Using Maximum Likelihood
Behnam Abbaspur, Shokoufe Ghazanfari
Department of Animal and Poultry Sciences, University of Tehran, Aburaihan campus
shghazanfari@ut.ac.ir

Abstract

Quantitative Trait Loci (QTL) mapping is done for application of that for marker assisted selection (MAS) or for search of genes coding proteins that affect the quantitative traits. In model animals and animals that inbred lines available, conducting QTL mapping is based on cross between inbred lines. This study conducted for consideration of the effect of genomic and experimental factors on deviation of estimated QTL position from simulated position. The considered F_2 design analyzed using maximum likelihood interval mapping. This study shows that density of marker linearly affected the deviation thus increase of marker density decreased the deviation. Increase of population size and QTL effect decreased the deviation nonlinearly thus increase of the two factors from minimum levels to intermediate levels more affected the deviation. Relative position of QTL and ratio of additive effects affected the deviation nonlinearly. There was no reasonable interaction between considered factors. In total the deviation affected by QTL effect, population size, marker space, relative position of QTL and ratio of additive effect, respectively.

Key Words: Maximum Likelihood – QTL Mapping – Deviation of Estimated QTL Position

برآورد اثرات متوسط جایگزینی، افزایشی، غالبیت و مؤلفه های واریانس مرتبط با ژن TLR4 بر صفات تولید شیر و امتیاز سلول-

های بدنی در گاوهای شیری هلشتاین

راضیه نوری^{۱*}، میلاد هیهانوند^۱، دکتر محمدعلی ادریس^۲، دکتر امیرحسین مهدوی^۲، دکتر حمیدرضا رحمانی^۲، دکتر مجید طالبی^۳

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان، ۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی

اصفهان، ۳- عضو هیئت علمی گروه بیوتکنولوژی دانشگاه صنعتی اصفهان

*نویسنده مسئول: راضیه نوری، razi.nori@yahoo.com

چکیده

این مطالعه با هدف برآورد اثرات متوسط جایگزینی، افزایشی و غالبیت و نیز مؤلفه های واریانس و ارزش اصلاحی برای صفات تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران انجام شد. نمونه خون ۳۹۴ رأس گاو هلشتاین برای پلی مورفیسم T-C موجود در اگزون ۳ این ژن به روش PCR-RFLP تعیین ژنوتیپ و مورد بررسی قرار گرفت. فراوانی آلل A و B به ترتیب برابر ۰/۳۸ و ۰/۶۲ و فراوانی ژنوتیپی AA، AB و BB به ترتیب برابر ۰/۱، ۰/۵۵ و ۰/۳۵ برآورد گردید. نتایج آنالیز خطی، رابطه معنی داری را بین اثر افزایشی ژنوتیپ AA و تولید شیر تصحیح شده، درصد چربی و درصد پروتئین نشان داد. ژنوتیپ AA در رابطه با تولید شیر تصحیح شده اثر افزایشی منفی و برای صفات درصد چربی و درصد پروتئین اثر افزایشی مثبت نشان داد. نتایج اثر متوسط جایگزینی حاکی از آن بود که آلل A با افزایش چربی و کاهش تولید شیر و آلل B با کاهش چربی و افزایش تولید شیر در ارتباط است.

واژه های کلیدی: گاو هلشتاین - ژن TLR4 - اثر افزایشی - اثر غالبیت - اثر متوسط جایگزینی - واریانس

مقدمه

از آنجاییکه TLRها خانواده ای از گیرنده های شناسایی الگو هستند که در طی تکامل حفظ شده اند، این گیرنده ها بر سطح غشای بسیاری از انواع سلول ها در شرایط خاص ظاهر می شوند و نقش حیاتی در پاسخ های ایمنی ذاتی در برابر میکروب دارند. QTLهای متعددی در نزدیکی ژن TLR4 روی کروموزوم شماره ۸ گاو گزارش شده است [۱، ۲ و ۴]. اخیراً پلی مورفیسم هایی روی این ژن و یا مرتبط با آن گزارش شده است که این ژن را به عنوان کاندیدایی مؤثر بر افزایش میزان چربی شیر مطرح کرده است. این مطالعه با هدف برآورد اثرات متوسط جایگزینی، افزایشی و غالبیت و نیز مؤلفه های واریانس و ارزش اصلاحی بر صفات تولید شیر و اجزای آن در گاوهای هلشتاین ایران انجام شد.

مواد و روش ها

در این مطالعه پس از بررسی ارتباط چندشکلی ژن TLR4 با صفات عملکردی در گاوهای هلشتاین ایران و همچنین برآورد فراوانی اللی و ژنوتیپی، به برآورد اثرات متوسط جایگزینی، افزایشی و غالبیت و نیز مؤلفه های واریانس و ارزش اصلاحی بر صفات تولید شیر پرداخته شد. به منظور برآورد اثرات افزایشی و اثرات غالبیت بر صفات مورد مطالعه از مدل آماری زیر و نرم افزار sas, v9.1 و رویه رگرسیون استفاده شد.

$$Y = Xb + e$$

Y: رکورد تولید شیر تصحیح شده (براساس ۳ بار دوشش در روز و همچنین دوره شیردهی ۳۰۵ روز)، میانگین تولید شیر روزانه، درصد چربی یا پروتئین شیر، امتیاز سلول‌های بدنی شیر و یا ارزش اصلاحی تولید شیر و تولید چربی، X: ماتریس ضرابی اثر افزایشی (صفر برای AA، ۱ برای AB و ۲ برای BB) و اثر غالبیت (۱ برای AB و صفر برای AA و BB)، b: مقدار برآوردی برای اثرات افزایشی و اثرات غالبیت. e: اثر تصادفی باقی‌مانده در مشاهدات.

با توجه به اینکه رکوردهای تولید شیر و تولید چربی شیر براساس ارزش اصلاحی در دسترس است، اثرات غالبیت برای این صفات در نظر گرفته نمی‌شود و تنها اثرات افزایشی از طریق این آنالیز محاسبه گردید. در شرایطی که اثر غالبیت وجود ندارد، ارزش ژنوتیپی برابر با اثر افزایشی است. در نتیجه با برآورد مقدار اثر افزایشی در واقع ارزش ژنوتیپی +a برای این صفات برآورد می‌شود.

نتایج و بحث

فراوانی‌های آللی برای آلل‌های A و B جایگاه T4CRBR2 به ترتیب ۰/۳۸ و ۰/۶۲ و فراوانی ژنوتیپی AA، AB و BB به ترتیب ۰/۱، ۰/۵۵ و ۰/۳۵ برآورد گردید. نتایج حاصل از آنالیز خطی، رابطه معنی‌داری را بین اثر افزایشی ژنوتیپ AA و تولید شیر تصحیح شده، درصد چربی و درصد پروتئین نشان داد. ژنوتیپ AA در رابطه با تولید شیر تصحیح شده اثر افزایشی منفی و برای صفات درصد چربی و درصد پروتئین اثر افزایشی مثبت نشان داد. با توجه به اینکه اثر غالبیت در مورد اکثر صفات معنی‌دار نشد، اثر افزایشی بیشترین سهم را در بخش ژنتیکی صفات به خود اختصاص داد.

در صفات مورد مطالعه AB و اثر غالبیت ژنوتیپ AA جدول ۱- برآورد اثر افزایشی ژنوتیپ

صفات	برآورد اثر افزایشی	برآورد اثر غالبیت
تولید شیر تصحیح شده	$-216/63 \pm 121/35^*$	$30/18 \pm 99/22^{ns}$
روزهای شیردهی	$ns -0/45 \pm 0/62$	$30/04 \pm 3/69^{ns}$
درصد چربی شیر	$0/107 \pm 0/038^{**}$	$0/036 \pm 0/031^{ns}$
درصد پروتئین شیر	$0/03 \pm 0/01^*$	$ns -0/016 \pm 0/01$
امتیاز سلول‌های بدنی	$ns -0/09 \pm 0/07$	$** 0/15 \pm 0/05$
ارزش اصلاحی تولید شیر	$ns -69/20 \pm 53/58$	-
ارزش اصلاحی تولید چربی	$ns 0/27 \pm 1/87$	-

* معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد ($P < 0/05$)

** معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد ($P < 0/01$)

ns: عدم معنی‌داری ($P > 0/05$)

جدول ۲- برآورد ارزش ژنوتیپی هموزیگوت‌ها و هتروزیگوت‌ها در صفات مورد مطالعه در رابطه با ژن TLR4

صفات	a+	D
تولید شیر تصحیح شده (kg)	-256/52	4/095
روزهای شیردهی	-0/57	2/17

درصد چربی شیر	۰/۱۰۵	۰/۰۱۸
درصد پروتئین شیر	۰/۰۴	-۰/۰۱
امتیاز سلول های بدنی شیر	-۰/۱	۰/۱۷

ارزش ژنوتیپی مربوط به ارزش اصلاحی تولید شیر و تولید چربی شیر برابر با اثر افزایشی آنها می باشد.
جدول ۳- برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی و غالبیت در صفات مورد مطالعه

صفت	V_A	V_D
درصد چربی شیر	۰/۰۰۴۷	۰/۰۰۰۰۷
درصد پروتئین شیر	۰/۰۰۱۲	۰/۰۰۰۴۷
روزهای شیردهی	۰/۵۶۰۶	۱/۰۴
امتیاز سلول های بدنی	۰/۰۰۹۳	۰/۰۰۰۶۴
تولید شیر تصحیح شده	۳۱۲۴۴/۱۸	۳/۷۲۳۲
ارزش اصلاحی تولید شیر	۲۲۵۶/۴۰۷	-
ارزش اصلاحی درصد چربی	۰/۰۳۴۳	-

جدول ۴- برآورد اثر متوسط جایگزینی الی الی A به جای ال B

صفت	α	α_1	α_2
درصد چربی شیر	۰/۱۰۰۶	۰/۰۳۱۲	-۰/۰۶۲۳
درصد پروتئین شیر	۰/۰۵۱۴	۰/۰۱۹۵	-۰/۰۳۱۸
روزهای شیردهی	۱/۰۹۰۸	۰/۴۱۴۵	-۰/۶۷۶۲
امتیاز سلول های بدنی شیر	-۰/۱۴۰۸	-۰/۰۵۳۵	۰/۰۸۷۲
تولید شیر تصحیح شده	-۲۵۷/۵۰۲۸	-۹۷/۸۵۱۰	۱۵۹/۶۵۱۷
ارزش اصلاحی تولید شیر	-۶۹/۲۰±۵۳/۵۸	-۲۶/۲۹۶	۴۲/۹۰۴
ارزش اصلاحی درصد چربی	۰/۲۷±۱/۸۷	۰/۱۰۲۶	-۰/۱۶۷۴

می توان نتیجه گرفت آلل B با افزایش تولید چربی و در نتیجه کاهش تولید شیر و آلل A با کاهش تولید چربی و افزایش تولید شیر همراه است ولی نتایج وانگ و همکاران در سال ۲۰۰۷ نشان داد که ال B موجب افزایش تولید شیر و کاهش چربی شیر می گردد [۳].

جدول ۵- ارزش اصلاحی ژنوتیپ های مختلف در صفات مورد مطالعه

صفت	$BB=-2p\alpha$	$AB=(a-p)\alpha$	$AA=2q\alpha$
درصد چربی شیر	-۰/۱۲۴۷	-۰/۰۲۴۱	۰/۰۷۶۴

۰/۰۳۹	-۰/۰۱۲۳	-۰/۰۶۳۷	درصد پروتئین شیر
۰/۸۲۹۰	-۰/۲۶۱۷	-۱/۳۵۲۵	روزهای شیردهی
۰/۱۰۷۰	۰/۰۸۷۲	۰/۱۷۴۵	امتیاز سلول های بدنی
-۱۹۵/۷۰۲۱	۶۱/۸۰۰	۳۱۹/۳۰۳۴	تولید شیر تصحیح شده
-۵۲/۵۹۲	۱۶/۶۰۸	۸۵/۸۰۸	ارزش اصلاحی تولید شیر
۰/۲۰۵۲	-۰/۰۶۴۸	-۰/۳۳۴۸	ارزش اصلاحی درصد چربی

مطابق با نتایج مطالعه حاضر هر دو ژنوتیپ BB و AB در رابطه با روزهای شیردهی، ارزش اصلاحی درصد چربی، درصد چربی شیر و درصد پروتئین شیر دارای ارزش اصلاحی منفی و ژنوتیپ AA دارای ارزش اصلاحی مثبت بود که می توان استنباط نمود که والد با ژنوتیپ BB و AB تولید شیر را افزایش و والد با ژنوتیپ AA میانگین تولید شیر را کاهش داد. در نتیجه در برنامه های اصلاح نژادی با توجه به هدف مورد نظر می توان به ارزش اصلاحی هریک از ژنوتیپ ها به عنوان ژنوتیپ والد توجه نمود.

منابع

1. Klongland, H., Sabry, A., odegard, B., Klemetsdal, G., Schulman, N., Vikki, J. Rvane, J., Aasland, M., Ronningen, K. & lien, S. (2001). Quantitative Trait Loci Affecting Clinical Mastitis and Somatic Cell Count in Dairy Cattle. *Mammalian Genome*, 12, 837-842.
2. McGure, K., Jones, M., Werling, D., Williams, J. L., Glass, E. J. (2005). Radiation Hybrid Mapping of all 10 Characterized Bovine Toll-Like Receptors. *Animal Genetics*, 37, 47-50.
3. Wang, X., XU, S. Z., Goa, X., Ren, H. & chen. J. (2007). Genetic Polymorphism of TLR₄ Gene and Correlation with Mastitis in cattle. *J. Genetica and Genomics*, 34, 406- 412.
4. White, A. N., Kata, S. R. & Womack, J. E. (2003). Comparative Fine Maps of Bovine Toll-Like Receptor 4 and Toll-Like Receptor 2 Regions. *Mammalian Genome*, 74, 149-155.

Estimation of average effects of substituting, additive & dominance effects & variance components on milk production and SCC traits associating with TLR4 gene in Holstein dairy cattle

Nori R.^{1*}, Heihavand M.¹, Edris M. A.², Mahdavi A. H.², Rahmani H. R.², Talebi M.³

^{1,2}Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan 84156-83111, Iran

³Department of Biotechnology, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan 84156-83111, Iran

*Corresponding E-mail address: razi.nori@yahoo.com

Abstract

The aim of this study was estimation of the average effects of substituting, additive and dominance and also variance components and breeding value for milk yield in Holstein dairy cattle. Blood sample sizes of 394 cows were gathered to determine polymorphism status in T-C nucleotide substitution in TLR4 gene exon 3 by using PCR-RFLP technique. Frequency of A and B alleles were estimated to be 0.38 and 0.62, respectively. Frequencies of AA, AB and BB genotypes were 0.1, 0.55 and 0.35, respectively. The statistical analysis showed that significant effect of the additive effect of AA genotype for corrected milk production, fat and protein percentage. AA genotype showed that negative additive effect for corrected milk production and positive additive effect for fat and protein percent. Average effects of substituting results suggested that the allele A may be associated with an increased fat percentage and a decreased milk yield and allele B may be associated with a decreased fat percentage and an increased milk yield.

Keywords: Holstein dairy cattle- TLR4 gene- additive effect- dominance effect- average effect substituting- variance

تاثیر تنوع ژنتیکی ژن TLR4 بر عملکرد تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی در گاوهای شیری هلشتاین
راضیه نوری^{۱*}، میلاد هیه‌اوند^۱، دکتر محمدعلی ادریس^۲، دکتر امیرحسین مهدوی^۲، دکتر حمیدرضا رحمانی^۲، دکتر مجید طالبی^۳
۱- دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان، ۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان، ۳- عضو هیئت علمی گروه بیوتکنولوژی دانشگاه صنعتی اصفهان
*نویسنده مسئول: راضیه نوری، razi.nori@yahoo.com

چکیده

این تحقیق با هدف برآورد ارتباط بین چندشکلی ژن TLR4 با عملکرد صفات تولید شیر و همچنین امتیاز سلول‌های بدنی موجود در شیر در گاوهای هلشتاین ایران انجام گرفت. نمونه خون ۳۹۴ رأس گاو هلشتاین برای پلی مورفیسم T-C موجود در اگزون ۳ این ژن به روش PCR-RFLP تعیین ژنوتیپ و مورد بررسی قرار گرفت. فراوانی آلل A و B به ترتیب برابر ۰/۳۸ و ۰/۶۲ و فراوانی ژنوتیپی AA، AB و BB به ترتیب برابر ۰/۱، ۰/۵۵ و ۰/۳۵ برآورد گردید. هر چند نتایج آنالیز خطی، رابطه معنی‌داری را بین ژنوتیپ‌های جایگاه T4CRBR2 با ارزش‌های اصلاحی تولید شیر و چربی شیر نشان داد ($P < 0/05$) اما رابطه معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های جایگاه مذکور با امتیاز سلول‌های بدنی شیر مشاهده نگردید ($P > 0/05$).

واژه‌های کلیدی: گاو هلشتاین - چندشکلی - ژن TLR4 - تولید شیر

مقدمه

پروتئین‌های TLR گیرنده‌های انتقال پیام غشایی هستند که نقش اساسی در دفاعی ذاتی در مقابل میکروب‌ها ایفا می‌کنند. گیرنده محصول ژن TLR4 دارای یک رشته پلی‌پپتیدی ۸۴۱ آمینواسیدی با وزن ملکولی ۹۶/۰۲۵ است [۷]. ژن TLR4 در گاو روی کروموزوم‌های ۸ قرار گرفته است [۱، ۲ و ۶]. این ژن دارای سه اگزون و دو انترن می‌باشد. اخیراً پلی مورفیسم‌هایی روی این ژن و یا مرتبط با آن گزارش شده است. که این ژن را قویاً به عنوان کاندیدایی مؤثر بر افزایش میزان چربی شیر مطرح کرده است. هدف از این تحقیق بررسی فراوانی این ژن در نمونه‌ای از جمعیت گاو هلشتاین موجود در گاوداری‌های اصفهان و همچنین تعیین ارتباط این واریانت‌ها با صفات تولیدی و امتیاز سلول‌های بدنی شیر و بررسی امکان استفاده از ژن TLR4 در بهبود انتخاب برای صفات تولیدی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق به منظور بررسی ارتباط چندشکلی ژن TLR4 با صفات عملکردی در گله گاوهای نژاد هلشتاین ایرانی و همچنین برآورد فراوانی ژنی و ژنوتیپی آن، ۳۹۴ نمونه خون به طور تصادفی از پنج گله صنعتی در استان اصفهان جمع‌آوری و مورد مطالعه قرار گرفت. استخراج DNA به روش نمکی میلر انجام گردید. جایگاه T4CRBR2، موجود در اگزون ۳ ژن TLR4 تعیین ژنوتیپ شد. واکنش PCR با ۲ میکرولیتر از DNA ژنومی، ۰/۴ میکرولیتر dNTP، ۱ میکرولیتر هر پرایمر، ۰/۵ میکرولیتر $MgCl_2$ ، ۲ میکرولیتر بافر PCR و ۰/۵ میکرولیتر آنزیم پلی‌مراز Taq در حجم ۲۰ میکرولیتر انجام شد. برنامه PCR برای تکثیر جایگاه عبارت بود از: ۳۵ سیکل تکثیر در ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، ۶۲ درجه سانتی‌گراد برای ۳۰ ثانیه و

۷۲ درجه سانتی گراد برای ۴۰ ثانیه که با تکثیر نهایی به مدت ۱۰ دقیقه در ۷۲ درجه پایان یافت. فراورده‌های جایگاه RFLP با آنزیم برشی ALU1 در طول ۳-۱۶ ساعت و در دمای ۳۷ درجه تیمار شده و روی ژل آگارز ۲ درصد بارگذاری شد. به منظور بررسی ارتباط ژنوتیپ‌های موجود در جایگاه مطالعه شده با صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی شیر از روش آنالیز خطی نرم افزار SAS, V. 9.1 استفاده شد. مدل آماری ذیل به منظور آنالیز ارتباط ژنوتیپ‌ها با صفات مورد بررسی تحت روش GLM پیاده گردید.

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + HYS_j + b_1 (X_{ijk} - \bar{X}) + b_2 (W_{ijk} - \bar{W}) + b_3 (Z_{ijk} - \bar{Z}) + e_{ijk}$$

Y_{ijk} ، صفت تولید و ترکیب شیر دوره اول (تولید شیر تصحیح شده، ارزش اصلاحی تولید شیر، درصد چربی و پروتئین، ارزش اصلاحی تولید چربی، طول دوره شیردهی و نمره سلول‌های بدنی شیر) است. G_i مربوط به اثر ژنوتیپ چندشکلی ژن TLR4 (AA، AB، BB) و HYS_j بیانگر اثر ترکیبی گله، سال و فصل زایش می باشد. X_{ijk} طول دوره شیردهی بر اساس روز و میانگین طول دوره شیردهی، W_{ijk} روزهای باز و $\bar{W}$ میانگین روزهای باز برای شکم اول است. Z_{ijk} تولید شیر بر اساس روز و $\bar{Z}$ میانگین تولید شیر است. b_1 ، b_2 و b_3 به ترتیب ضریب رگرسیون طول دوره شیردهی و روزهای باز و تولید شیر و e_{ijk} نیز اثر خطا می باشد. همچنین صفت تولید شیر تصحیح شده برای آنالیز صفت تولید شیر تصحیح شده از مدل حذف شد. نتایج و بحث

فراوانی‌های آللی برای آلل‌های A و B جایگاه T4CRBR2 به ترتیب برابر ۰/۳۸ و ۰/۶۲ و فراوانی ژنوتیپی AA، AB و BB به ترتیب برابر ۰/۱، ۰/۵۵ و ۰/۳۵ برآورد گردید. نتایج حاصل از آنالیز خطی، تفاوت معنی‌داری را بین ژنوتیپ‌های جایگاه T4CRBR2 با ارزش‌های اصلاحی تولید شیر و چربی شیر نشان داد ($P < 0/05$) مقایسه حداقل میانگین مربعات درصد چربی نشان داد که افراد دارای ژنوتیپ AB در مقایسه با ژنوتیپ BB و AA درصد چربی شیر بیشتری داشتند ($P < 0/05$). مقایسه حداقل میانگین مربعات ارزش اصلاحی تولید شیر نشان داد که ژنوتیپ BB ارزش اصلاحی تولید شیر بیشتری در مقایسه با ژنوتیپ AB و AA نشان داد ($P < 0/05$). در بررسی اثر ژنوتیپ‌های جایگاه T4CRBR2 با امتیاز سلول‌های بدنی شیر رابطه معنی‌داری مشاهده نشد ($P > 0/05$).

جدول ۱- مقایسه میانگین حداقل مربعات ($\pm SE$) ژنوتیپ‌ها برای ارزش اصلاحی تولید شیر و تولید چربی

ژنوتیپ	ارزش اصلاحی تولید شیر (کیلوگرم)	ارزش اصلاحی تولید چربی (کیلوگرم)
	LSMean $\pm$ SE	LSMean $\pm$ SE
AA	۲۶۵/۷۱۳ $\pm$ ۱۰۱/۶۸۶ ^b	۹/۱۳۲ $\pm$ ۲/۵۶۶ ^a
AB	۵۰۸/۵۹۴ $\pm$ ۴۲/۶۵۰ ^a	۱۳/۰۵۶ $\pm$ ۱/۴۹۵ ^a
BB	۵۰۹/۴۳۴ $\pm$ ۵۲/۹۷۷ ^a	۱۱/۰۴۰ $\pm$ ۱/۸۵۸ ^a

میانگین‌ها در هر ستون با حروف غیر مشابه در سطح ۵ درصد تفاوت معنی‌داری دارند.

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات تولید شیر تصحیح شده و اجزای شیر

منبع تغییر	تولید شیر تصحیح شده (کیلوگرم)	درصد چربی		درصد پروتئین	
		درجه آزادی	میانگین مربعات	درجه آزادی	میانگین مربعات
ژنوتیپ	۱۸۹۱۷۴/۱ ^{ns}	۲	۰/۵۳۸ [*]	۲	۰/۰۶۰ ^{ns}
اثر گله، سال و فصل زایش	۶۵۲۹۶۰ ^{***}	۴۲	۰/۴۶۷ ^{***}	۴۲	۰/۰۳۴ ^{ns}
روزهای باز	۳۷۰۲۳۲۷۲/۵ ^{***}	۱	۰/۰۳۲ ^{ns}	۱	۰/۰۵۵ ^{ns}
طول دوره شیردهی	۴۸۶۹۴۴۹۱/۹ ^{***}	۱	۰/۰۴۸ ^{ns}	۱	۰/۰۱۳ ^{ns}
تولید شیر تصحیح شده	-	-	۰/۶۷۹ [*]	۱	۰/۷۰۴ ^{***}
خطا	۱۴۱۶۲۵۷/۷	۳۰۱	۰/۱۶۶	۲۹۸	۰/۰۲۸

* معنی دار در سطح احتمال ۵ درصد ($P < 0.05$)

*** معنی داری در سطح احتمال ۱ هزارم درصد ($P < 0.001$)

ns عدم معنی داری ($P > 0.05$)

جدول ۳- مقایسه میانگین حداقل مربعات ($\pm SE$) ژنوتیپ‌ها برای صفات تولید شیر تصحیح شده، درصد چربی و درصد پروتئین

ژنوتیپ	تولید شیر تصحیح شده (کیلوگرم)	درصد چربی	درصد پروتئین
	LSMean $\pm$ SE	LSMean $\pm$ SE	LSMean $\pm$ SE
AA	۹۳۰۵/۸۸۷ $\pm$ ۲۳۳/۵۰۰ ^a	۳/۲۰۵ $\pm$ ۰/۰۸۰ ^a	۲/۹۸۴ $\pm$ ۰/۰۳۳ ^a
AB	۹۴۰۲/۴۶۷ $\pm$ ۱۳۰/۹۲۲ ^a	۳/۲۰۸ $\pm$ ۰/۰۴۵ ^a	۲/۹۶۴ $\pm$ ۰/۰۱۸ ^a
BB	۹۴۳۷/۳۸۶ $\pm$ ۱۵۱/۰۷۷ ^a	۳/۰۸۱ $\pm$ ۰/۰۵۲ ^b	۲/۹۲ $\pm$ ۰/۰۲۱ ^a

میانگین‌ها در هر ستون با حروف غیر مشابه در سطح ۵ درصد تفاوت معنی داری دارند.

با

مطالعه‌ای که توسط وانگ و همکاران در سال ۲۰۰۷ روی گاوهای هلستاین چینی، سانه و سمیتال صورت گرفت، نتایج نشان داد آلل B غالب در لولکوس مورد بررسی بود. فراوانی آلل‌های A و B در جمعیت گاوهای هلستاین، سانه و مونتادال به ترتیب برابر ۰/۵۹، ۰/۴۱ و ۰/۵۶، ۰/۴۴ و ۰/۵۵، ۰/۴۵. گزارش نمود [۴]. فراوانی آللی بدست آمده در این مطالعه برای

جایگاه T4CRBR2 را می‌توان نزدیک با نتایج مطالعات وانگ و همکاران (۲۰۰۷) و در برخی گزارشات قبلی [۳ و ۵] مشخص شد که این تطابق نسبی احتمالاً به دلیل استفاده از اسپرم‌های گاو نر مشابه در سراسر جهان می‌باشد. لذا نتایج آزمایش حاضر بیانگر آن است که رابطه معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های جایگاه T4CRBR2 با ارزش‌های اصلاحی تولید شیر و چربی شیر وجود دارد ($P < 0/05$) اما رابطه معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های جایگاه مذکور با امتیاز سلول‌های بدنی شیر مشاهده نگردید ($P > 0/05$).

منابع

1. Klongland, H., Sabry, A., odegard, B., Klemetsdal, G., Schulman, N., Vikki, J. Rvane, J., Aasland, M., Ronningen, K. & lien, S. (2001). Quantitative Trait Loci Affecting Clinical Mastitis and Somatic Cell Count in Dairy Cattle. *Mammalian Genome*. 12, 837-842.
2. McGure, K., Jones, M., Werling, D., Williams, J. L., Glass, E. J. (2005). Radiation Hybrid Mapping of all 10 Characterized Bovine Toll-Like Receptors. *Animal Genetics*. 37, 47-50.
3. Sharma, B. S., Leyva, L., Schenkel, F., Karrow, N. A. (2006). Association of Toll – Like Receptor 4 polymorphisms with Somatic Cell Score and Lactation Persistency in Holstein Bulls. *J. Dairy Science*, 89, 3626-3625.
4. Wang, X., XU, S. Z., Goa, X., Ren, H. & chen. J. (2007). Genetic Polymorphism of TLR₄ Gene and Correlation with Mastitis in cattle. *J. Genetica and Genomics*, 34, 406- 412.
5. Wang, X. P., XU, S. Z., Gao, X., Li, J. Y., Ren, H. Y & Luoren, Z. M. (2008). Cloning and Snp Screening of the TLR Gene and the Association between its Polymorphism and Somatic Cell Score in Dairy Cattle. *J. Dairy Science*, 38, 101-109.
6. White, A. N., Kata, S. R. & Womack, J. E. (2003). Comparative Fine Maps of Bovine Toll-Like Receptor 4 and Toll-Like Receptor 2 Regions. *Mammalian Genome*, 74, 149-155.
7. White, S. N., Taylor, K. H., Abbey, C. A., Gill, C. A. & Womack, J. A. (2003). Haplotype Variation in bovine Toll-Like Receptor 4 and Computational Prediction of a Positively Selected Ligand-binding domain. *proc Natl Acad Science*, 100, 10364-10369.

The effect of polymorphism of TLR4 gene on milk production and somatic cell score in Holstein cattle

Nori R.^{1*}, Heihavand M.¹, Edris M. A.², Mahdavi A. H.², Rahmani H. R.², Talebi M.³

^{1,2}Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan 84156-83111, Iran

³Department of Biotechnology, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan 84156-83111, Iran

*Corresponding E-mail address: razi.nori@yahoo.com

Abstract

The aims of this study were to estimate the association between TLR4 gene and milk production traits as well as somatic cell score (SCS) in Holstein dairy cattle in Iran. Blood sample sizes of 394 cows were gathered to determine polymorphism status in T-C nucleotide substitution in TLR4 gene exon 3 using PCR-RFLP technique. Frequency of A and B alleles were estimated to be 0.41 and 0.59, respectively. Frequencies of AA, AB and BB genotypes were 0.1, 0.56 and 0.34, respectively. The statistical analysis showed that significant effects for fat percent, protein percent and milk yield. the more results showed the polymorphism of T-C nucleotide substitution was not significant effects on somatic cell score of milk.

Keywords: Holstein dairy cattle - polymorphism – gene tlr4 - milk yield

برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی طول دوره خشکی در گاوهای هلشتاین ایران

نوید قوی حسین زاده*

گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان

* نویسنده مسئول: نوید قوی حسین زاده، گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، پست الکترونیکی:

nhosseinzadeh@guilan.ac.ir

چکیده

رکورد های زایش مرکز اصلاح نژاد دام ایران که در طی سال های ۱۳۶۲ تا ۱۳۸۵ جمع آوری شده و مشتمل بر ۲۶۴۷۶۰ رکورد زایش گاو های هلشتاین از ۱۱۱۴ گله بودند با استفاده از مدل های حیوانی تک صفت و دو صفت جهت برآورد وراثت پذیری و همبستگی های ژنتیکی صفات طول دوره خشکی در سه شکم زایش اول گاو های هلشتاین تجزیه شدند. متوسط طول دوره خشکی از ۷۳/۳۰ تا ۸۲/۶۷ روز متغیر بوده و در طی شکم های زایش افزایش یافت. برآوردهای وراثت پذیری برای طول دوره خشکی از ۰/۰۲ تا ۰/۰۹ متغیر بوده و با افزایش شکم زایش افزایش نشان داد. همچنین، برآورد همبستگی ژنتیکی بین صفات طول دوره خشکی در شکم های زایش مختلف متوسط بوده و از ۰/۲۶ تا ۰/۳۴ تغییر نمود. برآوردهای همبستگی فنوتیپی بین صفات طول دوره خشکی نیز در شکم های زایش مختلف کم بوده و از ۰/۰۷ تا ۰/۱۰ تغییر می نمود. برآوردهای پایین وراثت پذیری بدست آمده در این مطالعه نشان می دهند که بیشتر بهبود حاصله در صفات طول دوره خشکی می تواند از طریق بهبود شرایط محیط تولید حاصل شود.

واژگان کلیدی: طول دوره خشکی - همبستگی ژنتیکی - وراثت پذیری - گاو هلشتاین.

مقدمه

در طی چرخه تولیدی و قبل از تاریخ مورد انتظار زایش، حیوان نیاز به یک دوره استراحت داشته و در طی این مدت، شیردهی متوقف می شود. دوره خشکی برای بازسازی غده پستانی و آماده سازی آن برای دوره شیردهی بعدی مورد نیاز می باشد، که در طی این دوره، پرزهای شکمبه و روده باریک بازسازی شده و حیوان برای افزایش احتیاجات مواد مغذی غده پستان در طی سنتز شیر در پستان آماده می شود (۳). با توجه به این که سودآوری در صنعت پرورش گاو شیری تحت تأثیر تولید و تولید مثل قرار دارد، بنابراین در برنامه های اصلاح نژادی که هدف افزایش تولید از طریق پیشرفت ژنتیکی است، بایستی صفات تولیدی و تولیدمثلی با هم در نظر گرفته شوند که یکی از این صفات مهم طول دوره خشکی است (۷). تعداد کمی از مطالعات فراسنجه های ژنتیکی طول دوره خشکی را در گاو های شیری مورد بررسی قرار داده اند (۴، ۵، ۶، ۹). بنابراین، هدف از این مطالعه برآورد فراسنجه های طول دوره خشکی در سه شکم زایش اول گاو های هلشتاین ایران بود.

مواد و روش ها

در این تحقیق از تعداد ۲۶۴۷۶۰ رکورد زایش متعلق به گاو های هلشتاین شکم زایش اول تا سوم موجود در ۱۱۱۴ گله که طی ۲۴ سال (۱۳۶۲-۱۳۸۵) توسط مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور جمع آوری شده بود استفاده شد. سن در هنگام زایش اول بین ۲۰ تا ۴۰ ماه، در هنگام زایش دوم بین ۲۸ تا ۴۹ ماه و در هنگام زایش سوم بین ۴۰ تا ۶۸ ماه در نظر گرفته شد. همچنین طول دوره خشکی حیوانات کمتر از ۲۰۰ روز در نظر گرفته شد. تعداد کلی حیوانات در شجره ۴۹۷۲۱۶، تعداد

پدران ۸۰۰۷ و تعداد مادران ۲۴۲۱۷۶ بود. از مدل حیوانی تک صفتی ذیل جهت برآورد اجزای واریانس و وراثت پذیری طول دوره خشکی به طور جداگانه برای سه شکم زایش اول گاوهای هلشتاین استفاده شده بود:

$$y_{ijkmn} = \mu + a_i + hy_j + s_k + b_{lm}Age_m + e_{ijkmn}$$

که y_{ijkmn} بردار مشاهدات طول دوره خشکی است که توسط اثر ژنتیکی افزایشی حیوان i ام (a_i) در آثار ثابت گله-سال زایش j ام (hy_j) و فصل زایش k ام (s_k) و اثر تصادفی باقیمانده (e_{ijkmn}) تحت تأثیر قرار می گیرد. همچنین، b_{lm} ضریب تابعیت طول دوره خشکی به سن در هنگام زایش (Age_m) است. همچنین از مدل های حیوانی دوصفته جهت برآورد همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی بین طول دوره خشکی در سه شکم زایش اول استفاده شده بود. عوامل موجود در مدل های دوصفته همان آثار برازش یافته در مدل تک صفتی بودند. جهت برآورد اجزای واریانس، وراثت پذیری و همبستگی های ژنتیکی از الگوریتم **AIREML** نرم افزار **MATVEC** استفاده شد (۱۱).

نتایج و بحث

آماره های توصیفی رکوردهای طول دوره خشکی سه شکم زایش اول گاوهای هلشتاین در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱- خلاصه آماره های توصیفی برای طول دوره خشکی در گاوهای هلشتاین ایران

صفت	تعداد مشاهدات	میانگین (روز)	انحراف معیار (روز)
DD1	۱۲۰۴۵۶	۷۳/۳۰	۳۰/۹۴
DD2	۸۶۰۶۰	۸۰/۵۴	۳۴/۴۸
DD3	۵۸۲۴۴	۸۲/۶۷	۳۵/۴۰

DD1: روزهای خشکی شکم زایش اول؛ DD2: روزهای خشکی شکم زایش دوم؛ DD3: روزهای خشکی شکم زایش سوم

سوم

میانگین طول دوره خشکی گاوهای هلشتاین ایران از ۷۳/۳۰ تا ۸۲/۶۷ روز در طی سه شکم زایش اول متغیر بود. متوسط طول دوره خشکی در این مطالعه از میانگین گزارش شده توسط برخی محققان بیشتر (۲)، از میانگین گزارش شده توسط برخی محققان کمتر (۸، ۱۰) و در دامنه گزارش شده توسط سایر محققان است (۱). برآوردهای وراثت پذیری و همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی صفات طول دوره خشکی در سه شکم زایش اول گاوهای هلشتاین ایران در جدول ۲ ارائه شده است. جدول ۲- برآوردهای وراثت پذیری (روی قطر به صورت برجسته)، همبستگی های ژنتیکی (بالای قطر) و همبستگی های فنوتیپی (پایین قطر) طول دوره خشکی در سه شکم زایش اول گاوهای هلشتاین ایران*

صفت	DD1	DD2	DD3
DD1	۰/۰۲ (۰/۰۰۳)	۰/۳۴	۰/۲۶
DD2	۰/۰۸	۰/۰۵ (۰/۰۰۵)	۰/۳۳
DD3	۰/۰۷	۰/۱۰	۰/۰۹ (۰/۰۰۸)

DD1: روزهای خشکی شکم زایش اول؛ DD2: روزهای خشکی شکم زایش دوم؛ DD3: روزهای خشکی شکم زایش سوم
* اعداد درون پرانتز اشتباه معیار برآوردهای وراثت‌پذیری هستند.

برآورد وراثت‌پذیری طول دوره خشکی در این مطالعه کم و از ۰/۰۲ تا ۰/۰۹ متغیر بوده و با افزایش شکم‌های زایش افزایش نشان می‌دهد. برآوردهای وراثت‌پذیری طول دوره خشکی در این مطالعه در دامنه برآوردهای گزارش شده توسط محققان دیگر بوده (۲، ۵) بوده ولی از برآوردهای صورت گرفته توسط برخی محققان کمتر می‌باشد (۶، ۹، ۱۰). برآوردهای پایین وراثت‌پذیری بدست آمده در این مطالعه به افزایش واریانس فنوتیپی در نتیجه افزایش تنوع محیطی نسبت داده می‌شود. بنابراین، بیشتر بهبود در صفات طول دوره خشکی می‌تواند توسط بهبود محیط تولید حیوانات حاصل شود. همبستگی ژنتیکی بین صفات مختلف طول دوره خشکی در این مطالعه متوسط و از ۰/۲۶ تا ۰/۳۴ تغییر می‌نمود. همچنین، برآوردهای همبستگی فنوتیپی بین صفات طول دوره خشکی در این مطالعه کم و از ۰/۰۷ تا ۰/۱۰ متغیر بود. همبستگی ژنتیکی مثبت و متوسط بین صفات طول دوره خشکی در این مطالعه نشان می‌دهد که ژن‌هایی که به طور مثبتی بر روی طول دوره خشکی در یک شکم زایش اثر می‌گذارند می‌توانند به طور مثبتی بر روی مقادیر طول دوره خشکی در شکم‌های زایش دیگر اثر بگذارند. این همبستگی بین صفات طول دوره خشکی نشان دهنده وجود ساز و کارهای مشترک ژنتیکی و فیزیولوژیکی کنترل کننده صفات طول دوره خشکی می‌باشد. ولی همبستگی فنوتیپی اندک بین صفات طول دوره خشکی نشان دهنده ارتباط ضعیف بین مقادیر مشاهده شده و رکوردبرداری شده صفات طول دوره خشکی در شکم‌های زایش مختلف است.

منابع

۱. اسماعیلی زاده، ع.، میرایی آشتیانی، س. ر.، روزبهان، ی. ۱۳۸۱. بررسی تولید شیر و چربی و برخی از صفات تولید مثلی گاوهای هلشتاین در گاوداری های اطراف یزد. پژوهش و سازندگی، شماره ۱۵، صفحه ۲۵ تا ۳۱.
۲. نصرتی، م.، طهمورث‌پور، م. ۱۳۹۰. ارزیابی ژنتیکی و برآورد روند صفات تولیدی و تولیدمثلی گاوهای هلشتاین استان خراسان رضوی با استفاده از آنالیز چند متغیره. نشریه پژوهشهای علوم دامی ایران، شماره ۳، صفحه ۲۸۰ تا ۲۸۶.
3. Annen, E. L., R. J. Collier, M. A. McGuire, J. L. Vicini, J. M. Ballam, M. J. Lormore. 2004. Effect of modified dry period lengths and bovine somatotropin on yield and composition of milk from dairy cows. *Journal of Dairy Science*, 87: 3746–3761.
4. Funk, D. A., A. E. Freeman, P. J. Berger. 1987. Effects of previous days open, previous days dry, and present days open on lactation yield. *Journal of Dairy Science*, 70: 2366–2373.
5. Kuhn, M. T., J. L. Hutchison, H. D. Norman. 2005. Characterization of days dry for United States Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 88:1147–1155.
6. Makuza, S. M., B. T. McDaniel. 1996. Effects of days dry, previous days open, and current days open on milk yields of cows in Zimbabwe and North Carolina. *Journal of Dairy Science*, 79: 702–709.
7. Moore, R. K., B. W. Kennedy, L. R. Schaeffer, J. E. Moxley. 1990. Relationships between reproduction traits, age and body weight at calving and days dry in first lactation Ayrshire and Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 73: 835-842.
8. Pandey, S. K., V. K. Arora, R. Gael, R. Singh. 2001. Genetic and phenotypic studies of some production traits of Haryana cattle. *Indian Journal of Animal Research*, 35(2): 129-131.

9. Schaeffer, L. R., C. R. Henderson. 1972. Effects of days dry and days open on Holstein milk production. *Journal of Dairy Science*, 55: 107-112.
10. Shah, M. A., M. Syed, N. Amjed, N. Shah, D. H. Crews Jr. 2005. genetic and phenotypic parameters for some reproductive traits of Holstein- Friesian cattle in the North West Fronteir province. *Sarhad. Journal of Agriculture*, 4: 515-520.
11. Wang, T., R. I. Fernando, D. S. Kachman. 2001. MATVEC user's guide.

Estimation of genetic parameters for dry period length in Iranian Holsteins

Navid Ghavi Hossein-Zadeh*

Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan

* Corresponding E-mail address: nhosseinzadeh@guilan.ac.ir

Abstract:

Calving records from the Animal Breeding Center of Iran collected from 1983 to 2006 and comprising 264760 calving events of Holsteins from 1114 dairy herds were analyzed using univariate and bivariate linear animal models to estimate heritabilities and genetic correlations for dry period lengths in the first three lactations of Holstein cows. Average dry period lengths were from 73.30 to 82.67 days and increased over the parities. Heritability estimates for dry period lengths varied from 0.02 to 0.09 across the parities. Also, estimates of genetic correlations between dry period lengths in different parities were medium and ranged from 0.26 to 0.34. Estimates of phenotypic correlations between dry period lengths in different parities were low and ranged from 0.07 to 0.10. The low estimates of heritability obtained in this study imply that much of the improvement in dry period length traits could be attained by improvement of production environment.

Keywords: Dry period length- genetic correlation- heritability- Holstein cow.

مقایسه مدل‌های غیرخطی توصیف کننده منحنی تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران

نوید قوی حسین زاده*

گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان

* نویسنده مسئول: نوید قوی حسین زاده، گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، پست الکترونیکی:

nhosseinzadeh@guilan.ac.ir

چکیده

آگاهی دقیق از منحنی شیردهی ارتباط مهمی با مدیریت و تحقیقات سیستم‌های تولید و پرورش گاوهای شیری دارد. هدف از این مطالعه مقایسه و ارزیابی توابع کاندیدا جهت توصیف منحنی شیردهی گاوهای هلشتاین ایران در شکم زایش اول است. بدین منظور، چهار مدل غیرخطی مدنظر قرار گرفته بودند: تابع وود، تابع روک، تابع دیجکسترا و تابع پولوت. به‌طور کلی از ۳۲۷۹۷۲۸ رکورد روزآزمون تولید شیر گاوهای هلشتاین شکم زایش اول متعلق به ۲۶۷۹ گله که در فاصله سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۰ توسط مرکز اصلاح نژاد دام ایران جمع‌آوری شده بود در این تحقیق استفاده شد. میزان تناسب مدل‌های غیرخطی جهت توصیف منحنی تولید شیر ۳۰۵ روز گاوهای هلشتاین بر اساس معیارهای ضریب تعیین تصحیح شده (R_{adj}^2)، جذر میانگین مربعات خطا (RMSE) و ضریب دورین-واتسون (DW) مورد آزمون قرار گرفت. معیارهای فوق‌الذکر در میان تمامی مدل‌های غیرخطی مورد مطالعه یکسان بودند. در این مطالعه، تابع وود به‌واسطه تعداد فراسنجه‌های موجود در مدل و محدودیت‌های محاسباتی کمتر به عنوان بهترین مدل جهت توصیف منحنی شیردهی گاوهای شیری انتخاب شد. واژگان کلیدی: تولید شیر روزانه - نکویی برازش - منحنی شیردهی - مقایسه مدل - گاو هلشتاین.

مقدمه

نمایش گرافیکی تولید شیر روزانه در مقابل زمان پس از زایش، منحنی شیردهی نامیده می‌شود (۱۸). شکل منحنی استاندارد شیردهی ممکن است تا رسیدن به اوج تولید، روند افزایشی داشته و پس از آن تا انتهای دوره شیردهی با نرخ کندتری روند کاهشی را طی کند (۱۱). معادلاتی که تولید شیر را در واحد زمان توصیف می‌کنند می‌توانند در برنامه‌های اصلاح نژادی حیوانات، مدیریت تغذیه گله، اتخاذ تصمیمات حذف گاوها و سیستم‌های شبیه‌سازی تولید شیر گله‌های شیری بسیار مفید واقع شوند (۱۲). همچنین منحنی شیردهی به دلیل توصیف مناسب تولید حیوان در طی دوره شیردهی، برآورد اوج تولید شیر حیوان در طی دوره شیردهی، تداوم تولید شیر و روزهای شیردهی را ممکن می‌سازد (۹). نخستین تلاش‌ها جهت نمایش ریاضی منحنی شیردهی توسط برودی و همکاران (۱۹۲۳) و برودی و همکاران (۱۹۲۴) صورت گرفت (۲، ۳). ولی پس از ارایه تابع گامای ناقص وود (۱۹۶۷)، استفاده از مدل‌های توصیف‌کننده منحنی شیردهی به‌طور گسترده‌تری صورت گرفت (۲۲). پس از آن، انواع مختلفی از مدل‌های خطی و غیرخطی جهت توصیف تغییرات منحنی شیردهی مورد استفاده قرار گرفته‌اند (۱، ۶، ۱۰، ۱۶، ۲۱). جهت حل معادله مدل‌های غیرخطی توصیف‌کننده منحنی شیردهی به روش‌های تکرار نیاز می‌باشد (۲۰). هدف از این مطالعه تعیین بهترین مدل غیرخطی جهت توصیف منحنی تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران در شکم زایش اول می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از تعداد ۳۲۷۹۷۲۸ رکورد روزآزمون تولید شیر متعلق به گاوهای هلشتاین شکم زایش اول موجود در ۲۶۷۹ گله که طی ۲۱ سال (۱۳۷۰-۱۳۹۰) توسط مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور جمع آوری شده بود استفاده شد. سن در هنگام زایش بین ۲۰ تا ۴۰ ماه در نظر گرفته شد. همچنین تولید شیر روزانه حیوانات بین ۳ تا ۹۰ کیلوگرم بود و روزهای شیردهی بین ۵ تا ۳۰۵ روز فرض شد. در این مطالعه، چهار مدل غیر خطی تابع گامای ناقص وود (۲۲)، تابع روک (۱۶)، تابع پولوت (۱۴) و تابع دیجکسترا (۶) جهت توصیف منحنی تولید شیر گاوهای هلشتاین در نظر گرفته شد که به صورت زیر نشان داده می‌شوند:

$$Y = at^b e^{-ct} \quad \text{تابع وود:} \quad Y = a \left\{ 1 / [1 + b / (c + t)] \right\} e^{-dt} \quad \text{تابع روک:} \quad Y = ae^{[b(1-e^{-at})/c-dt]} \quad \text{تابع دیجکسترا:}$$

$$\text{تابع پولوت:} \quad Y = a \left[1 / \left(1 + \frac{1-b}{b} e^{-ct} \right) - 1 / \left(1 + \frac{1-d}{d} e^{-gt} \right) \right] (1 - e^{-ht})$$

که Y تولید شیر (بر حسب کیلوگرم در روز)، t روزهای شیردهی و a, b, c, d, g, h فراسنجه‌هایی هستند که مقیاس و شکل منحنی شیردهی را تعریف می‌کنند. از رویه NLIN و Model نرم افزار SAS (۱۷) جهت برازش مدل‌های تابعیت غیرخطی فوق الذکر و از روش گاوس-نیوتن به عنوان روش تکرار استفاده شد. نکویی برازش مدل‌ها با استفاده از معیارهایی نظیر ضریب تعیین تصحیح شده (R_{adj}^2)، جذر میانگین مربعات خطا (RMSE) و معیار دوربین-واتسون (DW) تعیین شد.

نتایج و بحث

آماره‌های توصیفی رکوردهای روزآزمون تولید شیر شکم زایش اول گاوهای هلشتاین در جدول ۱ ارایه شده است.

جدول ۱- خلاصه آماره‌های توصیفی رکوردهای روزآزمون تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران

ماه شیردهی	تعداد مشاهدات	میانگین (کیلوگرم)	انحراف معیار (کیلوگرم)
۱	۳۵۲۹۷۰	۲۶/۷	۷/۲۶
۲	۳۶۵۲۰۸	۲۹/۸	۷/۷۶
۳	۳۶۸۱۹۷	۲۹/۷	۷/۹۶
۴	۳۵۸۶۷۵	۲۹/۲	۸/۰۱
۵	۳۴۶۶۷۵	۲۸/۵	۷/۹۸
۶	۳۳۶۹۱۹	۲۷/۷	۷/۹۶
۷	۳۲۶۴۹۶	۲۶/۹	۷/۸۸
۸	۳۱۴۶۷۸	۲۶/۰	۷/۷۷
۹	۲۸۶۹۸۴	۲۴/۹	۷/۶۶
۱۰	۲۲۲۹۲۶	۲۴/۱	۷/۶۰

بیشترین تعداد رکوردها متعلق به ماه دوم و سوم شیردهی و اوج تولید شیر نیز متعلق به همین ماه‌های شیردهی می‌باشد. قابل ذکر است که تولید شیر گاوها از ماه سوم به بعد تا انتهای دوره شیردهی روند کاهشی را طی می‌کند. برآورد فراسنجه‌ها و معیارهای نکویی برازش مدل‌های غیرخطی توصیف‌کننده منحنی تولید شیر گاوهای هلشتاین شکم زایش اول در جدول ۲ ارائه شده است.

جدول ۲- فراسنجه‌های برآوردی برای مدل‌های غیرخطی مختلف توصیف‌کننده منحنی تولید شیر

DW	RMS E	R^2_{adj}	برآورد فراسنجه‌ها (اشتباه معیار)						مدل
			h	g	d	c	b	a	
۰/۶۵	۷/۷۷	۰/۹۳	-	-	-	۰/۰۰۲	۰/۱۵	۱۷/۹۶	وود
						(۰/۰۰۰۰۵)	(۰/۰۰۰۰۵)	(۰/۰۰۳)	
						(۰)			
۰/۶۵	۷/۷۷	۰/۹۳	-	-	۰/۰۰۱	۷/۳۴	۷/۹۶	۳۶/۰۸	روک
					(۰/۰۰۰۰۵)	(۰/۱۶)	(۰/۱۰)	(۰/۰۰۵)	
					(۰)				
۰/۶۵	۷/۷۷	۰/۹۳	۰/۹۱	۰/۰۰۵	۰/۱۱	۰/۰۷	۰/۶۸	۳۵/۱۵	پولوت
			(۰/۰۰۸)	(۰/۰۰۰۰۹)	(۰/۰۰۰۰۴)	(۰/۰۰۰۰۷)	(۰/۰۰۰۰۲)	(۰/۰۰۲۰)	
				(۰)					
۰/۶۵	۷/۷۷	۰/۹۳	-	-	۰/۰۰۱	۰/۰۵	۰/۰۲	۲۰/۵۵	دیجکس
					(۰/۰۰۰۰۳)	(۰/۰۰۰۰۳)	(۰/۰۰۰۰۲)	(۰/۰۰۰۰۴)	ترا
					(۰)				

a, b, c, d, g و h: فراسنجه‌های توصیف‌کننده شکل و مقیاس منحنی شیردهی؛ R^2_{adj} : ضریب تعیین تصحیح شده؛ RMSE: جذر میانگین مربعات خطا؛ DW: معیار دوربین-واتسون.

همانگونه که مشاهده می‌شود ضرایب تعیین تصحیح شده، جذر میانگین مربعات خطا و معیار دوربین-واتسون برای تمامی مدل‌های غیرخطی مورد مطالعه مشابه می‌باشند. بنابراین، مدل‌های مختلف با تعداد متفاوت فراسنجه توانسته‌اند با دقت مشابه منحنی شیردهی گاوهای شیری را برازش نمایند. با توجه به اینکه مناسب‌ترین مدل، مدلی است که دارای حداقل تعداد فراسنجه بوده و توجیه زیستی داشته باشد (۱۵)، مدل وود در مطالعه حاضر به عنوان بهترین مدل توصیف‌کننده منحنی تولید شیر در نظر گرفته می‌شود چون فقط دارای سه فراسنجه بوده و دقتی معادل سایر مدل‌ها با تعداد بیشتر فراسنجه فراهم نموده است. مقدار معیار دوربین-واتسون در این مطالعه (۰/۶۵) نشان‌دهنده وجود خودهمبستگی (autocorrelation) مثبت در عوامل باقیمانده تجزیه تابعیت می‌باشد. خودهمبستگی مثبت زمانی رخ می‌دهد که مقادیر باقیمانده مجاور هم به طور متوسط در جهت مثبت یا منفی با یکدیگر همسو باشند (۵). همانند نتایج مطالعه حاضر، الهی ترشیزی و همکاران (۲۰۱۱) شکل غیرخطی تابع وود را به عنوان بهترین مدل جهت توصیف منحنی شیردهی گاوهای هلشتاین شکم زایش اول معرفی نمودند (۷). همچنین، داکونها و همکاران (۲۰۱۰) تابع گامای ناقص وود را به عنوان بهترین مدل جهت توصیف منحنی شیردهی گاوهای شیری متوسط تولید

گزارش کردند (۴). فرهنگ فر و رولینسون (۲۰۰۷) فراسنجه‌های منحنی شیردهی گاوهای هلشتاین ایران را با چند مدل غیر خطی برآورد کردند و نهایتاً تابع گامای ناقص و تابعیت چندجمله‌ای را پیشنهاد نمودند (۸). ولی ول-آرنولا و همکاران (۲۰۰۴) نشان دادند که تابع دیجکسترا بهترین مدل جهت توصیف منحنی شیردهی گاوهای شیری در مکزیک می‌باشد (۱۹). همچنین، پاپاجسیک و بودرو (۱۹۸۸) ۲۰ تابع ریاضی مختلف را برای توصیف منحنی شیردهی گاوهای مناطق نیمه گرمسیری استفاده نمودند و نتیجه‌گیری کردند که تابع گامای ناقص بهتر از توابع دیگر می‌تواند تولید شیر گاوها را توصیف نماید (۱۳).

منابع

1. Ali, T. E., L. R. Schaeffer. 1987. Accounting for covariance among test day milk yields in dairy cows. *Canadian Journal of Animal Science*, 67: 637-644.
2. Brody, S., A. C. Ragsdale, C. W. Turner. 1923. The rate of decline of milk secretion with the advance of the period of lactation. *The Journal of General Physiology*, 5: 442-444.
3. Brody, S., A. C. Ragsdale, C. W. Turner. 1924. The relation between the initial rise and the subsequent decline of milk secretion following parturition. *The Journal of General Physiology*, 6: 541-545.
4. Da Cunha, D. N. F. V., J. C. Pereira, F. F. Silva, O. F. de Campos, J. L. Braga, J. A. Martuscello. 2010. Selection of models of lactation curves to use in milk production simulation systems. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 39: 891-902.
5. Dematawewa, C. M. B., R. E. Pearson, P. M. Van Raden. 2007. Modeling extended lactation of Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 90: 3924-3936.
6. Dijkstra, J., J. France, M. S. Dhanoa, J. A. Maas, M. D. Hanigan, A. J. Rook, D. E. Beever. 1997. A model to describe growth patterns of the mammary gland during pregnancy and lactation. *Journal of Dairy Science*, 80: 2340-2354.
7. Elahi Torshizi, M., A. A. Aslamenejad, M.R. Nassiri, H. Farhangfar. 2011. Comparison and evaluation of mathematical lactation curve functions of Iranian primiparous Holsteins. *South African Journal of Animal Science*, 41: 104-115.
8. Farhangfar, H., P. Rowlinson. 2007. Genetic analysis of Wood's lactation curve for Iranian Holstein Heifers. *Journal of Biological Sciences*, 7(1): 127-135.
9. Ferreira, E. B., E. Bearzoti. 2003. Comparação de métodos no ajustamento de curvas de lactação de bovinos por meio de simulação. *Ciência e Agrotecnologia*, 24(5): 865-872.
10. Grossman, M., W. J. Koops. 1988. Multiphasic analysis of lactation curves in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 71: 1598-1608.
11. Lombaard, C. S. 2006. Hierarchical Bayesian modelling for the analysis of the lactation of dairy animals. PhD thesis. University of the Free State Bloemfontein, South Africa.
12. Olori, V. E., S. Brotherstone, W. G. Hill, B. J. Mcguirk. 1999. Fit of standard models of the lactation curve to weekly records of milk production of cows in a single herd. *Livestock Production Science*, 58: 55-63.
13. Papajcsik, I. A., J. Bodero. 1988. Modeling lactation curves of Friesian cows in a subtropical climate. *Animal production*, 47: 201-207.
14. Pollott, G. E. 2000. A biological approach to lactation curve analysis for milk yield. *Journal of Dairy Science*, 83: 2448-2458.
15. Rekaya, R., M. J. Carabaño, M. A. Toro. 2000. Bayesian analysis of lactation curves of Holstein-Friesian cattle using a nonlinear model. *Journal of Dairy Science*, 83: 2691-2701.
16. Rook, A. J., J. France, M. S. Dhanoa. 1993. On the mathematical description of lactation curves. *The Journal of Agricultural Science*, 121: 97-102.

17. SAS Institute. 2002. User's Guide: Statistics, Version 9.1 Edition. SAS Inst., Inc., Cary, NC.
18. Sherchand, L., R. W. McNew, D. W. Kellog, Z. B. Johnson. 1995. Selection of mathematical model to generate lactation curves using daily milk yields of Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, 78: 2507-2513.
19. Val-Arreola, D., E. Kebreab, J. Dijkstra, J. France. 2004. Study of lactation curve in dairy cattle on farms in central Mexico. *Journal of Dairy Science*, 87: 3789-3798.
20. Vargas, B., W. J. M. Koops, J. A. M. Van Arendonk. 2000. Modeling extended lactations of dairy cows. *Journal of Dairy Science*, 83: 1371-1380.
21. Wilmink, J. B. M. 1987. Adjustment of test-day milk, fat and protein yield for age, season and stage of lactation. *Livestock Production Science*, 16: 335-348.
22. Wood, P. D. P. 1967. Algebraic model of the lactation curve in the cattle. *Nature (Lond.)*, 216: 164-165.

Comparison of non-linear models describing the lactation curve of Iranian Holsteins
Navid Ghavi Hosseini-Zadeh*

Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan

* Corresponding E-mail address: nhosseinzadeh@guilan.ac.ir

Abstract:

Accurate knowledge of lactation curves has an important relevance to management and research of dairy production systems. The objective of this study was to compare and evaluate candidate functions for describing the lactation curves of first lactation Holstien cows in Iran. Four non-linear functions were considered: Wood, Rook, Dijkstra and Pollott. A total of 3279728 monthly test-day milk records of primiparous Holstein cows from 2679 herds, collected by Animal Breeding Center of Iran from 1991 to 2011, were used in this study. The suitability of non-linear models for describing the 305-day milk yield lactation curve of Holstein cows were examined based on the adjusted coefficient of determination (R_{adj}^2), root mean square error (RMSE) and Durbin-Watson coefficient (DW), using nonlinear (NLIN) and Model procedures in SAS. R_{adj}^2 , RMSE and DW were similar among the non-linear models in this study. The Wood function was selected as the best model for describing the lactation curve of dairy cows, due to parameters in the function and less computational limitation.

Keywords: Daily milk yield- goodness of fit- lactation curve- model comparison- Holstein cow.



مطالعه چند شکلی اگزون ۱۷ ژن کاندید DGAT1 در بز نژاد مهابادی با روش PCR-SSCP

زهرا عزیزی^۱، حسین مرادی شهر بابک^۲، محمد مرادی شهر بابک^۳، ابوالفضل زالی^۴

۱، ۲، ۳ و ۴: دانشگاه تهران، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی کرج، گروه علوم دامی

زهرا عزیزی، zahra_azizi@yahoo.com

چکیده

دی آسیل گلیسرول آسیل ترانسفراز، یک آنزیم میکروزومی است که نقش مهمی در متابولیسم گلیسرول لیپید دارد این ژن نقش کلیدی در کنترل سنتز تری گلیسرید در سلول های چربی دارد. این آنزیم مرحله نهایی سنتز تری گلیسریدها، یعنی تبدیل دی آسیل گلیسرول (DAG) به تری آسیل گلیسرول (TAG)، را کاتالیز می نماید. هدف از این پژوهش مطالعه چند شکلی ژن DGAT1 با استفاده از روش PCR-SSCP در بز نژاد مهابادی بود. برای این منظور از تعداد ۹۲ رأس از بزها و بزغاله های مهابادی موجود در مزرعه آموزشی و پژوهشی گروه علوم دامی دانشگاه تهران (کرج) خونگیری به عمل آمد. پس از استخراج DNA با استفاده از روش سریع کلروفرم و تعیین کمیت و کیفیت DNA با روش اسپکتروفتومتری و ژل آگارز ۱٪ و تکثیر قطعه اختصاصی بخشی از اگزون ۱۷ ژن DGAT1 به کمک واکنش های زنجیره ای پلیمرز، برای بررسی چند شکلی این بخش، از روش چند شکلی فضایی تک رشته ای DNA (SSCP) استفاده شد. پس از الکتروفورز نمونه ها بر روی ژل پلی اکریل-آمید ۱۲٪ با ولتاژ ۳۰۰ ولت به مدت ۲۱ ساعت، و رنگ آمیزی ژل ها با روش نیترات نقره طی سه مرحله تثبیت، لکه گذاری و ظهور، در مجموع ۴ الگوی بانندی مختلف با فراوانی های ۰/۳۷ (الگوی ۳)، ۰/۱۹ (الگوی ۴)، ۰/۲۱ (الگوی ۲)، ۰/۲۳ (الگوی ۱) مشاهده شد که نشان دهنده چند شکلی بالای این ژن در این جایگاه است. چند شکلی ژنتیکی در این ژن و ارتباط این ژن کاندید با صفات رشد بیانگر این است که می توان از این ژن کاندید به عنوان یک ابزار مفید در برنامه های اصلاحی و انتخاب استفاده کرد.

واژه های کلیدی: DGAT1- چند شکلی - PCR-SSCP- بز مهابادی

مقدمه

بز از شناخته شده ترین و پر تولیدترین گونه های دام است که در تولید انواع محصولات شیر، گوشت و پوست حائز اهمیت است. اخیراً گوشت بز به عنوان منبع اصلی پروتئین حیوانی در بسیاری از کشورهای شمال آفریقا، جنوب شرق آسیا و نواحی دیگر آسیای شرقی می شود (۳). از جمله صفات اقتصادی مهم که صفات کمی نیز هستند می توان به تولید شیر و گوشت اشاره کرد، که توسط تعدادی ژن با اثرات بزرگ کنترل می شوند. لذا شناخت این ژن ها و تعیین توالی و موتاسیون هایی که رخ می دهد و ممکن است عملکرد حیوانات و همچنین ارزش اصلاحی آن ها را تغییر دهد، امری ضروری به نظر می رسد (۴). ژن DGAT1 نیز به عنوان QTL مطرح بوده و علاوه بر نقش مهم DGAT1 در سنتز تری گلیسریدها و ذخیره انرژی، DGAT1 در جذب چربی از روده، پیوند لیپید و پروتئین و تشکیل لیپوپروتئین ها و تنظیم غلظت تری آسیل گلیسرول پلاسما، ذخیره چربی در سلول های چربی، متابولیسم انرژی در ماهیچه و تولید شیر، تولید تخم مرغ و تولید اووسیت پستانداران نقش مهمی دارد (۱). همچنین مشخص شده که DGAT1 به عنوان یک آنزیم مهم در تنظیم میزان تری گلیسریدها در بافت چربی می باشد (۲). ژن DGAT1 به صورت یک همو تترامر در غشای شبکه آندوپلاسمی قرار دارد و دارای ۱۷ اگزون و حجم آن ۱۰/۶۲ kb می باشد و پروتئین

تولید شده توسط آن دارای ۵۰۰ اسید آمینه است. تحقیقاتی که بر روی گوسفندان شیری انجام گرفت نشان داد که اثر این ژن کانیدیدا بر روی مقدار چربی شیر معنی دار است (۵). درآزمایش های دیگری اثر آن به عنوان یک نشانگر مربوط به کیفیت لاشه مانند افزایش حجم چربی داخل ماهیچه ای و کاهش میزان چربی پشت بر روی گوسفند مشخص شد (۶). هدف از انجام این مطالعه، بررسی چند شکلی اگزون ۱۷ ژن DGAT با 309 جفت باز بود.

مواد و روش ها

خونگیری از تعداد ۹۲ بز و بزغاله های نژاد مهابادی واقع در مزرعه آموزشی و پژوهشی گروه علوم دامی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی کرج با ونوجکت های حاوی EDTA از رگ وداچ گردن بز انجام شد. در مرحله بعد استخراج DNA به روش سریع استخراج با کلروفورم انجام گرفت و برای تعیین کمیت و کیفیت DNA استخراجی از روش اسپکتروفتومتری (تعیین غلظت DNA با دستگاه نانودراپ) و الکتروفورز بر روی ژل آگارز استفاده شد (شکل ۱ و ۲). سپس به کمک تکنیک PCR و با استفاده از دو پرایمر اختصاصی به توالی های زیر که توسط زو و همکاران (۲۰۰۸) معرفی شدند، تکثیر قطعه ۳۰۹ بازی جایگاه اگزون ۱۷ ژن DGAT1 انجام شد (۷).

توالی پرایمرها به صورت زیر بود:

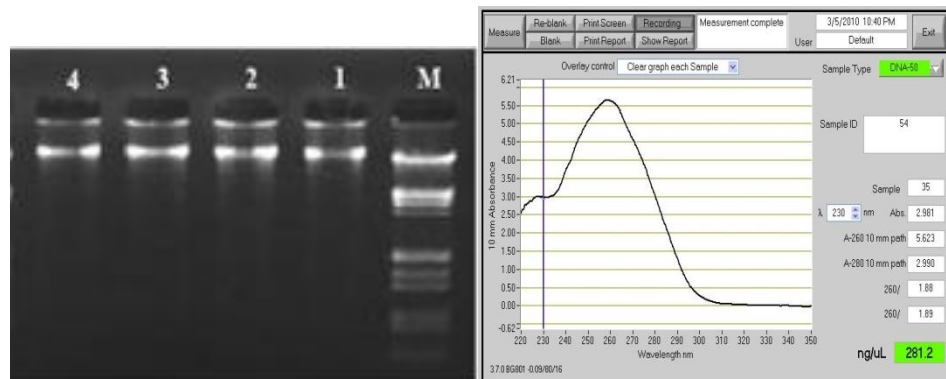
Forward: 5'-GCA TGT TCC GCC CTC TGG-3';

Reverse: 5'-GGA GTC CAA CAC CCC TGA-3'

شرایط بهینه برای انجام واکنش های زنجیره ای پلیمرز شامل 94°C درجه سانتی گراد دمای واسرشت سازی آغازین به مدت ۴ دقیقه. سپس ۳۵ چرخه شامل 94°C دمای ۴۰ ثانیه دمای $59/8^{\circ}\text{C}$ برای اتصال آغازگر و 72°C دمای گسترش به مدت ۴۰ ثانیه و در پایان نیز 72°C به مدت ۱۰ دقیقه برای گسترش نهایی به کار رفت. در مرحله بعد به منظور بررسی چگونگی چندشکلی های این جایگاه در این نژاد از روش چند شکلی فضایی تک رشته ای DNA (SSCP) برای تشخیص جهش های SNP در این قطعه استفاده شد که برپایه ی میزان حرکت تک رشته های DNA بر روی ژل پلی اکریل آمید استوار است. بدین گونه که پنج تا شش میکرولیتر از محصول PCR را با ۱۲ میکرولیتر محلول رنگ آمیزی (Dye-SSCP) درون میکروتیوب ریخته و سپس نمونه ها را در دمای 96°C به مدت ۱۰ دقیقه روی هات پلیت قرار می دهیم تا پیوندهای هیدروژنی که ساختار دورشته ای DNA را بوجود می آورند شکسته شوند و رشته های DNA واسرشت شوند، سپس نمونه ها را سریعاً جهت ممانعت از اتصال مجدد رشته ها، روی یخ قرار می دهیم و بعد از چند دقیقه نمونه ها را درون چاهک های ژل پلی اکریل آمید ۱۲٪ که در دستگاه الکتروفورز عمودی قرار داده ایم ریخته و دمای 4°C با ولتاژ ۳۰۰ ولت را به مدت ۲۱ ساعت روی دستگاه تنظیم می کنیم. پس از ۲۱ ساعت ژل ها با روش رنگ آمیزی نیترات نقره طی سه مرحله تثبیت، لکه گذاری و ظهوررنگ آمیزی شدند و رنگ آمیزی تا ظهور باندها انجام شد.

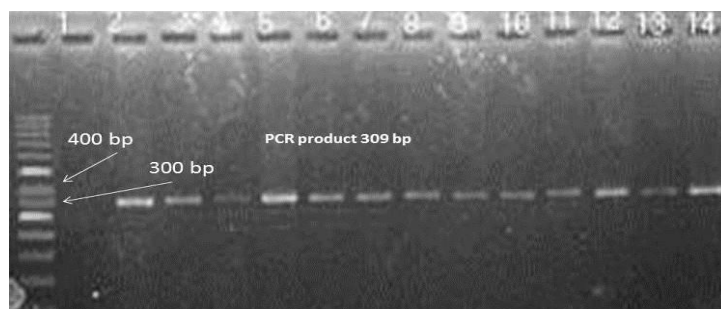
نتیجه و بحث

پس از استخراج DNA و اطمینان از کیفیت و کمیت آن به روش اسپکتروفتومتر (شکل ۱) و ژل آگارز ۱٪ (شکل ۲)، قطعه مورد نظر تکثیر شد، که استاندارد وزن مولکولی استفاده شده در کنار محصولات PCR صحت تکثیر قطعه ۳۰۹ bp مورد نظر را تأیید می کند (شکل ۳).



شکل ۱- نانودراپ DNAهای استخراج شده

شکل ۲- الکتروفورز DNA استخراج شده روی ژل آگارز ۱٪



شکل ۳- الکتروفورز قطعه ۳۰۹ جفت بازی حاصل از تکثیر ژن دی آسیل گلیسرول آسیل ترانسفراز بر روی ژل آگارز (۲٪). نمونه شماره ۱ کنترل منفی است. نشانگر اندازه ۵۰ جفت بازی برای تعیین اندازه قطعات استفاده شد.

برای بررسی چند شکلی این بخش از ژن مورد نظر از روش SSCP استفاده شد، به گونه ای که نمونه ها روی ژل اکریل آمید برده شدند و پس از بررسی ژل ها ۴ الگوی باندی متفاوت با فراوانی ۰/۳۷ (الگوی ۴)، ۰/۱۹ (الگوی ۳)، ۰/۲۱ (الگوی ۲)، ۰/۲۳ (الگوی ۱) مشاهده شد (شکل ۴). این تفاوت الگو که ناشی از وجود SNP در قطعه مورد نظر با فراوانی متفاوت است، نشان می دهد که این نژاد در این جایگاه ژن کاندید دارای چند شکلی بالایی است و می توان با استفاده از این چند شکلی ها و ارتباط آن با صفات دیگر از این ژن کاندید در برنامه های اصلاحی، جهت انتخاب استفاده کرد.



شکل ۴- الگوهای باندی ژن ۳۰۹ جفت بازی DGAT1

منابع

- 1-Cases, S., Smith, S. J., Zhang, Y. W., Meyers, H. M., Lear, S. R. E., Novak, S. S., Welch, C. C. B., Lusis, A. J. and Erickson, S. K. (1998). Identification of a gene encoding an acyl CoA: diacylglycerol acyltransferase, a key enzyme in triacylglycerol synthesis. *Proc. Natl. Acad. Sci. (PNAS)*. 95:13018-13023.
- 2- Coleman, R. And Bell, M. (1976). Triacylglycerol Synthesis in isolated fat cells. *Biological Chemistry*. 56: 4537-4543.
- 3- Corva, P. M., G. V. F. Macedo, et al. (2009). Effect of leptin gene polymorphisms on growth, laughter and meat quality traits of grazing Brangus steers. *Genetics and Molecular Research* 8(1): 105-116
- 4- Madeja, Z., T. Adamowicz, et al. (2004). Short communication: Effect of leptin gene polymorphisms on breeding value for milk production traits. *Journal of Dairy Science* 87(11): 3925-3927.
- 5- Moiola, B., Andrea, M. D. and Pilla, F. (2007). Candidate genes affecting shep and goat milk quality. *Small Ruminant Research* 68: 179-192.
- 6- Xu, Q. L., Y. L. Chen, et al. (2009). Polymorphism of DGAT1 associated with intramuscular fat-mediated tenderness in sheep. *Journal of the Science of Food and Agriculture* 89(2): 232-237
- 7- Xu, Q.L., Y.L. Chen, R.X. Ma, and P. Xue. (2008). Polymorphism of DGAT1 associated with intramuscular fat-mediated tenderness in sheep. *Inter Scie*. 89: 232-237.

Study polymorphism of exon 17 of DGAT1 gene in Mahabadi goat breed using PCR-SSCP
Z. Azizi¹, H. Moradi-Shahrehabak², M. Moradi-Shahrehabak.³A. Zali⁴

1, 2, 3 and 4 respectively M.Sc. Graduate Student, Assistant Professor, Professor and Assistant

Professor. Department of Animal Science, University College of Agriculture and Natural

Resources, University of Tehran. Karaj.

Zahra Azizi, Zahra_azizi@yahoo.com

Abstract

Diacylglycerol transferase is a microsome enzyme that plays an important role in glycerol lipid metabolism. The acyl CoA-diacylglycerol- acyltransferase 1 (DGAT1) is considered to be the key enzyme in controlling the synthesis of triglycerides in adipocytes. Diacylglycerol acyltransferase1 (DGAT1) gene, Microsomal enzyme and encodes the catalyst enzyme of the reaction between diacylglycerol and acyl-CoA. This reaction is a final step in the synthesis of triglyceride the present study has been designed to determine polymorphism in exon 17 region of DGAT1 gene in Mahabadi goat using PCR-SSCP. Blood sample were collected from 150 Mahabadi goat belong to the Department of Animal Science the University of Tehran (Karaj). DNA extracted using chloroform method. DNA quality and quantitative was determined with spectrophotometer and 1% agarose gel. Fragment of Exon 17 DGAT1 gene were amplified

using the polymerase chain reaction SSCP (single strand conformation polymorphism) technique was used to study polymorphism of this segment of DNA. In this regards samples were run in 12% polyacrylamide gel electrophoresis for 21h with 300Voltage. Gels stained with silver nitrate in three stages fixer, stainer and developer. developing of pattern show, A total four SSCP patterns band were observed with frequency patterns of 1-4, were 0/37, 0/19, 0/21 and 0/23 respectively, that indicated the high polymorphism in this gene. Genetic polymorphism in this gene and its associate with growth trait shows this candidate gene could be useful as a tool to be used in the program selection and breeding.

Keywords: DGAT1 - polymorphism - PCR-SSCP - Mahabadi goat

کاربرد نرم افزار GSS در ارزیابی های ژنومی

حسین مهربان^۱، اردشیرنجاتی جوارمی^۲، سیدرضامیرائی آشتیانی^۳، حسن مهربان ییگانه^۴ و نولیا ایبازاسکرچیج^۵
دانشجوی دکتری^۱، دانشیار^۲، استاد^۳، استادیار^۴ پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران و محقق ژنتیک و اصلاح نژاد دام، مؤسسه
ایران، لیدا، اسپانیا^۵

*نویسنده مسئول: حسین مهربان hMehrban@ut.ac.ir

چکیده

با در دسترس بودن هزاران جایگاه نشانگری و افزوده شدن اطلاعات مولکولی به صورت تصاعدی، ایجاد نرم افزاری که بتواند این قبیل اطلاعات را مورد تجزیه و تحلیل قرار دهد ضروری به نظر می رسد. نرم افزار GSS با هدف تجزیه و تحلیل هزاران جایگاه - چند شکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) مؤثر بر صفاتی که دارای توزیع نرمال هستند طراحی شد. اثر نشانگرها با استفاده از روش های آماری با ویژگی BLUP (RR-BLUP و ChrBLUP) و روش های بیزی (BayesA, BayesB و BayesCπ) در جمعیت مرجع برآورد شده و در نهایت ارزش های اصلاحی ژنومی جمعیت تأیید پیش بینی می شود. GSS در محیط Windows با استفاده از کامپایلر Visual Studio کامپایل شده و جهت اجرا علاوه بر فایل اجرایی آن، نیاز به فایل پارامتر، دو عدد کتابخانه پیوسته پویا از کتابخانه GSL، فایل های ژنوتیپ و داده های جمعیت مرجع و تأیید است.

کلمات کلیدی: نرم افزار - انتخاب ژنومی - روش های آماری ارزیابی ژنومی

مقدمه

با ساخته شدن تراشه های چند شکلی تک نوکلئوتیدی (SNP)^{۳۶}، تعیین ژنوتیپ هزاران جایگاه نشانگری به صورت همزمان امکان پذیر شده است (۲ و ۱۱). در حال حاضر حجم این اطلاعات به صورت تصاعدی در حال افزایش بوده و یکی از مباحث روز دنیا استفاده از تمام این اطلاعات، به صورت مؤثر می باشد. با در دسترس بودن این اطلاعات نشانگری و داده های فنوتیپی برای صفات مختلف، ارزش اصلاحی ژنومی حیواناتی که دارای اطلاعات مولکولی (نشانگری) بوده اما اطلاعات فنوتیپی ندارند قابل پیش بینیشده که به ارزیابی ژنومی^{۳۷} مشهور است (۷). معمولاً ارزیابی ژنومی دارای دو مرحله است، در مرحله اول اثر نشانگرها در جمعیت مرجع^{۳۸} (جمعیتی است که دارای اطلاعات نشانگری و فنوتیپی است) برآورد می شود و در مرحله دوم با استفاده از اثر نشانگرها در جمعیت مرجع و ژنوتیپ افراد در جمعیت تأیید، ارزش اصلاحی ژنومی جمعیت تأیید^{۳۹}، پیش بینی می شود. در حال حاضر نرم افزارهای مختلفی جهت تجزیه و تحلیل ارزیابی های ژنومی وجود دارند که می توان از ASReml, GenSel, GEBV نام برد که برخی از آنها رایگان نیستند و یا در صورت رایگان بودن تمام روش های ارزیابی ژنومی را پوشش نمی دهند. بسیاری از کشورها و مؤسسات یا از این نرم افزارها استفاده می کنند و یا اینکه هر مؤسسه ای نرم افزار مخصوص به خود را دارد. در شرایط کنونی که تحقیقات ارزیابی و انتخاب ژنومی با گستردگی زیادی در دنیا در حال انجام است، نیاز به نرم افزاری که تجزیه و تحلیل انواع مدل های ژنومی را انجام دهد و از طرفی به راحتی قابل دسترس و پشتیبانی باشد ضروری به نظر می رسد. به همین منظور

36. Single Nucleotide Polymorphism Chip

37. Genomic Evaluation

38. Reference Population

39. Validation Population

تلاش‌های زیادی صورت گرفته است که ایجاد نرم‌افزار GSS بتواند مهمترین روش‌های مرسوم در تجزیه و تحلیل ژنومی را پوشش دهد.

مواد و روش‌ها

این نرم‌افزار قادر است اثر نشانگرها را با روش‌های آماری مرسوم در تجزیه و تحلیل‌های ژنومی مانند BayesA، RR-BLUP، BayesB و BayesC π و روش جدید ChrBLUP برآورد کند و GEBV (GPBV) را برای جمعیت مرجع (تأیید) برآورد (پیش‌بینی) نماید. GSS در محیط کنسول^{۴۰} برنامه‌نویسی ++C نوشته شده و تا جای ممکن سعی شده است که احتیاجات CPU و RAM آن بهینه باشد.

روش‌های آماری ارزیابی ژنومی در GSS

۱- RR-BLUP^{۴۱}

در این روش واریانس نشانگرها در طول ژنوم یکسان است و تمام آن‌ها دارای اثر هستند. جهت برآورد این واریانس چهار روش وجود دارد. در اولین روش از تقسیم واریانس ژنتیکی افزایشی صفت به کل تعداد نشانگرها استفاده می‌شود (۶). دومین روش مشابه روش اول است، با این تفاوت که در مخرج کسر میانگین فراوانی‌های اللی ژنوم نیز در نظر گرفته می‌شود (۳). سومین روش از حداکثر درست‌نمایی محدود شده^{۴۲} جهت برآورد واریانس نشانگر استفاده می‌کند (۸) و چهارمین روش مبتنی بر روش بیزیونمونه‌گیری گیبس^{۴۳} به برآوردی از واریانس نشانگرها می‌رسد (۹). مدل ارزیابی را می‌توان به صورت زیر نوشت:

$$y = \mu + Zg + e$$

در این رابطه y بردار مشاهدات، μ بردار میانگین، Z ماتریس ژنوتیپ‌ها، g بردار اثر نشانگرها و e بردار باقیمانده است.

با توجه به اینکه میزان واقعی واریانس نشانگرها معلوم نیست بهتر است از روش‌های REML و بیزی استفاده شود.

مدل بیزی در RR-BLUP

لازم به ذکر است که BLUP روش نیست بلکه یک ویژگی است. بنابراین زمانیکه صحبت از BLUP می‌شود، منظور استفاده از معادلات مختلط است که برآوردهای اثر حیوانات دارای ویژگی BLUP است. چون در این نرم‌افزار از روش بیزی برآوردهای اثر نشانگرها دارای ویژگی BLUP هستند منظور از BLUP، روش BayesBLUP است. مدل‌های بیزی به توزیع پیشین و توزیع داده‌ها^{۴۴} جهت تشکیل توزیع پسین^{۴۵} نیاز دارند که میانگین توزیع پسین به عنوان برآوردی از پارامترهای موجود در مدل در نظر گرفته می‌شوند. با استفاده از نمونه‌گیری گیبس می‌توان توزیع پسین بردار پارامترها را به دست آورد (۱۰).

^{۴۰}. Console

^{۴۱}. Random Regression Best Linear Unbiased Prediction

^{۴۲}. Restricted Maximum likelihood

^{۴۳}. Gibbs Sampling

^{۴۴}. Likelihood

^{۴۵}. Posterior Distribution

$$f(\theta|y) = \frac{f(y|\theta) \cdot f(\theta)}{f(y)} \propto f(y|\theta) \cdot f(\theta)$$

در رابطه فوق $f(y|\theta)$ توزیع داده‌ها به شرط پارامترهای موجود در مدل، $f(\theta)$ توزیع پیشین پارامترها و $f(\theta|y)$ توزیع پسین θ به شرط بردار مشاهدات است. بردار θ شامل اثر میانگین، بردار اثر نشانگرها، واریانس نشانگرها و واریانس خطا است. توزیع پیشین بردار پارامترها بدین صورت هستند:

$$f(\mu|a, b) \sim U(a, b), f(e|\sigma_e^2) \sim N(0, I\sigma_e^2), f(\sigma_e^2|a, b) \sim U(a, b), f(g|\sigma_g^2) \sim N(0, I\sigma_g^2), f(\sigma_g^2|a, b) \sim U(a, b)$$

U^{46} و N^{47} به ترتیب نشان دهنده توزیع یکنواخت و نرمال هستند. توزیع داده‌ها و پسین عبارت بودند از:

$$f(y|\mu, g, \sigma_g^2, \sigma_e^2) \sim N(\mu + Z_i g, \sigma_g^2), f(\mu, g, \sigma_g^2, \sigma_e^2|y) \propto f(y|\mu, g, \sigma_g^2, \sigma_e^2) \cdot f(\mu, g, \sigma_g^2, \sigma_e^2)$$

Z_i بردار ژنوتیپ حیوان i ام و g بردار اثر نشانگرها هستند.

۲- ChrBLUP⁴⁸

این روش همانند RR-BLUP است، اما ناهمگنی واریانس نشانگرها در طول ژنوم با در نظر گرفتن واریانس‌های متفاوت نشانگرها برای هر کروموزوم در نظر گرفته می‌شود. توزیع پیشین پارامترها و توزیع داده‌ها به صورت زیر هستند:

$$f(\mu|a, b) \sim U(a, b), f(e|\sigma_e^2) \sim N(0, I\sigma_e^2), f(\sigma_e^2|a, b) \sim U(a, b), f(g_j|\sigma_{gchr}^2) \sim N(0, \sigma_{gchr}^2), f(\sigma_{gchr}^2|a, b) \sim U(a, b)$$

$$f(y|\mu, g_j, \sigma_{gchr}^2, \sigma_e^2) \sim N\left(\mu + \sum_{j=1}^m Z_{ij} g_j, \sigma_e^2\right)$$

در معادله فوق m تعداد نشانگرها، Z_{ij} ژنوتیپ نشانگر j ام برای حیوان i ام و g_j اثر نشانگر j ام هستند. براساس توزیع پیشین و توزیع داده‌ها توزیع پسین به صورت زیر ایجاد شد:

$$f(\mu, g_j, \sigma_{gchr}^2, \sigma_e^2|y) \propto f(y|\mu, g_j, \sigma_{gchr}^2, \sigma_e^2) \cdot f(\mu, g_j, \sigma_{gchr}^2, \sigma_e^2)$$

σ_{gchr}^2 میزان واریانس نشانگرها در کروموزوم مورد نظر است.

۳- BayesA

در این روش فرض بر این است که واریانس هر نشانگر در کل ژنوم با یکدیگر متفاوت است. این فرض نیاز به تعریف توزیع پیشین برای واریانس اثرات نشانگرها را ایجاد می‌کند. توزیع پیشین واریانس نشانگرها از توزیع مربع کای معکوس⁴⁹ با پارامترهای v و s^2 هستند (۷).

⁴⁶. Uniform

⁴⁷. Normal

⁴⁸. Chromosomal RR-BLUP

BayesB - ۴

این روش همانند روش BayesA بوده با این تفاوت که π درصدی از نشانگرها دارای واریانس نبوده و بنابراین اثر آنها صفر است. جهت در نظر گرفتن این محدودیت برای واریانس‌های نشانگرها از روش نمونه‌گیری متروپلیس-هستینگ^{۴۹} استفاده می‌شود (۷).

BayesC π - ۵

این روش ترکیبی از روشهای RR-BLUP و BayesB است. با این تفاوت که نشانگرهای دارای اثر، واریانس یکسانی دارند. به علاوه در این روش s^2 و π برآورد می‌شوند (۱ و ۴).

نتایج و بحث

جهت اجرای این نرم‌افزار، علاوه بر فایل اجرایی آن نیاز به فایل پارامتر، دو عدد کتابخانه پیوسته پویا^{۵۱} از کتابخانه GSL ^{۵۲}، فایل‌های اطلاعات جمعیت مرجع و تأیید است. در فایل پارامتر به ترتیب باید اطلاعات ذیل کامل شود: اسم فایل جمعیت مرجع، اسم فایل جمعیت تأیید، تعداد افراد جمعیت مرجع، تعداد افراد جمعیت تأیید، تعداد کروموزوم‌ها، تعداد نشانگرها در هر کروموزوم، میزان فراوانی آلل کمیاب، تعداد نمونه‌گیری گیس، تعداد نمونه‌گیری متروپلیس-هستینگ، فاصله بین نمونه‌گیری‌ها، تعداد دوره قلق‌گیری، درصدی از نشانگرها که دارای اثر نیستند، برآوردی از واریانس ژنتیکی افزایشی صفت، عدد صفر یا یک جهت فعال کردن هر کدام از روشهای آماری. فایل اطلاعات جمعیت مرجع و تأیید به ترتیب از چپ به راست باید شامل موارد زیر باشند: شماره حیوان، فنوتیپ (ارزش اصلاحی برآورد شده از طریق BLUP)، میزان قابلیت اطمینان فنوتیپ، کدهایی از صفر تا دو برای در نظر گرفتن ژنوتیپ‌ها که کد یک برای هتروزیگوت‌ها و کدهای صفر و دو برای هموزیگوت‌ها است. در صورت داشتن داده‌های گمشده برای ژنوتیپ‌ها باید عدد سه را جایگذاری کرد. این نرم‌افزار این اعداد را با توزیع دو جمله‌ای با میانگین فراوانی کل آن جایگاه جایگزین می‌کند (۵). البته بهتر است قبل از آن از نرم‌افزاری مانند FastPhase با روش Imputation این ژنوتیپ‌های گمشده را برآورد کرد و پس از آن ژنوتیپ‌ها را به نرم‌افزار معرفی کرد. فایل‌های خروجی به صورت ذیل هستند: فایل allelicFrequency.txt که شامل فراوانی‌های آللی برای آلل با کد ۱ می‌باشد، فایل MinorAllelicFrequency.txt که شامل فراوانی آلل کمیاب است. فایل solutionPosteriorMean.txt شامل برآورد اثر نشانگر همراه با واریانس این آثار و دیگر اطلاعات مفید است. فایل GenomicEstimatedBreedingValue.txt شامل ارزش‌های اصلاحی ژنومی برای جمعیت مرجع و تأیید است. فایل accuracy.txt (KendallRankCorrelation.txt) که شامل همبستگی (همبستگی رتبه‌ای کندال) بین بردار مشاهدات و GEBV است. فایل regressionCoefficient.txt شامل تابعیت بردار مشاهدات بر روی ارزش‌های اصلاحی ژنومی و فایل‌های piPosteriorValue.txt و errorVariancePosteriorValue.txt شامل میزان π و واریانس باقیمانده در هر دور نمونه‌گیری است.

⁴⁹. Inverted Chi Square Distribution

⁵⁰. Metropolis-Hastings

⁵¹. Dynamic Link Library (DLL)

⁵². GNU Scientific Library

منابع

1. Fernando, R. L. 2010. Bayesian methods in genoma association studies. Technical report, Iowa State University.
2. Goddard, M. E., and B. J. Hayes. 2007. Genomic selection. *J. Anim. Breed. Genet.* 124, 323-330.
3. Habier, D., R. Fernando, K. Kizilkaya and D. J. Garrick. 2010. Extension of the Bayesian alphabet for genomic selection. *BMC Bioinformatics.* 12:186.
4. Habier, D., R. Fernando, K. Kizilkaya and D. J. Garrick. 2010. Extension of the Bayesian alphabet for genomic selection. *BMC Bioinformatics.* 12:186.
5. Hayes, B. J., P. J. Bowman, A. J. Chamberlain, and M. E. Goddard. 2009. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *J. Dairy Sci.* 92:433-443.
6. Lillehammer, M., T. H. E. Meuwissen and A. K. Sonesson. 2001. A comparison of dairy cattle breeding designs that use genomic selection. *J. Dairy Sci.* 94:493-500.
7. Meuwissen, T. H. E., B. J. Hayes and M. E. Goddard. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157, 1819-1829.
8. Pimentel, E. C. G., M. Erbe¹, S. König and H. Simianer. 2011. Genome partitioning of genetic variation for milk production and composition traits in Holstein cattle. *Frontiers in Genetics*. 2:1-11.
9. Verbyla, K. L., P. J. Bowman, B. J. Hayes and M. E. Goddard. 2010. Sensitivity of genomic selection to using different prior distributions. *BMC Proceedings.* 4(Suppl 1):S5. <http://www.biomedcentral.com/1753-6561/4/S1/S5>.
10. Wang, C.S., J.J. Rutledge and D. Gianola. 1993. Marginal inferences about variance components in a mixed linear model using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.* 25: 41-62.
11. Wiggans, G. R, P. M. VanRaden and T. A. Cooper. 2011. The genomic evaluation system in the United States: Past, present, future. *J. Dairy Sci.* 94 :3202-3211.

Application of GSS software in genomic evaluations

Hossein Mehrban¹, Ardeshir Nejati-Javaremi², Seyed Reza Miraei-Ashtiani³, Hasan Mehrabani-Yeganeh⁴ and Noelia Ibanez-Escriche⁵

Ph. D. student¹, Associate Professor², Professor³, Assistant Professor⁴ of University of Tehran, College of Agriculture and Natural Resources and Genetic and Animal Breeding Researcher, IRTA Institute, Lleida, Spain⁵

*Corresponding Email address: hMehrban@ut.ac.ir

Abstract

With the availability of thousands of markers and increased exponentially molecular data, it seems necessary to create the software which can analyze such molecular data. GSS software

was designed to analyze thousands of single nucleotide polymorphism which affect traits that are normally distributed. Marker effects are estimated by statistical methods with BLUP properties (RR-BLUP and ChrBLUP) and Bayesian approaches (BayesA, BayesB and BayesC π) in reference population and finally genomic breeding value of validation population is predicted. It's compiled in Windows environment by Visual Studio Compiler and to run the software, requires a parameter file, two DLL from GSL library, reference and validation genotype and data files as well as executable file.

Keywords: Software- Genomic selection- Statistical methods of genomic evaluation

روشی نوین در برآورد ارزش‌های اصلاحی ژنومی

حسین مهربان^۱، اردشیر نجاتی جوارمی^۲، سید رضامیراثی آشتیانی^۳، حسن مهربانیگانه^۴ و نولیا ایباز اسکریچ^۵
دانشجوی دکتری^۱، دانشیار^۲، استاد^۳، استادیار^۴ پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران و محقق ژنتیک و اصلاح حنژاد دام، مؤسسه هایتا، لیدا، اسپانیا^۵
*نویسنده مسئول: حسین مهربان hMehrban@ut.ac.ir

چکیده

هدف از این مطالعه توسعه روش بهترین پیش بینی ناریب خطی کروموزومی جهت برآورد ارزش‌های اصلاحی ژنومی و مقایسه آن با برخی روش‌های مرسوم در انتخاب ژنومی بود. فرض شد که تعداد کروموزوم‌ها و نشانگرها ۱۰ و ۱۰۰۰۰ عدد و ژن‌های کنترل کننده صفت دارای سه وضعیت ۵۰، ۵۰۰ و ۵۰۰۰ عدد باشند. همچنین صفت مورد نظر برای ۵۰۰ حیوان به عنوان جمعیت مرجع با صحت ارزیابی سنتی ۰/۹۵۱ شبیه‌سازی شد. نتایج نشان دادند با وجود تفاوت‌های معنی‌دار بین روش‌های بهترین پیش بینی ناریب خطی و روش‌های بیزی، با افزایش تعداد ژن‌ها میزان صحت آنها به یکدیگر نزدیک شد. به علاوه زمانیکه صفت مورد نظر، توسط تعداد کمی ژن کنترل شد (۵۰ عدد)، روش‌های بیزی نسبت به روش‌های BLUP به دلیل در نظر گرفتن ناهمگنی واریانس برای هر نشانگر و مکان‌یابی صحیح‌تر ژن‌ها دارای صحت بالاتری بودند. برتری ۲/۱ درصدی میزان صحت روش بهترین پیش بینی ناریب خطی کروموزومی نسبت به روش BayesC π زمانی آشکار شد که ژن‌های کنترل کننده صفت ۵۰۰۰ عدد بودند که علت آن در نظر گرفتن ناهمگنی واریانس نشانگرها در هر کروموزوم بود. با توجه به اینکه اکثر صفات مهم اقتصادی در صنعت دامپروری توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود، استفاده از روش بهترین پیش بینی ناریب خطی کروموزومی جهت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی این گونه صفات پیشنهاد می‌شود.

کلمات کلیدی: بهترین پیش‌بینی ناریب خطی کروموزومی - انتخاب ژنومی - روش‌های بیزی - صحت ارزیابی ژنومی

مقدمه

ظهور تکنیک‌های پیشرفته مولکولی باعث شده است که بتوان هزاران جایگاه ژنی (چندشکلی تک نوکلئوتیدی^{۵۳}) را تعیین ژنوتیپ کرد. با در دسترس بودن این اطلاعات نشانگری و داده‌های فنوتیپی برای صفات مختلف، ارزش اصلاحی ژنومی حیواناتی که دارای اطلاعات مولکولی (نشانگری) بوده اما اطلاعات فنوتیپی ندارند قابل پیش‌بینی شده که به ارزیابی ژنومی^{۵۴} مشهور است (۷). این روش باعث افزایش صحت ارزش اصلاحی برآورد شده ژنومی^{۵۵} گاوهای نر جواندر مقایسه با متوسط ارزش اصلاحی برآورد شده والدینشان شده (۴، ۵، ۶ و ۹) و از طرفی کوتاه شدن فاصله نسل (۱۰) پیشرفت ژنتیکی در مقایسه با انتخاب کلاسیک که براساس شجره و فنوتیپ است افزایش می‌یابد. همچنین آنالیز کل ژنوم به روشی نیاز دارد که با معماری^{۵۶} صفت مورد نظر سازگار باشد. مطالعات شبیه‌سازی نشان داده‌اند که روش‌های بیزی^{۵۷} نسبت به روش‌های بهترین پیش‌بینی ناریب خطی تابعیت تصادفی یا ژنومی^{۵۸} از صحت بیشتری برخوردارند (۳ و ۷) در حالی که نتایج داده‌های واقعی نشان دهنده اختلاف ناچیز بین این روش‌ها است (۶). استفاده از هر روشی به وضعیت پشت صحنه صفت مورد نظر بستگی دارد به نحوی که در صفات کنترل شده توسط تعداد زیادی ژن که اثر هر ژن نیز بسیار کوچک است، روش‌های BLUP مناسبتر هستند. اما در صفاتی که توسط تعداد کمی

⁵³. Single Nucleotide Polymorphism (SNP)

⁵⁴. Genomic Evaluation

⁵⁵. Genomic Estimated Breeding Value (GEBV)

⁵⁶. Architecture

⁵⁷. Bayesian Approaches

⁵⁸. Random Regression (Genomic) Best Linear Unbiased Prediction (RR-BLUP/GBLUP)

ژن کنترل شده و یا بیشتر تنوع آنها ناشی از ژنهای بزرگ اثر است، روشهای بیزی صحیح تر هستند (۱، ۲ و ۱۲). در نظر گرفتن ناهمگنی واریانس نشانگرها در روشهای بیزی منطقی به نظر می رسد چون بسیاری از نشانگرها نقش بسیار کمی در واریانس ژنتیکی صفت داشته و بقیه آنها نیز به صورت ناهمگن بر روی تنوع ژنتیکی صفت مورد نظر اثر دارند. چنین ایده ای را نیز می توان به کروموزم ها نسبت داد. به عبارت دیگر می توان گفت که واریانس ژنتیکی توجیه شده در هر کروموزم یکسان نیست. این احتمال وجود دارد که با در نظر گرفتن ناهمگنی واریانس بین کروموزم ها در روش RR-BLUP به ویژه در صفاتی که توسط تعداد زیادی ژن کنترل می شوند بتوان صحت ارزیابی های ژنومی را افزایش داد، روشی که ChrRR-BLUP^{59} (ChrBLUP) نامیده شد. هدف از این مطالعه معرفی روش ChrBLUP و مقایسه آن با برخی روشهای مرسوم در انتخاب ژنومی بود.

مواد و روش ها

جمعیتی با ۱۰۰ حیوان (۵۰ نر و ۵۰ ماده) طی ۵۰ نسل آمیزش تصادفی جهت ایجاد عدم تعادل پیوستگی ایجاد شد و به نحوی گسترش یافت که در نسل ۵۱ (نسل صفر)، تعداد افراد نر و ماده به ۱۰۰۰ حیوان رسید (۵۰۰ نر و ۵۰۰ ماده). این جمعیت به عنوان جمعیت مرجع در نظر گرفته شد و فقط برای ۵۰۰ حیوان نر ارزش های اصلاحی برآورد شده^{۶۰} با صحت ۰/۹۵۱ به عنوان فنوتیپ شبیه سازی شد. در هر نسل ۱۰٪ از افراد نر به صورت تصادفی با ماده ها آمیزش کردند و این کار تا نسل هفتم ادامه یافت. نسل صفر دارای EBV و اطلاعات ژنوتیپی بودند در حالیکه نسل های ۱ تا ۷ فقط ژنوتیپ شده و به عنوان جوامع تأیید مورد نظر قرار گرفتند. شبیه سازی ژنوم به طول ۱۰۰۰ سانتی مورگان با ۱۰ کروموزوم (هر کدام به طول ۱۰۰ سانتی مورگان) به گونه ای بود که موقعیت^{۶۱} QTL ها و SNP ها و همچنین تعداد QTL ها (۵۰، ۵۰۰ و ۵۰۰۰ عدد در کل ژنوم) به صورت تصادفی بر روی آن ها قرار داشتند اما تعداد SNP ها (۱۰۰۰۰ عدد در کل ژنوم) روی هر کروموزوم یکسان در نظر گرفته شد. معیار عدم تعادل پیوستگی در این تحقیق r^2 در نظر گرفته و میزان نوترکیبی براساس تابع هالدین^{۶۲} منظور شد. اثر QTL ها به صورت افزایشی و از توزیع گاما با پارامترهای $\alpha = 0.42$ و $\beta = 1.66$ (۷) نمونه گیری و به علت اینکه این آثار همواره مثبت هستند، از عددی تصادفی جهت تعیین علامت آنها استفاده شد. مدل آماری شامل میانگین جمعیت (μ)، اثر نشانگرها (g)، ماتریس ژنوتیپ افراد (Z) بود که EBV ها به عنوان بردار فنوتیپ (y) در نظر گرفته شده و با استفاده از نرم افزار GSS مورد آنالیز قرار گرفتند.

$$y = \mu + Zg + e$$

جهت در نظر گرفتن ناهمگنی واریانس نشانگرها در طول ژنوم نیاز به تعیین توزیع پیشین اثر نشانگر به صورتی بود که این مهم را در نظر بگیرند. چون این مدل با استفاده از تفکر بیزی توسعه داده شده نیاز به توزیع پیشین، توزیع داده ها و توزیع پسین بود.

توزیع پیشین پارامترهای مدل بدین صورت بودند:

$$f(\mu|a, b) \sim U(a, b), f(e|\sigma_e^2) \sim N(0, I\sigma_e^2), f(\sigma_e^2|a, b) \sim U(a, b), f(g_j|\sigma_{gchr}^2) \sim N(0, \sigma_{gchr}^2)$$

و توزیع داده ها بدین گونه تشکیل شدند:

$$f(y|\mu, g_j, \sigma_{gchr}^2, \sigma_e^2) \sim N\left(\mu + \sum_{j=1}^m Z_{ij}g_j, \sigma_e^2\right)$$

59. Chromosomal RR-BLUP

60. Estimated Breeding Value (EBV)

61. Quantitative Trait Loci

62. Haldane

در معادله فوق m تعداد نشانگرها، Z_{ij} ژنوتیپ نشانگر j ام برای حیوان i ام و g_j اثر نشانگر j ام هستند. براساس توزیع پیشین و توزیع داده‌ها، توزیع پسین به صورت زیر ایجاد شد:

$$f(\mu, g_j, \sigma_{\text{chr}}^2, \sigma_e^2 | y) \propto f(y | \mu, g_j, \sigma_{\text{chr}}^2, \sigma_e^2) \cdot f(\mu, g_j, \sigma_{\text{chr}}^2, \sigma_e^2)$$

میزان واریانس نشانگرها در کروموزوم مربوطه است. تمام روشهای ارزیابی ۵۰ بار تکرار شده و جهت برآورد پارامترهای موجود در مدل، از نمونه‌گیری گیبس با یک زنجیره مارکوف، ۱۵۰۰۰ عدد نمونه‌گیری که ۵۰۰۰ نمونه اول به عنوان دوره قلق-گیری در نظر گرفته شد، استفاده گردید. همچنین از ۱۰۰ نمونه‌گیری متروپلیس-هاستینگ^{۶۳} در روش BayesB استفاده شد. میانگین توزیع پسین π به شرط بردار مشاهدات که از روش BayesC π برآورد شد، به عنوان مقداری ثابت در روش BayesB استفاده گردید. جهت تعیین معنی‌دار بودن روشهای مختلف آماری بر روی صحت ارزیابی‌های ژنومی از مدل زیر استفاده شد:

$$y_{ijkl} = G_j + M_k + GM_{jk} + e_{ijkl}$$

در مدل فوق G_j اثر j امین نسل (به غیر از نسل مرجع)، M_k اثر k امین روش آماری، GM اثر متقابل نسل-روش آماری، y میزان صحت و e مقدار باقیمانده هستند. پسازبرآورد اثر نشانگرها معادله زیر جهت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی به کار برده شد:

$$GEBV_i = \sum_{j=1}^m Z_{ij} g_j$$

نتایج و بحث

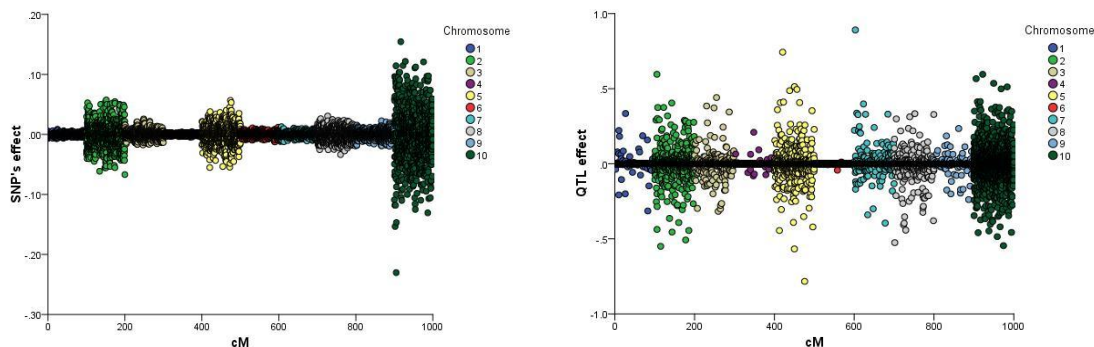
نتایج نشان داد وقتی تعداد ژنهای مؤثر بر صفت کم هستند روش‌های بیزی موقعیت QTLها را بهتر تشخیص دادند. به علاوه چون در این وضعیت بسیاری از نشانگرها در هر دوره نمونه‌گیری گیبس دارای اثر نیستند روش‌های BayesB و BayesC π نسبت به روش BayesA از صحت (همبستگی TBV و GEBV) بالاتری برخوردار بودند (جدول ۱) که منطبق بر سایر مطالعات بود (۱، ۲، ۷، ۸، ۱۲ و ۱۳). برعکس در مدل RR-BLUP تمام نشانگرها دارای اثر هستند حتی نشانگرهایی که در فاصله‌های بسیار دوری از ژن‌ها قرار گرفته‌اند. اما زمانیکه تعداد ژن‌های کنترل کننده صفت ۵۰۰۰ عدد بودند میزان صحت روش‌های بیزی و RR-BLUP به یکدیگر نزدیک شدند (جدول ۱) که با نتایج سایر محققان مطابقت دارد (۱، ۲، ۱۲ و ۱۳)، اما روش ChrBLUP دارای صحت بیشتری بود (جدول ۱). علت برتری ChrBLUP نسبت به سایر روش‌ها در صورتیکه صفت توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شد، در نظر گرفتن ناهمگنی واریانس کروموزوم‌ها در ژنوم بود که در این وضعیت بخش‌هایی از ژنوم دارای واریانس بسیار ناچیزی بودند (نمودار ۱). مزایای این روش نسبت به روش‌های بیزی، سرعت بالاتر جهت تجزیه و تحلیل داده‌ها، نیاز نداشتن به توزیع پیشین برای واریانس نشانگرها و سهم نشانگرهای دارای اثر $(1-\pi)$ است. مقایسه صحت این روش‌ها می‌تواند ما را به معماری صفت رهنمون سازد. بدین صورت که اگر روش‌های بیزی دارای صحت قابل توجهی نسبت به روش‌های BLUP باشند می‌توان گفت که صفت مورد نظر توسط تعداد کمی ژن کنترل می‌شود و یا اینکه یک یا چند ژن عمده بر روی صفت مؤثر هستند. در صورتیکه این تفاوت بسیار جزیی باشد بدین معنی است که صفت توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود. محققان با مقایسه روش‌های بیزی و GBLUP در داده‌های واقعی (در جمعیت مرجع) به این نتیجه رسیدند که در صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی روش BayesA و GBLUP دارای صحت یکسان (۰/۴۸ و ۰/۱۷) و بالاتر نسبت به سایر روش‌ها بودند (۴).

⁶³ . Metropolis-Hastings

جدول ۱- میانگین حداقل مربعات صحت ارزیابی ژنومی روش‌های مختلف در جمعیت تأیید

BayesC π	BayesB	BayesA	ChrRR-BLUP	RR-BLUP	تعداد QTL
۰/۸۶۳ ^a	۰/۸۶۵ ^a	۰/۷۶۳ ^b	۰/۷۲۶ ^c	۰/۶۲۷ ^d	۵۰
۰/۶۹۵ ^a	۰/۶۹۳ ^a	۰/۶۵۸ ^c	۰/۶۷۷ ^b	۰/۶۳۲ ^d	۵۰۰
۰/۶۴۷ ^b	۰/۶۴۲ ^{bce}	۰/۶۳۹ ^{cde}	۰/۶۶۷ ^a	۰/۶۳۶ ^{cde}	۵۰۰۰

* مقایسات در داخل هر ردیف صورت گرفت.



نمودار ۱- مقدار اثر هر QTL و SNP (روش ChrBLUP) براساس واحد صفت (تعداد ژن‌های کنترل کننده صفت ۵۰۰۰ عدد) در صفت تولید پروتئین روش BayesA بهتر از سایر روش‌ها و دارای برتری یک درصدی نسبت به روش GBLUP بود (۰/۲۲ در مقابل ۰/۲۱). اما در صفت تولید چربی اختلاف بین روش BayesA و GBLUP بیشتر بود (۵ درصد). در مطالعه‌ای نشان داده شد که بیشترین اختلاف قابلیت اطمینان بین روش‌های GBLUP و بیزی در صفات درصد چربی و پروتئین (به ترتیب ۹ و ۷ درصد) بود (۱۱) که نشان دهنده این مطلب است که این صفات توسط برخی از ژن‌های عمده کنترل می‌شوند. در نهایت با توجه به اینکه اکثر صفات مهم اقتصادی در صنعت دامپروری توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود، استفاده از روش ChrBLUP جهت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی این گونه صفات پیشنهاد می‌شود.

منابع

- Clark, S. A., J. M. Hickey and J. H. Van der Werf. 2011. Different models of genetic variation and their effect on genomic evaluation. *Genet. Sel. Evol.* 43:18.
- Daetwyler, H. D., R. Pong-Wong, B. Villanueva and J. A. Woolliams. 2010. The impact of genetic architecture on genome-wide evaluation methods. *Genetics* 185: 1021-1031.
- Habier, D., R. Fernando and J. C. M. Dekkers. 2007. The impact of genetic relationship information on genome-assisted breeding values. *Genetics*. 177:2389-2397.
- Habier, D., R. Fernando, K. Kizilkaya and D. J. Garrick. 2010. Extension of the Bayesian alphabet for genomic selection. *BMC Bioinformatics*. 12:186.
- Harris, B. L. and D. L. Johnson. 2010. Genomic predictions for New Zealand dairy bulls and integration with national genetic evaluation. *J. Dairy Sci.* 93 :1243-1252.
- Hayes, B. J., P. J. Bowman, A. J. Chamberlain, and M. E. Goddard. 2009. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *J. Dairy Sci.* 92:433-443.
- Meuwissen, T. H. E., B. J. Hayes and M. E. Goddard. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157, 1819-1829.

8. Nadaf, J and R. Pong-Wong. 2011. Applying different genomic evaluation approaches on QTLMAS2010 dataset. BMC Proceedings 2011, 5(Suppl 3):S9. [http : // www . biomedcentral .com/1753-6561/5/S3/S9](http://www.biomedcentral.com/1753-6561/5/S3/S9).
9. Pryce, J. E., M. Haile-Mariam , K. Verbyla , P. J. Bowman , M. E. Goddard and B. J. Hayes. 2010. Genetic markers for lactation persistency in primiparous Australian dairy cows. J. Dairy Sci. 93 :2202–2214.
10. Schaeffer, L. R. 2006. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. J. Anim. Breed. Genet. 123:218–223.
11. VanRaden, P. M., C. P. Van Tassell, G. R. Wiggans, T. S. Sonstegard, R. D. Schnabel, J. F. Taylor and F. S. Schenkel. 2009. Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. J. Dairy Sci. 92:16–24.
12. Zhang Z, J. Liu, X. Ding, P. Bijma, D. J. de Koning and Q. Zhang. 2010. Best linear unbiased prediction of genomic breeding values using a trait-specific marker-derived relationship matrix. PLoS ONE 5(9): e12648.
13. Wolc, A., J. Arango, P. Settar, J. E. Fulton, N.P. O'Sullivan, R. Preisinger, D. Habier, R. Fernando, D. J. Garrick and Jack CM Dekkers. 2011. Persistence of accuracy of genomic estimated breeding values over generations in layer chickens. Genet. Sel. Evol. 43: 23-31.

The novel method to estimate genomic breeding values

Hossein Mehrban¹, Ardeshir Nejati-Javaremi², Seyed Reza Miraei-Ashtiani³, Hasan Mehrabani-Yeganeh⁴ and Noelia Ibanez-Escriche⁵

Ph. D. student¹, Associate Professor², Professor³, Assistant Professor⁴ of University of Tehran, College of Agriculture and Natural Resources and Genetic and Animal Breeding Researcher, IRTA Institute, Lleida, Spain⁵

*Corresponding Email address:hMehrban@ut.ac.ir

Abstract

The objective of the study was to develop Chromosomal Best Linear Unbiased Predictor (ChrBLUP) for estimating Genomic Breeding values (GBV) and to compare it with current methods in genomic selection. The number of chromosomes, number of Single Nucleotide Polymorphisms (SNP) and number of Quantitative Trait Loci (QTL) were assumed 10, 10000 and 3 statuses (50,500 and 5000) respectively. Also, interested trait was simulated for 500 animals as a reference population with the accuracy of 0.951. The results showed that, apart from the significant difference between BLUP and Bayesian approaches, with increasing number of genes, the amount of their accuracies of methods were close to each other. Moreover, when the interested trait was controlled by a few genes, the accuracy of Bayesian approaches was higher than BLUP methods because of considering heterogeneity of marker variance and detecting accurately location of genes. The superiority of 2.1% accuracy of ChrBLUP was revealed when the interested trait was controlled by many genes (5000) because of considering heterogeneity of marker variance across chromosomes. Since almost quantitative traits are controlled by many genes, it's recommended to use ChrBLUP for predicting GBV.

Keywords: Chromosomal Best Linear Unbiased Predictor - Genomic Selection- Bayesian Approach- Accuracy of Genomic Evaluation

تأثیر تنوع ژنتیکی ژن دی آسیل گلیسرول آسیل ترانسفراز ۱ (K232A DGAT1) بر امتیاز سلول‌های بدنی و عملکرد تولید شیر
ملیحه پیرزاد^۱، سعید انصاری مهیاری^۲، محمد علی ادریس^۳. بهاره اعتصام^۴.

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد، دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان ۲- استادیار، دانشکده کشاورزی
دانشگاه صنعتی اصفهان ۳- استاد، دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان. ۴- دانشجوی کارشناسی ارشد فیزیولوژی دام،
دانشگاه صنعتی اصفهان.

*نویسنده مسول : ملیحه پیرزاد (nahavand14@yahoo.com)

چکیده

این آزمایش به منظور بررسی ارتباط بین چند شکلی K232A DGAT1 با امتیاز سلول‌های بدنی و عملکرد تولید شیر در گاو-
های هلشتاین انجام گرفت. ژن DGAT1 در انتهای سانترومیک کروموزم ۱۴ گاوی وجود دارد که آنزیم آسیل کوآ: آسیل
ترانسفراز ۱ را کد می‌کند. این آنزیم در آخرین مرحله ساخت تری گلیسرید شیر در غده پستانی نقش دارد و در این رابطه یک
آنزیم کلیدی است. چند شکلی K232A باعث ایجاد تنوع در میزان چربی شیر می‌گردد. چند شکلی مورد نظر از جایگزین شدن
دو نوکلئوتید AA بجای GC در اگزون ۸ ژن DGAT1 ایجاد می‌شود. بنابراین باعث تغییر اسید آمینه آلانین به لایزین در
محصول پروتئینی ژن می‌شود. جمعیت مورد مطالعه، شامل ۴۰۸ گاو هلشتاین، با تکنیک RFLP-PCR ژنوتایپ شدند که هر
سه ژنوتیپ در جمعیت مشاهده شد. فراوانی آلل K و آلل A به ترتیب ۰/۳۷ و ۰/۶۳ بود. اثر متوسط جایگزینی آللی در حالت
جایگزین شدن آلل K به جای آلل A در این مطالعه برای تولید شیر، چربی، پروتئین و SCS به ترتیب ۱۱۵/۵۶-، ۰/۱۹۷۸،
۰/۰۴۵۲ و ۰/۰۸۴۸- برآورد شد که با بسیاری از نتایج مطالعات قبلی هم جهت است. این نتایج نشان می‌دهند که آلل K در
افزایش چربی شیر و آلل A در افزایش تولید شیر اثر دارد. در نتیجه فراوانی پایین‌تر آلل K نسبت به آلل A در این پژوهش
احتمالاً ناشی از روند انتخاب گاوها برای تولید شیر در سال‌های اخیر باشد. نتایج این پژوهش نشان داد که چند شکلی جایگاه
K232A ژن DGAT1 می‌تواند بیانگر پیوستگی با QTL شناسایی شده بر صفت درصد چربی شیر روی کروموزم ۱۴ باشد.
کلمات کلیدی: ژن DGAT1، چند شکلی K232A، امتیاز سلول‌های بدنی، اثر جایگزینی آللی، گاوهای هلشتاین

مقدمه

ژن $DGAT1^{64}$ ، کد کننده آنزیم دی آسیل گلیسرول آسیل ترانسفراز ۱ است که در آخرین مرحله ساخت تری گلیسرید در غدد
پستان نقش کلیدی دارد. در کل، مطالعات کمی در رابطه با ارتباط این چند شکلی صفت امتیاز سلول‌های بدنی شیر (SCS^{65})
انجام شده است. با توجه به تأثیر منفی SCS بر تولید و کیفیت شیر (^{66}) از اهداف این تحقیق علاوه بر مطالعه ارتباط این چند
شکلی با عملکرد صفات تولیدی، همچنین مطالعه ارتباط این چند شکلی با میزان SCS شیر نیز در نظر گرفته شده است.

مواد و روش‌ها

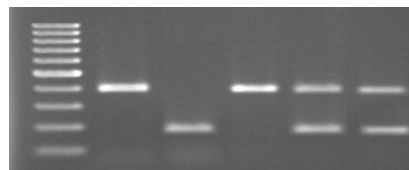
در این پژوهش به منظور استخراج DNA و بررسی چندشکلی ژن DGAT1، ۴۰۸ نمونه خون از پنج گله در استان اصفهان به
صورت تصادفی جمع‌آوری شد. استخراج DNA ژنومی از گلبول‌های سفید به روش استخراج نمکی میلر انجام گرفت. تکثیر
قطعه‌ای به طول ۴۱۱ جفت باز در بر گیرنده چند شکلی K232A ژن DGAT1 با واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR^{66}) انجام

⁶⁴ Diacylglycerol acyle transferase 1

⁶⁵ Somatic cell score

⁶⁶ Polymerase Chain Reaction

گرفت. دمای اتصال در این واکنش ۶۰ درجه سانتی گراد بود. توالی آغازگرهای مورد استفاده به صورت آغاز گرفت: ۵'-GGAAGCGCTTTCGGATG-3' می باشد. از ۵'-GCACCATCCTCTTCCTCAAG-3' و آغاز گر برگشت: ۵'-GGAAGCGCTTTCGGATG-3' می باشد. از روش چند شکلی طول قطعات محدود شده (RFLP)^{۶۷}، با آنزیم برشی Cfr1، ژنوتیپ نمونه ها تعیین شد. آنزیم برشی، قطعه‌ی ۴۱۱ جفت بازی را به دو قطعه‌ی ۲۰۳ و ۲۰۸ جفت بازی می دهد. قطعه PCR برش نیافته، نشان دهنده آلل لایزین (آلل K) و دو قطعه‌ی حاصل از هضم نشان دهنده آلل آلانین (آلل A) بود (شکل ۱).



شکل ۱-انواع ژنوتیپ های حاصل از هضم آنزیمی:
ستون ۱ از سمت چپ نشانگر DNA، ستون ۲ و ۳ ژنوتیپ
KK، ستون ۳ ژنوتیپ AA و ستون ۵ و ۶ ژنوتیپ KA.

ابتدا به منظور برآورد اثرات افزایشی و اثرات غالبیت برای صفات مورد مطالعه در شکم اول از مدل آماری زیر از نرم افزار SAS و رویه رگرسیون استفاده شد.

$$y = Xb + e$$

اجزا در این مدل عبارتند از y : رکورد تولید شیر تصحیح شده (بر اساس ۳ بار دوشش در روز و همچنین دوره شیردهی ۳۰۵ روز)، میانگین تولید روزانه درصد چربی یا پروتئین شیر، امتیاز سلول های بدنی شیر و یا ارزش اصلاحی تولید شیر و تولید چربی. X : ماتریس ضرایبی اثر افزایشی (صفر برای AA، ۱ برای KA، ۲ برای KK) و اثر غالبیت (۱ برای KA و صفر برای KK و AA). b : مقدار برآوردی برای اثرات افزایشی و اثرات غالبیت. e : اثر تصادفی باقی مانده در مشاهدات. بعد از برآورد اثرات افزایشی (a) و غالبیت (d) اثر متوسط جایگزینی آلی K به جای A برای صفات مورد نظر از رابطه $\alpha = a + d(q - p)$ محاسبه شد. (اجزا این روابط عبارتند از a : ارزش ژنوتیپی KK، d : ارزش ژنوتیپی KA، p : فراوانی آلل K، q : فراوانی آلل A).

نتایج

هرسه نوع ژنوتیپ AA، KA و KK برای چند شکلی مورد نظر در جمعیت مشاهده شد که فراوانی آنها به ترتیب ۰/۳۵۷۸، ۰/۵۵۱۵ و ۰/۰۹۰۷، فراوانی آلل K ۰/۳۷ و آلل A ۰/۶۳ می باشد.

اثرات افزایشی و غالبیت

در مطالعه حاضر اثر افزایشی ژنوتیپ KK در رابطه با تولید شیر، درصد چربی شیر، در سطح احتمال ۵ درصد ($p < 0.05$) معنی دار بود. ژنوتیپ KK در رابطه با صفت تولید شیر اثر افزایشی منفی و برای صفات درصد چربی شیر اثر افزایشی مثبت داشت (جدول ۱). بنابراین از مطالعه حاضر می توان این طور نتیجه گرفت که افرادی با ژنوتیپ KK باعث کاهش تولید شیر و باعث افزایش تولید چربی و درصد چربی شیر می شوند. اثر غالبیت برای تمام صفات از نظر آماری معنی دار نشد (جدول ۱) که می توان این طور تفسیر کرد که از نظر آماری تغییر معنی داری به واسطه اثر غالبیت در فنوتیپ ها ایجاد نمی شود.

جدول (۱) برآورد اثر افزایشی ژنوتیپ KK و اثر غالبیت ژنوتیپ KA در صفات مورد مطالعه در شکم اول

صفات	برآورد اثر افزایشی	برآورد اثر غالبیت
	□ (اشتباه معیار)	□ (اشتباه معیار)

⁶⁷ Restriction Fragment Length Polymorphism

تولید شیر تصحیح شده (Kg)	$128/86$ *	$286/44$ *	$258/75^{ns}$
(			
درصد چربی	$0/04$ *	$0/140$ *	$0/003^{ns}$
درصد پروتئین	$0/071$ ns	$0/237$ ns	$0/026^{ns}$
امتیاز سلول های بدنی	$0/08$ ns	$0/107$ ns	$0/027^{ns}$

* معنی دار در سطح احتمال ۵ درصد ($p < 0/05$)

ns : عدم معنی داری ($p > 0/05$) اثرات

در مطالعه انجام شده، اثر جایگزینی شدن آلل K به جای آلل A (α) برای تولید شیر و امتیاز سلول های بدنی منفی و برای سایر صفات مثبت بود (جدول ۲). بنابراین این طور می توان نتیجه گرفت که با توجه به رابطه عکسی که بین تولید چربی و تولید شیر وجود دارد، آلل K با افزایش تولید چربی و در نتیجه کاهش تولید شیر و آلل A با کاهش تولید چربی و افزایش تولید شیر همراه است.

جدول (۲) برآورد اثر متوسط جایگزینی آللی آلل K به جای آلل A در صفات مورد مطالعه در شکم اول

صفات	α_1
تولید شیر تصحیح شده (Kg)	$-115/56$
درصد چربی شیر	$0/1978$
درصد پروتئین شیر	$0/0452$
امتیاز سلول های بدنی	$-0/0848$

تحقیقات بسیاری اثر متوسط جایگزینی آللی را مشابه مطالعه حاضر بررسی کرده اند، هرچند که میزان این اثر در نژادها و جمعیت های خاص هر کشور متفاوت گزارش شده است، زیرا این اثر به فراوانی ژنی و میانگین هر جمعیت بستگی دارد، ولی جهت و

جدول (۳) اثر متوسط جایگزینی آللی در سایر پژوهش ها در صفات مورد بررسی در شکم اول

منبع	نژاد	اثر جایگزینی آللی آلل K به جای آلل A (α)
امتیاز سلول -	درصد	درصد
تولید شیر	چربی	تولید شیر
های بدنی شیر	چربی	پروتئین
		(کیلوگرم)
		تولید
		چربی
		(کیلوگرم)

۸/۳	-۵۷۶	۰/۱۴	۰/۵۸	۰/۰۶ ^{ns}	هلستاین	کاپ و همکاران [۲]
۷/۴	-۱۶۲/۲	۰/۰۲۴	۰/۱۲۶	-۰/۰۴۶* *	هلستاین	وینیکیوس و همکاران [۴]
۸/۴۴	-۱۵۴/۱۶	۰/۰۵۶	۲/۶	۰/۰۰۰۸ ^{ns}	هلستاین	بری و همکاران [۱]
۳/۹۳	-۱۰۲/۹۷	۰/۰۴۵	۰/۱۹۷	-۰/۰۸۴۸	هلستاین ایرانی	پژوهش حاضر

* * معنی دار در سطح احتمال ۱ درصد ($p > 0.01$)

ns: عدم معنی داری

اثر جایگزینی آللی برای امتیاز سلول‌های بدنی در تحقیق‌های مختلف انجام شده، نتایج متفاوتی نشان می‌دهد که نتیجه تحقیق حاضر از این نظر بیشتر مشابه و هم جهت با نتیجه وینیکیوس و همکاران [۴] است.

منابع

- [1]Berry, D.P., D. Howard, P. O'Boyle, S. Waters, J.F. Kearney and M. McCabe .2010. Associations between the K232A polymorphism in the diacylglycerol-O-transferase 1 (DGAT1) gene and performance in Irish Holstein-Friesian dairy cattle. Irish J. Agr. Food Res. 49: 1-9.
- [2]Kaupe, B., A.Winter, R. Fries, G. Erhardt. 2004. DGAT1 polymorphism in Bos indicus and Bos taurus cattle breeds. J.Dairy Res. 71: 182-187.
- [3]Morek-Kopeć, M., A. Żarnecki, W. Jagusiak. 2009. Associations between somatic cell score of milk and fertility traits in Polish Holstein-Friesian cows. Animal Science Papers and Reports. 27: 15-22.
- [4]Vinicius, M., T. Sonstegard, R. Thallman, E. Connor, R. Schnabel, C. Van Tassell. 2010. Characterization of DGAT1 allelic effects in a sample of North American Holstein cattle. Anim. Biotech. 21: 88-99.

Influence of the bovine acyl-CoA:diacylglycerol acyltransferase 1(DGAT1)K232A genetic variation on somatic cell score and milk performance

malihe pirzad¹. Saeid Ansari Mahyari². Mohammad-Ali Edriss³. Bahare etesam⁴.
1- M. Sc of genetic and animal breeding, College of Agriculture, Isfahan University of Technology.

2 - Assistant Professor College of Agriculture, Isfahan University of Technology . 3-Professor, College of Agriculture, Isfahan University of Technology. 4- M. Sc of animal physiology, Isfahan University of Technology

* Corresponding E-mail address : nahavand14@yahoo.com

Abstract:

The study aimed at estimating the association between of the DGAT1 K232A whit somatic cell score (SCS) and milk performance Holstein cattle. The gene diacylglycerol-O-transferase1 (DGAT1) is mapped to the centromeric end of The bovin BTA14 and encodes the acyl-CoA:diacylglycerol acyltransferase 1 enzyme which catalyses the final step in triglyceride synthesis . K232A polymorphism proved to significantly affect the percent fat content in milk. Genotyping population, was performed using RFLP-PCR technique. A 411 bp fragment including was amplified and digested with the enzyme CfrI to determine the genotypes of 408 Holstein cows. Three types genotype KK, KA and AA were detected. Frequency of K and A alleles were estimated 0.37 and 0.63, respectively. The statistical analyses showed positive and significant effects of the genotype for milk production and fat percent traits in first lactations but haven't significant effect for scs. Estimated average effects of substituting the lysine allele for the alanine variant on record milk production, fat percent, protein percent and somatic cell score of milk -155.56, -1.5, 0.1978, 0.0452 and -0.0848 respectively. These results can be showed that allele K is effect on increase fat of milk and decrease milk production. Also allele A is effect on increase milk production and decrease fat milk. The relatively lower frequency of the K allele than the A allele may be due to selection for milk yield in recent years. Results showed that the DGAT1 K232A polymorphism can be a source that underlies the reported quantitative trait loci for fat content trait in the proximal region of bovine chromosome 14.

Keywords: DGAT1 gene, K232A polymorphism, RFLP-PCR, somatic cell score, Holstein Cattle.

برآورد همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولید مثلی گاوهای هلستاین استان آذربایجان شرقی

^۱، مراد پاشا اسکندری نسب^۲، حافظعلی دلجو عیسی لو^{۳*} جعفر جمعدار زنوزق

۱- کارشناس ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه زنجان، ۲- دانشیار گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان، ۳-

کارشناس ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام- مربی

*نویسنده مسئول: 2011j2011j@gmail.com

چکیده:

در این تحقیق از اطلاعات صفات تولید مثلی ۶ گله گاو شیری بزرگ متعلق به گاوداری های صنعتی استان آذربایجان شرقی که در مدت ۱۲ سال (۱۳۷۸-۱۳۸۹) توسط سازمان جهاد کشاورزی استان تحت نظارت مرکز اصلاح نژاد دام کشور جمع آوری شده بود، برای برآورد همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی استفاده گردید. همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی صفات با استفاده از نرم افزار WOMBAT و با روش حداکثر درست نمایی محدود شده (REML) تحت روش تجزیه و تحلیل دو صفتی برآورد شدند. بیشترین میزان همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی بین دو صفت اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی و تعداد تلقیح منجر به آبستنی به ترتیب با مقادیر مثبت ۰/۹۷ و ۰/۷۱ بود. کمترین میزان همبستگی ژنتیکی بین صفات روزهای باز با تعداد تلقیح منجر به آبستنی (۰/۰۰۲) و کمترین میزان همبستگی فنوتیپی نیز بین تعداد تلقیح منجر به آبستنی با فاصله ی زایش تا اولین تلقیح و سن اولین زایش بود که مقادیر آن به ترتیب برابر با ۰/۰۰۱+ و ۰/۰۰۱- برآورد شد.

کلمات کلیدی: گاوهای هلستاین- صفات تولیدمثلی- روش حداکثر درست نمایی محدودشده- همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی

مقدمه:

در دهه های قبل اجرای برنامه های اصلاح نژادی براساس تولید شیر قابل قبول بوده است، اما به لحاظ وجود همبستگی نامطلوب مابین صفات باروری و تولید شیر، کاهش باروری مشاهده شده است. بنابراین باید باروری در برنامه های اصلاح نژاد مورد توجه قرار گیرد (۵). چرا که سودآوری پرورش گاوهای شیری تحت تأثیر عملکرد تولید و تولیدمثل آنها قرار دارد (۱). لزوم اهمیت صفات تولیدمثلی تا جایی است که امروزه برخی عامل اصلی زیان اقتصادی وارده بر گله های گاو شیری را ضعیف بودن راندمان تولیدمثلی عنوان کرده اند (۳ و ۸ و ۹). در واقع یکی از مهمترین علل حذف گاوها در شکم اول و دوم، باروری ضعیف آنها می باشد (۷). هدف اصلی از اجرای برنامه های اصلاح نژادی نیز، به دست آوردن و رسیدن به راندمان اقتصادی قابل قبول به واسطه ی ایجاد پیشرفت ژنتیکی برای صفات اقتصادی مهم می باشد (۱۰). پس باید بر نامه های انتخاب حیوانات براساس چندین صفت اقتصادی صورت گیرد که ممکن است این صفات باهم همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی داشته باشند، بنابراین باید این صفات را در قالب شاخص شایستگی خالص باهم تلفیق نمود. به دلیل اینکه روابط بین صفات در مدل چندصفتی مشخص می باشد، این روش، روشی مناسب برای ارزیابی حیوانات می باشد. در آنالیز چندصفتی، دو یا چند صفت بطور همزمان مورد ارزیابی قرار می گیرند، برای این کار از همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی نیز استفاده می شود. هدف از تحقیق حاضر برآورد همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدمثلی فاصله گوساله زایی (Calving interval)، نرخ آبستنی (Conception rate)، طول آبستنی (Gestation length)، تعداد تلقیح منجر به آبستنی (Number service per conception)، فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی (First service to conception)، روزهای باز (Open days)، سن اولین زایش (Age at first calving) و فاصله زایش تا اولین تلقیح (Calving to first service) بود.

مواد و روشها:

به منظور برآورد همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدمثلی استان آذربایجان شرقی، اطلاعات صفات تولید مثلی ۶ گله گاو شیری بزرگ متعلق به گاوداری های صنعتی استان که در مدت ۱۲ سال (۱۳۷۸-۱۳۸۹) توسط سازمان جهاد کشاورزی استان تحت نظارت مرکز اصلاح نژاد دام کشور جمع آوری شده بود، استفاده گردید. اطلاعات با استفاده از نرم افزار SQL و Excel، ویرایش و ثبت و ذخیره شدند. از نرم افزار Excel برای حذف داده های پرت و دورافتاده استفاده شد. برای بررسی و عیب یابی ساختار شجره جهت آماده سازی آن، از نرم افزار Pedigree (سرگزایی و همکاران، ۲۰۰۶) استفاده شد. پیش از تشکیل هر یک از مدل های آماری به بررسی معنی دار بودن یا نبودن هر یک از عوامل تأثیر گذار در مدل، با استفاده از نرم افزار SAS 9.1 پرداخته شد. همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی صفات با استفاده از نرم افزار WOMBAT (میر، ۲۰۰۷) و با روش حداکثر درست نمایی محدود شده (REML) تحت روش تجزیه و تحلیل دو صفتی برآورد شدند. در روش تجزیه و تحلیل دو صفتی از مدل دو متغیره برای برآورد پارامترهای ژنتیکی استفاده می شود.

$$y_1 = X_1 b_1 + Z_1 a_1 + e_1 \quad \text{برای صفت یک می توان نوشت:}$$

$$y_2 = X_2 b_2 + Z_2 a_2 + e_2 \quad \text{برای صفت دو نیز میتوان نوشت:}$$

اگر حیوانات در داخل هر یک از صفات مرتب می شوند، مدل چندصفتی برای این دو صفت به صورت زیر خواهد بود:

$$\begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \end{pmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \end{pmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{pmatrix} a_1 \\ a_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} e_1 \\ e_2 \end{pmatrix}$$

$$y_i = \text{بردار مشاهدات مربوط به صفت } i \text{ ام} \quad b_i = \text{بردار اثرات ثابت مربوط به صفت } i \text{ ام}$$

$$a_i = \text{بردار اثرات تصادفی حیوان مربوط به صفت } i \text{ ام} \quad e_i = \text{بردار اثرات باقیمانده برای صفت } i \text{ ام}$$

$$X_i \text{ و } Z_i = \text{به ترتیب ماتریس های طرح مرتبط کننده ی رکوردهای صفت } i \text{ ام به اثرات ثابت و اثرات تصادفی حیوان}$$

نتایج:

آمارهای توصیفی صفات تولید مثلی در گاوهای هلستاین استان در جدول (۱) آورده شده است. در این تحقیق میانگین سن اولین زایش ۸۰۱/۸ روز برآورد شد که کمتر از تحقیق خدایی مطلق و همکاران (۱۳۸۳) که میانگین این صفت را برای گاوهای هلستاین ایران ۹۷۰ روز گزارش کرده بودند، بود ولی با نتایج تحقیقات فرهنگ فر و نعیمی پور (۱۳۸۵) و گل محمدی و همکاران (۱۳۸۵) موافق بود. باتوجه به هزینه های زیاد پرورش تلیسه، کاهش سن اولین زایش تا حدی که موجب کاهش عملکرد تولیدمثلی نشود (حدوداً ۲۴ تا ۲۵ ماه)، مفید خواهد بود (۲ و ۶). برآورد های همبستگی در جدول (۲) آورده شده است. بیشترین میزان همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی بین دو صفت اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی و تعداد تلقیح منجر به آبستنی به ترتیب با مقادیر مثبت ۰/۹۷ و ۰/۷۱ بود. کمترین میزان همبستگی ژنتیکی بین صفات روزهای باز با تعداد تلقیح منجر به آبستنی (۰/۰۰۲) بود. این مقدار خیلی کمتر از برآوردهای گونزالس و همکاران (۲۰۰۵) و گراس هانس و همکاران (۱۹۹۷) می باشد که به ترتیب ۰/۷۵ و ۰/۴۳ برآورد کرده اند. فاکتورهای مدیریتی از جمله تشخیص به موقع فحلی و دقت عمل تکنسین تلقیح مصنوعی در همبستگی فنوتیپی بین روزهای باز و تعداد تلقیحات انجام شده مؤثر میباشد. کمترین میزان همبستگی فنوتیپی نیز بین تعداد تلقیح منجر به آبستنی با فاصله ی زایش تا اولین تلقیح و سن اولین زایش بود که مقادیر آن به ترتیب برابر با ۰/۰۰۱+ و ۰/۰۰۱- برآورد شد. فرهنگ فر و نعیمی پور (۱۳۸۶) مقدار همبستگی فنوتیپی را با سن اولین زایش و تعداد تلقیح منجر به آبستنی ۰/۰۰ برآورد

کرده بودند که مشابه تحقیق حاضر می باشد. به لحاظ اینکه باروری صفت ساده ای نمی باشد، باید صفات مختلفی برای ارزیابی تولیدمثل و باروری مورد توجه قرار گرفته و رکوردبرداری گردند (۴). با استناد به نتایج این تحقیق می توان گفت صفات تولیدمثلی که با یکدیگر همپوشانی دارند، همبستگی های بالاتری نیز دارند. برآورد کمتر همبستگی ها نیز در این نوع صفات نشان دهنده ی خطاهای ثبت مربوط به اطلاعات صفات تولیدمثلی در داخل کشور می باشند، که موجب برآورد کمتر همبستگی ها بویژه در صفات دارای همپوشانی با یکدیگر، نسبت به برآوردهای کشورهای پیشرفته می شوند.

جدول ۱- اطلاعات آماری داده های مورد استفاده

صفات	تعداد رکورد	میانگین	انحراف معیار	حداقل	حداکثر
CI	۴۰۲۶	۳۸۸/۸۱	۶۲/۸۵	۳۰۰	۶۰۰
OD	۶۶۸۳	۱۰۹/۴	۵۶/۶	۳۰	۳۰۰
CR	۱۰۳۴۷	۸۶	۲۵/۵۶	۰	۱۰۰
GL	۵۹۷۶	۲۷۷/۸	۵/۰۶	۲۷۲	۲۹۲
NSP C	۱۰۳۴۷	۱/۳۴	۰/۸۶	۱	۱۰
FST C	۱۰۳۳۷	۲۱/۰۶	۴۸/۱۵	۰	۲۰۶
AFC	۴۴۰۹	۸۰۱/۵۶	۵۲/۸۱	۶۰۰	۱۱۰۰
CTF S	۶۹۱۴	۸۸/۵۵	۴۰/۷۶	۲۱	۲۰۰

=نرخ آبستنی، =CR = روزهای باز، DO = تعداد تلقیح منجر به آبستنی، NSPC = سن اولین زایش، AFC

طول آبستنی، GL

فاصله زایش تا CTFS = فاصله تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی، FSTC فاصله بین دو زایش متوالی، CI =
اولین تلقیح

جدول ۲- برآورد همبستگی بین صفات تولید مثلی، همبستگی ژنتیکی (بالای قطر) و همبستگی فنوتیپی (پایین قطر)

CTFS	AFC	FSTC	NSPC	GL	CR	OD	CI	صفات
-۰/۰۲	۰/۰۸	۰/۰۴۲	۰/۲۵	-۰/۴۸	-۰/۵۹۰	۰/۰۲۹	-----	CI
۰/۰۵	۰/۱۷	۰/۰۵	۰/۰۰۲	۰/۳۵۳	-۰/۱	-----	۰/۱۴۱	OD
۰/۰۳	۰/۲	۰/۸۷	۰/۰۱۴	۰/۲۳	-----	-۰/۱۲	-۰/۱۰۸	CR
-۰/۰۱	۰/۲۶	-۰/۶۴	۰/۴	-----	۰/۲۳	۰/۰۷۲	-۰/۱۱۴	GL
۰/۰۲۸	-۰/۵۲	۰/۹۷	-----	-۰/۰۷۴	-۰/۰۰۲	-۰/۰۰۲	۰/۰۳	NSPC
۰/۰۵	-۰/۵۲	-----	۰/۷۱	-۰/۲۸	۰/۰۳۱	۰/۰۶۷	۰/۰۲	FSTC
-۰/۸۶	-----	-۰/۰۰۴	-۰/۰۰۱	۰/۰۳۸	-۰/۰۱۲	۰/۰۴۲	-۰/۰۲۵	AFC
-----	۰/۲	۰/۰۶۶	۰/۰۰۱	۰/۰۸۱	۰/۰۰۱	۰/۰۵۹	-۰/۰۴۵	CTFS

= نرخ آبستنی، =CR = روزهای باز، OD = تعداد تلقیح منجر به آبستنی، NSPC = سن اولین زایش، AFC

= فاصله تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی FSTC فاصله بین دو زایش متوالی، CI = طول آبستنی، GL

فاصله زایش تا اولین تلقیح =CTFS،

منابع:

1. Castillo-Juarez, H., P.O., Oltenacu, R.W. Blake, C.E. McCulloch and E.G. Cienfuegos-Rivas. 2000. Effect of herd environment on the genetic and phenotypic relationships among milk yield, conception rate and somatic cell score in Holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 83:807-814.
2. Hare, E., Norman, H. D. and Wright, J. R. 2006. Trends in calving ages and calving intervals for Dairy Cattle Breeds in The United States. *J. Dairy Sci.* 89, 365-370.
3. Holtsmark MB, Heringstad PM, and deGroot J, 2008. Genetic relationship between culling, milk production, fertility, and health traits in Norwegian Red cows. *J Dairy Sci* 91:4006-4012.
4. Jorjani, H. 2007. There and back again: A tale of choosing female fertility traits. *Interbull Bull.* 37:148 - 151.
5. Liu, Z., J. Jaitner, E. Pasman, S. Rensing, F. Reinhardt, and R. Reents. 2007. Genetic evaluation of fertility traits of dairy cattle using a multiple-trait model. *Interbull Bull.* 37:134 - 139.
6. Nilforooshan, M. A. and M. A. Edriss. 2004. Effect of age at first calving on some productive and longevity traits in Iranian Holstein of the Isfahan province. *J. Dairy Sci.* 87: 2130-2135.
7. Oseni, S., Tsuruta, S., Misztal, I., and Rekaya, R. 2004. Genetic Parameters for Days Open and Pregnancy Rates in US Holsteins Using Different Editing Criteria. *J. Dairy Sci.* 87:4327-4333.
8. Schneider PM Del, Strandberg E, Ducrocq V, and Roth A, 2005. Survival analysis applied to genetic evaluation for female fertility in dairy cattle. *J Dairy Sci* 88:2253-2259.
9. Sewalem A, Miglior F, Kistemaker GJ, Sullivan P, and Van Doormaal BJ, 2008. Relationship between reproduction traits and functional longevity in Canadian dairy cattle. *J Dairy Sci* 91:1660-1668.
10. Smith, C. 1998. Introduction: Current Animal Breeding. PP. 1-10. In: A. J. Clark (Ed.), *Animal Breeding, Technology for the 21st Century*. Harwood Academic Pub., New Delhi, India.

Estimation of genetic and phenotypic correlations for reproductive traits of Holstein Cattles in East Azarbayjan province

Jafar Jamdar zonozag*, M.Pasha Eskandari Nasab, H.A Deljoo isaloo

1-Ms.c. Genetic and Animal Breeding, Zanzan university, Iran 2-Assistant Department of Animal Sciences, Zanzan university, Iran 3- Ms.c. Genetic and Animal Breeding, teacher

E-mail Address:2011j2011j@gmail.com*

Abstract

In order to estimate genetic and phenotypic correlations for reproductive traits, data from 6 large industrial dairy herd of East Azerbaijan province collected by Agriculture Jihad Organization during the period 1999 to 2010, were used. Genetic and phenotypic parameters were estimated under multiivariate animal model using Restricted Maximum Likelihood method by WOMBAT software. The largest genetic and phenotypic correlations were between Interval

from first service to conception and number of service per conception that's values were 0/97 and 0/71 respectively. Open days and number of service per conception had smallest genetic correlation that's value was 0/002 and the smallest phenotypic correlation was estimated between number of service per conception with Interval from calving to first service and Age at first calving that's values were +0/001 and -0/001 respectively.

Key words: Holstein Cattle - Reproductive Traits - Restricted Maximum Likelihood method- Genetic and Phenotypic Correlation

برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدمثلی گاوهای هلشتاین استان آذربایجان شرقی با استفاده از مدل تکرارپذیری

جعفر جمعدار*^۱، مراد پاشا اسکندری نسب^۲، حافظعلی دلجو عیسی لو^۳

۱- کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه زنجان، ۲- دانشیار گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه

زنجان، ۳- کارشناس ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام- مربی

*نویسنده مسئول: 2011j2011j@gmail.com

چکیده:

پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدمثلی گاوهای هلشتاین استان آذربایجان شرقی بر اساس مدل تکرارپذیری، با استفاده از اطلاعات صفات تولید مثلی ۶ گله گاو شیری بزرگ متعلق به گاوداری‌های صنعتی استان آذربایجان شرقی که در مدت ۱۲ سال (۱۳۷۸-۱۳۸۹) توسط سازمان جهاد کشاورزی استان تحت نظارت مرکز اصلاح نژاد دام کشور جمع آوری شده بود، برآورد گردید. پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات با استفاده از نرم افزار WOMBAT و با لحاظ نمودن مؤلفه-های واریانس حاصل از تجزیه یک صفی با روش حداکثر درست نمایی محدود شده (REML) برآورد شد. چنانچه انتظار می رفت صفات مقادیر وراثت پذیری کمتری داشتند. بیشترین میزان وراثت پذیری مربوط به فاصله ی زایش تا اولین تلقیح با مقدار ۰/۲۱ و کمترین آن مربوط به روزهای باز با مقدار ۰/۰۴۱ بود. با استناد به نتایج این تحقیق می توان گفت با وجود وراثت پذیری پایین صفات تولیدمثلی به دلیل وجود واریانس ژنتیکی افزایشی کافی با منظور ساختن آنها در برنامه های اصلاح نژادی می توان به پیشرفت ژنتیکی قابل قبولی دست یافت. واژگان کلیدی: وراثت پذیری- مدل تکرارپذیری- پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی- روش حداکثر درست نمایی محدود شده

مقدمه:

تولید مثل فرآیندی فیزیولوژیکی است که از مهمترین عوامل تعیین کننده ی کارآیی حیوانات مزرعه ای بویژه گاوهای شیری محسوب می شود. اغلب مواقع صفات تولیدمثلی به دلیل وراثت پذیری پایین، در برنامه های اصلاح نژادی نادیده گرفته می شوند (۵)، بدین ترتیب در کنار بهبود صفات تولیدی، به دلیل همبستگی منفی بین صفات تولیدی و تولیدمثلی (۲)، عملکرد تولیدمثلی کاهش خواهد یافت (۵ و ۷). در سالهای اخیر با توجه به اهمیت صفات تولیدمثلی، در بسیاری از کشورها، این صفات وارد شاخص انتخاب شده اند. در برنامه انتخاب دامها برای وارد کردن صفات مختلف در شاخص انتخاب لازم است که مؤلفه های (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات مشخص باشند (۱). در واقع لازمی اجرای برنامه های انتخاب به منظور اصلاح نژاد حیوانات، برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش بینی ارزش ژنتیکی حیوانات برای صفات مورد نظر است (۸). هدف از تحقیق حاضر برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدمثلی فاصله گوساله زایی (Calving interval)، روزهای باز (Open days)، نرخ آبستنی (Conception rate)، طول آبستنی (Gestation length)، تعداد تلقیح منجر به آبستنی (Number service per conception)، فاصله اولین تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی (First service to conception)، سن اولین زایش (Age at first calving) و فاصله زایش تا اولین تلقیح (Calving to first service) بود.

مواد و روشها:

به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدمثلی استان آذربایجان شرقی بر اساس مدل تکرار پذیری، اطلاعات صفات تولید مثلی ۶ گله گاو شیری بزرگ متعلق به گاوداری‌های صنعتی استان که در مدت ۱۲ سال (۱۳۸۹-۱۳۷۸) توسط سازمان جهاد کشاورزی استان تحت نظارت مرکز اصلاح نژاد دام کشور جمع آوری شده بود، استفاده گردید. اطلاعات بعد از جمع آوری و ویرایش توسط نرم افزار Excel، ثبت و ذخیره شدند. از نرم افزار Excel برای حذف داده های پرت و خارج از محدوده های منطقی استفاده شد. برای بررسی ساختار شجره جهت آماده سازی آن، از نرم افزار Pedigree (سرگزایی و همکاران، ۲۰۰۶) استفاده شد. برای تعیین اثرات معنی دار آماری موجود در مدل آماری صفات از نرم افزار SAS 9.1 استفاده شد. پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات با استفاده از نرم افزار WOMBAT (میر، ۲۰۰۷) و با لحاظ نمودن مؤلفه های واریانس حاصل از تجزیه یک صفتی با روش حداکثر درست نمایی محدود شده (REML) برآورد شد. به لحاظ وجود رکوردهای متعدد از هر حیوان، تجزیه و تحلیل اطلاعات مبتنی بر مدل تکرارپذیری (Repeatability model) که مناسب رکوردهای تکراری است، انجام شد (۴). مدل آماری ماتریسی مورد استفاده برای آنالیز صفات بر مبنای مدل تکرارپذیری به صورت زیر بود:

$$y = Xb + Za + Wpe + e$$

y = بردار مشاهدات

X ، Z و W = به ترتیب ماتریس های طرح مرتبط کننده ی رکوردها به اثرات ثابت، تصادفی حیوان و محیطی دائمی a ، b ، pe و e = بردارهای مجهول اثرات ثابت، تصادفی حیوانات، بردار اثرات تصادفی محیطی دائمی حیوان و اثرات ژنتیکی غیرافزایشی و بردار اثرات تصادفی ناشناخته و باقیمانده

مسلماً مؤلفه ی pe برای صفاتی که در حیوانات تکرارپذیر نباشند، باید از مدل بالا حذف گردد.

نتایج:

آمارهای توصیفی صفات تولید مثلی در گاوهای هلشتاین استان در جدول (۱) آورده شده است. در این تحقیق میانگین سن اولین زایش ۸۰۱/۸ روز برآورد شد که با نتایج تحقیقات فرهنگ فر و نعیمی پور (۱۳۸۵) و گل محمدی و همکاران (۱۳۸۵) موافق بود. باتوجه به هزینه های زیاد پرورش تلیسه، کاهش سن اولین زایش تا حدی که موجب کاهش عملکرد تولیدمثلی نشود (حدوداً ۲۴ تا ۲۵ ماه)، مفید خواهد بود (۳ و ۶). تعداد تلقیح به ازای آبستنی ۱/۳۴ بود که مطابق با اغلب تحقیقات صورت گرفته، بر روی گاوهای هلشتاین کشور بود که تعداد تلقیح به ازای آبستنی بین ۱/۳ (فرهنگ فر و نعیمی پور یونسی، ۱۳۸۶) تا ۲/۲ (بحری، ۱۳۸۷) گزارش شده است. چنانچه انتظار می رفت، وراثت پذیری صفات تولید مثلی در این تحقیق اغلب کمتر و بیشتر در محدوده تحقیقات گذشته بود. بیشترین مقدار وراثت پذیری مربوط به فاصله ی زایش تا اولین تلقیح (۰/۲۱) بود که با نتایج تحقیقات جامروزیگ و همکاران (۲۰۰۵) مشابه می باشد. میزان وراثت پذیری برآورد شده برای فاصله ی بین دو زایش در این تحقیق ۰/۰۴۷ بود که بیشتر از مقدار برآورد شده توسط کارولینا و همکاران (۲۰۰۶) برای گاوهای هلشتاین پرتغال و کمتر از مقادیر برآورد شده برای گاوهای هلشتاین ایتالیا (بیفانی و همکاران، ۲۰۰۷) و سان و همکاران (۲۰۰۹) بود. کمترین میزان برای صفت روزهای باز برابر ۰/۰۴۱ برآورد شد که مشابه نتیجه ی گونزالس و همکاران (۲۰۰۵) بود که مقدارش ۰/۰۴ گزارش شده بود. وراثت پذیری سن اولین زایش نیز نسبت به اکثر صفات بیشتر و برابر با ۰/۱۲ بود اما کمتر از مقدار برآورد شده (۰/۳۸) برای گاوهای هلشتاین کنیا و بیشتر از مقدار

برآورد شده در گزارش فرجی و همکاران (۱۳۸۹) بود. با وجود وراثت پذیری پایین صفات تولید مثلی به دلیل ضریب تغییرات واریانس ژنتیکی افزایشی (اوله، ۱۹۹۲) امکان پاسخ به انتخاب مصنوعی وجود دارد. تکرار پذیری این صفات نیز پایین است. مقادیر ضرایب وراثت پذیری و تکرارپذیری و مؤلفه های واریانس صفات تولید مثلی با استفاده از تجزیه یک صفتی بر مبنای مدل تکرارپذیری در جدول شماره (۲) گزارش شده است.

نتایج این تحقیق نشان می دهد که صفات فاصله ی زایش تا اولین تلقیح و سن اولین زایش برای انتخاب مناسب تر از سایر صفات تولید مثلی می باشند. و همچنین نشان داد که عوامل محیطی دارای اثر قابل توجهی بر روی اکثر صفات تولیدمثلی هستند. پس فراهم آوردن شرایط محیطی خوب و مدیریت مناسب گله می تواند راندمان تولیدمثلی را افزایش دهد. تکرارپذیری های کمتر نیز نشان دهنده ی بیشتر بودن نقش عوامل محیطی موقت و در نتیجه بیشتر بودن واریانس داخل حیوان (Witthin Individual-Variance) می باشد.

جدول ۱- اطلاعات آماری داده های مورد استفاده

صفا	تعداد رکورد	میانگین	انحراف معیار	حداقل	حداکثر
CI	۴۰۲۶	۳۸۸/۸۱	۶۲/۸۵	۳۰۰	۶۰۰
OD	۶۶۸۳	۱۰۹/۴	۵۶/۶	۳۰	۳۰۰
CR	۱۰۳۴۷	۸۶	۲۵/۵۶	۰	۱۰۰
GL	۵۹۷۶	۲۷۷/۸	۵/۰۶	۲۷۲	۲۹۲
NS	۱۰۳۴۷	۱/۳۴	۰/۸۶	۱	۱۰
PC					
FST	۱۰۳۳۷	۲۱/۰۶	۴۸/۱۵	۰	۲۰۶
C					
AF	۴۴۰۹	۸۰۱/۵۶	۵۲/۸۱	۶۰۰	۱۱۰۰
C					
CT	۶۹۱۴	۸۸/۵۵	۴۰/۷۶	۲۱	۲۰۰
FS					

=نرخ آبستنی، CR= روزهای باز، DO = تعداد تلقیح منجر به آبستنی، NSPC = سن اولین زایش، AFC

طول آبستنی، GL

فاصله زایش تا CTFS = فاصله تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی، FSTC فاصله بین دو زایش متوالی، CI=

اولین تلقیح

جدول ۲- مقادیر مؤلفه های واریانس، ضرایب وراثت پذیری و تکرارپذیری صفات تولید مثلی با استفاده از تجزیه یک صفتی

صفات تولیدمثلی ^a	$\sigma^2 a$	$\sigma^2 e$	$\sigma^2 pe$	C^2	$SE(h^2)$	r
CI	۱۹۴/۶	۱۶۹۰/۱۶	۱۷۲/۳۹	۰/۰۸۳	۰/۰۴۷(۰/۰۱۱)	۰/۱۷
OD	۱۸۱/۷۴	۱۵۷۶/۹	۱۱۸/۶۶	۰/۰۶۳	۰/۰۴۱(۰/۰۱۸۱)	۰/۱۶
CR	۴۲/۱۶	۴۹۳/۱۹	۰/۰۱۱	۰/۰۰۱	۰/۰۷۳(۰/۰۲۳)	۰/۰۷۸
GL	۸/۸۹	۱۶۳/۶۸	۸/۷۸	۰/۰۵۴	۰/۰۶(۰/۰۱۷)	۰/۱۱
NSPC	۰/۰۴۸	۰/۵۹۷	۰/۰۰۰۷	۰/۰۰۹	۰/۰۷۱(۰/۰۰۱)	۰/۰۸
CTFS	۲۹۰/۵۸	۱۳۵۶/۶	۱۴۸	۰,۱	۰/۲۱(۰/۰۷۱)	۰/۳۰۸
AFC	۳۵۶	۲۲۳۶/۱	۰	۰	۰/۱۲(۰/۰۱۲)	۰/۱۳
FSTC	۳۰۸/۲	۶۷۸۰/۸	۱۹۶	۰/۰۲۸	۰/۰۴۴(۰/۰۲۱)	۰/۰۷

AFC = سن اولین زایش ، NSPC = تعداد تلقیح منجر به آبستنی ، OD = روزهای باز، CR = نرخ آبستنی، GL = طول آبستنی
 CI = فاصله بین دو زایش متوالی FSTC = فاصله تلقیح تا تلقیح منجر به آبستنی، CTFS = فاصله زایش تا اولین تلقیح، C^2
 نسبت واریانس محیطی دائمی حیوان به واریانس فنوتیپی

منابع:

۱. هنرور، م.، م. مرادی شهر بابک، س.ر. میرائی آشتیانی. ۱۳۸۳. بررسی پارامترهای صفات تولید مثلی و رابطه آن با تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران. مجموعه مقالات اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور.
2. Chagas, L. M., J. J. Bass, D. Blache., C. R. Burke., J. K. Kay., D. R. Lindsay., M. C. Lucy., J. B. Martin., S. Meier., F. M. Rhodes., J. R. Roche., W. W. Thatcher, and R. Web. 2007. New perspectives on the roles of nutrition and metabolic priorities in the sub fertility of high-producing dairy cows. J. Dairy Sci., 90: 4022-4032.
3. Hare, E., Norman, H. D. and wright, J. R. 2006. Trends in calving ages and calving intervals for Dairy Cattle Breeds in The United States. J. Dairy Sci. 89, 365-370.
4. Interbull (2000) National Genetic Evaluation Programmes for Dairy Production Traits Practised in Interbull Member Countries 1990-2000. Department of Animal Breeding and Genetics, Uppsala, Sweden, Bulletin 24.
5. Javed, K., M. Abdullah, M. Akhtar, and M. Afzal. 2004. Phenotypic and genetic

correlations between first lactation milk yield and some performance traits in Sahiwal cattle. Pakistan Vet. J. 2: 9-12.

6. Nilforooshan, M. A. and M. A. Edriss. 2004. Effect of age at first calving on some productive and longevity traits in Iranian Holstein of the Isfahan province. J. Dairy Sci. 87: 2130-2135.
7. Olynk NJ, and Wolf CA, 2008. Economic analysis of reproductive management strategies on US commercial dairy farms. J Dairy Sci 91:4082-4091.
8. Tekerli, M., M. Gundogan. 2005. Effect of certain factors in productive and reproductive efficiency traits and phenotypic relationships among these traits and repeatabilities in West Anatolian Holsteins. Turc. J. Vet Amin Sci. 29: 17-22.

Estimation of genetic and phenotypic parameters for reproductive traits of Holstein Cattles in East Azarbaijan province using a repeatability model

Jafar Jamdar*, M.Pasha Eskandari Nasab, H.A Deljoo isaloo

1-Ms.c. Genetic and Animal Breeding, Zanzan university, Iran 2-Assistant Department of Animal Sciences, Zanzan university, Iran 3- Ms.c. Genetic and Animal Breeding, teacher

E-mail Address:2011j2011j@gmail.com*

Abstract

Genetic and phenotypic parameters were estimated for reproductive traits using a repeatability model, data from 6 large industrial dairy herd of East Azerbaijan province collected by Agriculture Jihad Organization during the period 1999 to 2010. Genetic and phenotypic parameters were estimated considering variance components under univariate animal model using Restricted Maximum Likelihood method by WOMBAT software. As expected, trait's heritability were less. The Interval from calving to first service had largest heritability that value's was 0/21 and Open days had smallest heritability that value's was 0/041. The research results showed that although the amount of heritabilities for reproductive traits are low, but we can create genetic progress in reproductive traits by using these traits in animal breeding programs.

Key words: heritability-Repeatability model- Genetic and Phenotypic Parameters- Restricted Maximum Likelihood metod

ارزیابی عوامل ژنتیکی و غیر ژنتیکی در صفات تولیدمثلی و تولیدی موثر بر نرخ گیرایی در گاوهای هلشتاین

ندا نوری نایینی^۱، محمد علی ادریس^۲، سعید انصاری مهیاری^۲

^۱ دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان

^۲ اعضای هیأت علمی گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان

ندا نوری نایینی n.nouri.naeini@gmail.com

چکیده

به منظور برآورد اجزای (کو)واریانس صفات تولیدی و تولیدمثلی و بررسی همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی بین این صفات و صفت نرخ گیرایی در گاوهای هلشتاین استان اصفهان، از مدل حیوانی استفاده گردید. صفات مرتبط با نرخ گیرایی شامل: فاصله زایش تا اولین تلقیح، تعداد روزهای باز، فاصله گوساله‌زایی، تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی، موفقیت در اولین تلقیح، تعداد روزهای شیردهی، میزان شیر تولیدی ۳۰۵ روز بود. تعداد ۱۷۰۱۷۲ رکورد مربوط به ۶۶۰۷۴ گاو ماده در شکم‌های ۲ تا ۶ (تلیسه‌ها در آنالیز لحاظ نشدند) که طی سالهای ۱۳۵۷ تا ۱۳۸۷ در گاوداری‌های وابسته به تعاونی کشاورزان و دامپروران صنعتی وحدت جمع‌آوری گردیده، در این مطالعه استفاده شد. با استفاده از رویه GLM نرم افزار SAS (۹،۲) اثرات ثابت موثر بر صفات شناسایی شد. پارامترهای ژنتیکی با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) توسط نرم افزار DMU برآورد شدند. وراثت پذیری برآورد شده برای تمام صفات تولیدمثلی زیر ۰/۱ بود؛ بطوریکه جزء واریانس ژنتیکی برآوردی برای صفت موفقیت در اولین تلقیح کمترین مقدار ($0/0005 \pm 0/0004$) و برای صفت روزهای باز بیشترین مقدار ($17/83 \pm 161/87$) را در بین صفات داشتند. وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفت تولید شیر بیشتر از صفات تولیدمثلی بود اما همبستگی ژنتیکی برآورد شده بین صفت نرخ‌گیرایی و صفات تولیدمثلی بیشتر از صفت تولید شیر بود. نتایج این مطالعه نشان داد صفت نرخ‌گیرایی در گاوهای شیری یک صفت پیچیده بوده که به شدت تحت تأثیر صفات تولیدی قرار می‌گیرد. بنابراین به منظور بهبود این صفت باید ترکیبی از صفات باروری و تولیدی مد نظر قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: مولفه‌های واریانس ژنتیکی - نرخ گیرایی - عملکرد تولیدمثلی - گاوهای شیری هلشتاین

مقدمه

تجزیه و تحلیل رکوردهای گله‌های گاو شیری به منظور بررسی علت بهره‌وری پایین تولیدمثلی در آنها نشان می‌دهد مشکلات در یکی از این سه زمینه متمرکز شده است: انتظار طولانی پس از زایمان برای اولین تلقیح، کارایی پایین در تشخیص به موقع فحلی (فحلی‌های از دست رفته) و نرخ گیرایی پایین (۶). مشکلات تولیدمثلی از جمله عدم باروری و نرخ گیرایی پایین از مهمترین عوامل حذف اجباری (۲۰-۳۰٪) در گله است (۱). چالش شناسایی عوامل موثر در کارایی پایین تولیدمثلی منجر شده تا رکودی چشمگیر در نرخ گیرایی و باروری گاوها به ویژه گاوهای پرتولید ایجاد شود؛ که تنها پس از شناسایی این عوامل می‌توان تغییرات را به نحوی مدیریت کرد که منجر به بهبود بهره‌وری و تولید مثل گله و نهایتاً سودآوری آن شود. گاوی از لحاظ باروری در شرایط مطلوبی می‌باشد که در یک زمان مناسب پس از زایش فحلی را بروز دهد و با حداقل تعداد تلقیح آبستن گردد (۲، ۳). در دهه‌های گذشته بیشترین توجه در برنامه‌های اصلاح نژادی بر روی تولید شیر بوده است؛ که به دلیل وجود همبستگی ژنتیکی

نامطلوب بین صفات تولیدمثلی و تولید شیر سبب کاهش در باروری گاوهای شیری گردیده است. اثرات عملکرد نامطلوب باروری شامل، افزایش فاصله گوساله‌زایی، افزایش حذف اجباری و افزایش هزینه‌های جایگزینی در نهایت باعث کاهش سودآوری گله می‌گردد (۵). هدف این مطالعه برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفت نرخ گیرایی و دیگر صفات تولیدی و تولیدمثلی مرتبط با آن در گاوهای شیری هلشتاین می‌باشد.

مواد و روش‌ها

جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مرتبط با نرخ گیرایی تعداد ۱۷۰۱۷۲ رکورد مربوط به ۶۶۰۷۴ گاو ماده در شکم‌های ۲ تا ۶ (تلیسه‌ها در آنالیز لحاظ نشدند) که طی سالهای ۱۳۵۷ تا ۱۳۸۷ در ۶۲ گاو‌داری وابسته به تعاونی کشاورزان و دامپروران صنعتی وحدت جمع‌آوری گردیده. استفاده شد. صفات باروری و تولیدی که در این مطالعه مورد بررسی قرار گرفت شامل: فاصله زایش تا اولین تلقیح، تعداد روزهای باز، فاصله گوساله‌زایی، تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی، موفقیت در اولین تلقیح، نرخ گیرایی، تعداد روزهای شیردهی و میزان شیر تولیدی ۳۰۵ روز است. ویرایش داده‌ها به صورت زیر انجام گرفت: فاصله زایش تا اولین تلقیح در محدوده ۳۰ تا ۲۵۰ روز در نظر گرفته شد. تعداد روزهای باز کمتر از ۳۰ روز و بیشتر از ۳۳۰ روز از فایل داده‌ها حذف شدند. حداقل فاصله گوساله‌زایی ۳۰۰ و حداکثر ۶۰۰ در نظر گرفته شد. تعداد تلقیح‌های مورد نیاز برای هر آبستنی اگر بیش از ۱۰ تلقیح بود، برابر ۱۰ در نظر گرفته شد. برای صفت موفقیت در اولین تلقیح، اگر گاو با اولین تلقیح آبستن شده بود کد ۱ و در غیر این صورت کد صفر منظور شد. تعداد روزهای شیردهی در محدوده ۵ تا ۳۰۵ روز در نظر گرفته شد و تولید شیر کمتر از ۱۵۰۰ کیلوگرم و بیشتر از ۱۲۰۰۰ کیلوگرم نیز از فایل داده‌ها حذف شدند. در نهایت صفت نرخ گیرایی به صورت فرمول (تعداد دفعات تلقیح در هر آبستنی / ۱) مورد محاسبه قرار گرفته شد.

آنالیز ژنتیکی

مدل آماری زیر جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی استفاده گردید:

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

- y صفت مورد نظر، b بردار اثرات ثابت مدل شامل گله-سال- فصل تولد و شکم زایش برای تمام صفات، اثر گله-سال تلقیح، ماه اولین و آخرین تلقیح برای صفات نرخ گیرایی، تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی و موفقیت در اولین تلقیح و نیز اثر گله-سال- فصل زایش برای صفات تعداد روز شیردهی و شیر تولیدی ۳۰۵ روز است. همچنین به عنوان متغیر کمکی سن اولین تلقیح در هر شکم و سن زایش می‌باشد. a اثر ژنتیکی افزایشی؛ p اثر محیطی دایم؛ e اثر باقی مانده؛ X ، Z و W ماتریس ضرایب که رکوردها را به اثرات مرتبط می‌کنند. لازم به ذکر است، وجود اثرات محیطی دائم در مدل برای صفات فاصله زایش تا اولین تلقیح و فاصله گوساله‌زایی معنی‌دار نشد ($X^2 > 0.001$). با استفاده از رویه GLM نرم افزار SAS عوامل ثابت موثر بر تمامی صفات شناسایی شد. پارامترهای ژنتیکی با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) با استفاده از نرم افزار DMU (۶) برآورد شدند. همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات مطرح شده و نرخ گیرایی از طریق آنالیز دو صفت با استفاده از مدل حیوانی برآورد گردید.

نتایج و بحث

وراثت‌پذیری‌ها، همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفت نرخ گیرایی و دیگر صفات تولیدمثلی و تولیدی مرتبط با آن در جدول ۱ نشان داده شده است. به طور کلی وراثت‌پذیری‌های برآورد شده برای صفات باروری پایین‌تر از صفات تولیدی بود.

دامنه وراثت پذیری‌ها از ۰/۰۱۷ برای صفت موفقیت در اولین تلقیح تا ۰/۰۷۶ برای صفت روزهای باز بود. مقادیر برآورد شده در جدول ۱ مشابه با گزارشات منتشر شده توسط سایر محققین می‌باشد (۲، ۳). به طور کلی می‌توان در مورد صفات تولیدمثلی اینگونه بیان کرد وراثت پذیری برآورد شده برای صفات فاصله‌ای و طبقه‌ای بیشتر از صفات باینری می‌باشد.

همبستگی ژنتیکی بین صفت نرخ گیرایی و تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی، نزدیک به یک برآورد شد ($p < ۰/۰۰۱$). در واقع صفت تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی به شدت با گیرایی و توانایی گاو برای آبستن شدن پس از زایش مرتبط می‌باشد. همبستگی بالا بین صفت نرخ گیرایی و روزهای باز بیانگر وابسته بودن گیرایی به نحوه عملکرد حیوان به منظور بازگشت به فحلی است (۴). صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح با جنبه توانایی گاو برای برگشت به فحلی بلافاصله پس از زایش مرتبط است. مطالعات نشان می‌دهد نرخ گیرایی در فاصله ۶۰ تا ۷۰ روز پس از زایش افزایش می‌یابد و تا حدود ۱۰۰ روز پس از زایش همچنان باقی است؛ این روندی که در نرخ گیرایی دیده می‌شود عامل وجود همبستگی ضعیف منفی بین این صفت و صفت فاصله زایش تا اولین تلقیح است. همبستگی ژنتیکی بین صفت نرخ گیرایی و تولید شیر مبین وجود رابطه آنتاگونیستی بین این صفات می‌باشد. که به ویژه این رابطه در اوایل دوره شیردهی زمانی که حیوان با تعادل منفی انرژی روبه رو است، بیشتر می‌باشد. انتخاب هرچه بیشتر در جهت صفات تولیدی منجر به کاهش نرخ گیرایی می‌شود (۱).

جدول ۱. برآوردهای وراثت‌پذیری صفات تولیدی و تولیدمثلی و همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی آن‌ها با صفت نرخ گیرایی (خطای معیار)

همبستگی فنوتیپی	همبستگی محیطی دایم	همبستگی ژنتیکی	وراثت پذیری	صفات
-	-	-	۰/۰۳۳ (۰/۰۰۳)	نرخ گیرایی
۰/۱۲*	-	-۰/۲۵ (۰/۰۸۳۲)*	۰/۰۵۵ (۰/۰۰۶)	فاصله زایش تا اولین تلقیح
-۰/۵۵*	-۰/۹۱۶ (۰/۰۱۶۸)*	۰/۵۹۲ (۰/۰۴۲۶)*	۰/۰۷۶ (۰/۰۰۳)	روزهای باز
-۰/۸۱۹*	-۰/۹۸۲ (۰/۰۰۵۸)*	-۰/۹۱۶*	۰/۰۵۸ (۰/۰۰۳)	تعداد دفعات تلقیح به ازای هر آبستنی
-۰/۹۴*	-۰/۹۹۱ (۰/۰۰۳۴)*	-۰/۹۷۴*	۰/۰۱۷ (۰/۰۰۲)	موفقیت در اولین تلقیح
-۰/۰۹۲*	-	-۰/۵۲۱*	۰/۰۷۴ (۰/۰۰۴)	فاصله گوساله‌زایی
۰/۰۶۸*	۰/۳۲۵ (۰/۰۱۱۶)*	-۰/۳۰۸*	۰/۱۶۶ (۰/۰۰۷)	تعداد روزهای شیردهی
-۰/۱۰۸*	-۰/۲۹۹ (۰/۰۶۵۶)*	-۰/۶۸۸*	۰/۲۶۶ (۰/۰۰۹)	شیر تولیدی

* معنی داری در سطح احتمال ۰/۱ درصد ($p < ۰/۰۰۱$)

نتایج این مطالعه نشان می‌دهد صفات تولیدمثلی نباید به تنهایی مبنای انتخاب ژنتیکی جهت بهبود باروری حیوان واقع شوند. با توجه به اینکه صفت نرخ گیرایی، یک صفت پیچیده بوده و تحت تأثیر عوامل زیادی قرار می‌گیرد بنابراین به منظور بهبود باروری حیوان باید این صفت در ترکیب با صفات تولیدی و تولیدمثلی قرار گرفته شود.

منابع

1. Biochard, D., E. Manfredi. 1994. Genetic Analysis of conception rate in French Holstein cattle. *Acta Agric. Scand.* 44: 138-145.
2. Ghiasi, H., A. Pakdel, A. Nejati Javaremi, H. Mehrabi Yeganeh, M. Honarvar, O. Gonzalez-Recio, M. J. Carabano, R. Alenda. 2011. Genetic variance components for female fertility in Iranian Holstein cows. *Livest. Sci.* 139: 277-280.
3. Gonzalez-Recio, O., R. Alenda. 2005. Genetic parameters for female fertility traits and fertility index in Spanish dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 88: 3282-3289.
4. Jamrozik, J., J. Fatehi, G. J. Kistemaker, L. R. Schaeffer. 2005. Estimates of genetic parameters for Canadian Holstein female reproduction traits. *J. Dairy Sci.* 88: 2199-2208.
5. Liu, Z., J. Jaitner, E. Pasman, S. Rensing, F. Reinhardt, R. Reents. 2007. Genetic evaluation of fertility traits of dairy cattle using a multiple-trait model. *Interbull Bull.* 37: 134 – 139.
6. Madsen, P., J. Jensen. 2002. An user's guide to DMU. A package for analyzing multivariate mixed models. Version 6. Release 4.4. Danish Institute of Agricultural Sciences, Tjele, Denmark.
7. Schefers, J. M., K. A. Weigel, C. L. Rawson, N. R. Zwald, N. B. Cook. 2010. Management practices associated with conception rate and service rate of lactating Holstein cows in large, commercial dairy herds. *J. Dairy Sci.* 93: 1459-1467.

Estimation of genetic and non-genetic factors for production and reproduction traits influence conception rate in Holstein cows

Neda Nouri Naeini¹, Mohammad-Ali Edriss², Saeid Ansari Mahyari²

¹ Student of Master degree in Genetics and Animal breeding

² Members of Scientific Board of Animal Science, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology

n.nouri.naeini@gmail.com

Abstract

Linear animal model was used to estimate (co)variance components and genetic parameter for conception rate and traits related to. The traits included are: days to first service (DFS), open days (OD), number of insemination to conception (INS), success to first insemination (SF), calving interval (CI), days in milk (DIM) and milk yield over 305-d lactation (MY). A total of 170172 records in parity 2 to 6 from 66074 cows from 1978 to 2008 were used. With use of GLM procedure in SAS software (9.2) fixed effects that be effected of these traits were

identified. Bivariate linear models were used in the Restricted Maximum Likelihood (REML) method with DMU software to estimate genetic parameters. Estimated heritabilities for reproductive traits were low (below 0.1); also estimated genetic variance component was the lowest for success in first insemination (0.004 ± 0.0005) and was the highest for number of insemination per conception (161.87 ± 17.83) among these traits. Estimated heritabilities for reproductive traits were higher than milk yield over 305-d lactation. Genetic correlations estimated between conception rate and fertility traits were more than milk yield. The results from current study showed that conception rate is a complex trait that highly affected by production traits and milk yield, therefore several measurements related to fertility and production traits should be combined for selection purposes.

Keywords: Genetic variance component - Conception rate - Reproductive performance - Holstein dairy cows

بررسی فواصل اطمینان مختلف موقعیت QTL بدست آمده از روش های تجزیه متفاوت

غزاله مهاجری^۱، شکوفه غضنفری^{۲*}

^۱ دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه علوم دام و طیور، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران، ^۲ استادیار گروه علوم دام و طیور، پردیس

ابوریحان، دانشگاه تهران

*نویسنده مسئول: شکوفه غضنفری، تهران، دانشگاه تهران، دانشکده کشاورزی پردیس ابوریحان، گروه علوم دام و طیور،

shghazanfari@ut.ac.ir

چکیده

امروزه نقشه های ژنتیکی و نشانگرهای ژنتیکی متعدد برای اکثر موجودات در دسترس می باشد بنابراین نقشه یابی QTL^{۶۸} به کمک نشانگرها مورد توجه قرار گرفته است. روش های آماری مختلفی برای نقشه یابی ارائه شده است. با وجود این که این روش ها در عمل بسیار خوب بودند اما روش صریح و روشی برای محاسبه فواصل اطمینان ندارند. به دلیل این که فاصله اطمینان در کاربرد نتایج و یا تحقیقات بعدی بسیار مهم می باشد در این مطالعه به بررسی برخی عوامل آزمایشی بر روی فواصل اطمینان های مختلف بدست آمده از چند روش آماری پرداخته شده است. در این مطالعه نشان داده شد که میانگین فواصل اطمینان صحیح (MACI) تحت تاثیر اثر QTL، فاصله مارکری، اندازه جمعیت، موقعیت نسبی QTL و نسبت اثر افزایشی به غالبیت قرار می گیرد ولی درصد فواصل اطمینان صحیح (PACI)، بجز روش فواصل مطمئن بیزی در روش مکانیابی رگرسیون مارکری، کمتر تحت تاثیر عوامل قرار گرفتند. فاصله مطمئن بیزی در روش رگرسیون فقط موقعی که QTL در روی مارکر قرار داشت با بقیه روش ها هماهنگی داشت. در نهایت با توجه به PACI و MACI روش فاصله اطمینان ۱ LOD پشتیبان در روش های مختلف بهترین نتایج را ارائه می کردند.

واژگان کلیدی: فاصله اطمینان - مکانیابی QTL - روش های آماری

مقدمه

امروزه نقشه های ژنتیکی برای اکثر موجودات اعم از گیاهان و جانوران در دسترس می باشد. برای نقشه یابی QTL روش های تجزیه ای مختلفی ارائه شده است (۱ و ۳). بسیاری از روش ها برای اولین بار برای تجزیه QTL در حال تفرق در جمعیت تلاقی های بین لاین های خالص و یا تلاقی بین لاین های ناخالص ارائه گردیده است (۲). خیلی از این روش ها در آزمایش و در عمل نتایج خوبی ارائه دادند. اکثر روش های مورد استفاده در مکانیابی روش حداکثر درست نمایی و روش رگرسیونی بودند. روش های مذکور روش صریح و روشی برای محاسبه فواصل اطمینان ندارند. در هر یک از این روش ها می توان به طرق مختلف فاصله اطمینان را محاسبه نمود.

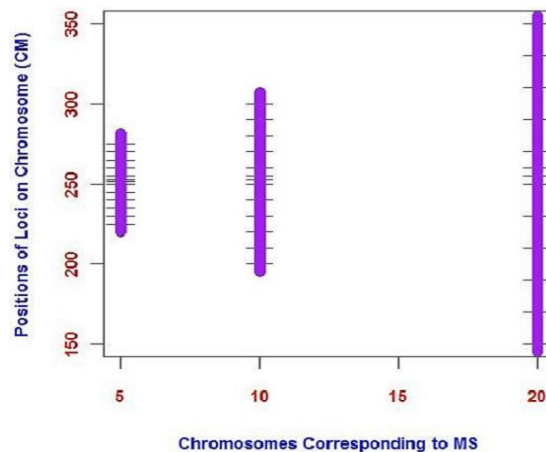
فاصله اطمینان در مطالعات کاربردی بسیار مهم می باشد بطوری که روند تحقیقات آینده را تحت تاثیر قرار خواهد داد. برای مثال در فواصل اطمینان زیاد تحقیقات دقیق تر برای موقعیت دقیق QTL الزامی می باشد. در صورت بدست آمدن فاصله اطمینان کم می توان با یافتن مارکر پیوسته به QTL از آن برای انتخاب و یا دخول ژن استفاده نمود. بطوری که می توان از هاپلوטיפ مارکرهای دهنده در محدوده فاصله اطمینان برای پیش بینی آلل QTL استفاده می شود.

⁶⁸ Quantitative Trait Loci

برای بررسی تاثیر شرایط آزمایش بر روی فواصل اطمینان حاصل از روش های مختلف محاسبه فاصله اطمینان در هر یک از روش های تجزیه ، این تحقیق صورت گرفته است. از چهار روش حداکثر درست نمایی، رگرسیونی هالی - نات، رگرسیونی هالی - نات بسط یافته و رگرسیون مارکر برای مکانیابی استفاده گردید و در هر کدام از روش های مکانیابی به سه طریق ۱ LOD پشتیبان، ۱/۵ LOD پشتیبان و روش فاصله مطمئن بیزی برای محاسبه فاصله اطمینان استفاده گردید. در این مطالعه شرایط مختلف آزمایشی برای فواصل اطمینان بدست آمده بررسی گردید.

مواد و روش ها

در این مطالعه شبیه سازی یک کروموزوم بدست آمده از تلاقی بین لاین های همخون برای افراد F_2 برای مکانیابی استفاده گردید. در هر یک از لاین ها آلل های متفاوتی در جایگاه های نشانگر و QTL تثبیت شده بودند. در هر یک از جمعیت های آلل های مختلف در جایگاه های آن تثبیت شده بود. در این مطالعه ۳ سطح فاصله مارکری ۵، ۱۰ و ۲۰ سانتی مورگان در تشکیل سناریوها در نظر گرفته شد. طول کروموزوم مطابق شکل ۱ بسته به فاصله مارکری اندازه فاصله بین مارکرها متفاوت بود، طول کروموزوم در فاصله مارکری ۵ سانتی مورگان، ۵۰ سانتی مورگان و در فاصله های ۱۰ و ۲۰ سانتی مورگان، به ترتیب ۱۰۰ و ۲۰۰ سانتی مورگان بود. در همه سناریوها یک کروموزوم در میانه کروموزوم و بر روی مارکر یا یک چهارم فاصله مارکری دورتر از مارکر و یا دقیقاً بین دو مارکر (نصف فاصله مارکری دورتر از مارکر) قرار داشت. اندازه های جمعیت ۳۰۰، ۶۰۰ و ۹۰۰ و انحراف استاندارد QTL ۰/۲، ۰/۵ و ۰/۸ و همچنین نسبت انحراف استاندارد افزایشی به غالبیت ۰/۲۵، ۰/۵ و ۰/۷۵ در نظر گرفته شد. در مجموع ۲۴۳ سناریوی مختلف مورد بررسی قرار گرفت. در تهیه فنوتیپ علاوه بر اثرات افزایشی و غالبیت در جایگاه QTL یک اثر تصادفی دارای توزیع نرمال با انحراف معیار ۱ و میانگین صفر نیز حضور داشت.



شکل ۱- اندازه های کروموزوم در فواصل مارکری مختلف و جایگاه های نشانگری و QTL روی آنها

برای مکانیابی QTL در جمعیت F_2 مورد بررسی از چهار روش مختلف استفاده گردید، که شامل روش حداکثر درست نمایی، روش رگرسیونی هالی - نات، روش رگرسیونی هالی - نات بسط یافته و روش رگرسیون مارکر بود. مکانیابی QTL با استفاده از پکیج R/qtl در نرم افزار R صورت گرفت. در روش مکانیابی حداکثر درست نمایی یا روش استاندارد مکانیابی فاصله ای، پکیج مورد استفاده از الگوریتم EM برای برآورد پارامترهای مربوط به تجزیه استفاده می نماید. با استفاده از این روش LOD برای تمام نقاط ژنوم مورد بررسی محاسبه گردید. روش رگرسیونی هالی - نات و نوع بسط یافته آن نیز نوعی مکانیابی فاصله ای می باشد که تقریب بسیار خوبی از روش استاندارد می باشد. در این روش ها با محاسبه احتمال شرطی ژنوتیپ QTL

بر ژنوتیپ نشانگر تجزیه صورت می گیرد. در این روش ها نیز LOD برای تمام نقاط کروموزوم مورد بررسی قابل محاسبه می باشد. روش رگرسیون مارکر ساده ترین روش مکانیابی می باشد که در آن هر کدام از مارکرها به طور مستقل مورد بررسی قرار می گیرند. در این روش با استفاده از لگاریتم نسبت نمایی فرض های حضور و یا عدم حضور را در مدل کامل و مدل ناقص بررسی می شود. هر کدام از سناریوها به تعداد ۱۰۰ مرتبه تکرار گردید و در هر تکرار اگر حداکثر LOD بر روی کروموزوم بزرگتر از ۳ بود به عنوان تکرار معنی دار در نظر گرفته شد و در غیر اینصورت به عنوان تکرار غیر معنی دار بود و حذف گردید. در هر کدام از روش های مکانیابی سه روش محاسبه فاصله اطمینان QTL شامل ۱ و ۱/۵ LOD پشتیبان و همچنین روش فاصله مطمئن بیزی مورد استفاده قرار گرفت. در روش های LOD پشتیبان از میزان LOD محاسبه شده برای نقاط کروموزوم میزان فاصله اطمینان محاسبه می گردد. در روش فاصله مطمئن بیزی نیز از توزیع پسین LOD در سطح ژنوم برای محاسبه فاصله استفاده می گردد.

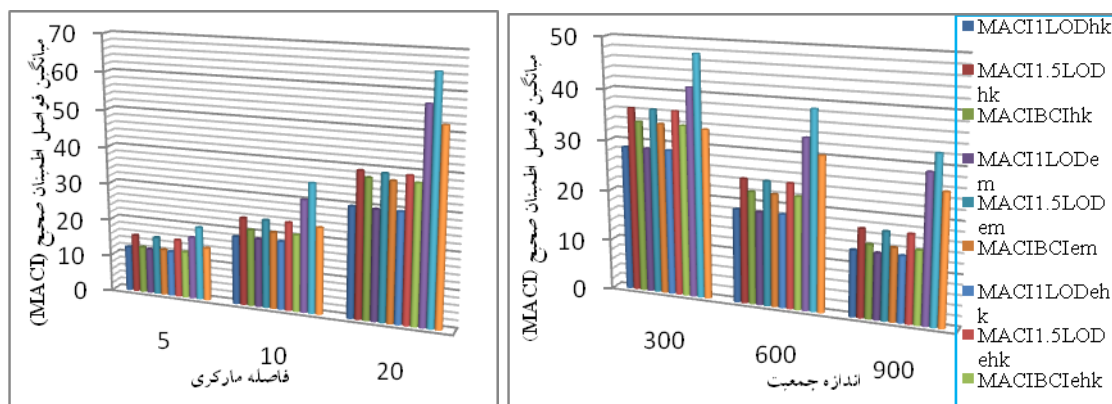
در بررسی فاصله اطمینان، میانگین فواصل اطمینان صحیح (MACI) و در صد فواصل اطمینان صحیح (PACI) با استفاده از فرمول های زیر محاسبه گردید. برای بدست آوردن فاصله اطمینان از ۲۰۰ سانتی مورگان فواصل اطمینان بدست آمده از سناریوهای دارای ۵ سانتی مورگان فاصله مارکری در ۴ و سناریوهای دارای فاصله مارکری ۱۰ ضرب در ۲ شد.

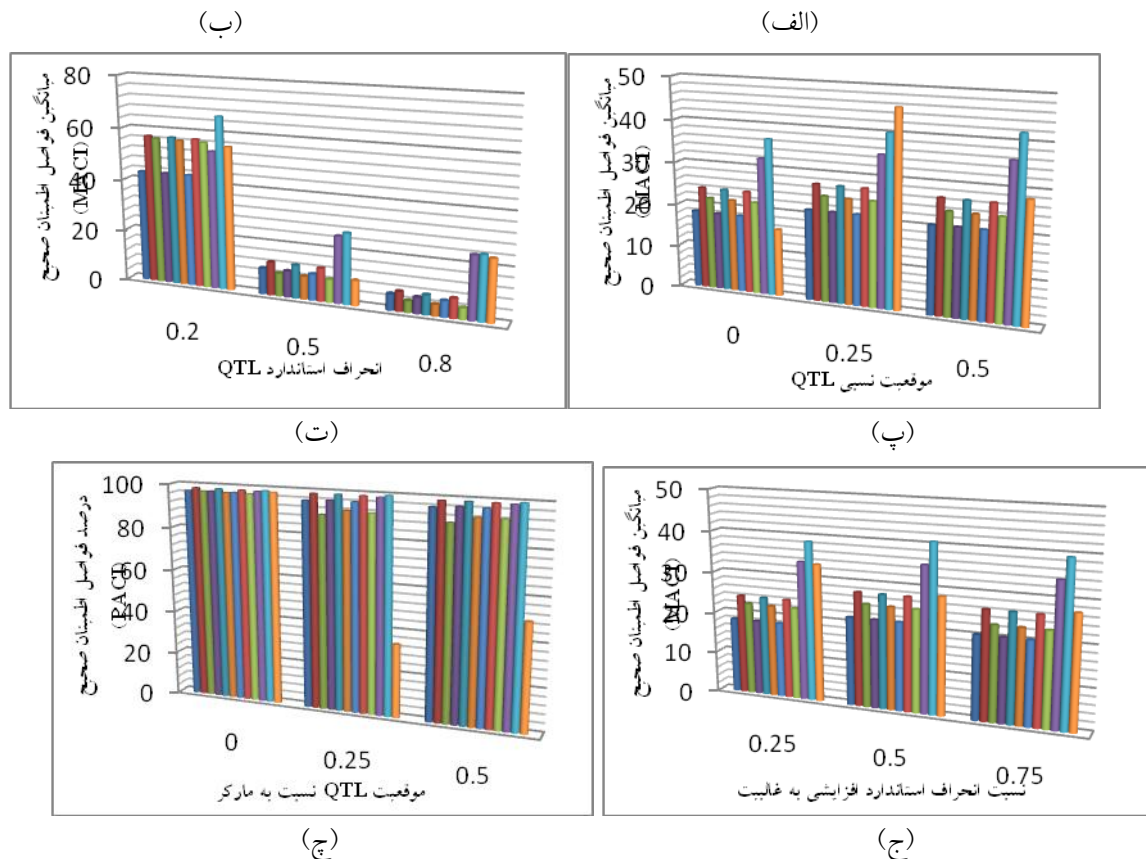
$$MACI = \frac{\text{مجموع اندازه فواصل اطمینان صحیح}}{\text{تعداد تکرارهای معنی دار برای هر سناریو}} \quad PACI = \frac{\text{تعداد حدود اطمینانهای صحیح}}{\text{تعداد تکرارهای معنی دار برای هر سناریو}}$$

فواصل اطمینان صحیح: فواصل اطمینان بدست آمده از تکرارهای معنی دار

نتایج و بحث

این آزمایش نشان داد که افزایش اندازه جمعیت، کاهش فاصله مارکری، افزایش اندازه انحراف استاندارد اثر QTL، قرار گرفتن QTL بر روی نشانگر و همچنین کاهش نسبت اثر افزایشی باعث کاهش MACI می گردد (شکل ۲ الف تا ج). به دلیل این که در این آزمایش کلیه تکرارهای معنی دار استفاده شده است اکثر روش های فواصل اطمینان بدست آمده از کلیه سناریوها بجز PACI بیزی بدست آمده از روش رگرسیون مارکر، در صد فواصل اطمینان صحیح نزدیک به ۱۰۰٪ بود. در همه موارد MACI بیزی و ۱/۵ LOD پشتیبان بیشتر بود و از طرف دیگر PACI در روش ۱/۵ LOD پشتیبان از همه بیشتر بود. در کل با توجه به MACI و PACI روش ۱ LOD پشتیبان حاصل از همه روش ها پیشنهاد می گردد. PACI بیزی روش رگرسیون مارکر، هنگامی که QTL بر روی مارکر قرار داشت با بقیه روش ها برابری می کرد (شکل ۲ چ). با توجه به PACI و MACI بدترین حالت محاسبه با روش بیزی در روش رگرسیون مارکر بود.





شکل ۲: تاثیر اصلی برخی پارامترها بر MACI و PACI بدست آمده از روشهای مختلف

1.5 LOD، 1 LOD و BIC مربوط به فاصله اطمینان بدست آمده از روش ۱ و ۱/۵ LOD پشتیبان و روش بیزی می باشد. ehk.em.hk و mr به ترتیب مربوط به روش هالی-نات، حداکثر درست نمایی، هالی-نات بسط یافته و رگرسیون مارکر می باشد.

منابع

1. Haley C and Knott S. 1992. A simple regression method for mapping quantitative trait loci in line crosses using flanking markers. *Heredity*, 69: 315-324.
2. Haley, C.S., Kwrr, S.A. and Elsen, J.-M. 1994. Mapping quantitative trait loci in crosses between outbred lines using least squares. *Genetics*, 136: 1195-1207.
3. Lander, E.S., and Botstein, D.B. 1989. Mapping mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. *Genetics*, 121: 185-199.

Consideration of Some Confidence Intervals of QTL Position Obtained from Different Methods of Analysis

Ghazaleh Mohajeri, Shokoufe Ghazanfari

Department of Animal and Poultry Sciences, University of Tehran, Aburaihan campus

shghazanfari@ut.ac.ir

Abstract

Availability of genetic maps and different genetic markers encouraged marker assisted quantitative trait loci (QTL) mapping. Many statistical methods presented for QTL mapping. But in practice these methods have no straight forward calculation of Confidence Interval (CI). As CI is important to application of the results or further research, this study conducted for consideration of some parameters on CIs obtained for different methods. This study shows that Mean of Accurate CI (MACI) affected by QTL effect, marker space, population size, relative position of QTL and ratio of additive to dominance. But percent of accurate CI (PACI), except Bayesian credible interval obtained from marker regression method, lower affected by the parameters. Only at the time that QTL was on the marker Bayesian credible interval obtained from marker regression was comparable with other methods. In total, respecting to MACI and PACI, CI obtained from 1 LOD support interval was better than other methods.

Key Words: Confidence Interval- QTL Mapping – Statistical Method

بررسی امتیاز بندی تیپ پستان و اهمیت آنها در برآورد شیر روزانه نژاد قزل و دورگ ها قزل-آرخارمرینوس و مغانی

آرخارمرینوس

سعادت صادقی^{۱*}، سید عباس رافت^۲، حامد نعمت نژاد^۳، محمد رضا بحرینی بهزادی^۴، مصطفی محقق^۵

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام دانشگاه تبریز ۲- دانشیار گروه علوم دامی دانشگاه تبریز ۳- دانشجوی

کارشناسی علوم دامی دانشگاه تبریز ۴- اعضاء هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه یاسوج

* نویسنده مسئول: سعادت صادقی (ssadegi42@yahoo.com)

چکیده

این آزمایش بمنظور بررسی امتیازبندی تیپ پستان و تاثیر آن بر تولید شیر روزانه نژاد خالص قزل و دورگ ها قزل-آرخارمرینوس و مغانی ارخارمرینوس صورت گرفت. در این تحقیق ۴۱ گوسفند از سه گروه ژنتیکی ذکر شده در طی سه دوره ی از شیردهی (اوایل، اواسط و اواخر شیردهی) رکورد برداری تیپ پستان ثبت شد. برای تجزیه تحلیل داده های تیپ پستان از رویه Mixed و برای برآورد تولید شیر روزانه از طریق صفات تیپ از رویه Regg نرم افزار آماری SAS ۹٫۱ استفاده شد. در بین صفات تیپ پستان کمترین دامنه تغییرات مربوط به محل قرار گرفتن سرپستانک ها بود. میانگین عمق پستان در نژاد قزل نسبت به دورگ های قزل-آرخارمرینوس و مغانی ارخارمرینوس بیشتر و تفاوت بسیار معنی داری مشاهده شد ($P < 0/001$). مرحله شیردهی اثر معنی دار ($P < 0/001$) روی عمق پستان، شکل پستان و طول سرپستانک های داشت. موقعیت سرپستانک ها از مهمترین صفات مورفولوژیکی برآورد کننده ی مقدار شیر روزانه در قزل و دورگ های مغانی ارخارمرینوس بود. نتایج نشان می دهد که در نژاد قزل صفات وابسته به سرپستانک نسبت به سایر صفات عملکرد شیردهی را بیشتر تحت تاثیر قرار می دهند. کلمات کلیدی: قزل-عمق پستان- سرپستانک- تیپ پستان

مقدمه

در سال های اخیر بهبودهای صورت گرفته در مورفولوژی پستان باعث بهبود دوشش توسط ماشین شیردوشی شده است. پیشرفت های تکنولوژی و استفاده از دستگاه های شیردهی باعث دانستن ضرورت رابطه بین صفات مورفولوژیکی و اهمیت آنها در تولید شیر و تحقیق برای بهبود صفات تیپ پستان در گوسفند گردیده است (۹). فهم بهتر مورفولوژی بطور همزمان بهبود برنامه های اصلاحی در گوسفند را در پی خواهد داشت (۴). برنامه های اصلاح نژاد پیشین همواره متمرکز بر صفات تولیدی بودند این در حالی است صفات تولیدی ممکن است بطور منفی روی صفات تیپ پستان تاثیر منفی در پی داشته باشند و با تغییرات منفی در اندازه سرپستانک ها باعث کاهش بازده دستگاه شیردوشی و در نتیجه افزایش بیماری و همچنین کاهش طول عمر اقتصادی حیوان را در پی داشته باشند. بنابراین توجه به صفات تیپ پستان مقدمه ای برای طرح های اصلاحی در گوسفندان شیری می باشد و این بهبود می تواند زمینه ساز سازگاری گوسفند به دستگاه های شیردوشی ماشینی باشد (۵). بعلاوه این صفات مورفولوژیکی تعیین کننده ی اصلی در توانایی شیردهی می باشند مهمترین صفات در امر پرورش گوسفندان شیری می باشند (۵) در کشورهای ایتالیا و فرانسه ارزیابی صفات تیپ پستان فقط روی گوسفندان شکم اول صورت می گیرد و برای مقایسات صفات پستان از نمره دهی ۹-۱ استفاده می شود. (۲). ارزیابی صفات تیپ پستان در طی دوره ی شیردهی می تواند بطور معنی داری پاسخ های ژنتیکی مثبتی را در پی داشته باشد. با توجه به اینکه هزینه ی درمان در نشخوارکننده گان کوچک زیاد است و بیماری های هایی از قبیل ورم پستان در دام های کوچک سالیانه ۵ درصد از گله را دچار می کند، در نتیجه با در نظر گرفتن این ویژگی های

منفی، باید توجه ویژه به صفات مورفولوژی پستان و اصلاح این صفات انجام داد (۱). هدف از این تحقیق ارزیابی صفات تیپ پستان و اهمیت آنها در تخمین شیر روزانه در گوسفندان نژاد قزل و دورگ ها قزل-آرخارمرینوس و مغانی ارخارمرینوس است.

مواد و روش ها

این تحقیق در ایستگاه تحقیقاتی بخش دامپروری خلعت پوشان وابسته به دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز صورت گرفت و حدود ۴۱ گوسفند زایش اول و دوم از نژاد قزل (۱۱ راس) و دورگ ها قزل-آرخارمرینوس (۱۵ راس) و مغانی ارخارمرینوس (۱۵ راس) مورد استفاده قرار گرفت. در طی سه دوره زمانی از دوره شیردهی (هفته ۲، هفته ۱۱ و ۲۳) رکورد برداری از تیپ پستان و همچنین شیر روزانه با کمک دستگاه شیردهی انجام گرفت. نحوه رکورد برداری از تیپ پستان با کمک عکس از نمای پشت و جانبی حیوان گرفته شد و سپس با کمک پروتکل ارایه شده توسط دی ال فونته و همکاران (۱۹۹۶) و یوگارا (۲۰۰۷) مورد نمره دهی (۹-۱) قرار گرفت. صفات تیپ پستان شامل: عمق پستان (UD)، عمق مخزن چپ و راست (بترتیب LCD و RCD)، جایگاه سرپستانک ها (TP)، طول سرپستانک (TL)، طول اتصال پستان به بدن (UA)، شکل پستان (US)، موقعیت عرضی و طولی نمای جانبی سرپستانک ها (بترتیب LTP و LD) مورد ارزیابی قرار گرفت. برای تجزیه تحلیل داده های تیپ پستان از رویه Mixed و برای برآورد تولید شیر روزانه از طریق صفات تیپ از رویه Regg نرم افزار آماری SAS 9.1 استفاده شد. مدل آمای برای صفات تیپ پستان به صورت زیر می باشد.

$$Y_{ijklm} = \mu + B_i + S_j + An_k + B_i \times S_j + B_i \times P_l + e_{ijklm}$$

Y_{ijklm} = صفت وابسته، μ = میانگین، B_i = اثر ثابت گروه ژنتیکی ($i=1,2,3$)، S_j = اثر ثابت هفته شیردهی ($j=1,2,3$)، An_k = اثر تصادفی حیوان، $B_i \times S_j$ = اثر متقابل گروه ژنتیکی و هفته شیردهی، P_l = اثر ثابت شکم زایش ($l=1,2$)، $B_i \times P_l$ = متقابل گروه ژنتیکی و شکم زایش و e_{ijklm} = اثر خطای تصادفی

نتایج و بحث

با توجه به جدول ۱، تفاوت معنی داری بین امتیاز عمق پستان نژاد قزل (۳/۰۹) با دورگهای قزلآرخارمرینوس (۲/۵۵) و مغانی ارخارمرینوس (۲/۷) وجود داشت ($P < 0/05$). دلیل این امر می تواند شیری بودن نژاد قزل باشد چون ارتفاع پستان یک عامل مهم در تولید شیر است و همچنین در دورگ ها به علت تلاقی با نژاد پشمی آرخارمرینوس، این صفت کاهش پیدا کرده است. هفته ی شیردهی اثر معنی دار روی تمام صفات تیپ بجز موقعیت عرضی سرپستانک ها از نمای جانبی داشت ($P < 0/05$). بترتیب کمترین و بیشترین زاویه بین سرپستانک ها و طول اتصال پستان به بدن مربوط به نژاد قزل بود. دلیل کاهش ارتفاع پستان در طی دوره ی شیردهی کاهش تولید شیر و شیب منفی نمودار منحنی تولید شیر است. با نزدیک شدن به انتهای دوره ی شیردهی، مکانیسم ترشح شیر به علت نزدیکی به دوره ی خشکی کاهش و اندازه ی پستان کم می شود و ارتفاع و طول پستان کاهش می یابد (۲). مارتینز و همکاران (۲۰۱۰) گزارش کردند که مرحله ی شیردهی (۱۵، ۴۵، ۷۵، ۱۰۵ روزگی) اثر معنی داری ($P < 0/05$) روی عمق پستان و طول سرپستانک ها داشتند ولی اثر معنی داری روی موقعیت قرار گرفتن سرپستانک ها از هم نداشتند. گاجا و همکاران (۲۰۰۰) گزارش کردند که مرحله ی شیردهی (اوایل، اواسط و اواخر دوره ی شیردهی) اثر معنی داری روی امتیاز طول سرپستانک و عمق پستان در نژادهای ماچدا و لاکون دارد ($P < 0/05$). مک کاسیک و همکاران (۲۰۰۳) برای گوسفندان فریزین شرقی اثر معنی داری

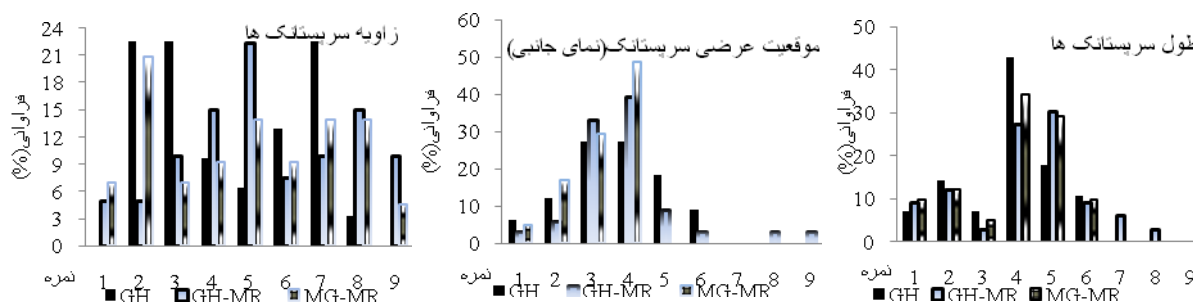
($P < 0.05$) برای تأثیر مرحله‌ی شیردهی (اوایل و اواسط شیردهی) روی ارتفاع پستان گزارش نکردند. مارتینز و همکاران (۲۰۱۱) گزارش کردند که نژاد روی ارتفاع پستان اثر معنی داری دارد.

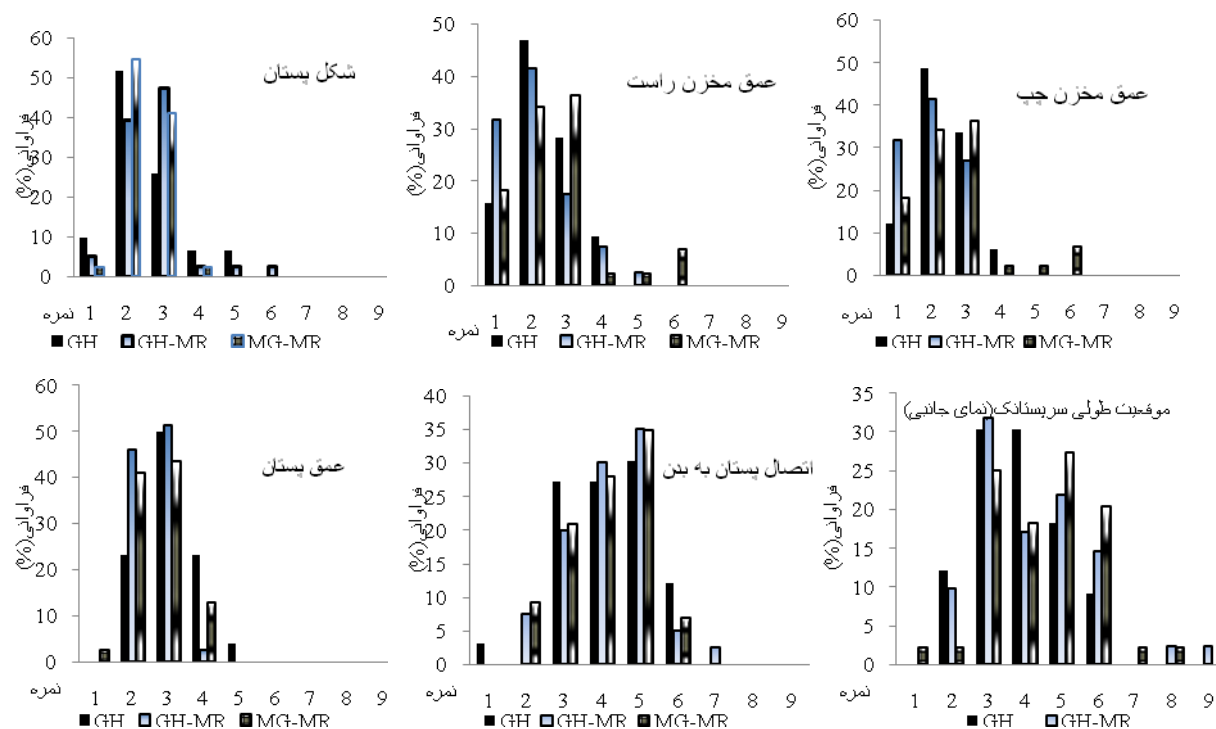
جدول ۱- حداقل میانگین مربعات صفات تیپ پستان به تفکیک گروه ژنتیکی و هفته‌ی شیردهی

میانگین									گروه ژنتیکی
LD	UA	LCD	RCD	US	LTP	TP	TL	UD	
۳/۸ ^a	۴/۱۸	۲/۳۴ ^{ab}	۲/۳۳	۳/۶۴	۳/۶۴ ^{ab}	۴/۴۹	۳/۷۸	۳/۰۹ ^a	قرل
۴/۳۱ ^{ab}	۴/۰۵	۲/۰۴ ^a	۲/۱۸	۳/۹	۳/۸۹ ^a	۵/۴	۴/۱۶	۲/۵۵ ^b	قرل ارخارمرینوس
۴/۴۳ ^b	۳/۹۸	۲/۶۷ ^b	۲/۳۵	۳/۲۲	۳/۲۲ ^b	۴/۹	۴/۰۰۱	۲/۷ ^b	مغانی ارخارمرینوس
هفته شیردهی									
۴/۷۴ ^a	۴/۶۵ ^a	۲/۵۵ ^a	۲/۵۶ ^a	۳/۰۴ ^a	۲/۵۳	۳/۶۸ ^a	۲/۹۳ ^a	۳/۱۵ ^a	هفته دوم
۴/۱ ^b	۳/۹۱ ^b	۲/۳۹ ^{ab}	۲/۲۶ ^{ab}	۲/۲۹ ^b	۲/۵۲	۵/۱۲ ^b	۴/۱۲ ^b	۲/۷۴ ^b	هفته یازدهم
۳/۷ ^b	۳/۶۵ ^b	۲/۱ ^b	۲/۰۳ ^b	۲/۱۴ ^b	۲/۶۹	۵/۹ ^c	۴/۸۸ ^c	۲/۷۱ ^b	هفته بیست و سوم

حروف لاتین دارای حرف مشابه نشان دهنده‌ی عدم معنی داری در سطح $P < 0.05$ می باشد

با توجه به شکل ۱ بیشترین فراوانی نمره طول سرپستانک در هر سه گروه ژنتیکی مربوط به فراوانی نمره ۴ و ۵ بود. کمترین دامنه تغییرات بین صفات تیپ پستان متعلق به زاویه بین سرپستانک ها بود زیر پراکندگی داده های نمره موقعیت سرپستانک ها برای تمامی سطوح از پراکندگی برخوردار بود. بیشترین فراوانی موقعیت عرضی سرپستانک ها مربوط به نمره ۴ بود که نشان دهنده‌ی موقعیت مرکزی سرپستانک ها در روی پستان در نمای عرضی می باشد. در مورد شکل پستان بیشترین فراوانی نمره تیپ پستان به نمره ۲ و ۳ اختصاص یافته بود که نشان دهنده‌ی پستان های نامناسب و پاندولی مانند است و تنها در نژاد قرل نمره ۴ و ۵ که نمره پستان های ایدال هستند مشاهده می شود. عمق مخزن چپ و راست بیشتر دارای نمره تیپ ۱ تا ۳ بودند که تاییدی بر پاندولی بودن پستان و شکل نامناسب پستان در این گروه های ژنتیکی است. عمق پستان که نماینده‌ی ارتفاع پستان از مفصل خرگوشی می باشد دارای بیشترین دامنه تغییرات در بین صفات تیپ است بطوری که تقریباً در تمام سه گروه ژنتیکی بیشترین فراوانی به نمره ۲ و ۳ اختصاص داده شده است که نشان می دهد ارتفاع پستان در این سه گروه ژنتیکی بسیار کم و از پستان های ایدال بدور است و تنها در نژاد قرل به دلیل اینکه نسبت به دورگ ها دارای خصوصیت شیری بهتری است تعدادی از گوسفندان دارای پستانهای با عمق ایدال هستند.





شکل ۱- فراوانی امتیازبندی صفات تیپ پستان در بین نژاد قزل (GH)، قزل-آرخارمرینوس (GH-MR) و مغانی ارخارمرینوس (MG-MR)

معادلات خط رگرسیون برآورد تولید شیر روزانه از طریق صفات تیپ پستان نشان دهنده برآورد قابل اطمینانی برای مقدار شیر روزانه در گوسفندان نژاد قزل می باشد به طوری که طول اتصال پستان به بدن (AW) و موقعیت سرپستانک ها (TO) از مهمترین صفات مورفولوژیکی برای تخمین شیر روزانه در قزل می باشند. برای دورگ های قزل ارخارمرینوس، شکل پستان (US) و برای دورگ های مغانی ارخارمرینوس، شکل پستان (US) و موقعیت سرپستانک ها (TO) مهمترین صفات مورفولوژی در برآورد تولید شیر روزانه بودند.

معادله خط رگرسیون برآورد تولید شیر نژاد قزل از $(R^2_{Adj \text{ r-sq}} = 0/37)$ $Y = 329/21 + 163/02(AW) - 82/48 (TO)$

طریق صفات تیپ پستان

معادله خط رگرسیون برآورد تولید شیر نژاد قزل ارخارمرینوس از $(R^2_{Adj \text{ r-sq}} = 0/14)$ $Y = -134/88 + 211/27(US)$

طریق صفات تیپ پستان

معادله خط رگرسیون برآورد شیر نژاد مغانی ارخارمرینوس $(R^2_{Adj \text{ r-sq}} = 0/28)$ $Y = 198/6 + 197/2(US) - 41/6 (TO)$

از طریق صفات تیپ پستان

کومیناکس و همکاران (۲۰۰۹) و ایزدی فر و ضمیری به ترتیب وابستگی متوسط (۰/۴۵) و بالایی (۰/۷۲) بین صفات مورفولوژی پستان برای تخمین شیر نژاد های فریزارتا و قزل گزارش کردند. ایزدی فر و ضمیری عمق راست پستان و طول سرپستانک های چپ و راست را از مهمترین عوامل موثر بر برآورد شیر روزانه در نژاد قزل برآورد کردند. نتایج این تحقیق نشان

می دهد که توجه به صفات مورفولوژی پستان بطور قابل توجهی بهبود تولید شیر و بهبود سازوکار دستگاه های شیردوشی ماشینی در امر پرورش گوسفندان شیری را در پی دارد.

منابع مورد استفاده

1. Caja, G., X. Such and M. Rovai. 2000. Udder morphology and machine milking ability. Proceedings of the 6th Great Lakes Dairy Sheep Symposium November 2-4. Guelph, Ontario, Canada. 25-48.
2. Carta, A., Sara, C., Salaris, S., 2009. Current state of genetic improvement in dairy sheep. J. Dairy. Sci. 92, 5814-5833.
3. De la Fuente, L.F., G. Fernandez and F. San Primitivo. 1996. A linear evaluation system for udder traits of dairy ewes. Livest Prod. Sci. 45, 171- 178.
4. Dzidic, A., M. Kaps and R.M. Bruckmaier. 2004. Machine milking of Istrian dairy crossbred ewes, udder morphology and milking characteristic. Small Rumin. Res. 55, 183-189.
5. Gutiérrez-Gil, B., M.F. El-Zarei, L. Alvarez, Y. Bayón, L. F. De la Fuente, F. San Primitivo and J. J. Arranz. 2008. Quantitative trait loci underlying udder morphology traits in dairy sheep. J. Dairy. Sci. 91, 3672-3681.
6. Izadifard, J. and M.J. Zamiri. 1997. Lactation performance of two Iranian fat-tailed sheep breeds. Small Rumin. Res. 24, 69-76.
7. Kominakis, A.P., D. Papavasiliou and E. Rogdakis. 2009. Relationships among udder characteristics, milk yield and, non-yield traits in Frizarta dairy sheep. Small Rumin. Res. 84, 82-88.
8. Martinez, M.E., C. Calderon, R. De la Barra, L.F. De la Fuente and C. Gonzalo. 2010. Udder morphological traits and milk yield of Chilota and Suffolk down sheep breeds Chilean. J. Agri. Res. 71, 90-95.
9. Mavrogenis, A.P., C. Papachristoforou, P. Lysandrides and A. Roushias. 1988. Environmental and genetic factors affecting udder characters and milk production in Chios sheep. Genet Sel. Evol. 20, 477-488.
10. McKusick, B.C., P.G. Marnet, Y.M. Berger and D.L. Thomas. 2000. Preliminary observations on milk flow and udder morphology traits of east Friesian crossbred dairy ewe's proceedings of the 6th great lakes dairy sheep symposium guelph, Ontario. 169, 109-124.
11. Ugarte, E. 2007. The breeding program of Latxa breed. Biotechnology in Animal Husbandry. 23: 97-111.

Study linear udder scores and their importance on daily milk estimated in Ghezel pure breed ewes and Ghezel×Arkhamerino, Moghani×Arkharmerino crossbreds
Saadat Sadeghi^{1*}, Seyed Abbas Rafat², Hamed Nematnejad³, Mohammad Reza Bahrani Behzadi⁴, Mostafa Mohaghegh⁴

1- M.Sc. Students of Genetics and Animal Breeding, University of Tabriz
of Tabriz 2-Associate Professor of Animal Science, University
of Tabriz 3 -Student of Animal Science, University
of Yasoj 4-Departements of Animal Science, University

* Corresponding E-mail address: ssadegi42@yahoo.com

Abstract

This experiment was studying linear udder traits and their effects on test-day milk in Ghezel purebred ewes and Ghezel×Arkhamerino and Moghani×Arkharmerino crossbreds. Forty one ewes were recorded repeatedly linear udder traits during three stage of lactation (early, middle

and end). Statistical analysis of udder liner scores was performed by using the MIXED procedure with unstructured type and regression equations of daily milk yield on udder linear scores were determined using the stepwise selection method of SAS 9.1 (2002). The least of variation range was observed for teat placement score. The least squares means of udder depth in Ghezel ewes were larger than in Ghezel×Arkharmerino and Moghani×Arkharmerino ($P<0.001$). The stage of lactation had a significant effect on udder depth, udder shape and teat length. The teat placement for Ghezel and Moghani× Arkharmerino appear to be the most useful of the linear udder scores taken in this experiment for predicting daily milk yield. Result was showed that teat dependent traits are more importance than other linear udder traits for performance milking in Ghezel breed.

Keywords: Ghezel- Udder depth- Teat - Udder score.

شبیه‌سازی بیوانفورماتیکی مسیر متابولیکی تولید متان توسط میکروبیهای شکمبه نشخوارکنندگان با استفاده از نرم افزار

MATLAB

مصطفی قادری زفره‌ای^{۱*}، مصطفی محقق دولت‌آبادی^۱، محمد رضا بحرینی بهزادی^۱، فرزانه قانع^۲، معصومه عباسی دلوی^۳، طوبی عباسی دلوی^۳، حامد امیرپورنجنف آبادی^۴ و سمیه حیدری^۵

۱- استادیاران بیوانفورماتیک، ژنتیک ملکولی و ژنتیک کمی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج ۲- دانش‌آموخته زیست‌فناوری، تهران ۳- دانشجویان کارشناسی ارشد زیست‌فناوری، دانشگاه فردوسی ۴- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام، دانشگاه صنعتی اصفهان ۵- دانشجوی دکتری سامانه زیستی، دانشگاه فردوسی
*نویسنده مسئول: مصطفی قادری زفره‌ای، استادیار بیوانفورماتیک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج

پست الکترونیکی: mosmos741@yahoo.com

چکیده

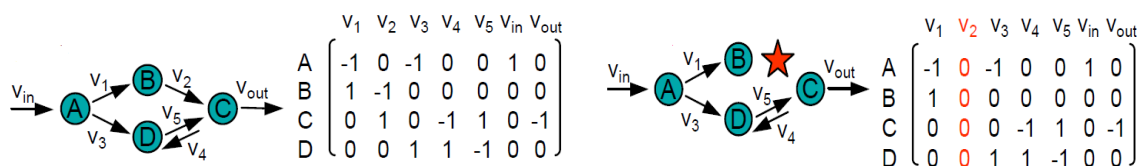
ایران از تغذیه مدرن در پرورش نشخوارکنندگان بلاخص گاو شیری استفاده می‌کند. شکمبه محیط مناسبی را برای انجام پیچیده‌ترین شکل انتقال الکترون ایجاد می‌کند. از منظرگاه ترمودینامیک، انتقال الکترون به معنای انتقال انرژی است. انتقال انرژی در این محیط توسط آنزیم‌های ترشحی و متابولیکی میکروبیها تسهیل می‌گردد. متان یکی از مواد دفعی فعالیت متابولیکی گروهی از باکتری‌های شکمبه است. هم به دلیل هدررفت انرژی و هم به دلیل اثرات گلخانه‌ای، درک سامانه‌ای واکنش‌های منجر به تولید متان مهم است. در این مطالعه با استفاده از رهیافت بیوانفورماتیک، شبکه متابولیکی تولید متان توسط باکتریهای متانوژن در دستگاه گوارش نشخوارکنندگان با استفاده از ابزار SimBiology در نرم‌افزار Matlab شبیه‌سازی گشت. این مطالعه نشان می‌دهد که با افزایش زمان، Formylmethanofuran Dehydrogenase با شیب زیادی افزایش می‌یابد، در حالیکه شیب افزایش تولید متان با بسیار ملایم‌تر است.

واژگان کلیدی: باکتریهای شکمبه، شبیه‌سازی، متان، شبکه متابولیکی، بیوانفورماتیک، نرم افزار Matlab

مقدمه

شکمبه گاو شیری یک سامانه بوم شناختی میکروبی است که در آن همزیستی و تعامل تعداد بیشماری از ساکنین آن، شرایطی را فراهم می‌آورد که برون‌داد آن محصولاتی است که در نهایت به اغلب به مصرف گاو می‌رسد. در نتیجه تغذیه گاو شیری در واقع تغذیه یک دام یا یک موجود نیست بلکه تغذیه یک موجود به همراه تغذیه یک سامانه بوم شناختی بسیار پیچیده است. تحقیقات علمی در زمینه تغذیه گاو شیری در ایران از بالاترین استانداردهای رایج مورد استفاده در دنیا استفاده می‌کند. گواه این حقیقت تعداد بسیار زیاد مقاله‌های منتشر شده در مجلات بین‌المللی و معتبر است. درک اثرات متقابل میکروبی شکمبه منجر به گسترش تعداد زیادی مکمل‌های غذایی شده است. در این راه ابزارهای مختلف زیست‌فناوری برای دستکاری ژنتیکی بسیاری از میکروب‌های شکمبه استفاده شده است و در مجموع، داده‌های بسیار زیادی تولید شده است. رشد و توسعه علم بین رشته‌ای بیوانفورماتیک این امکان استخراج دانش زیستی را از داده‌های یاد شده فراهم می‌آورد. مثلاً از این طریق می‌توان سازوکارهای تولید و انتقال انرژی وابسته به آنزیم را واکاوی کرده و تغذیه باکتری‌ها را نزدیک به احتیاج آن‌ها نمود. نگارنده بر این عقیده است که اساساً امکان شبیه‌سازی آنچه که در واقعیت در شکمبه گاو صورت می‌گیرد با استفاده از شبیه‌سازی‌های رایانه‌ای وجود ندارد (آنچه را که به اصطلاح Insilico Bioinformatics می‌نامند). حداقل از

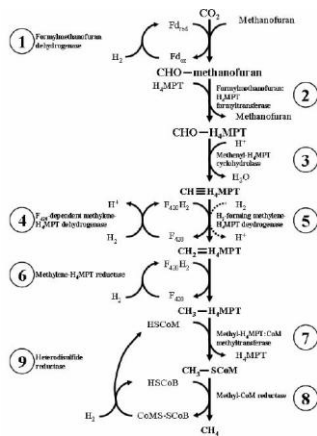
جهت محاسبات ما نیاز به ابررایانه‌هایی داریم که بتوانند محاسبات بسیار زیاد واکنش‌های سامانه شکمبه را شبیه سازی نمایند. منابع زیادی نیز وجود دارند که به طور اختصاصی می‌توانند برای یک باکتری یا موجود اطلاعات در اختیار ما بگذارند. مثلاً یکی از معتبرترین منابع برای بررسی باکتریایی و قارچی در کشور آلمان واقع است: <http://www.dsmz.de> این پایگاه زیستی اطلاعات مربوط به بیش از ۲۰۰۰۰ باکتری را در خود دارد و اهمیت آن نسبت به Genebank این است که اگر چه در پایگاه داده Genebank نیز می‌توان به این باکتری‌ها دسترسی پیدا کرد اما Genebank از پایگاه‌های دست اول محسوب می‌شود. این مهم که در اثر دستکاری ژنتیکی چه اتفاقی در ساختار متابولیک یک موجود اتفاق می‌افتد را می‌توان با دانش بیوانفورماتیک جواب داد. به دو ساختار متابولیک زیر توجه کنید. در سمت چپ ساختار متابولیکی میکروب در حالت طبیعی نشان داده شده است و در سمت راست، همان موجود نشان داده شده است با این تفاوت که با استفاده از روش‌های زیست‌فناوری، یکی از واکنش‌های متابولیک آن دستکاری شده است (این می‌تواند در اثر خاموش کرده ژن اتفاق بیافتد).



به راحتی نشان داده می‌شود که در اثر این دستکاری چه نوع ملکول‌هایی و چه واکنش‌هایی می‌توانند تحت تاثیر قرار بگیرند. جهت درک ریاضی و از جنبه‌های مختلف رشد و نمو و تکثیر و تعامل باکتری‌های مختلف (که در صنعت کاربرد دارند) مدل‌هایی با پیچیدگی‌های متفاوت ارائه شده‌اند. تقریباً تمام مدل‌های ریاضی ارائه شده در این رابطه بر اساس معادلات دیفرانسیل معمولی و جزیی نوشته شده‌اند. شاید بتوان با روش‌های زیست‌فناوری ماهیت ژنتیکی یک گونه باکتری را دستکاری نمود اما آنچه که در ما عمل به عنوان برون‌داد می‌بینیم عبارت است از برهم کنش شبکه‌های متابولیکی. در این مطالعه شبکه متابولیکی شناخته شده تولید متان مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌گیرد.

مواد و روش‌ها

متانوزنها، میکروارگانیسم‌های غیرهوازی تولید کننده متان هستند که در دامین Archea قرار می‌گیرند (۲، ۳). متانوزنها زندگی همزیستی را با باکتری‌های شکمبه (۱ و ۴) و پروتوزوآها دارند. CO_2 و H_2 از محصولات کاتابولسیم هگزوزها توسط باکتری‌ها و پروتوزوآها هستند که بعنوان مواد اولیه برای تولید متان توسط متانوزنها مورد استفاده قرار می‌گیرند (۲). بیوسنتز تولید متان در دستگاه گوارش نشخوار کنندگان توسط متانوزنها طی ۹ مرحله صورت می‌گیرد (شکل ۱).



1. $[\text{H} 2] + \text{Fd0} \rightarrow \text{Fdred}$
2. $[\text{C O} 2] + \text{Methanofuran} + \text{Fdred} \rightarrow [\text{CHO-Methanofuran}] + \text{Fd0}$
3. $[\text{CHO-Methanofuran}] + \text{H4MPT} \rightarrow [\text{CHO-H4MPT}] + \text{Methanofuran}$
4. $[\text{CHO-H4MPT}] + [\text{H} +] \rightarrow [\text{CH-CH4MPT}] + [\text{H}_2 \text{O}]$
5. $\text{F420} + [\text{H} 2] \rightarrow [\text{F420 H} 2] + [\text{H} +]$
6. $[\text{CH-CH4MPT}] + [\text{F420 H} 2] \rightarrow [\text{CH}_2\text{-H4MPT}] + \text{F420} + [\text{H} +]$
7. $\text{F420} + [\text{H} 2] \rightarrow [\text{F420 H} 2]$
8. $[\text{CH}_2\text{-H4MPT}] + [\text{F420 H} 2] \rightarrow [\text{CH}_3\text{-H4MPT}] + \text{F420}$
9. $[\text{CoMS-SCoB}] + [\text{H} 2] \rightarrow \text{HSCoB} + \text{HSCoM}$

شکل ۱: بیوسنتز تولید متان در دستگاه گوارش نشخوار کنندگان توسط متانوژنرها

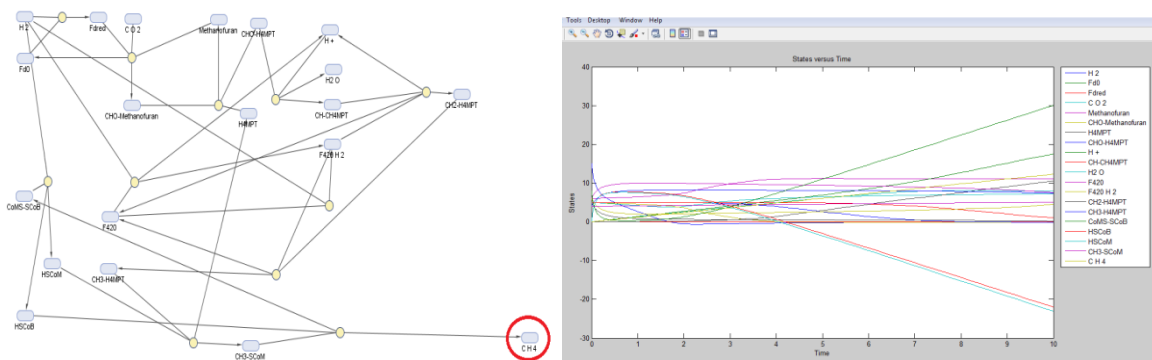
مراحل بیوسنتز متان بر اساس ترتیب واکنش‌های لازم، ابتدا به ۱۱ زیر واکنش دسته بندی تقسیم و با استفاده از ابزار **simbiology** در نرم افزار **Matlab** شبیه سازی شد. در واکنش‌های آنزیمی از قانون کینتیکی هنری-میکائلیس-متن^{۶۹} (واکنش‌های شماره ۱، ۳، ۴، ۵، ۶، ۷ و ۱۰) و در سایر واکنش‌ها به استثنای آخرین واکنش (واکنش شماره ۱۱) از قانون بقای جرم^{۷۰} (واکنش‌های شماره ۲، ۸ و ۹) استفاده و مقدار اولیه هر یک از مواد واکنش دهنده بصورت اختیاری و برحسب تعداد مولکول بیان شد. برای واکنش شماره ۱۱، که منجر به تولید متان می‌شود، نیز از قانون کینتیک هیل^{۷۱} استفاده شد (شکل ۲).

Name	Reaction	KineticLaw	ReactionRate
2	[C O 2] + Methanofuran + Fdred -> [CHO-Methanofuran] + H4MPT -> [CHO-Methanofuran] + H4MPT	MassAction	Kforward1*[C O 2]*Methanofuran*Fdred
3	[CHO-Methanofuran] + H4MPT -> [CHO-Methanofuran] + H4MPT	Henri-Michaelis-Menten	Vm2*[CHO-Methanofuran]/(Km2+[CHO-Methanofuran])
4	[CHO-H4MPT] + [H +] -> [CH-CH4MPT] + [H +]	Henri-Michaelis-Menten	Vm3*[CHO-H4MPT]/(Km3+[CHO-H4MPT])
5	F420 + [H 2] -> [F420 H 2] + [H +]	Henri-Michaelis-Menten	Vm4*F420/(Km4+F420)
6	[CH-CH4MPT] + [F420 H 2] -> [CH2-H4MPT] + [F420 H 2]	Henri-Michaelis-Menten	Vm5*[CH-CH4MPT]/(Km5+[CH-CH4MPT])
7	F420 + [H 2] -> [F420 H 2]	Henri-Michaelis-Menten	Vm6*F420/(Km6+F420)
8	[CH2-H4MPT] + [F420 H 2] -> [CH3-H4MPT] + [F420 H 2]	MassAction	Kforward2*[CH2-H4MPT]*[F420 H 2]
9	[CoMS-SCoB] + [H 2] -> HSCoB + HSCoM	MassAction	Kforward3*[CoMS-SCoB]*[H 2]
10	[CH3-H4MPT] + HSCoM -> [CH3-SCoM] + [H +]	Henri-Michaelis-Menten	Vm7*[CH3-H4MPT]/(Km7+[CH3-H4MPT])
11	[CH3-SCoM] + HSCoB -> [CH 4] + [CoM]	Hill-Kinetics	Vm8*[CH3-SCoM]^n1/(Kp1+[CH3-SCoM])

شکل ۲: قوانین کینتیکی مورد استفاده برای هر واکنش

نتایج و بحث

مجموعه واکنش‌هایی که در طی این مسیر بیوسنتزی انجام می‌گیرد در نهایت منجر به تولید متان از H_2 و CO_2 می‌شود (شکل ۳).



شکل ۳: مواد واکنش دهنده و واکنش‌های مسیر بیوسنتز متان (سمت چپ) و شکل ۴: شبیه سازی مسیر بیوسنتز متان (سمت راست)

⁶⁹ Henri-Michaelis-Menten

⁷⁰ Mass Action

⁷¹ Hill Kinetics

با تولید H_2 و O_2 و مصرف این مواد به عنوان سوسپترای اصلی متانوژنز، غلظت متان افزایش یافت (شکل ۴). نتایج نشان داد که با افزایش زمان، مقدار Formylmethanofuran Dehydrogenase در طول شبکه متابولیکیافزایش می‌یابد. اما متان حاصله از این شبکه متابولیکی با شیب بسیار کمتری نسبت به ماده یاد شدهافزایش می‌یابد. این نشان می‌دهد که شاید افزودن ماده ممانعت کننده این آنزیم به محیط شکمبه (به شرط وجود میکروبیهای تولید کننده این آنزیم) اثر چندانی بر تولید متان ننماید چرا که این آنزیم به سرعت زیادی از واکنش و کمپلکس‌های خود آزاد می‌شود. البته با احتیاط باید رفتار کرد چرا در عمل ممکن است برهم کنش‌های دیگری اتفاق بیافتد که در اینجا آورده نشده‌اند.

منابع:

1. Beauchemin K. A. and McGinn S. M. (2004). Methane emissions from feedlot cattle fed barley or corn diets, *Journal of Animal Science*, 83 (3): 653-661.
2. Ferry, JG & KA Kstead. 2007. Methanogenesis. In *Archaea: Molecular Cell Biology*. R.Cavicchioli, Washington DC, ASM Press: 288-314.
3. Woese C., Kandler O. and Wheelis M. (1990). Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya, *Proc Natl Acad Sci USA*, 87 (12): 4576-4579.
4. Wolin M. J. and T. L. Miller T. L. (1988). Microbe-microbe interactions, *Rumen Microbial Ecosystem in The*. P. N. Hobson, ed. Elsevier Applied Science, London, UK : 343-359.

Bioinformatics simulation of methane-generation in metabolic pathway by ruminal microbial using Matlab software

Mostafa ghaderi zefrei^{1*}, Mostafa mohaghegh dolatabadi², Mohamadreza bahreini³, Farzan ghane⁴, Masoume abbasi⁵, touba abbasi⁶, Hamed amirpour najafabadi⁷, Somaye heidari⁸

1-Assisted professors, Agriculture faculty, Yasouj university 2-Biotechnology student, Tehran

3- M.s students, Ferdousi university 4-M.s student, Isfahan university of technology

5- PHD student, Ferdousi university

Corresponding E-mail address: mosmos741@yahoo.com

Abstract

In Iran, Modern nutrition was applied in in production systems of ruminants particularly in dairy cattle. Rumen provides a suitable place in which the most complex form of electron transfer can be carried out. From thermodynamics point of view, electron transfer implies energy transfer. Energy transfer in rumen is mediated through enzymes which secreted from microbes. Methane is produced due to some of rumen bacterial functions. Due to losing energy and also greenhouse effects, systematic understanding of reactions which resulted in Methane protection will be crucial. In this study, the metabolic network of methane production using methnogen microbes was simulated based on a Bioinformatics approach by SimBiology that is a tool added to Matlab software. The results indicated that as times goes on, Formylmethanofuran Dehydrogenase increases more rapidly than the level of Methane production. It probably means that addition of inhibitor of this enzyme to rumen environment may not influence methane production.

Key words: Rumen Bacteria, Simulation, Methane, Metabolic Network, Bioinformatics, Matlab software

ساختار ضعیف اصلاح نژادی گاو شیری ایران، مقصر کیست؟

مصطفی قادری زفره‌ای^{۱*}، مصطفی محقق دولت‌آبادی^۱، محمد رضا بحرینی بهزادی^۱، رحمت ا. حق‌پرور^۲، حامد امیرپور نجف‌آبادی^۳، طوبی عباسی دلوی^۴، مهرداد کمالی^۵ و سمیه یوسفی^۵

۱- استادیاران بیوانفورماتیک، ژنتیک ملکولی و ژنتیک کمی، گروه علوم دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج، ۲- مسئول ثبت رکورد گاوداری وحدت، ۳- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشگاه صنعتی اصفهان ۴- دانشجویان کارشناسی ارشد، دانشگاه فردوسی ۵- کارشناس ارشد واحد گاوداری فکا

*نویسنده مسئول: مصطفی قادری زفره‌ای، استادیار بیوانفورماتیک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج

پست الکترونیکی: mosmos741@yahoo.com

چکیده

برای نویسنده آشکار است که صنعت پرورش گاو شیری در ایران رشد فزاینده‌ای در خلال دهه‌های گذشته داشته است. گواه این امر ایجاد و توسعه بنگاه‌های تولیدی و خدماتی وابسته به این صنعت است در ایران صدها مرکز و دانشگاه وجود دارد که بر روی گاو شیری مطالعه اصلاح نژادی می‌نمایند، اما باید پذیرفت که شرکت‌های ABC، Altagenetics، WorldWideSire و غیره هستند که در عمل در ایران جولان می‌دهند و خط و مشی اصلاح نژادی را تعیین می‌کنند. این مطالعه موردی نشان از حقیقت تلخی می‌دهد که شاید همه اهل فن اصلاح نژاد دام ایران به آن علم دارند. این حقیقت نشان می‌دهد که هنوز بعد از بالای چهار دهه که از پرورش صنعت گاو شیری، ما دست‌آورد ژنتیکی نداشته‌ایم. در این راستا، جهت آشکار کردن این قضیه، مطالعه ساده‌ای بین یکی از بهترین گاوداری‌های با یکی از کشورهای منطقه صورت گرفته است که گفته بالا را مبنی بر نبود حتی یک برنامه اصلاح نژادی دو صفت در گاو شیری ایران تایید می‌کند. ما مسیر ایده تا ثمر را تقریباً در هیچ یک از سطوح اصلاح نژادی گاو شیری در ایران نمی‌بینیم. راستی مقصر کیست؟

واژه‌های کلیدی: صنعت پرورش گاو شیری- ایران- اصلاح نژاد

مقدمه

در ایران اتکای شدیدی به تولیدات گاو شیری وجود دارد. این وابستگی در ایران حادث‌تر نسبت به سایر کشورهای جهان است. مثلاً صنعت پرورش خوک - که قوت اساسی میلیاردها نفر در دنیا به آن وابسته است - عملاً در ایران وجود ندارد. در نتیجه مدیریت منابع و ذخایر ژنتیکی را باید جدی گرفت. برپایی همایش‌های علمی آوردگاه اندیشه‌های جدید است. این سنت پسندیده علمی در ایران بس رایج گشته است. علوم وابسته به دام - که علومی در کل وابسته و اقتصادی هستند - نیز این قایده مستثنی نبوده است. فراوانی همایش‌های علمی چه به صورت استانی، و کشوری در ارتباط با علوم دامی در ایران زیاد است. بر عکس برنامه‌های بهداشتی و تغذیه‌ای برنامه اصلاح نژادی را می‌توان برای بلند مدت تنظیم کرد. این نوشتار که لحنی انتقادی دارد دنبال یافتن پاسخ‌های معقول در این رابطه است. پاسخ به این سوالات توسط افراد متخصص فن می‌تواند کارگشای ایجاد نقشه اصلاح نژادی باشد. گاو شیری و تا حد کمتری گوسفند و طیور شاکله اصلی اغلب مطالعات اصلاح نژادی را در دهه‌ها اخیر در ایران تشکیل می‌دهد. بایستی با جرات گفت اغلب این مطالعات تکراری، نا مربوط بوده و مفید به فایده نبوده است. به زبان علمی‌تر، روند برنامه‌های اصلاح نژادی پرورش گاو شیری، روند و حرکتی براوانی است. سر جمع صفر است. اصلاح نژادی گاو شیری، بر در این ارتباط باید پرسید که هدف از همایش‌های علوم دامی بر پایه اصلاح نژاد چیست؟ چرا هنوز یک برنامه اصلاح نژادی در

ایران برای گاو شیری - چه در سطح دولتی و چه در سطح منطقه‌ای وجود ندارد؟ ده‌ها مقاله‌ای که در طول سالیان دراز در دانشگاه‌ها و سایر مراکز تحقیقاتی در زمینه گاو شیری چه در داخل و چه در خارج چاپ شده است، کدام مشکل صنعت پرورش گاو شیری را حل نموده است؟ نویسندگان بر این باور نیست که Meta Analysis قوی مقالات منتشر شده در زمینه اصلاح نژاد گاو شیری ایران بتواند نقشه راهی را برای جهت‌گیری آینده اصلاح نژادی ترسیم نماید. پایه اصلاح نژاد کلاسیک استوار است، اما امروزه مشاهده می‌شود که آخرین دست‌آوردهای ژنتیکی مانند اسپرم‌های تعیین جنسیت شده و اسپرم‌های به اصطلاح ناشی از گاوهای نر انتخاب شده با استفاده از فراروایت انتخاب ژنومی (Genomics Selection) را حتی گاوهای نه چندان صنعتی استفاده می‌نمایند. پس زمینه پذیرش فناوری‌های نو وجود دارد. دانشمندانی که در زمینه اصلاح نژاد گاو شیری در ایران مشغول هستند همه از بهترین‌ها محسوب می‌گردند. اما این سنت در اصلاح نژاد در ایران رایج گشته است که تمام تلاش خود را برای یادگیری پیچیده‌ترین روش‌های ریاضی - آماری به کار می‌برند تا بتوانند مقاله‌ای را در منابع علمی معتبر به چاپ برسانند. اخیراً هم بهترین فارغ‌التحصیلان جلالی وطن می‌کنند و در خدمت دستگاه‌های علمی غرب و شرق قرار می‌گیرند که البته از یک دید این خود نوعی پیروزی محسوب می‌گردد. پیروزی از این نظر که از جهت علمی به چنان جایگاهی رسیده‌اند که بتوانند در سطح پیشرفته جهانی حرفی برای گفتن داشته باشند. آیا آیندگان از ما نخواهند پرسید که گذشتگان ما چه کرده‌اند؟ مقصر اصلی را همه دولت می‌دانند. البته واقعیت امر هم همان است. نویسندگان خود بیش از ۱۰ سال با صنعت پرورش گاو شیری در ارتباط بوده است دانشجویان خود را مواجه با مسائلی می‌بیند که ۱۰ سال پیش خود با آن‌ها درگیر بوده است.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق میانگین فنوتیپی سالانه صفات تولیدی مانند تولید، درصد چربی شیر و صفات تولید مثلی مانند درصد سقط و غیره که بین سال‌های ۱۳۸۵ تا ۱۳۹۰ جمع‌آوری شده بود، مورد استفاده قرار گرفت. بدون استفاده از اطلاعات شجره این داده‌ها بررسی شدند. روند ژنتیکی صنعت پرورش گاو شیری در کشور فلسطین اشغالی بدست آمد. علت انتخاب این صنعت در کشور یاد شده، شباهت زیست بومی این کشور (به طور تقریبی) با شرایط آب و هوای اصفهان و زیست بوم این استان می‌باشد از طرفی همانطور که خواهیم دید، به طور آشکارا وجود. همچنین اطلاعات ژنتیکی و فنوتیپی این صفات از تعاونی وحدت اصفهان بدست آمد.

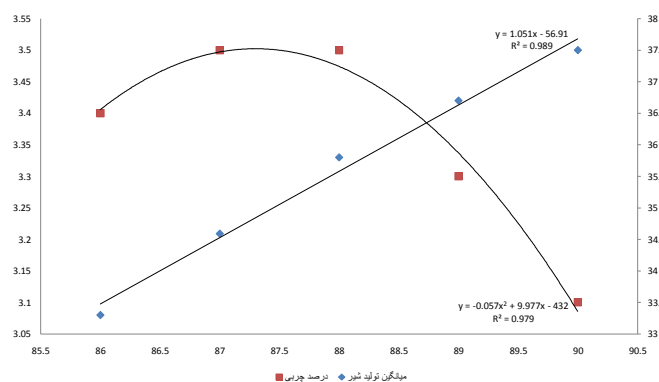
نتایج و بحث

[illegible]
$$POE7 = 6.3 [\text{مليون دولار}] - 15.4 [\text{مليون دولار}] - 300 [\text{مليون دولار}] + 28\% [\text{معدل التضخم}] + 0.6 [\text{معدل نمو الناتج المحلي الإجمالي}] + 16 [\text{معدل البطالة}] + 30 [\text{معدل الفائدة}] - 6 [\text{معدل البطالة}]$$

جدول ۱: میانگین ارزش ارشی گاوهای شیری برای صفات مختلف

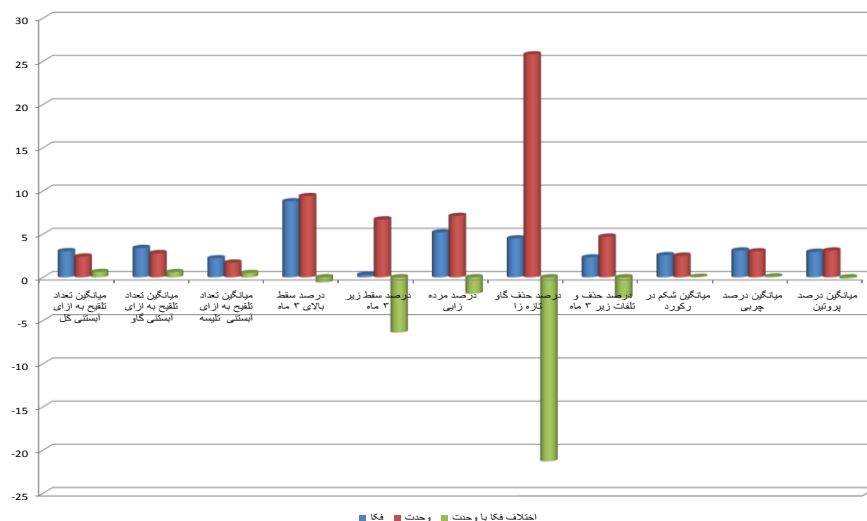
جدول شماره ۱ نمایشی از وضعیت ارزش ارثی برای چندی صفت مهم اقتصادی مهم را در صنعت پرورش گاو شیری کشور فلسطین اشغالی را به نمایش می‌گذرد (۱). در یک گذر زمانی ۲۰ ساله به می‌توان پیشرفت ژنتیکی را تقریباً برای هر صفت دید. بعضی از صفاتی که به طور همزمان در آن‌ها پیشرفت ژنتیکی مشاهده می‌شود اساساً در سطح ژنوم دارای کواریانس منفی هستند. به عبارتی دیگر انتظار داریم با افزایش عملکرد ژنتیکی یک صفت، عملکرد ژنتیکی صفت دیگر روند نزولی را پیش خواهد گرفت. آنچه نگاره نشان می‌دهد بیانگر یک برنامه اصلاح نژادی دقیقی وجود داشته است که این برنامه اصلاح نژادی به حدی حساب شده بوده که توانسته نوسان‌های احتمالی مالی و غیره را پیش‌بینی کرده و به اهداف از پیش تعیین شده برسد. مدت ۲۰ سال تقریباً برابر است با ۴ نسل در گاو شیری (با فرض برابری فاصله نسل برای نر و ماده). حال اگر به کل ایران بنگریم می‌بینیم که گرچه سابقه بالای ۶۰ سال در پرورش گاو شیری و تلقیح مصنوعی داریم (۲)، اما چشم‌انداز درستی هنوز برای این صنعت نداریم. گاوداری فکا یکی از معتبرترین گاوداری‌های این مرز و بوم و حتی خاورمیانه از لحاظ اندازه و سایر خصوصیات دیگر محسوب می‌گردد.

گاو داری فکا سابق ثبت رکوردش کمی کمتر از ۴۰ سال پیش می‌رسد. فرض گردد به جهت شرایط سیاسی و غیره این واحد معتبر پرورش گاو شیری نمی‌توانسته به اهداف خودش برسد. اگر این مدت فرض شده ۲۰ سال در نظر گرفت شود، هنوز ۲۰ سال می‌ماند، چرا ما یک برنامه اصلاح نژادی قابل دفاع حتی برای دو صفت در آن نداریم یا حداقل آثارش را نمی‌توان دید؟!



نگاره ۱: بررسی میانگین بعضی از صفات پرورشی گاوداری فکا در خلا ۸۵-۹۰

در نگاه ۱ نگاهی به روند فنوتیپی دو صفت مهم تولید شیر و درصد چربی شیر، نشان از وجود هر گونه برنامه اصلاح نژادی در گله فکا می‌دهد. حال اگر بخواهیم وضعیت صفات دیگر را بررسی نماییم بدو شک به نبود برنامه اصلاح نژادی پی می‌بریم اینهم در گله‌ایی که بدو هیچگونه تردیدی از بهترین محسوب می‌گردد و مدیریت فعلی آن بسیار بر استفاده از داده علمی اصرار می‌ورزد.



نگاره ۲ در واقع نشان می‌دهد که سایر گاو‌داری‌های صنعتی استان اصفهان از نظر میانگین سایر صفات در وضعیت مناسبی نیستند. سویس و یا در کل غرب هزینه زیادی می‌کند تا داده جمع‌آوری کند و سپس از پس این داده‌ها می‌خواهد روند کار خود را بهبود بخشد و در این راه هدفش این است که به درآمدی بیشتر برسد. هدف علم نیست، هدف پول است. اصلاح‌نژاد علم تولید پول است. اما فهماندن این قضیه سخت می‌نماید که ایجاد برنامه اصلاح نژادی پایدار، کسب ثروت به طور عمودی افزایش پیدا می‌کند. عمودی از این نظر که بدون افزایش تعداد دام، می‌توان سود بیشتری حاصل نمود

نتیجه گیری و پیشنهادات

این مطالعه ساده نشان می‌دهد که نفس برنامه اصلاح نژادی - که همانا در گاو شیری بلند مدت است - در پرورش گاو شیری وجود ندارد و برای بیشتر صفات این انتخاب طبیعی است که در واحدهای پرورش صنعتی گاو شیری عمل می‌کند نه انتخاب هدفمند ژنتیکی و اصلاح نژادی. امروزه علوم دامی ایران دارای بضاعت علمی کافی شده است. امید مسولین امر با توجه به این ظرفیت ایجاد شده قدمی موثر در راه ایجاد نقشه راه اصلاح نژادی گاو شیری بردارند.

منابع

1. THE DAIRY INDUSTRY IN ISRAEL 2008. Daniel Hojman – Extension Service, Ministry of Agriculture.
2. http://dastchin.net/directory/genetics_breeding/livestock_breeding_center_iran

The Weakness of dairy cattle breeding structure in Iran, who is to blame?

Mostafa Ghaderi Zefrei^{1*}, Mostafa Mohaghegh Dolatabadi¹, Mohamadreza Bahreini¹, Rahmatallah Haghpavar², Mehrdad Kamali³, Toubia Abbasi³, Hamed Amirpour Najafabadi⁴, Somaye Yousefi⁵
1-Assisted professors, Agriculture faculty, Yasouj university 2-Officer in Vahdat company 3-M.s students, Ferdousi university 4-M.S student, Isfahan university of technology 5-Expert in Fouka husbandry

Corresponding E-mail address: mosmos741@yahoo.com

It is clear for author that Iran dairy cattle production industry had progress over past decades. The reason for this is establishment of many dairy-based industries and organizations over the same time trajectory. There are hundreds of universities and research centers which research on dairy cattle breeding. However, we have to accept that there are some foreign big companies i.e. ABC, Altagenetics, WorldWideSire who play pivotal role in making dairy cattle breeding strategies in Iran. The current case study shows a bitter fact that most likely may Iranian scholar in context of dairy cattle breeding are aware of. This study indicates that almost after four decades of modern dairy cattle production in Iran, we cannot see any eye-catching in terms of dairy cattle breeding hand-earning. In this way, in order to transparent this matter, a simple study between one of the best dairy cattle farm in Iran with of one region country was done. The results patently showed that Iran is suffering even from two trait breeding plan. In other words, we cannot track down a path from Idea to action in dairy cattle breeding in Iran, who is blame to?

Key words :dairy cattle-breeding structure- Iran

اثرات ضریب همخونی بر صفات قبل از شیرگیری در بزهای مرخز
محمد الماسی^{۱*}، امیر رشیدی^۲، محمد رزم کبیر^۳، ابراهیم میرزامحمدی^۱
۱ - دانشجویان کارشناسی ارشد دانشکده کشاورزی دانشگاه کردستان
۲ و ۳ - به ترتیب دانشیار و استادیار دانشکده کشاورزی دانشگاه کردستان
*نویسنده مسئول: محمد الماسی، Malmasi04@gmail.com

چکیده

در این پژوهش از شجره ۳۹۹۰ راس بزغاله حاصل از ۱۹۳ دام نر و ۱۲۷۹ راس دام ماده که طی ۱۸ سال (۱۳۷۱-۱۳۸۹) از گله بزهای مرخز ایستگاه دامپروری سنندج جمع آوری شده بود، برای برآورد ضریب همخونی و اثر آن بر صفات قبل از شیرگیری استفاده شد. ۵۲/۴۶ درصد حیوانات همخون بودند. میانگین ضریب همخونی کل جمعیت و جمعیت همخون برای حیوانات دارای رکورد در وزن تولد به ترتیب ۲/۷۴ و ۵/۲۰ و برای حیوانات دارای رکورد وزن شیرگیری ۲/۵۵ و ۵/۲۴ درصد بود. ضریب همخونی در هر سال به طور میانگین $0/058 \pm 0/153$ درصد افزایش یافته بود. تجزیه و تحلیل اثر همخونی بر صفات مورد نظر با روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) با استفاده از ۱۲ مدل حیوانی انجام شد. مناسبترین مدل با استفاده از معیار آکایک تعیین شد. ضریب تابعیت وزن تولد، وزن شیرگیری، میانگین افزایش وزن روزانه تا شیرگیری و نسبت کلیبر از همخونی به ترتیب $0/032 \pm 0/092$ ، $0/190 \pm 0/080$ ، $0/008 \pm 0/101$ گرم و $0/000 \pm 0/018$ برآورد شد، که از نظر آماری معنی دار بودند ($P < 0/01$).

واژه‌های کلیدی: ضریب همخونی - بز مرخز - صفات قبل از شیرگیری

مقدمه

آمیزش بین افراد خویشاوند یا آمیزش بین افرادی که جد مشترک دارند، باعث ایجاد همخونی می‌شود. همخونی در یک جمعیت منجر به کاهش واریانس ژنتیکی داخل یک فامیل و افزایش واریانس ژنتیکی بین فامیل‌ها می‌شود. افزایش همخونی باعث کاهش هتروزیگوتی و به تبع آن افزایش هموزیگوتی می‌شود. علاوه بر آن باعث ظهور اثر آلل‌های مغلوب مضر و کاهش پاسخ به انتخاب در صفات مهم اقتصادی می‌گردد. صفات قبل از شیرگیری از جمله صفات مهم اقتصادی هستند، که در اثر همخونی میانگین آنها کاهش می‌یابد (۲، ۳ و ۴). کاهش در میانگین این صفات در اثر کاهش فراوانی هتروزیگوت‌ها در جمعیت ایجاد می‌شود. همچنین کاهش در تنوع ژنتیکی در یک نژاد، در نتیجه استفاده از چندین حیوان برتر به عنوان والدین نسل بعد ایجاد می‌شود. در پرورش حیوانات مزرعه‌ای به صورت گله‌های بسته و کوچک در ایستگاه‌های تحقیقاتی احتمال ایجاد همخونی و مشکلات ناشی از آن وجود دارد (۱). با ایجاد همخونی ساختار ژنتیکی جمعیت تغییر می‌کند. برای حفظ ساختار ژنتیکی هر جمعیت دامی لازم است که اطلاعات حاصل از شجره حیوانات جمع آوری و تجزیه و تحلیل گردد. هدف از پژوهش حاضر محاسبه ضریب همخونی در گله بزهای مرخز ایستگاه دامپروری سنندج و بررسی اثرات آن بر صفات قبل از شیرگیری می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش، از اطلاعات ثبت شده ۳۹۹۰ راس بزغاله برای وزن تولد (BW) و ۳۲۵۰ راس برای وزن شیرگیری (WW)، میانگین افزایش وزن روزانه تا شیرگیری (ADG) و نسبت کلیبر (KR) که در سال‌های ۱۳۷۱ تا ۱۳۸۹ در ایستگاه دامپروری سندج جمع آوری شده بود، برای برآورد ضریب همخوانی و اثر آن بر صفات قبل از شیرگیری استفاده شد. اطلاعات لازم شامل شماره بزغاله، شماره پدر و مادر، سال تولد، جنس، تیپ تولد، سن مادر و رکورد صفات مورد نظر برای هر دام بود که در نرم‌افزار Excel تحت عنوان فایل داده‌ها ذخیره گردید. برای ویرایش داده‌ها از نرم افزار Microsoft Visual Fox Pro(9.0) استفاده شد. برای محاسبه ضرایب همخوانی ابتدا فایل شجره حیوانات گله تشکیل شده، سپس با استفاده از نرم افزار CFC، ضرایب همخوانی هر حیوان برآورد شد. برای تجزیه و تحلیل اثر همخوانی بر صفات مورد نظر از نرم‌افزار Wombat و روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) با استفاده از مدل‌های حیوانی زیر با در نظر گرفتن ضریب همخوانی در مدل به عنوان متغیر کمکی استفاده شد.

$y = Xb + Z_a a + e$		مدل ۱
$y = Xb + Z_a a + Z_c c + e$		مدل ۲
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$	$Cov(a, m) = 0$	مدل ۳
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$	مدل ۴
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$	$Cov(a, m) = 0$	مدل ۵
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$	مدل ۶
$y = Xb + Z_a a + Z_l l + e$		مدل ۷
$y = Xb + Z_a a + Z_c c + Z_l l + e$		مدل ۸
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e$	$Cov(a, m) = 0$	مدل ۹
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e$	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$	مدل ۱۰
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_l l + e$	$Cov(a, m) = 0$	مدل ۱۱
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_l l + e$	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$	مدل ۱۲

در این مدل‌ها y بردار مشاهدات، b بردار اثرات عوامل ثابت (شامل سال تولد، جنس، تیپ تولد و سن مادر)، a بردار اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم، m بردار اثرات ژنتیک افزایشی مادری، c بردار اثرات محیطی دائمی مادری، l بردار اثرات محیطی مشترک و e بردار اثرات باقیمانده است. A ماتریس روابط خویشاوندی است، X ، Z_a ، Z_c ، Z_m و Z_l ماتریس‌های طرح هستند که ارتباط اثرات عوامل ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات محیطی دائمی مادری، اثرات ژنتیک افزایشی مادری و اثرات محیط مشترک را با بردار مشاهدات برقرار می‌کنند. همچنین σ_{am} ، کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی افزایشی مادری را نشان می‌دهد. جهت تعیین مناسب‌ترین مدل از رابطه زیر استفاده شد:

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

در این رابطه: AIC_i معیار آکایک، $\log L_i$ نسبت لگاریتم درستنمایی و P_i تعداد پارامترهای موجود در مدل است. در نهایت مدلی که کمترین مقدار AIC را داشت به عنوان مناسب‌ترین مدل در نظر گرفته شد.

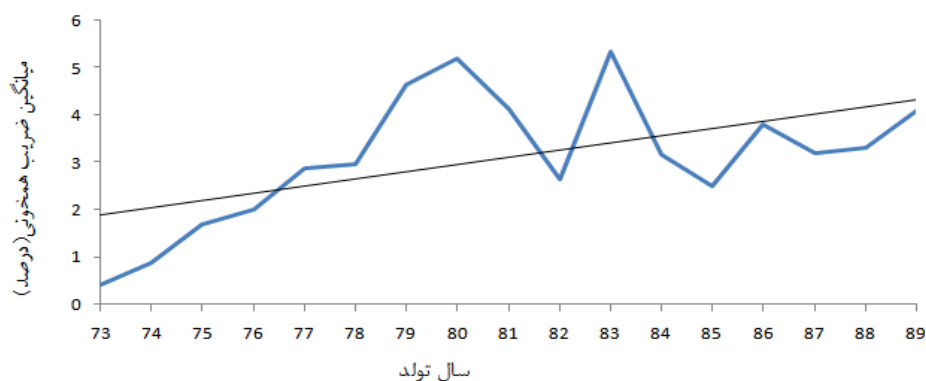
نتایج و بحث

از تعداد ۳۹۹۰ راس حیوان موجود در شجره که حاصل ۱۹۳ دام نر و ۱۲۷۹ دام ماده بوده اند، ۵۲/۴۶ درصد حیوانات همخون بودند. تعداد ۱۴۷۲ راس از افراد دارای نتاج بوده اند. میانگین ضریب همخونی کل جمعیت و جمعیت همخون برای حیوانات دارای رکورد وزن تولد به ترتیب ۲/۷۴ و ۵/۲۰ و برای حیوانات دارای رکورد وزن شیرگیری ۲/۵۵ و ۵/۲۴ درصد بود. بیشترین ضریب همخونی ۳۱/۲۵ درصد بود. تعداد و درصد افراد همخون در گروه های همخون در جدول ۱ نشان داده شده است.

جدول ۱: تعداد و درصد افراد همخون به صورت گروه بندی

گروه های همخونی	$F < 0$	$0 \leq F < 0.05$	$0.05 \leq F < 0.10$	$0.10 \leq F < 0.15$	$0.15 \leq F < 0.20$	$0.20 \leq F < 0.25$	$F \geq 0.25$
تعداد افراد همخون	۱۸۹۷	۱۳۷۴	۳۰۴	۲۶۲	۹۴	۴۰	۱۹
درصد افراد همخون	۴۷/۵۴	۳۴/۴۴	۷/۶۲	۶/۵۷	۲/۳۶	۱/۰۰	۰/۴۸

میانگین ضریب همخونی در سال های مورد مطالعه روند افزایشی داشت (نمودار ۱). ضریب همخونی در هر سال به طور میانگین 0.058 ± 0.153 درصد افزایش یافته بود، که از نظر آماری معنی دار بود ($P < 0.01$). ضریب همخونی جمعیت از سال ۷۴ به بعد به تدریج افزایش یافته بود، که علت آن بالا بودن تلاقی های خویشاوندی در این جمعیت می باشد. درصد افراد همخون، از ۶/۹۹ درصد در سال ۷۴ به ۸۲/۳۸ درصد در سال ۸۹ افزایش یافته بود. ضریب همخونی در سال های ۸۲ و ۸۵ با کاهش همراه بود، که علت آن احتمالاً جلوگیری از تلاقی های نزدیک در گله می باشد. ضریب همخونی در کل جمعیت و جمعیت همخون برای صفات وزن تولد و وزن شیرگیری در سال های مختلف، در جدول ۲ نشان داده شده است.



نمودار ۱: روند تغییرات همخونی بر اساس سال تولد

بهترین مدل برای صفت وزن تولد مدل ۸ تعیین شد که شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات محیطی دائمی مادری و اثرات محیط مشترک می باشد. همچنین بهترین مدل برای وزن شیرگیری و میانگین افزایش وزن روزانه مدل ۳ بود که این مدل نیز شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیک افزایشی مادری می باشد. بهترین مدل برای نسبت کلیبر مدل ۱۰ تعیین شد که این مدل نیز شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات ژنتیک افزایشی مادری، اثرات محیطی دائمی مادری و اثرات محیط مشترک می باشد. جدول ۳ ضریب تابعیت صفات قبل از شیرگیری از همخونی را نشان می دهد. ضریب تابعیت وزن تولد

از همخونی $0/032 \pm 0/920$ گرم بود، یعنی به ازای یک درصد افزایش در همخونی وزن تولد $0/92$ گرم کاهش می‌یابد. در مطالعه‌ای که بر روی سه نژاد رامبویه، تارگی و کلمبیا انجام شد، ضریب تابعیت وزن تولد از همخونی به ترتیب $-0/8$ ، $-1/4$ و -2 گرم برآورد شد (۴).

ضریب تابعیت وزن شیرگیری از همخونی $0/190 \pm 4/800$ گرم برآورد شد، یعنی به ازای یک درصد افزایش در همخونی، وزن شیرگیری $4/800$ گرم کاهش می‌یابد. در یک پژوهش ضریب تابعیت وزن شیرگیری از همخونی در دو نژاد ساردی و بنی گوئیل به ترتیب $5/6$ و $-46/9$ گرم گزارش شد (۳). همچنین در مطالعه‌ای دیگر اثر همخونی بر وزن شیرگیری در گوسفند نژاد بلوچی $26/0$ گرم گزارش شد (۲). ضریب تابعیت میانگین افزایش وزن روزانه تا شیرگیری و نسبت کلیبر از همخونی به ترتیب $0/008 \pm 0/101$ گرم و $0/000 \pm 0/018$ گرم برآورد شد. نتایج به دست آمده در این پژوهش از نظر آماری معنی‌دار بوده ($P < 0/01$) و در دامنه نتایج گزارش شده توسط پژوهشگران مختلف می‌باشد. به طور کلی می‌توان نتیجه‌گیری کرد که وجود آمیزش‌های خویشاوندی در گله‌های بسته، موجب افزایش میانگین ضریب همخونی در گله شده که این امر باعث کاهش میانگین صفات به ویژه صفات قبل از شیرگیری می‌شود.

جدول ۲: درصد ضریب همخونی در کل جمعیت و در جمعیت همخون برای صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، ADG و KR

سال	BW				WW, ADG, KR			
	تعداد		میانگین ضریب همخونی		تعداد		میانگین ضریب همخونی	
	کل	جمعیت	کل	جمعیت	کل	جمعیت	کل	جمعیت
تولد*	جمعیت	همخون	جمعیت	همخون	جمعیت	همخون	جمعیت	همخون
۷۳	۲۶۹	۵	۰/۴۲	۲۲/۵۰	۲۵۸	۵	۰/۴۴	۲۲/۵۰
۷۴	۱۸۶	۱۳	۰/۸۷	۱۲/۵۰	۱۶۲	۱۱	۰/۸۵	۱۲/۵۰
۷۵	۲۰۰	۲۳	۱/۶۹	۱۴/۶۷	۱۹۴	۲۲	۱/۷۱	۱۵/۰۶
۷۶	۲۶۱	۵۸	۲/۰۰	۹/۰۰	۲۴۵	۵۱	۱/۷۵	۸/۴۰
۷۷	۲۴۴	۹۷	۲/۸۸	۷/۲۳	۲۱۸	۸۹	۲/۸۰	۶/۸۷
۷۸	۱۹۱	۹۸	۲/۹۶	۵/۷۶	۱۸۳	۹۴	۲/۸۷	۵/۵۸
۷۹	۲۲۴	۱۴۵	۴/۶۵	۷/۱۹	۲۱۳	۱۳۵	۴/۴۸	۷/۰۸
۸۰	۱۹۴	۱۵۷	۵/۲۲	۶/۴۵	۱۱۲	۹۴	۴/۸۸	۵/۸۱
۸۱	۱۷۵	۱۴۷	۴/۱۲	۴/۹۱	-	-	-	-
۸۲	۱۹۷	۱۲۰	۲/۶۶	۴/۳۷	۱۸۱	۱۱۲	۲/۷۶	۴/۴۶
۸۳	۲۱۰	۱۸۶	۵/۳۵	۶/۰۴	۱۷۸	۱۵۵	۵/۴۶	۶/۲۷
۸۴	۲۲۴	۲۰۰	۳/۱۸	۳/۵۶	۱۷۸	۱۶۹	۳/۳۱	۳/۶۶
۸۵	۱۶۴	۱۳۰	۲/۴۹	۳/۱۴	۱۲۲	۹۷	۲/۵۵	۳/۲۰
۸۶	۱۷۵	۱۶۱	۳/۸۰	۴/۱۳	۱۲۷	۱۱۶	۴/۲۳	۴/۶۲

۸۷	۱۸۷	۱۶۵	۳/۲۲	۳/۶۴	۱۶۸	۱۴۸	۳/۲۳	۳/۶۷
۸۸	۲۳۷	۲۰۱	۳/۳۱	۳/۹۰	۱۹۳	۱۶۱	۲/۹۲	۳/۵۰
۸۹	۲۲۷	۱۸۷	۴/۱۱	۴/۹۸	۱۹۱	۱۶۰	۴/۱۷	۴/۹۷

* از سال ۸۱ هیچ رکوردی برای وزن شیرگیری ثبت نشده است.

جدول ۳: ضریب تابعیت صفات قبل از شیرگیری از همخونی

صفت	تعداد رکورد	میانگین رکورد	ضریب تابعیت صفت از همخونی
وزن تولد (کیلوگرم)	۳۹۹۰	۲/۵	$-۰/۹۲۰ \pm ۰/۰۳۲^{**}$
وزن شیرگیری (کیلوگرم)	۳۲۵۰	۱۵/۶۲	$-۴/۸۰۰ \pm ۰/۱۹۰^{**}$
میانگین افزایش وزن روزانه (گرم)	۳۲۵۰	۱۱۲/۶۳	$-۰/۱۰۱ \pm ۰/۰۰۸^{**}$
نسب کلیپر ($ADG/WW^{0.75}$)	۳۲۵۰	۱۴/۱۷	$-۰/۰۱۸ \pm ۰/۰۰۰^{**}$

***؛ (P<۰/۰۱)

منابع

۱. مفاخری ش. افتخاری شاهرودی ف. رشیدی ا. ۱۳۸۵. برآورد ضریب همخونی و اثر آن بر وزن تولد در بزهای مرخز. دومین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور ۱۳۲۸-۱۳۲۴
۲. مهمان نواز ی. ۱۳۷۷. همخونی و اثر آن بر صفات تولیدی در گوسفند نژاد بلوچی. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس. ۱۲۰ صفحه.

3. Boujenane, I., A. Chami. 1997. Effects of inbreeding on reproduction, weights and survival of Sardi and Beni Guil sheep. Journal of animal breeding and genetics. 114: 23-31.
4. Ercanbrack, S.K., A.D. Knight. 1991. Effects of inbreeding on reproduction and wool production of Rambouillet, Targhee and Columbia ewes. Journal of animal science. 69: 4734-4744.

Effects of inbreeding coefficient on pre-weaning traits in Markhoz goats

Muhammad Almasi^{*1}, Amir Rashidi², Muhammad Razmkabir³, Ebrahim Mirzamuhammadi¹

1, 2, 3 Department of Animal science, College of agriculture, University of Kurdistan

Corresponding: Malmasi04@gmail.com

Abstract

In this research pedigree data of 3990 Markhoz goats which collected from 1992-2010 by Markhoz Goat Breeding Center located in Sanandaj, were used for estimation of inbreeding coefficient and its effects on pre-weaning traits. The 52.46% of animal was inbred. The mean of

inbreeding coefficient for herd and inbred population in birth weight (BW) was 2.74, 5.20% and for weaning weight (WW) was 2.55 and 5.24%, respectively. Inbreeding coefficient was increased about 0.153 ± 0.058 percent in each year. Effects of inbreeding on pre-weaning traits were estimated by restricted maximum likelihood (REML) method under 12 animal models. The most appropriate model for each trait was determined by Akaike's Information Criterion (AIC) test. The regression coefficient of inbreeding on BW, WW, ADG and KR were -0.920 ± 0.032 , -4.800 ± 0.190 , -0.101 ± 0.008 g and -0.018 ± 0.000 , respectively and significant.

Keywords: Inbreeding coefficient- Markhoz goats- Pre-weaning traits

مقایسه برنامه های مختلف انتخاب گاوهای نر در شرایط متغیر بودن ظرفیت آزمون نتاج

سعید شادپور^۱، عبدالاحد شادپور^۲، نغمه عیوقی^۳

۱،۳ دانش آموخته کارشناسی ارشد ۲، دانشیار دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان

نویسنده مسئول: سعید شادپور، دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان، گروه علوم دامی

saeed_persianmehr@yahoo.com

چکیده

جهت مقایسه برنامه های مختلف انتخاب در گاوهای نر هلشتاین ایران از نظر کارایی اقتصادی و تعیین بهترین برنامه انتخاب در شرایط عدم محدودیت ظرفیت آزمون نتاج، از یک مدل زیستی اقتصادی برای شبیه سازی و مقایسه برنامه های مختلف انتخاب در گاوهای هلشتاین ایران استفاده شد. در این مدل کارایی اقتصادی برنامه های انتخاب بصورت نسبت درآمد تنزیل یافته به هزینه تنزیل یافته، تعریف شد. هزینه ها در مدل بکار گرفته شده شامل هزینه خرید و نگه داری گاوهای نر جوان و هزینه عمل آوری و ذخیره سازی اسپرم گاوهای نر و درآمدها شامل افزایش درآمد ناشی از افزایش تولید شیر دختران و نوه های دختری گاوهای نر انتخاب شده بود. نتایج این تحقیق نشان می دهد آزمون نتاج ۳۰ گاو نر هر یک با ۵۹ دختر، منجر به حداکثر کارایی اقتصادی در جمعیت گاو های هلشتاین ایران برابر با ۶/۰۸ می شود و برای اجرای چنین برنامه ای لازم است ۷ درصد از جمعیت گاوهای ماده به آزمون نتاج اختصاص داده شوند.

واژه های کلیدی: برنامه های انتخاب- بهینه سازی- کارایی اقتصادی- تولید شیر- هلشتاین ایران

مقدمه

عوامل مختلفی بر کارایی اقتصادی آزمون نتاج و میزان پیشرفت ژنتیکی حاصل از آن تاثیر دارند. موفقیت برنامه های آزمون نتاج به وسیله شمار گاوهای نر آزمون شده، شدت انتخاب، صحت آزمون نتاج (اندازه گروه فرزندان) و حداکثر استفاده از بهترین گاوهای نر انتخاب شده تعیین می شود. (۴، ۵ و ۷) بنابراین، لازم است برنامه های مختلف انتخاب قبل از اجرا با استفاده از مدل سازی رایانه ای با یکدیگر مقایسه شده و شرایط اجرا و نتایج حاصل از اجرای آنها قبل از بکارگیری یک برنامه انتخاب به دقت از جنبه های مختلف بررسی گردد.

شادپور و همکاران (۱۳۸۸) برنامه های آزمون نتاج گاوهای هلشتاین ایران در شرایطی که تعداد دختر به ازای هر راس گاو نر تحت آزمون ثابت و برابر با ۷۰ راس بود را بررسی نموده و مشاهده کردند حداکثر کارایی اقتصادی برنامه های آزمون نتاج برابر با ۶/۰۷ و در ازای آزمون نتاج ۲۹ راس گاو نر حاصل می شود. در تحقیق دیگری شادپور و همکاران (۱۳۸۹) کارایی اقتصادی برنامه های انتخاب در جمعیت گاوهای هلشتاین ایران در شرایطی که درصدی از جمعیت گاوهای ماده که به آزمون نتاج اختصاص داده می شوند (ظرفیت آزمون) ثابت و برابر با ۲۰ درصد در نظر گرفته شد را با یکدیگر مقایسه کردند. بنابراین در تحقیق یاد شده تعداد گاوهای نر تحت آزمون (شدت انتخاب) و تعداد دختر به ازای هر راس گاو نر تحت آزمون (صحت

انتخاب) متفاوت بود. نتایج نشان داد حداکثر کارایی اقتصادی برنامه های آزمون نتاج در ظرفیت آزمون ۲۰ درصد برابر با ۵/۳۸ بوده و در ازای آزمون نتاج ۳۲ گاو نر و ۱۶۱ دختر به ازای هر گاو نر حاصل گردید (۱).

هدف از تحقیق حاضر بررسی برنامه های مختلف انتخاب در شرایط متغیر از نظر تعداد گاوهای نر تحت آزمون (شدت انتخاب)، تعداد دختر به ازای هر گاو نر تحت آزمون (صحت انتخاب) و سهمی از جمعیت گاوهای ماده که به آزمون نتاج اختصاص داده می شوند (ظرفیت آزمون) بود. در این تحقیق برنامه های مختلف انتخاب در جمعیت گاوهای هلشتاین ایران با یکدیگر مقایسه شده و برنامه ای که منجر به حداکثر کارایی اقتصادی گردید، به عنوان یک برنامه بهینه جهت آزمون نتاج معرفی گردید.

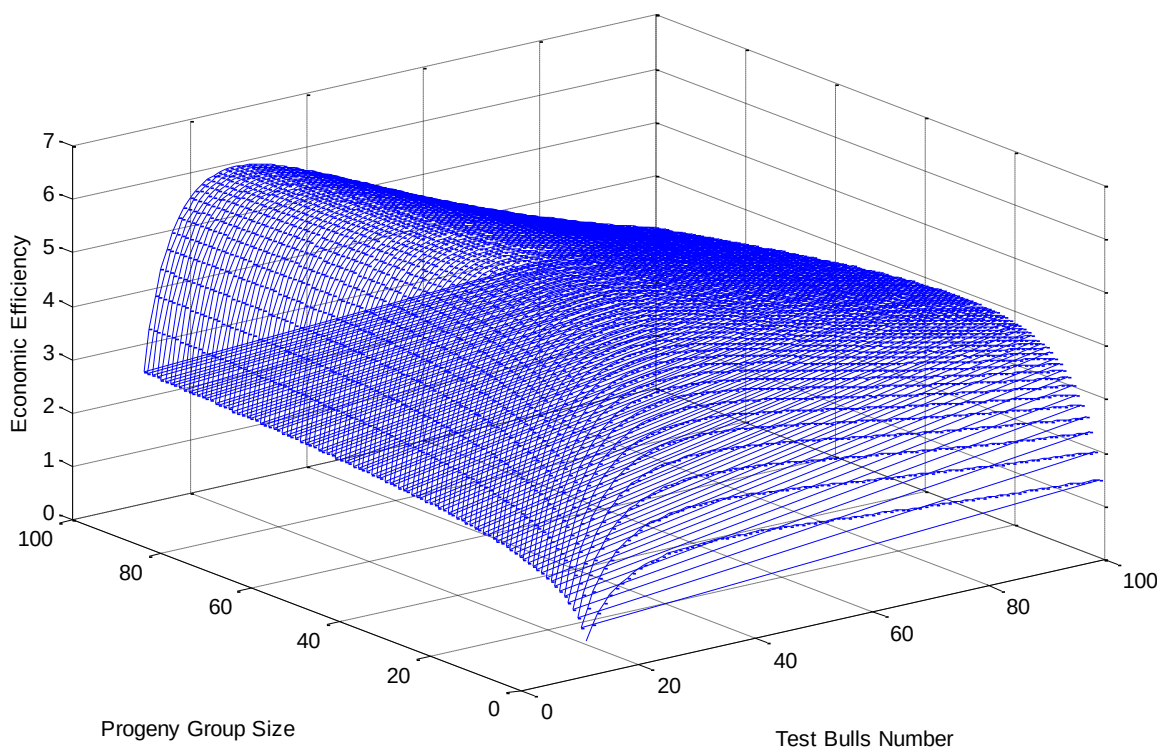
مواد و روش

جهت مطالعه و بررسی برنامه های مختلف انتخاب از نظر کارایی اقتصادی از مدل زیستی اقتصادی بکارگرفته شده در شادپور و همکاران (۱۳۸۸) استفاده شد. در این مدل پیشرفت ژنتیکی حاصل از اجرای برنامه های مختلف انتخاب متناسب با تعداد گاوهای نر تحت آزمون (شدت انتخاب)، تعداد دختر به ازای هر گاو نر تحت آزمون (صحت انتخاب) و ظرفیت آزمون نتاج (سهمی از جمعیت گاوهای ماده که به آزمون نتاج اختصاص داده می شوند) محاسبه گردید و متناسب با رشد ژنتیکی حاصل، افزایش درآمد حاصل از افزایش تولید شیر به روش جریان ژن در دختران و نوه های دختری گاوهای نر محاسبه و با توجه به سالی که این درآمدها حاصل می گردند، تنزیل داده شدند. هزینه ها در این مدل شامل هزینه خرید و نگه داری گاوهای نر جوان و هزینه عمل آوری و ذخیره سازی اسپرم آنها بود که با توجه به سال مربوطه تنزیل داده شدند. همچنین افزایش درآمد حاصل از فروش گاوهای نر حذفی در مدل لحاظ گردید که با توجه به سال مربوطه تنزیل داده شد. کارایی اقتصادی برنامه های مختلف انتخاب به صورت نسبت درآمد تنزیل داده شده به هزینه تنزیل داده شده تعریف و محاسبه گردید.

در این تحقیق گاوهای نر ممتاز از بین ۱۲ الی ۱۰۰ راس گاو نر تحت آزمون که هر یک با ۱ الی ۱۰۰ دختر در برنامه های مختلف شبیه سازی شده آزمون شدند، انتخاب گردیدند و از بین ۸۹۰۰ برنامه مختلف انتخاب شبیه سازی شده برنامه ای که بیشترین کارایی اقتصادی را داشت بعنوان یک برنامه بهینه در نظر گرفته شد.

نتایج

کارایی اقتصادی برنامه های انتخاب شبیه سازی شده در این تحقیق به ازای مقادیر مختلف گاوهای نر تحت آزمون و تعداد دختر به ازای هر راس گاو نر تحت آزمون در نمودار زیر نشان داده شده است.



نمودار کارایی اقتصادی برنامه های انتخاب به ازای مقادیر مختلف گاوهای نر تحت آزمون و تعداد دختر به ازای هر راس گاو نر تحت آزمون

چنانچه ملاحظه می گردد با افزایش تعداد گاوهای نر تحت آزمون (شدت انتخاب) و یا افزایش دختر به ازای هر راس گاو نر تحت آزمون (صحت انتخاب)، کارایی اقتصادی برنامه های انتخاب با نرخ نزولی افزایش یافت تا به حداکثر مقدار خود برسد. پس از آن با افزایش تعداد گاوهای نر تحت آزمون و یا تعداد دختر به ازای هر گاو نر تحت آزمون از مقدار کارایی اقتصادی کاسته شد. علت این امر افزایش سهمی از جمعیت گاوهای ماده که با گاوهای نر تحت آزمون جفتگیری می نمایند، در ازای افزایش شدت و یا صحت انتخاب و در مقابل کاهش درصدی از جمعیت گاوهای ماده که با گاوهای نر انتخاب شده جفتگیری خواهند نمود، است.

نتایج نشان داد در شرایط جامعه گاوهای هلشتاین ایران آزمون نتاج ۳۰ راس گاو نر هر یک با ۵۹ دختر منجر به حداکثر کارایی اقتصادی برابر با ۶/۰۸ می شود و برای اجرای چنین برنامه ای ۷ درصد از جمعیت گاوهای ماده باید به آزمون نتاج اختصاص داده شوند. عیوقی (۱۳۸۴) حداکثر کارایی اقتصادی آزمون نتاج برای جمعیت گاوهای هلشتاین ایران را ۲/۵۵ گزارش کرده بود. علت اصلی تفاوت مشاهده شده بین حداکثر کارایی اقتصادی حاصل از تحقیق مذکور و تحقیق حاضر، ثابت در نظر گرفتن تعداد دختر به ازای هر راس گاو نر تحت آزمون برابر با ۷۰ راس دختر به ازای هر راس گاو نر تحت آزمون در تحقیق عیوقی (۱۳۸۴) بود. در تحقیق دیگری حداکثر کارایی اقتصادی آزمون نتاج در ازای آزمون نتاج ۱۹ راس گاو نر گزارش شد (۶) که کمتر از مقادیر حاصل از این تحقیق (۳۰ راس) بود. دلیل اصلی این تفاوت بیشتر بودن اندازه جمعیت و تفاوت های اندک در

برخی شاخص های تولید مثلی در تحقیق حاضر بود. در تحقیق یاد شده کارایی اقتصادی برنامه های انتخاب، بیشتر از تحقیق حاضر بود که علت آنرا می توان بالاتر بودن نرخ تنزیل، کمتر بودن ارزش اقتصادی تولید شیر و پایین تر بودن ظرفیت اسپرم تولیدی گاوهای نر (که منجر به افزایش هزینه آزمون می گردد) در تحقیق حاضر دانست. در تحقیقی حداکثر کارایی اقتصادی برنامه های آزمون نتاج در شرایطی که تعداد دختر به ازای هر راس گاو نر تحت آزمون ثابت و برابر با ۷۰ راس بود ۶/۰۷ و در ازای آزمون نتاج ۲۹ راس گاو نر گزارش شد (۲). در تحقیق دیگری حداکثر کارایی اقتصادی در شرایط محدود بودن ظرفیت آزمون برابر با ۰/۲۰، ۵/۳۸ و در ازای ۳۲ راس گاو نر تحت آزمون هر یک با ۱۶۱ دختر اعلام شد (۱). نتایج این دو تحقیق و تحقیق حاضر نشان می دهد در صورتیکه محدودیتی از نظر تعداد دختر به ازای هر راس گاو نر تحت آزمون (دقت انتخاب) و درصدی از جمعیت که به آزمون نتاج اختصاص داده می شوند (ظرفیت آزمون) اعمال نگردد، می توان به کارایی اقتصادی بالاتری دست یافت.

منابع

۱. شادپور س.، شادپرور ع. و عیوقی ن. ۱۳۸۹، کارایی اقتصادی برنامه انتخاب گاوهای نر در شرایط ثابت بودن ظرفیت آزمون نتاج. چهارمین کنگره علوم دامی کشور. ص ۳۰۲
۲. شادپور س.، شادپرور ع. و عیوقی ن. ۱۳۸۸، بهینه سازی برنامه های آزمون نتاج برای گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران، دوره ۴۰، شماره ۲، ص ۱۵-۷.
۳. عیوقی، ن. ۱۳۸۴. مقایسه اقتصادی برنامه های مختلف انتخاب در گاوشیری. پایان نامه کارشناسی ارشد دامپروری، دانشگاه گیلان، ایران.
4. Dekkers, J. C. M., G. E. Vandervoort and E. B Burnside. 1996. Optimal size of progeny groups for progeny-testing programs by artificial insemination firms. J. Dairy Sci. 79:2056-2070.
5. Norman, H. D., R. L. Powell, J. R. Wright and C. G. Sattler. 2003. Timeliness of progeny testing thought artificial insemination and percentage of bulls returned to service. J. Dairy Sci. 86:1513-1525.
6. Oltenacu, P. A and C. W. Young. 1974. Genetic and financial considerations of progeny testing programs in an artificial insemination dairy cattle population. J. Dairy Sci. 57:1245-1253
7. Willam, A., C. Egger-Danner, J. So"lkner and E. Gierzinger. 2002. Optimization of progeny testing schemes when functional traits play an important role in the total merit index. Livest. Prod. Sci. 77:217-225.

Comparison of various bull selection programs in varying test capacity condition

Saeed shadpour^{1*}, Abdol Ahad Shadparvar², Naghmeh Auoghi³

* Corresponding E-mail address: saeed_persianmehr@yahoo.com

Abstract

In order to compare different bull selection programs in Iranian Holstein from economic efficiency aspect, and to determine the optimum selection program under no limits on test capacity, a bio economic model was used to simulate and compare different selection programs

in Iranian Holstein dairy cattle. In this model, economic efficiency was defined as a ratio of discounted return to discounted cost. Costs included bulls purchasing, bulls maintenance cost, young bull's semen processing and semen storage cost and returns included increased revenue of milk production increase in selected bulls' daughters and ground daughters. Results showed progeny testing of 30 bulls each one with 59 daughters led to maximum economic efficiency equal to 6.08 and in order to conduct this program, designating 7 percent of cow population to progeny test was necessary.

Key words: Selection programs- Optimization- Economic efficiency- Milk production- Iranian Holstein

برآورد روند ژنتیکی و فنوتیپی فاصله زایش در گاوهای هلشتاین استان اصفهان

رضا مرادی حاجی دولو^{۱*}، محمد علی ادریس^۲، سعید انصاری مهباری^۲، غلامحسین عسکری^۳
۱، دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان^۲، به ترتیب استاد و استادیار گروه علوم دامی
دانشگاه صنعتی اصفهان^۳، دانشجوی کارشناسی ارشد علوم دامی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
reza_iut84@yahoo.com*

چکیده

هدف از این مطالعه برآورد روند ژنتیکی و فنوتیپی صفت فاصله زایش گاوهای هلشتاین استان اصفهان بود. برای این منظور از داده‌های مربوط به گاوهای هلشتاین استان اصفهان که ما بین سال‌های ۱۳۶۳ تا ۱۳۸۹ توسط شرکت تعاونی کشاورزان و دامپروران صنعتی وحدت اصفهان ثبت شده بود، استفاده شد. آنالیز داده‌ها توسط نرم افزار DMU انجام شد. مدل مورد استفاده برای آنالیز داده‌ها، مدل دام تک متغیره بود. روند ژنتیکی و فنوتیپی از طریق رگرسیون میانگین ارزش‌های اصلاحی و میانگین ارزش‌های فنوتیپی بر سال زایش برآورد شدند. وراثت پذیری برای این صفت 0.04 ± 0.07 برآورد شد. روند ژنتیکی فاصله زایش 0.01 ± 0.05 - به ازاء هر سال برآورد گردید. روند فنوتیپی برای فاصله زایش 0.1 ± 0.47 + برای هر سال بود. کلمات کلیدی: روند ژنتیکی و فنوتیپی - فاصله زایش

مقدمه

یکی از مشکلات جدی که در صنعت گاو شیری به چشم می‌خورد، روند معکوس در بازده صفات تولید مثلی می‌باشد که به یک مسئله مهم در این صنعت تبدیل شده است. دلیل اصلی در این زمینه که بیشتر دانشمندان در مورد آن اتفاق نظر دارند، توجه بیش از اندازه به صفات مربوط به تولید و رشد در اصلاح گاو شیری می‌باشد و از آنجایی که صفات مربوط به تولید و تولید مثل دارای همبستگی ژنتیکی منفی می‌باشند با افزایش پیشرفت ژنتیکی در تولید، تولید مثل دچار مشکلاتی می‌شود.

مشکلات تولید مثلی به واسطه طولانی شدن فاصله زایش و افزایش هزینه جایگزینی به صورت کاهش گوساله متولد شده به ازاء هر رأس گاو به زیان اقتصادی گله‌داران می‌باشد (۱۰). وراثت پذیری فاصله زایش همانند سایر صفات تولید مثلی، پایین می‌باشد (۱). به طور مثال، وراثت پذیری فاصله زایش در گاوهای هلشتاین پرتغال 0.37 ± 0.04 (۴)، هلشتاین جمهوری ایرلند 0.04 ± 0.10 (۱۰)، هلشتاین - فریزین استرالیا 0.04 ± 0.07 (۷)، هلشتاین ایتالیا 0.07 ± 0.03 (۳)، هلشتاین هلند 0.05 ± 0.05 (۵)، هلشتاین دانمارک 0.67 ± 0.12 (۱۲) گزارش شد.

برخی محققان عقیده دارند که میزان کاهش باروری در اثر انتخاب برای افزایش تولید شیر مشخص نیست و کاهش باروری بیشتر محیطی بوده و در سطح ژنتیکی گاوها برای فاصله زایش کاهش چندانی رخ نداده است (۸). روند فنوتیپی برای فاصله زایش اول در نژادهای شیری ایالات متحده، در دامنه 0.49 تا 1.07 ماه گزارش شد (۸). میانگین فاصله زایش در گاوهای هلشتاین پرتغال، از دهه نود میلادی به بعد، سالیانه $1/35$ روز افزایش یافت (۴). وراثت پذیری فاصله زایش برای گله‌های کلمبیا 0.11 و روند ژنتیکی 0.32 - روز به دست آمد (۱۳). روند فنوتیپی به دست آمده برای فاصله زایش در گاوهای هلشتاین استان فارس بر

خلاف مطالعات دیگر به طور معنی داری کاهش داشت و میانگین این صفت از ۴۳۵ روز در سال ۲۰۰۰ به ۳۸۹ روز در سال ۲۰۰۴ رسید (۲). هدف از انجام این تحقیق برآورد روند ژنتیکی و فنوتیپی فاصله زایش برای گاوهای هلشتاین ایران می‌باشد.

مواد و روش‌ها

به منظور برآورد روند ژنتیکی و فنوتیپی فاصله زایش از اطلاعات جمع آوری شده توسط شرکت تعاونی کشاورزان و دامپروران صنعتی وحدت اصفهان استفاده شد. این رکوردها مربوط به داده‌های شجره و اطلاعات مربوط به عملکرد تولید مثلی از قبیل فاصله زایش بود. اطلاعات مورد استفاده مربوط به دوره‌های شیردهی اول تا هشتم سال‌های ۱۳۶۳ تا ۱۳۸۹ بود. فاصله زایش از تفاوت ما بین تاریخ زایش دوم و اول به دست آمد. حیوانات با تاریخ تولد و تاریخ زایش نامعلوم حذف شدند و فاصله زایش بیشتر از ۳۰۰ و کوچکتر از ۶۶۰ در آنالیز مورد استفاده قرار گرفت. داده‌ها با استفاده از نرم افزار DMU توسط مدل زیر آنالیز شدند:

$$y = Xb + Zu + e$$

در این مدل y بردار مشاهدات برای صفت مورد نظر، b بردار اثرات ثابت (اثر گله - سال - فصل با ۱۷۰۶ سطح)، u بردار اثرات تصادفی، e اثرات باقیمانده، X و Z ماتریس‌های طرح هستند که مشاهدات را به اثرات ثابت و تصادفی ربط می‌دهند. روندهای ژنتیکی و فنوتیپی به صورت رگرسیون خطی میانگین سالانه ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی صفات از سال زایش توسط نرم افزار SAS محاسبه شد.

نتایج و بحث

آمار توصیفی و وراثت پذیری برآورد شده فاصله زایش در جدول ۱ آورده شده است. میانگین فاصله زایش ۴۰۴/۵۳ روز (۱۳/۵ ماه) بود، که کمتر از میانگین گزارش شده برای گاوهای هلشتاین ایران (۴۱۲/۸ روز) (۶) و مشابه نتایج مشاهده شده برای گاوهای شیری ایالات متحده بود (۸). وراثت پذیری فاصله زایش 0.04 ± 0.07 به دست آمد. این نتایج مشابه برآوردهای مشاهده شده برای گاوهای هلشتاین پرتغال (۰/۰۳۷) (۴)، هلشتاین جمهوری ایرلند (۰/۰۴) (۱۰)، هلشتاین - فریزین استرالیا (۰/۰۴) (۷)، هلشتاین هلند (۰/۰۵۷) (۵)، هلشتاین دانمارک (۰/۰۶۷) (۱۲) و همین طور گاوهای هلشتاین ایتالیا (۰/۰۷) (۳)، بود، ولی از نتایج به دست آمده برای گله‌های کلمبیا (۰/۱۱) کمتر بود (۱۳). این وراثت پذیری پایین نشان دهنده تأثیر شرایط محیطی بوده بنابراین بهبود تغذیه و مدیریت تولید می‌تواند در بهبود عملکرد این صفات به میزان قابل توجهی مؤثر باشد.

شکل ۱ روند فنوتیپی فاصله زایش را در طول سال‌های ۱۳۶۳ تا ۱۳۸۹ نشان می‌دهد که از ۳۹۸ روز در سال ۱۳۶۳ به ۴۰۶ روز در سال ۱۳۸۹ رسیده است. این روند نشان می‌دهد اگرچه در طی این سال‌ها فاصله زایش در گله‌های استان اصفهان به تناوب بالا و پایین رفته است ولی به طور کلی دارای یک روند افزایشی می‌باشد (۰/۴۷۵+ روز به ازاء هر سال). در مطالعه مربوط به گاوهای هلشتاین ایالات متحده نیز این روند سیر افزایشی را نشان داد (۸) ولی در گاوهای آفریقای جنوبی روند فنوتیپی منفی بود (۹).

در شکل ۲ نیز روند ژنتیکی مشاهده می‌شود. این روند تا سال ۱۳۶۹ تقریباً دارای یک شیب ثابتی بوده ولی پس از آن تا سال ۱۳۷۲ به میزان کمی سیر افزایشی داشته و دوباره در طی سال‌های بعدی این روند کاهش یافته است و به طور کلی دارای روند منفی می‌باشد (۰/۰۰۵- روز به ازاء هر سال). روند ژنتیکی فاصله زایش برای گاوهای آفریقای جنوبی و همین‌طور برای گاوهای

هلستاین ایران مثبت گزارش شده است (۹، ۶). با توجه به نتایج به دست آمده اگرچه برای فاصله زایش از نظر ژنتیکی بهبود بسیار ناچیزی حاصل شده و به ازاء هر سال به میزان ۰/۰۰۵ روز کاهش داشته، ولی با توجه به وراثت پذیری پایین این صفت، عوامل محیطی و مدیریتی به میزان زیادی روی این صفت تأثیر گذاشته است، به همین دلیل در روند فنوتیپی بهبودی مشاهده نشده و حتی به میزان ۰/۴۷ روز به ازاء هر سال افزایش در فاصله زایش دیده می‌شود. تفاوت بین گزارشات تنها به علت تعداد مشاهدات هر حیوان نبوده بلکه روش تجزیه و تحلیل داده ها، نژاد و تعداد حیوانات نیز متفاوت بوده است (۱۱).

منابع

۱. چوگانی ا. دادپسند م. میرزایی ح ر. رکوعی م. صیاد نژاد م ب. ۱۳۸۸. برآورد پارامترهای ژنتیکی برخی صفات تولیدمثلی و ارتباط آنها با تولید شیر و مقدار چربی در گاوهای هلستاین ایران. مجله علوم دامی ایران، شماره ۴، صفحه ۵۳ تا ۶۱.
2. Ansari- Lari, M., Rezagholi, M., and Reiszadeh, M. 2009. Trends in calving age and calving intervals for Iranian Holstein in Fars province, Southern Iran. *Tropical Animal Health Production*. 41:1283-1288.
3. Biffani, B, R. Canavesi and V. Samore. 2007. Estimates of genetic parameters for fertility traits of Italian Holstein-Frisian cattle. *Stoarstvo*, 59: 145-153.
4. Carolina, M. I., C. M. Pereira, N. Carolina, J. Machado, and L. T. Gama, 2006. Calving interval in Portuguese dairy cattle. 1. estimation of genetic parameters and trends. 8th world Cong. Appl. Livest. Prod., August 13-18, Belo Horizonte, MG. Brazil.
5. De Jong 2005. Usage of predictors for Fertility in the genetic evaluation application in the Netherlands. In: Proceedings of the 2005 INTERBULL Meeting, Uppsala, Sweden, June 2-4, 2005, Bulletin No. 33: 69-73.
6. Faraji Arough, H., A. A. Aslaminejad and H. Farhangfar. 2010. Estimation of genetic and phenotypic trends for Age at first calving and calving interval for Iranian Holstein cows. The 4th Congress on Animal Science. 2993-2996.
7. Haile-Mariam, M., P. J. Bowman and M. E. Goddard. 2003. Genetic and environmental relationship among calving interval, survival, persistency of milk yield and somatic cell count in dairy cattle. *Livestock Production. Science*. 80: 189-200.
8. Hare, E., H. D. Norman and J. R. Wright. 2006. Trends in calving ages and calving intervals for dairy cattle breeds in the United States. *Journal of Dairy Science*. 89: 365-370.
9. Makgahlela, M. L., C. B. Banga, D. Norris, K. Dzama and J. W. Ngambi. 2008. Genetic analysis of age at first calving and calving interval in South African Holstein cattle. *Asian Journal of Animal and Veterinary Advances*. 3: 197-205.
10. Olori, V. E., T. H. E. Meuwissen and R. F. Veerkamp. 2002. Calving interval and survival breeding values as a measure of cow fertility in a pasture-based production system with seasonal calving. *Journal of Dairy Science*. 85: 689-696.
11. Pathodiya, O.P., L.S. Jain, S.P. Tailor and B. Singh. 1998. Genetics studies of some economic traits in Surti buffaloes. *Indian Journal of Dairy Science*. 51: 280-284.
12. Sun, C., P. Madsen, U. S. Nielsen, Y. Zhang, M. S. Lund and G. Su. 2009. Comparison between a sire model and an animal model for genetic evaluation of fertility traits in Danish Holstein population. *Journal of Dairy Science*. 92: 4063-4071.
13. Vergara, O. D., M. A. Elzo and M. F. Ceron Munoz. 2009. Genetic parameters and genetic trends for age at first calving and calving interval in an Angus-Blanco Orejinegro-Zebu multibreed cattle population in Colombia. *Livestock Science* 126: 318-322.

Estimation of genetic and phenotypic trends for calving interval in Holstein Dairy Cattle in Isfahan Province

Reza Moradi-hajidavaloo^{*1} Mohammad-Ali Edriss² Saeid Ansari-Mahyari² Gholam-Hossein Askari³

1. M.Sc of livestock science department, Isfahan University of Technology 2. Faculty of livestock science department, Isfahan University of Technology 3. M.Sc on livestock's science, university of agriculture and natural resource of Sari

[*reza_iut84@yahoo.com](mailto:reza_iut84@yahoo.com)

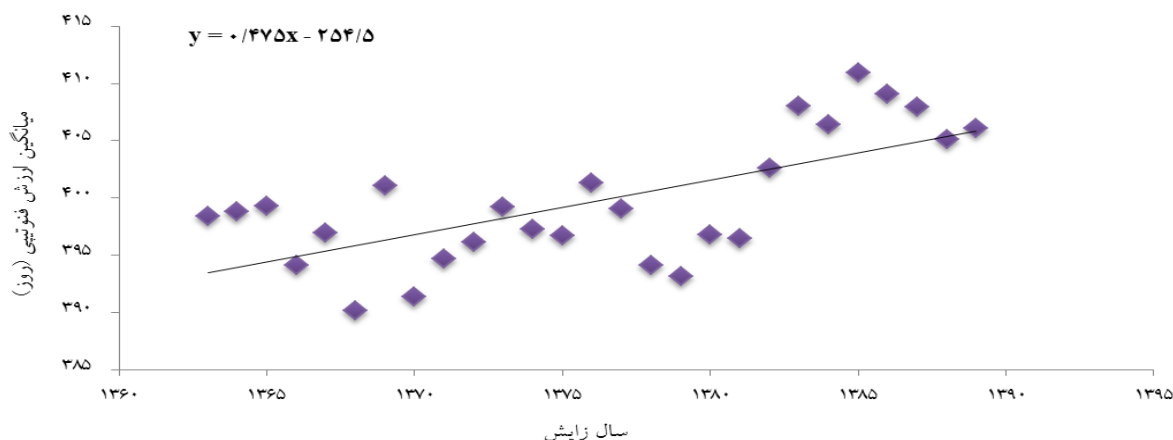
Abstract:

In order to estimate genetic and phenotype trends of calving interval, records of the Isfahan Province Holstein cows that registered by Vahdat Industrial Agriculturists & Dairymen Cooperative of Isfahan from 1983 to 2010, were used. Single trait animal model was used for analysis of records. Genetic and phenotype trends were estimated using regression average breeding value and phenotype value on year of calving. Heritability for calving interval were 0.07 ± 0.004 . Genetic trends for calving interval was -0.005 ± 0.001 days per year. Phenotypic trends for calving interval was estimated $+0.47 \pm 0.1$ days per year.

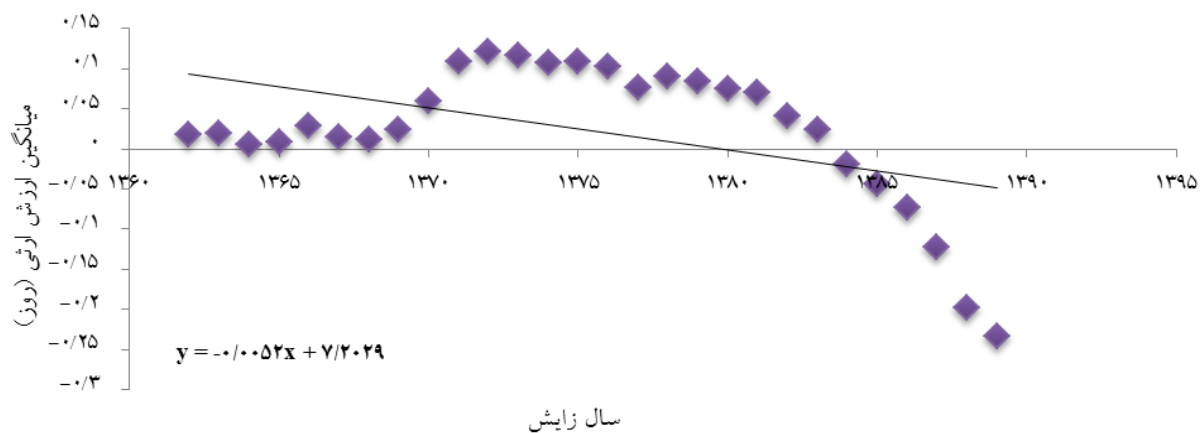
Key words: Genetic and phenotypic trend - calving interval.

جدول (۱) شاخص‌های آماری و وراثت پذیری صفت فاصله زایش برای گاوهای هلشتاین استان اصفهان

وراثت پذیری (SE)	میانگین (SD)	حداکثر	حداقل	تعداد رکورد	صفت
۰/۰۷ (۰/۰۰۴)	۴۰۴/۵۳ (۷۵/۸۵)	۶۶۰	۳۰۰	۱۴۷۹۸۱	فاصله زایش (روز)



شکل (۱) روند فنوتیپی برای فاصله زایش گاوهای هلشتاین استان اصفهان



شکل (۲) روند ژنتیکی فاصله زایش گاوهای هلشتاین استان اصفهان

شناسایی چند شکلی تک نوکلئوتیدی در ناحیه پروموتور ژن گیرنده استروژن آلفا ($ER\alpha$) با استفاده از تکنیک PCR-RFLP در گاو هلشتاین

فهیمه محمدنژاد سنگدهی*، قدرت رحیمی میانجی، زریخت انصاری پیرسرائی

آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام، گروه علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

* نویسنده مسئول: فهیمه محمدنژاد سنگدهی

Fhmohamadnejad@gmail.com

چکیده

گیرنده‌های استروژن مانند دیگر گیرنده‌های هسته‌ای از فاکتورهای رونویسی هستند که پس از اتصال به لیگاند اختصاصی خود قادر به تنظیم بیان ژن می‌باشند. از آن جا که استروژن در تنظیم فرایندهای تولید مثلی، نمو پستان، رشد و تمایز سلول‌ها نقش اساسی دارد، گیرنده‌های استروژن و ژن‌های مربوط به آن‌ها، کاندیدهای احتمالی برای مارکرهای صفات تولیدی و عملکردی در حیوانات اهلی، از جمله گاو، در نظر گرفته می‌شوند. در پژوهش حاضر به منظور شناسایی چند شکلی ژن گیرنده استروژن آلفا ($ER\alpha$) از ۱۲۰ راس گاو هلشتاین خون گیری به عمل آمد. استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته و تکثیر یک قطعه ۳۴۰ جفت بازی از ناحیه پروموتور این ژن توسط واکنش زنجیره‌ای پلی مرز (PCR) با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی انجام گرفت. تعیین ژنوتیپ هر یک از نمونه‌ها با استفاده از آنزیم برشی SnaBI انجام شد. فراوانی هر یک از آلل‌های A و G به ترتیب برابر با ۰/۹۵ و ۰/۰۵ برآورد شد. در جمعیت مورد مطالعه برای جایگاه مذکور دو ژنوتیپ AA و AG به ترتیب با فراوانی‌های ۰/۹۱ و ۰/۰۹ شناسایی شد. هیچ یک از گاو‌ها ژنوتیپ GG را نشان ندادند که علت آن را می‌توان احتمالاً به دلیل وفور بسیار پایین آلل G دانست. نتایج پژوهش حاضر نشان داد که آنزیم برشی SnaBI قادر به شناسایی فرم‌های مختلف آللی در جایگاه نشانگری مورد مطالعه می‌باشد.

واژگان کلیدی: گیرنده استروژن - چند شکلی - PCR-RFLP - گاو هلشتاین

مقدمه

استروژن هورمونی استروئیدی جنسی است که برای کارایی فرایند تولید مثلی و بروز صفات ثانویه جنس ماده ضروری است. پارامترهای مختلف باروری، شامل شکل‌گیری و رشد فولیکول‌ها، بلوغ تخمک‌ها، رشد و تمایز سلول‌های اندومتر و نگهداری آبستنی تحت تاثیر استروژن قرار می‌گیرند (۲). این هورمون در ماده گاو‌های نابالغ به تکثیر سلولی و رشد مجاری پستانی و در دوره آبستنی به رشد آلوپول‌ها کمک می‌کند و به این ترتیب در توسعه غدد پستانی و تولید شیر موثر است (۹). اثرهای فیزیولوژیک استروژن بر بافت‌های مختلف، با میانجی‌گری گیرنده‌های آن انجام می‌شود. گیرنده‌های استروژن، مانند دیگر گیرنده‌های هسته‌ای، از فاکتورهای موثر بر فرایند رونویسی هستند که پس از اتصال به لیگاند اختصاصی خود، قادر به تنظیم بیان ژن می‌باشند (۵). این گیرنده‌ها شامل دو نوع α ($ER\alpha$) و β ($ER\beta$) هستند که توسط ژن‌های جداگانه‌ای کد می‌شوند (۱). ساختار مولکولی پروتئین گیرنده استروژن از ۶ ناحیه A تا F تشکیل شده است (۴). گیرنده از ناحیه E/F (ناحیه اتصال به لیگاند) به استروژن متصل می‌شود و پس از تشکیل دایمر از ناحیه C (ناحیه اتصال به DNA) به عناصر حساس به استروژن^{۷۲}

(ERE) که در بالادست ژن هدف قرار دارند متصل شده و باعث فعال شدن بیان ژن می شود (۲). ویژگی مشترک همه ژن هایی که گیرنده های هسته ای را کد می کنند، ساختار پیچیده ناحیه ۵' آن ها است (۹). در همه گونه های شناخته شده، پروتئین ERα توسط ۸ اگزون کد می شود. اما در ناحیه ۵' این ژن، اگزون های دیگری^۳ وجود دارند که پروتئین کد نمی کنند، بلکه توالی های غیر قابل ترجمه با اندازه های متفاوت در پایانه ۵' تولید می کنند و هر کدام تحت کنترل پروموتور اختصاصی خود هستند (۷). ژن ERα گاو روی کروموزوم ۶ واقع است و شامل ۸ اگزون می باشد (۶). Szreder و Zwierzchowski (۲۰۰۴) قطعه ای به طول ۲۸۵۳ جفت باز از ژن ERα گاو را تعیین توالی کردند. قطعه توالی یابی شده، اگزون های غیر کد کننده A، B، C و پروموتورهای فرضی آن ها و نیز بخشی از اگزون کد کننده شماره یک را در بر می گرفت. این اگزون ها معادل اگزون های A، B، C و ۱ در ژن ERα انسان و موش هستند. با استفاده از این توالی، یک چند شکلی تک نوکلئوتیدی در پروموتور فرضی اگزون C با تکنیک PCR-RFLP و آنزیم برشی BglI شناسایی شد. آنها SNP دیگری نیز در موقعیت ۱۲۱۳- نسبت به جایگاه پذیرنده +۸۵ مشاهده کردند. این جهش (A/G) در پروموتور اگزون B واقع است و با آنزیم SnaBI قابل شناسایی است. هدف از پژوهش حاضر شناسایی چند شکلی آلی در جایگاه نشانگری ERα/SnaBI در گاو هلشتاین بوده است.

مواد و روش ها

نمونه برداری و استخراج DNA

در این پژوهش از ۱۲۰ راس گاو نژاد هلشتاین از گاوداری صنعتی مهدشت ساری خون گیری به عمل آمد. برای استخراج DNA از پروتکل استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته^۴ و برای تعیین ویژگی های کمی و کیفی DNA از الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد.

واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) و تعیین ژنوتیپ

در این مطالعه ناحیه پروموتور از جایگاه ژنی ERα انتخاب و با استفاده از آغازگرهای اختصاصی که در جدول ۱ آمده است، قطعه ای به طول ۳۴۰ جفت باز با استفاده از دستگاه ترموسایکلر تکثیر شد.

جدول ۱- توالی آغازگرهای رفت و برگشت مورد استفاده برای جایگاه ژنی ERα

ژن	جایگاه	توالی آغازگر	اندازه محصول	منبع
ERα	پروموتور اگزون B	F: 5'- GTCAGGTATTCGTCAGGT- 3'	۳۴۰ جفت باز	۷
		R: 5'- GCCTTTCTGTTTCCTTTGG-3'		

واکنش زنجیره ای پلی مرز در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ۲/۵ میکرولیتر بافر (10x) PCR، ۰/۵ میکرولیتر dNTPs، ۰/۲ میکرولیتر Taq polymerase، ۱۰۰ نانو گرم DNA ژنومی و ۱ میکرولیتر MgCl₂ که در نهایت با آب مقطر به حجم ۲۵ میکرولیتر رسیده است، انجام گرفت. سپس چرخه های PCR با برنامه حرارتی شامل: ۹۴ درجه سانتی گراد برای واسرشت اولیه DNA به مدت ۴ دقیقه، واسرشت ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، دمای ۵۴ درجه سانتی گراد برای

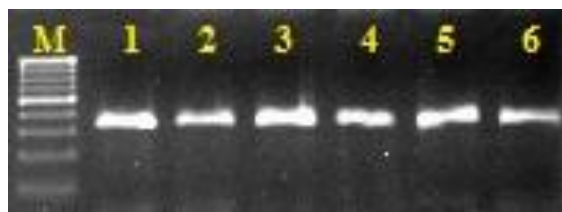
2. Additional exons

3. modified salting out method

اتصال پرایمرها به مدت ۳۰ ثانیه، دمای ۷۲ درجه سانتی گراد برای بسط آغازگرها به مدت ۳۰ ثانیه به تعداد ۳۵ چرخه و بسط پایانی به مدت ۵ دقیقه در ۷۲ درجه سانتی گراد انجام شد. برای تعیین کیفیت محصول PCR از ژل آگارز ۱/۵ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید استفاده شد. برای تفکیک آلی و تعیین ژنوتیپ هر حیوان از تکنیک PCR-RFLP و الکتروفورز ژل اکریل آمید استفاده شد. بعد از هضم آنزیمی نمونه‌ها توسط آنزیم SnaBI برای مشاهده بهتر باندها از ژل اکریل آمید ۱۰ درصد استفاده شد.

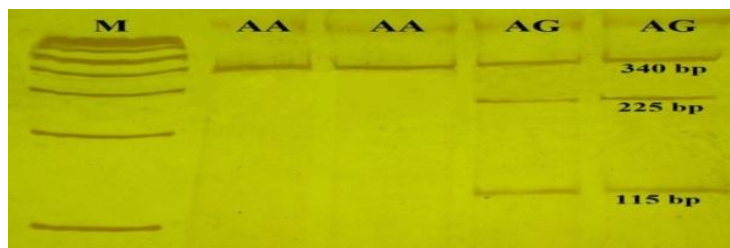
نتایج و بحث

قطعه مورد نظر از جایگاه ژنی ERα به طول ۳۴۰ جفت باز با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی تکثیر شد. نمونه‌ای از محصولات PCR تکثیر شده در نگاره ۱ آمده است.



نگاره ۱- نمونه‌ای از محصولات PCR تکثیر شده

چند شکلی در ژن ERα توسط آنزیم برشی SnaBI شناسایی می‌شود. حضور محل برش این آنزیم سبب تولید دو قطعه ۲۲۵ و ۱۱۵ جفت بازی می‌شود. اگر این جایگاه برشی در هر دو آلل وجود داشته باشد سبب بروز ژنوتیپ GG و اگر در یکی یا هیچ کدام از آلل‌ها وجود نداشته باشد به ترتیب سبب بروز ژنوتیپ‌های AG و AA می‌شود. تیمار هضم آنزیمی محصولات به دست آمده و مقایسه با سایز مارکر ۱۰۰ جفت بازی در نگاره ۲ نشان داده شد. در جمعیت مورد مطالعه دو ژنوتیپ AA و AG به ترتیب با فراوانی‌های ۰/۹۱ و ۰/۰۹ مشاهده شد. علت عدم مشاهده ژنوتیپ GG را می‌توان وفور بسیار پایین آلل G دانست. فراوانی آلل‌های A و G به ترتیب ۰/۹۵ و ۰/۰۵ بود.



نگاره ۲- نمونه‌ای از محصولات حاصل از هضم قطعه تکثیری با استفاده از آنزیم SnaBI

از آنجا که استروژن در تنظیم فرایندهای تولید مثلی نقش اساسی دارد، گیرنده‌های استروژن و ژن‌های مربوط به آنها، کاندیدهای احتمالی برای مارکرهای صفات تولیدی و عملکردی در حیوانات اهلی در نظر گرفته می‌شوند (۷). تاکنون پژوهش‌های کمی در ارتباط با تاثیر چندشکلی‌های ژن ERα بر عملکرد تولیدی و تولیدمثلی گاو انجام شده است. چند شکلی

ER α /SnaBI نخستین بار توسط Szreder و همکاران (۲۰۰۷) شناسایی شد. به هر حال این پژوهشگران همبستگی بین این چند شکلی و صفات تولیدی و تولید مثلی را مورد مطالعه قرار ندادند.

در مطالعه دیگری که توسط Szatkowska و همکاران (۲۰۱۱) به منظور بررسی تاثیر چند شکلی های ER α /SnaBI بر صفات تولیدی و تولید مثلی در گاوهای هلشتاین-فریزن انجام شد، دو ژنوتیپ AA و AG به ترتیب با فراوانی های ۰/۹۲ و ۰/۰۸ مشاهده شد که با نتایج به دست آمده از پژوهش حاضر مطابقت داشت. این پژوهشگران هیچ ارتباطی بین ژنوتیپ های ER α /SnaBI و تولید و ترکیبات شیر در جمعیت تحت مطالعه پیدا نکردند. اما تاثیر این چند شکلی بر برخی از صفات تولید مثلی معنی دار بود. به طوری که فاصله گوساله زایی تا آبستنی در گاوهای دارای ژنوتیپ ER α /SnaBI^{AA} نسبت به ژنوتیپ هتروزیگوت مطلوب تر بود.

نتایج پژوهش حاضر نشان داد که نشانگر آنزیمی SnaBI قادر به شناسایی فرم های مختلف آلی در جایگاه مذکور می باشد. با توجه به پایین بودن وفور آلل G به منظور مشاهده ژنوتیپ GG نیاز به انتخاب اندازه نمونه بزرگتر است که در مطالعات بعدی باید مورد توجه قرار گیرد. هم چنین با توجه به چند شکل بودن این جایگاه نشانگری بررسی اثر این چند شکلی بر صفات تولیدی و عملکردی گاو پیشنهاد می شود.

منابع

1. Hewitt, S.C. and Korach, K.S. 2002. Estrogen receptors: Structure, mechanisms and function. *Rev. Endocr. Metab. Disord.* 3: 193-200.
2. Inoue, S. and Horie-Inoue, K. 2004. Estrogen receptor function and molecular mechanisms. *Hormone Replacement Therapy* 47: 480-485.
3. Jedrzejczak, M., Grzesiak, W., Szatkowska, I., Dybus, A., Muszynska, M. and Zaborski, D. 2011. Association between polymorphisms of CYP19, CYP21, and ER1 genes and milk production traits in Black-and-White cattle. *Turk. J. Vet. Anim. Sci.* 35: 41-49.
4. Pfaffl, M.W., Lange, I.G., Daxenberger, A. and Meyer, H.H.D. 2001. Tissue-specific expression pattern of estrogen receptors (ER): Quantification of ER α and ER β mRNA with real-time RT-PCR. *APMIS.* 109: 345-355.
5. Robinson-Rechavi, M., Garcia, H.E. and Laudet, V. 2003. The nuclear receptor superfamily. *Journal of Cell Science.* 116: 585-586.
6. Szatkowska, I., Grzesiak, W., Jedrzejczak, M., Dybus, A., Zaborski, D. and Jankowiak, D. 2011. An analysis of CYP19, CYP21 and ER genotypes in Polish Holstein-Friesian cows with regard to the selected reproductive traits. *ACTA VET. BRNO.* 80: 065-071.
7. Szreder, T., Żelazowska, B., Zwierzchowski, L. and Pareek, C.S. 2007. A novel nucleotide sequence polymorphism in the 5'-noncoding region of bovine estrogen receptor α gene, the RFLP-SnaBI. *Biochem. Genet.* 45: 255-262.
8. Szreder, T. and Zwierzchowski, L. 2004. Polymorphism within the bovine estrogen receptor gene 5' region. *J. Appl. Genet.* 45: 225-236.
9. Zahmatkesh, A., Rahmani, H.R., Edriss, M.A. and Sayed-Tabatabaei, B.E. 2011. Bovine ER- α polymorphism in relation with production traits. *International Conference on Food Engineering and Biotechnology.* vol.9.

Detection of single nucleotide polymorphism in promoter region of estrogen receptor alpha gene using PCR-RFLP technique in Holstein cow

F. Mohamadnejad*, G. Rahimi Mianji, Z. Ansari Pirsaraei

Laboratory for Molecular Genetics and Animal Biotechnology, Department of Animal Sciences, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

* Corresponding E-mail address: Fhmohamadnejad@gmail.com

Abstract

Estrogen receptors, similarly as other nuclear receptors, are transcription factors, which after binding to a proper ligand, are capable of regulating gene transcription. Due to the functions that estrogens play in the regulation of reproduction process, development of the mammary gland, growth and differentiation of cells, estrogen receptors and their genes are considered as candidate markers for production and functional traits in farm animals, such as cattle. In this study in order to identify polymorphism in *Era* gene, blood samples were collected from one hundred twenty Holstein cows. DNA was extracted using modified salting out method and polymerase chain reactions (PCR) were carried out by specific primer pairs for amplification of a fragment with 340 bp in length from promoter region of this gene. Genotyping of each sample was carried out using *Sna*BI restriction enzyme. In the studied population, two alleles of A (0.95) and G (0.05) and two genotypes of AA and AG were observed with the frequency of 0.91 and 0.09, respectively. None of the samples showed GG genotype. This may probably be as a result of very low frequency of G allele. The results of the present research work showed that the restriction enzyme *Sna*BI is capable of detecting different allelic form at studied marker site.

Keywords: Estrogen receptor- Polymorphism-PCR-RFLP- Holstein cattle

مطالعه چندشکلی‌های اگزون سه ژن لپتین و ارتباط آنها با ویژگی‌های بیومتری و فراسنجه‌های خونی در گوسفند دنبه‌دار (لری-

بختیاری) و بی‌دنبه (زل) ایرانی با روش PCR-SSCP

پرویز عزیزی^۱، محمد مرادی شهربابک^۲، حسین مرادی شهربابک^۳ و محمد علی طالبی^۴

۱، ۲ و ۳- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد و استاد و استادیار دانشگاه تهران و ۴- مرکز تحقیقات و کشاورزی و منابع طبیعی

Email: p.azizi@ut.ac.ir

چکیده

ژن لپتین را ژانگ در سال ۱۹۹۴ کشف کرد. پیامد بیان این ژن پروتئینی با ۱۶۷ اسیدآمین است که به همین نام خوانده می‌شود و از راه پیام‌های سیری وزن بدن و خوراک مصرفی را تنظیم می‌کند همچنین در زادآوری، ایمنی، رشد، سوخت‌وساز و چگونگی هزینه ذخیره انرژی در بدن نقش دارد و یکی از ژنهای کاندیدای موثر بر صفات مهم اقتصادی در دام است. این پژوهش بر روی دو نژاد کاملاً متفاوت از گوسفندان ایران، یعنی نژادهای زل و لری بختیاری با هدف مطالعه چندشکلی اگزون شماره سه ژن لپتین و ارتباط آنها با صفات بیومتری و فراسنجه‌های خونی انجام گرفت. بدین منظور از ۱۶۹ راس بره ۹ ماهه‌ی نژاد لری بختیاری ایستگاه بهنژادی شولی شهرستان شهرکرد و ۱۳۰ راس دام نژاد زل ایستگاه بهنژادی شیرنگ شهرستان گرگان، درپاییز و زمستان سال ۱۳۸۹ خونگیری شد. پس از جداسازی DNA با روش نمکی و تکثیر این بخش برای بررسی گوناگونی این بخش از روش چندشکلی فضایی تک رشته‌های DNA استفاده شد. پس از الکتروفورز نمونه‌ها بر روی ژل پلی‌اکریل‌آمید ۱۲٪ با ولتاژ ۳۰۰ به مدت ۲۱ ساعت، و رنگ‌آمیزی ژل‌ها با روش نیترات نقره، در مجموع شش الگوی بانندی دیده شد که فراوانی الگوها در نژاد بختیاری ترتیب ۰/۳۸، ۰/۳، ۰/۲۴، ۰/۰۲، ۰/۰۵ و ۰/۰۱ و در نژاد زل تنها الگوهای یک، دو و سه دیده شد که فراوانی هر یک به ترتیب ۰/۶۱، ۰/۰۴ و ۰/۳۵ بود که بیانگر تنوع بسیار بالایی هم درون نژادها و هم بین نژادهای مورد بررسی است. بررسی‌های آماری نشان داد که در نژاد زل بین الگوهای بانندی دیده و طول دم، دورسینه دورشکم دور گردن ($p < 0.05$) و طول بدن ($p < 0.01$) رابطه معنی داری وجود دارد همچنین در نژاد بختیاری بین الگوهای دیده شده و قددام، طول شکاف دنبه و عرض قسمت‌های میانی و پایین دنبه رابطه معنی داری دیده شد ($p < 0.05$).

واژه‌های کلیدی: لپتین، چندشکلی، PCR-SSCP، زل، لری بختیاری، بیومتری، فراسنجه‌های خونی

مقدمه

گوسفند یکی از مهمترین منابع تامین پروتئین حیوانی است، در ایران ۳۷/۵٪ گوشت قرمز تولیدی کشور از این بخش تامین می‌شود (۱). این میزان از ۲۸ نژاد گوسفندی که هر یک به گونه‌ای با شرایط زیستی منطقه خود سازگاری پیدا کرده‌اند تامین می‌شود که بجز نژاد زل و نژاد قره‌گل سرخس که به ترتیب بی‌دنبه و نیم دنبه هستند دیگر نژادها در زمره گوسفندان دنبه‌دار هستند. (۳، ۲) امروزه با توجه به همبستگی بین بیماری‌های قلبی و میزان چربی اشباع مصرفی، و اینکه ضریب تبدیل برای تولید چربی نسبت به پروتئین بیشتر است و در نتیجه هزینه تولید مقدار یکسانی چربی در مقایسه با پروتئین بیشتر می‌باشد (۸)، این موضوع به یکی از بزرگترین چالش‌های دامپروری و به ویژه گوسفندداری ایران تبدیل است. ژن لپتین که در سال ۱۹۹۴ توسط ژانگ شناسایی شد (۵، ۱۰) بر روی میزان خوراک مصرفی، زادآوری، ایمنی و تندرستی، رشد، سوخت‌وساز و چگونگی هزینه ذخیره بدن نقش دارد (۴، ۶، ۹). لپتین یکی از ژنهای کاندیدای مرتبط با صفات مهم اقتصادی در دام می‌باشد و این ژن از سه اگزون و دو ایترون ساخته شده است که اگزون نخست آن ترجمه نمی‌شود و پیامد بیان این ژن پروتئینی با ۱۶۷ اسیدآمین است که با همین

نام خوانده می‌شود (۱۰). این پژوهش با هدف بررسی چند شکلی اگزون سوم ژن لپتین انجام گرفت که بدین منظور قطعه‌ای ۴۷۱ جفت بازی از این ژن تکثیر شد و در دونژاد لری بختیاری و زل مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

این پژوهش بر روی گوسفندان دنبه‌دار و بی‌دنبه ایران انجام شده است و بدین منظور دونژاد کاملاً متفاوت یعنی نژاد لری بختیاری که درشت جثه و سنگین وزن است و با وجود اینکه از نژادهای برتر ایرانی به حساب می‌آید، دارای ذخیره چربی بسیار بزرگی به شکل دنبه است که امروزه به یکی از بزرگترین چالش‌های این نژاد از دید بازارپسندی است، و نژاد زل که دارای جثه - بسیار کوچکی است ولی در بین نژادهای ایرانی ژنوتیپ ویژه‌ای دارد و تنها نژاد بدون دنبه در بین گوسفندان ایرانی است، انتخاب شد. نمونه‌های خون از ۱۶۹ راس بره ۹ ماهه‌ی نژاد لری بختیاری ایستگاه بهنژادی شولی شهرستان شهرکرد و ۱۳۰ راس دام نژاد زل ایستگاه بهنژادی شیرنگ شهرستان گرگان، درپاییز و زمستان سال ۱۳۸۹ گرفته شد. پس از جداسازی DNA از خون با روش نمکی (۷) و بررسی چگونگی آن با استفاده از دستگاه نانودراپ و ژل آگارز ۰/۸٪، با استفاده از آغازگرهای معرفی شده بوسیله ژو در سال ۲۰۰۹ که توالی آنها در زیر آورده شده، این بخش از ژن لپتین که ۴۷۱ جفت‌باز طول دارد تکثیر شد (۱۱).

F: 5'- AGGAAGCACCTCTACGCTC -3' رشته پیشرو

R: 5'- CTTCAAGGCTTCAGCACC -3' رشته پیرو

شرایط بهینه برای انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمراز بدین‌گونه بدست آمد. 94°C دمای واسرشته‌سازی آغازین به مدت دو دقیقه سپس ۳۵ چرخه شامل ۴۰ ثانیه 94°C دمای واسرشته‌سازی، ۳۰ ثانیه $62/5^{\circ}\text{C}$ دمای پیوند آغازگر و 72°C دمای گسترش به مدت ۳۰ ثانیه و در پایان نیز 72°C به مدت ۵ دقیقه برای گسترش نهایی که مقدار و غلظت مواد برای انجام واکنش در حجم μl ۲۵ در جدول ۱ آورده شده است.

جدول ۱ - مقدار و غلظت مواد

ماده	مقدار	غلظت
DNA	2 μl	50-100 _{ng}
Buffer	2.5 μl	1 X
dNTP	1.5 μl	0.6 Mm/ μl
MGCL ₂	3 μl	3 Mm/ μl
Prim. F	1.5 μl	0.6pm/ μl
Prim. R	1.5 μl	0.6 pm/ μl
Taq	0.3 μl	1.5 Unit
H ₂ O	12.7 μl	-
Total	25 μl	-

(Dye) درون میکروتیوب ریخته و سپس نمونه‌ها را تا 95°C به مدت ۱۰ دقیقه گرما داده تا پیوندهای هیدروژنی که ساختار دورشته‌ای DNA را بوجود می‌آورند شکسته شوند، سپس بی‌درنگ نمونه‌ها را درون چاهک‌های ژل پلی‌اکریل‌آمید ۱۲٪ ریخته و در دمای 4°C با جریان ۳۰۰ ولت به مدت ۲۱ ساعت الکتروفورز شده‌اند سپس ژل پلی‌اکریل‌آمید را با کمک نیترات نقره که شامل سه مرحله تثبیت، لکه‌گذاری و آشکارسازی می‌باشد رنگ‌آمیزی شدند. برای بررسی ارتباط هر یک از الگوها و صفات‌های اندازه‌گیری شده در هر نژاد پس از آماده‌سازی داده‌ها و آزمون نرمال بودن داده‌ها و نرمال سازی داده‌هایی که از توزیع نرمال

برخوردار نبودند با روش Boxcox که در این روش نخست با کمک نرم افزار SAS 9.12 و رویه transreg یک مقدار به نام لامبدا (λ) بدست آورده شد، سپس با کمک فرمول زیر داده‌ها نرمال گردید. که در آن $X(n)$ داده نرمال شده و X داده غیر نرمال می‌باشد.

$$X(n) = (x^\lambda) - 1/\lambda$$

بررسی آماری داده‌ها با رویه Mixed در نرم‌افزار SAS 9.12 و مدل دامی زیر انجام گرفت. در اینجا جنس، سن در هنگام خون‌گیری، ماه تولد، سن مادر و ژنوتیپ هر دام برای جایگاه مورد بررسی از ژن لپتین به عنوان عوامل ثابت قابل دسته‌بندی در معادله مدل آورده شده است، همچنین برای نژاد بختیاری میزان همخونی دام‌ها نیز به عنوان عامل همبسته در معادله مدل قرار گرفت. گفتنی در نژاد بختیاری چون همه دام‌ها هم سن بودند، پس عامل سن در معادله مدل آنها وجود ندارد.

$$Y_{ijklmn} = \mu + G_i + \bar{S}_j + LS_k + A_l + MB_m + DA_n + b(I_0 - I) + Anim_o + e_{ijklmno}$$

$Y_{ijklmno}$: مقدار صفت برای هر دام

μ : میانگین جامعه

$Anim_o$: اثر o امین حیوان

G_i : اثر i امین اثر الگو برای این جایگاه از ژن لپتین ($i = 1 \dots 6$)

S_j : اثر j امین جنس ($j = 1 \dots 2$)

LS_k : اثر k امین چگونگی تولد (چندقلو بودن) ($k = 1 \dots 3$)

A_l : اثر l امین سن دام در هنگام خون‌گیری ($l = 1 \dots 6$)

MB_m : اثر m امین ماه تولد ($m = 1 \dots 4$)

DA_n : اثر n امین سن مادر ($n = 1 \dots 7$)

b: ضریب تابعیت Y روی I

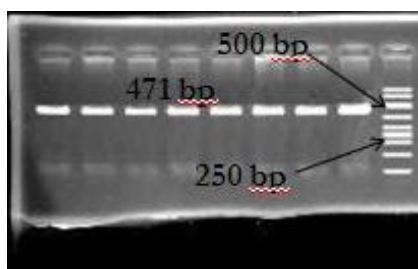
I_0 : میزان هم‌خونی فرد

I: میانگین ضرایب همخونی در دام‌ها

$e_{ijklmno}$: اثر دیگر عوامل تصادفی

نتایج:

پس از بررسی ژل‌ها در مجموع برای این بخش شش الگوی بانندی گوناگون دیده شد که از این شش الگو تنها سه الگو در نژاد زل دیده شد. الگوهای بانندی دیده شده برای آگزون سوم ژن لپتین در نمایه دو نشان داده شده است همچنین درصد فراوانی هر یک از الگوها در هر نژاد در جدول دو آورده شده است.



نمایه ۱- ارزیابی محصول PCR



نمایه ۲ - الگوهای بانندی دیده شده برای آگزون شماره سه ژن لپتین

جدول ۲- درصد فراوانی هریک از الگوها در هر نژاد

نژاد/الگو	یک	دو	سه	چهار	پنج	شش
لری بختیاری	۳۷/۸۶	۲۹/۲۹	۲۴/۲۹	۲/۱۴	۵/۷۱	۰/۷۱
زل	۶۱/۰۴	۳/۹۰	۳۵/۰۶	۰	۰	۰

همانگونه که در جدول ۲ نمایان است، تفاوت بسیار زیادی در الگوهای بانندی در این دو نژاد دیده می شود. همچنین علاوه بر تفاوت در الگوهای دیده شده در دو نژاد پراکندگی الگوها در دو نژاد نیز با هم بسیار متفاوت است. این تفاوت درباره الگوهای دوم بسیار چشم گیر است.

پس از بررسی آماری داده ها، همانگونه که در جدول ۳ دیده می شود در نژاد زل بین الگوهای دیده شده برای اگزون شماره سه ژن لپتین و طول دم، دور سینه دور شکم دور گردن ($p < 0.05$) و طول بدن ($p < 0.01$) رابطه معنی داری دیده شد. و دام هایی که دارای الگوی سه بودند در مقایسه با دو الگوی دیگر از میانگین عملکرد بالاتری برخوردارند. در نژاد لری بختیاری شش الگوی بانندی در این جایگاه دیده شد و پس از ارزیابی داده ها، بین الگوهای بانندی دیده شده و قد دام، طول شکاف دنبه و عرض قسمت های میانی و پایین دنبه رابطه معنی داری دیده شد ($p < 0.05$). در نژاد بختیاری نیز هر چند دام های با الگوی سه در کل نسبت به دیگر الگوها برتری ندارند ولی با این وجود این دام ها نسبت به دام های با الگوی یک و دو میانگین بالاتری دارند که با نتایج بدست آمده برای نژاد زل همخوانی دارد.

جدول ۳- میانگین حداقل مربعات ($\pm S.E$) صفات گوناگون برای ژنوتیپ های جایگاه دوم ژن لپتین در نژاد زل

صفت	یک	دو	سه
طول دم*	$19/28^b \pm 1/78$	$18/98^b \pm 0/77$	$20/34^a \pm 0/85$
طول بدن**	$54/42^b \pm 2/75$	$56/28^b \pm 1/14$	$58/65^a \pm 1/24$
دور سینه*	$74/19^{ab} \pm 6/05$	$79/10^b \pm 2/39$	$84/55^a \pm 2/70$
دور شکم*	$80/84^{ab} \pm 6/35$	$82/21^b \pm 2/62$	$87/07^a \pm 2/87$
دور گردن (ن)*	$0/4757^b \pm 0/0001$	$0/47582^b \pm 0/00003$	$0/47590^a \pm 0/00004$

* و ** به ترتیب بیانگر سطح معنی داری ۱٪ و ۵٪ و (ن) بیانگر این است که داده های این صفت نرمال شده است.

جدول ۴- میانگین حداقل مربعات ($\pm S.E$) صفات گوناگون برای ژنوتیپ های جایگاه دوم ژن لپتین در نژاد بختیاری

صفت	یک	دو	سه	چهار	پنج	شش
قد*	$63/68^{ab}$	$63/13^b \pm 0/95$	$64/67^a \pm 0/96$	$60/70^b$	$62/23^b \pm 1/28$	$63/72^{ab} \pm 2/64$
	$\pm 0/89$			$\pm 1/66$		
طول شکاف	$16/10^b \pm 0/40$	$15/66^b \pm 0/42$	$15/44^b \pm 0/46$	$17/15^{ab}$	$15/16^b \pm 0/97$	$22/87^a \pm 2/53$

دنبه*						±۱/۴۳
عرض میانی	۴۱/۱۰ ^{bd}	۴۰/۶۶ ^{bd}	۴۲/۴۴ ^{bc}	۴۶/۱۵ ^a	۳۸/۱۶ ^b	۴۶/۸۷ ^{ab}
دنبه*	±۰/۴۰	±۰/۴۲	±۰/۴۶	±۱/۴۳	±۰/۹۷	±۲/۵۳
عرض پایین	۲۴/۶۳ ^{ac}	۲۴/۱۶ ^{ac}	۲۶/۵۹ ^b	۲۷/۴۶ ^a	۲۲/۷۸ ^{ac}	۲۲/۱۴ ^{abc}
دنبه*	±۰/۵۸	±۰/۶۲	±۰/۶۹	±۲/۱۴	±۱/۴۴	±۳/۷۸

میزان همخوانی که به عنوان عامل همبسته در معادله مدل برازش شده برای نژاد لری بختیاری قرار گرفت و با صفات دورسینه و قددام رابطه‌ای بسیار نزدیک به سطح معنی‌داری داشت ($p < 0.07$) که می‌تواند بیانگر تاثیرپذیری بیشتر این صفات از همخوانی باشد. با توجه به اینکه دو نژاد لری بختیاری و زل از نظر فنوتیپی نیز تفاوت بسیار زیادی با هم دارند، و اینکه ژن لپتین از ژنهای کاندیدای موثر بر صفات تولیدی در گوسفند است و با توجه به اینکه الگوهای بانندی دیده شده، می‌تواند ناشی از تفاوت در ساختار DNA و وجود چندشکلی در در این ژن باشد و ارتباط معنی‌داری که بین صفات بیومتری و صفات مربوط به چربی در این جایگاه دیده شد، که بیانگر اهمیت ژن لپتین می‌باشد و با توجه به اینکه بهبود ژنتیکی، هرچندکه به کندی انجام می‌گیرد ولی از این دید که پایدار بوده و به فرزندان منتقل می‌شود در مقایسه با روش‌هایی مثل قطع دنبه می‌تواند سودمندتر است بنابراین از این ژن می‌توان در گزینش دام‌های برتر کمک گرفت.

منابع:

۱. آمار نامه کشاورزی سال ۱۳۸۷. جلد دوم. دفتر آمار و اطلاعات وزارت جهاد کشاورزی. ۲۸۸ ص.
۲. خالداری م، ۱۳۸۱. اصول پرورش گوسفند و بز، انتشارات جهاد دانشگاهی.
۳. سیاه منصور، م سعادت نوری، م، ۱۳۸۴. پرورش گوسفند، انتشارات آتا.
4. Apter D. Leptin in puberty. Clin Endocrinol (Oxf) 47: 175-176, 1997.
5. Boucher D, Palin M, Castonguay F, Gariépy C, and Pothier F. Detection of polymorphisms in the ovine leptin (LEP) gene: Association of a single nucleotide polymorphism with muscle growth and meat quality traits. Canadian journal of animal science 86: 31-35, 2006.
6. Lam QL, and Lu L. Role of leptin in immunity. Cell Mol Immunol 4: 1-13, 2007.
7. Miller SA, Dykes DD, and Polesky HF. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. Nucleic Acids Res 16: 1215, 1988.
8. Sefidbakht N, and Ghoban K. Change arising from docking fat-tailed sheep in feed lot performance. Indian J of Agri Res 1: 72-77, 1972.
9. Urbanski HF. Leptin and puberty. Trends Endocrinol Metab 12: 428-429, 2001.
10. Zhang Y, Proenca R, Maffei M, Barone M, Leopold L, and Friedman JM. Positional cloning of the mouse obese gene and its human homologue. Nature 372: 425-432, 1994.
11. Zhou H, Hickford JG, and Gong H. Identification of allelic polymorphism in the ovine leptin gene. Mol Biotechnol 41: 22-25, 2009.

Study polymorphism of exon 3 Ovine Leptin gene and its association with blood parameters and biometric traits in fat-tailed(Lori-Bakhtiari) and non fat-tailed(Zel) Iranian Sheep breeds using PCR-SSCP

P. Azizi¹, M. Moradi shahrbabak², H. Moradi shahrbabak³ and M. A. Talebi⁴

1,2 and 3 M.Sc., Professor and Assistant Professor, Department of Animal Science, University College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, 4-Department of animal Science and Agriculture and Natural Research Center Shahr-e kord, Iran

Email: p.azizi@ut.ac.ir

Abstract

The objective of this research is investigation of polymorphism in third exon of leptin gene in fat-tailed Lori-Bakhtiari and nonfat-tailed Zel sheep. The Leptin gene was discovered in 1994 by Zhang. The expression Product of this gene is a protein whit same name which composed at 167 amino acids that acts as a satiety signal regulating body weight, feed intake and has role in reproductive, immunity, growth and metabolism and expand of energy store in body. Leptin is an effective candidate gene on important economic traits in livestock. Blood samples were collected from 169 Lori-Bakhtiari lamb and 130 Zel sheep in autumn and winter 2010. DNA was extracted with salting out method and amplification of this fragment using polymerase chain reaction. For study its polymorphisms using PCR-SSCP technique and then samples running on 12% polyacrylamide gel with 300V in 21 horse, and was used silver staining method for stain polyacrylamide gels. A total we were observed seven SSCP patterns band which shown high diversity for this fragment, six pattern for Lori-bakhtiari with frequency of 1-6 patterns 0.38, 0.03, 0.24, 0.02, 0.05 and 0.01 respectively and were observed just three SSCP patterns band, 1, 2and 3patterns with ferequency0.61, 0.04, 0.35 and respectively in Zel breed. The statistical analysis were showed significant relationship between the band patterns seen had significant relationship with the tail, chest, abdomen and neck circumference ($p < 0.05$) and body length($p < 0.01$), in the Zel breed also in the Bakhtiari breed the patterns were associated with Stature, gap tail length and middle and down tail Width ($p < 0.05$). So this gene can be used in superior animal selection.

Keywords : Leptin, polymorphism, PCR-SSCP, Fat-tailed, Non fat-tailed, biometric traits

چند شکلی های آلی در اگزون ۶ ژن کاپاستاتین در گوسفند نژاد بلوچی

نورالدین مرادی*، زریخت انصاری پیرسرائی، نرگس نظیفی

آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنواژی دام، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

*نویسنده مسئول: N.moradi.saricity@yahoo.com

چکیده

کاپاستاتین بازدارنده اندوژنوس کالپاین ها بوده و نقش کلیدی در مقدار تردی گوشت پس از کشتار ایفا می کند. اگرچه پژوهش های زیادی به منظور ارزیابی تغییرات ژنتیکی ناحیه اینترون این ژن انجام شده اما گزارشات کافی در مورد بخش کد کننده این ژن در دست نیست. در این پژوهش، تغییرات ژنتیکی اگزون ۶ ژن کاپاستاتین در گوسفند نژاد بلوچی به وسیله تکنیک PCR-SSCP مورد بررسی قرار گرفت. پنج الگوی بانندی اس اس سی پی به عنوان پنج ژنوتیپ متفاوت شامل AA, AB, DD, AC, EE و به ترتیب با فراوانی ۰/۲۲، ۰/۱۶، ۰/۴۰، ۰/۱۲ و ۰/۰۹ و پنج آلل A, B, C, D, E و به ترتیب با فراوانی ۰/۱۶، ۰/۰۹، ۰/۱۱، ۰/۰۶ و ۰/۵۷ در جمعیت مورد مطالعه شناسایی شد. آلل A با فراوانی ۰/۵۷ بیشترین فراوانی آللی و ژنوتیپ AA با فراوانی ۰/۴۰ بیشترین فراوانی ژنوتیپی در نمونه های مورد بررسی بوده است.

کلمات کلیدی: کاپاستاتین - چند شکلی آلی - گوسفند بلوچی

مقدمه

ژن کاپاستاتین روی کروموزوم ۵ گوسفندی واقع شده و نقش های مهمی در ساختمان عضله، فساد و تردی گوشت پس از کشتار ایفا می نماید. با استفاده از نگرش ژنتیک مولکولی در مطالعه کیفیت گوشت در گوسفند، پالمر و همکاران (۱۹۹۹) ژن کاپاستاتین (CAST) را یک ژن کاندید برای کیفیت گوشت انتخاب نموده اند (۴). CAST بازدارنده خاص کالپاین بوده و مهم ترین فاکتور برای کیفیت گوشت به شمار می رود (۲). در ماهیچه زنده، کالپاین عامل تخریب میوفیبریل می باشد که تصور بر این است که اولین سیستم آنزیمی است که مسئول پروتئولیز پس از مرگ در بافت ها می باشد. بنابراین می تواند اساس زیست شیمیایی تردی گوشت باشد.

کاپاستاتین در گونه های مختلف مانند انسان، خوک و گاو از راه یک ژن منحصر به فرد کد می شود با این وجود به خاطر پروموتور های مختلف و مکانیسم های متغیر خاموشی ژن، دامنه وسیعی از ایزوفرم های کاپاستاتین با وزن مولکولی بین ۱۷/۵ کیلو دالتون تا ۸۴ کیلو دالتون تولید می شود به طوریکه حداقل حدود ۸ ایزوفرم مختلف از آن در بافت های مختلف شناسایی شده است (۱، ۵، ۶).

از آنجاییکه گوشت گوسفند یکی از مهم ترین منابع تامین پروتئین برای بشر است. بنابراین تحقیقاتی در زمینه کمیت و کیفیت گوشت می تواند موجب افزایش کیفیت گوشت پس از کشتار شده و رضایتمندی هر چه بیشتر مصرف کنندگان را فراهم آورد. بنا براین هدف از انجام این پژوهش شناسایی فرم های مختلف آللی ژن کاپاستاتین در گوسفندان نژاد بلوچی می باشد.

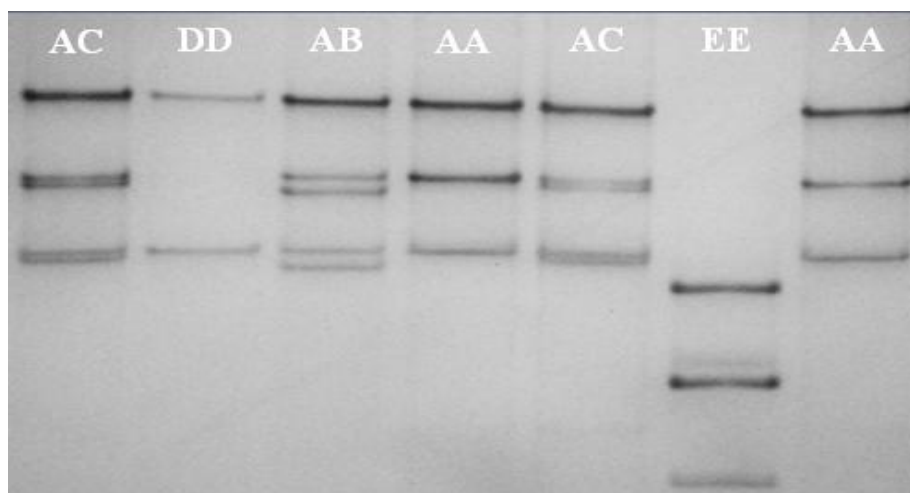
مواد و روش ها

برای انجام این پژوهش از ۱۵۰ راس از گوسفندان نژاد بلوچی در ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد نمونه خون تهیه شد. خون گیری با استفاده از لوله های دارای EDTA (۱ میلی گرم بر میلی لیتر) و استخراج DNA از ۱/۵ میلی لیتر خون با استفاده از روش نمکی بهینه یافته انجام شد. یک قطعه ۲۵۷ جفت بازی از اگزون ۶ ژن کالپاستاتین برای تکثیر با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی انتخاب شد (۷). صحت تکثیر محصولات PCR توسط ژل آگارز ۱ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید و با استفاده از دستگاه ثبت ژل (بایو رد)^{۷۵} آزمون شد.

برای شناسایی جهش های احتمالی، از آنالیز ^{۷۶}SSCP استفاده شد. نمونه ها روی ژل پلی اکریل آمید ۱۲ درصد در دمای ۴ درجه سانتی گراد به مدت ۱۸ ساعت الکتروفورز شدند. تعیین ژنوتیپ هر یک از نمونه ها با رویت مستقیم باندها از روی ژل پلی اکریل آمید که با استفاده از نیترات نقره رنگ آمیزی شده بود انجام شد.

نتایج و بحث

در پژوهش حاضر اگزون ۶ از جایگاه ژنی کالپاستاتین با استفاده از آغازگرهای اختصاصی تکثیر و سپس توسط تکنیک PCR-SSCP مورد بررسی قرار گرفت. نتیجه این آنالیز در نگاره ۱ نشان داده شد.



نگاره ۱- نمونه ای از آنالیز SSCP ژن کالپاستاتین

در این پژوهش پنج آلل (A, B, C, D و E) و پنج ژنوتیپ (AA, AB, AC, DD و EE) شناسایی شد. فراوانی ژنوتیپی و آللی در جدول ۱ آورده شده است. آلل A با فراوانی ۰/۵۷ بیشترین فراوانی آللی و ژنوتیپ AA با فراوانی ۰/۴۰ بیشترین فراوانی ژنوتیپی در نمونه های مورد بررسی را دارا بودند. الگوی باندی آنالیز اس اس سی پی ژنوتیپ EE با سایر ژنوتیپ ها متفاوت

⁷⁵ Gel documentation system (Bio Rad)

⁷⁶ Single strand conformation polymorphism

بود که به نظر می رسد به علت وقوع حذف یک یا چند نوکلئوتید در این نمونه باشد که با آنالیز تعیین توالی که در حال انجام است نوع تغییرات ژنتیکی این نمونه مشخص و در گزارشات آتی منتشر خواهد شد.

جدول ۱- فراوانی های آللی و ژنوتیپی ژن کالپاستاتین

نژاد	فراوانی آللی (%)					فراوانی ژنوتیپی (%)				
	A	B	C	D	E	AB	DD	AA	EE	AC
بلوچی	۰/۵۷	۰/۰۶	۰/۱۱	۰/۱۶	۰/۰۹	۰/۱۲	۰/۱۶	۰/۴۰	۰/۰۹	۰/۲۲

این پژوهش نشان داد در آگزون ۶ ژن کالپاستاتین نژاد بلوچی جهش وجود دارد. شناسایی چند شکلی در این جایگاه قبلاً تنها در پژوهش زو وهمکاران (۲۰۰۷) روی پنج نژاد اصلی کشور نیوزلند انجام شد که با نتایج پژوهش حاضر همخوانی دارد (۷). همچنین در این پژوهش پنج الگوی منحصر به فرد اس اس سی پی به نمایندگی از پنج آلل متفاوت گزارش شده بود. نقش دامین L که بخشی از آن در آگزون ۶ قرار گرفته در عملکرد ژن کالپاستاتین به خوبی مشخص نیست اما به نظر می رسد کالپاستاتین در تنظیم کانال کلسیم نقش داشته و این نقش مربوط به دامین L این جایگاه ژنی باشد (۳). و ممکن است تغییرات ژنتیکی در این دامین بر فعالیت کانال کلسیم موثر بوده و از این راه فعالیت کالپاین را تنظیم نماید.

منابع

1. Bishop, M.D., S.M. Kappes., J.W. Keele., R.T. Stone., S.L. Sunden., G.A. Hawkins., S.S. Toldo., R. Fries., M.D. Grosz, and J. Yoo. 1994. A genetic linkage map for cattle. *Genetics*. 136: 619-639.
2. Gabor, M., A. Trakovicka, and M. Miluchova. 2009. Analysis of polymorphism of CAST gene and CLPG gene in sheep by PCR-RFLP method. *Zootechine. Biotech*. 42: 470-476.
3. Hao, L.Y., A. Kameyama., S. Kuroki., J. Takano., E. Takano., M. Maki, and et al. 2000. Calpastatin domain L is involved in the regulation of L-type Ca^{2+} channels in guinea pig cardiac myocytes. *Biochem Biophys Res Commun*. 279: 56-761.
4. Palmer, B.R., N. Robert, and M.P. Kent. 1999. A candidate gene approach to animal quality traits, *Proc NZ Society Anim Prod*. 57: 294-296.
5. Takano, E., M. Maki, H. Mori, M. Hatanata, T. Marti, K. Tatani, R. Kannagi, T. Ooi, and T. Murachi. 1998. Pig heart calpastatin: identification of reproductive domain structures and anomalous behavior in polyacrylamid gel electrophoresis. *Bioch. J Biochem*. 27: 1964-1972.
6. Taylor, R.G., J.A. Chrastrinsen and D.E. Goll. 1991. Immunolocalization of the calpains and calpastatin in human and bovine platelets. *Biom. Bioch. Acta*. 50: 491-498.
7. Zhou, H., J.G.H. Hickford, and H. Gong. 2007. Polymorphism of the ovine calpastatin gene. *Mol Cell Probe*. 21: 242-244.

Allelic polymorphisms in exon 6 of calpastatin gene in Baluchi sheep breed

Nouredin Moradi*, Zarbakht Ansari Pirsaraii, Narges Nazifi

Laboratory of Molecular Genetics and Animal Biotechnology, Department of Animal Science, Faculty of Animal Science and fishery, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

* Corresponding E-mail address: N.moradi_saricity@yahoo.com

:

Abstract

Calpastatin is an endogenous inhibitor of calpains and thus has key role in rate of post-mortem meat tenderization. Although, many researches have been done for evaluation of genetic variation of this gene in intron region, no enough reports are available for coding region. In this study, genetic variation in the entire exon 6 of ovine calpastatin gene was assessed in Baluchi sheep breed using PCR-SSCP technique. Five SSCP patterns, including five different genotypes of EE (9%), AA (40%), AB (12%), AC (22%) and DD (16%) and Five alleles including A(0.57), B(0.06), C(0.11), D(0.16) and E(0.09) were identified. Allele A had the highest allelic frequency and the AA genotype was the most frequent genotype within survived samples.

Key words: Calpastatin-Allelic polymorphism- Baluchi sheep

بسمه تعالی

تاثیر روزهای پس از زایش، سن مادر و جنس گوساله متولد شده بر روی میزان تولید شیر و درصد چربی آن در گاوهای بومی استان لرستان

همایون بنانی راد^{۱*}، جمال فیاضی^۲، فاطمه بیرانوند^۱

۱ - دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، ۲- استادیار دانشگاه کشاوری و منابع طبیعی رامین خوزستان، گروه

علوم دامی

*نویسنده مسئول: همایون بنانی راد، اهواز، ملائانی، دانشگاه کشاوری و منابع طبیعی رامین خوزستان، گروه علوم دامی،

پست الکترونیک: homayonbananirad@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق برای بررسی روند شیردهی پس از زایمان و همچنین اثر عواملی همچون سن مادروجنسیت گوساله‌های متولد شده بر روی میزان تولید شیر و همچنین درصد چربی آن، از رکوردهای مربوط به ۵۰۰ گله‌گاو بومی استان لرستان استفاده شده است. این اطلاعات توسط سازمان جهاد کشاورزی شهرستان بروجرد در سال ۱۳۹۰ جمع‌آوری گردیده است. برای برآورد اثر عوامل محیطی از رویه GLM نرم‌افزار SAS استفاده گردید و از آزمون دانکن برای مقایسات میانگین استفاده گردید. بنابر نتایج بدست آمده تنها عامل تاثیر گذار بر روی درصد چربی شیر اثرات روزهای پس از زایش بود ($p < 0.05$). در این پژوهش سن مادر و جنس گوساله متولد شده تاثیر معنی‌داری بر درصد چربی شیر نداشتند. صفت دوم میزان تولید شیر بود که دو عامل روزهای بعد از زایش و سن مادر اثرات معنی‌داری بر روی آن نشان دادند ($p < 0.05$). جنس گوساله متولد شده بر روی میزان تولید شیر اثر معنی‌دار نداشت.

کلمات کلیدی: روزهای پس از زایش، درصد چربی شیر، جنس گوساله، سن مادر

مقدمه

استان لرستان از نظر جمعیت دامی دارای رتبه ششم در کشور می باشد. در این استان، شهرستان بروجرد بعد از خرم آباد دارای رتبه دوم از نظر تعداد دام سبک و سنگین می باشد. در این منطقه یکی از راههای کسب درآمد در خانواده‌های روستایی نگهداری دام‌های آمیخته می باشد که یکی از دلایل این امر، خاصیت عادت پذیری سریعتر این دام‌ها نسبت به دام‌های خالص و اصیل در مقابل عوامل محیطی و مدیریتی حاکم در مناطق روستایی می باشد. با توجه به اینکه ارزیابی شیر علاوه بر مقدار تولید، بر اساس ترکیبات آن نیز می باشد، لذا بررسی تغییرات در ترکیبات شیر مورد توجه قرار گرفته است. مهمترین ترکیبات شیر، چربی و پروتئین می باشد. عوامل مهمی در این ترکیبات تاثیرگذار هستند که به صورت کلی می توان به عوامل ژنتیکی و محیطی اشاره نمود (۳). بررسی تغییرات بر روی ترکیبات شیر که در شرایط محیطی متفاوت نگهداری می شوند حائز اهمیت است. طبق تحقیقات صورت گرفته عوامل محیطی اثر معنی‌داری بر روی ترکیبات شیر دارند (۷ و ۸). هدف این تحقیق بررسی برخی از عوامل محیطی، از جمله تعداد روزهای پس از زایش، تعداد زایمان‌های مادر و همچنین جنسیت گوساله‌های متولد شده بر روی میزان تولید شیر و درصد چربی آن در نمونه‌های حاصل از گاوهای بومی موجود در پنج روستای مختلف در شهرستان بروجرد می باشد.

مواد و روش ها

در این تحقیق از تعداد ۳۳۸۸ رکورد که توسط جهاد کشاورزی شهرستان بروجرد در طی یکسال جمع آوری گردیده استفاده شده است. این اطلاعات به صورت ماهانه یکبار از دام های پنج روستای مختلف شهرستان بروجرد (گنجینه، شیروان، رحیم آباد، بزازنا، کاروانه) جمع آوری گردید. نمونه های شیر به صورت ماهانه جمع گردیده و روند دوشش گاوها به صورت دو نوبت در روز بوده است. داده ها در ابتدا با استفاده از نرم افزار اکسل^{۷۷} و پیرایش و سپس به کمک رویه GLM^{۷۸} در نرم افزار SAS مورد آنالیز قرار گرفت. مدل آماری مورد استفاده برای آنالیز داده ها به صورت زیر بود:

$$Y = \mu + \text{Days after Calving} + \text{SEX} + \text{Age of mother} + e$$

در این مدل:

Days after Calving: روزهای پس از زایمان با شش سطح

Sex: جنسیت گوساله متولد شده با دو سطح

Age of mother: تعداد دوره های شیر دهی مادر است.

e: خطای تصادفی برای هر مشاهده

در این پژوهش برای بررسی بیشتر و دقیق تر اثرات روزهای پس از زایش بر فاکتورهای مورد مطالعه، روزهای پس از زایش به ۶ دسته تقسیم گردیدند که شامل رکورد دام ها در دوره های ۵۰ روزه می باشند. برای مقایسه میانگین ها از آزمون دانکن با سطح معنی - داری ۵ درصد استفاده گردید.

نتایج و بحث

میانگین و انحراف معیار مقدار تولید شیر و درصد چربی آن در گاوهای بومی شهرستان بروجرد به ترتیب $2/96 \pm 0/006$ و $15/27 \pm 0/087$ می باشد. بر اساس نتایج موجود در جدول شماره یک بالاترین مقدار تولید شیر ۳۲ کیلوگرم می باشد که مربوط به گاوهای بومی ۶ ساله بوده و در روزهای ۵۰-۱۰۰ و ۵۰-۱۰۰ پس از زایمان گاو روی داده است. همچنین پایین ترین مقدار چربی ۲ درصد می باشد که مربوط به گاوهای ۳ ساله است که در دوره های ۱ و ۲ (۵۰-۱۰۰) و (۵۰-۱۰۰) می باشد. بیشترین درصد چربی ۳,۶ می باشد که مربوط به اواخر دوره شیردهی و گاوهای پنج ساله می باشند. در این تحقیق تنها عاملی که بر روی درصد چربی اختلاف معنی داری داشت تعداد روزهای پس از زایش بود ($p < 0/05$). عوامل دیگر مانند جنس گوساله متولد شده و سن مادر اختلاف معنی داری را بر این فاکتور نشان ندادند. هر سه عامل مورد بررسی در این تحقیق که شامل عوامل ذکر شده در بالا می باشد بر روی مقدار شیر اثر معنی داری دارند ($p < 0/05$). گاوهای ۶ ساله از نظر صفت تولید شیر دارای اختلاف معنی داری با بقیه گاوها بودند. ولی گاوهای ۳ و ۴ ساله فاقد اختلاف معنی داری هستند. گاوهای ۱ و ۲ ساله با یکدیگر دارای اختلاف معنی داری هستند. گاوهای ۷ ساله با تمام گاوهای دیگر دارای اختلاف معنی داری هستند به جز گاوهای ۲ ساله که یکی از عوامل را می توان پایین بودن تعداد رکورد از این گاوها دانست. در بررسی های مختلف اثر سن مادر بر روی صفات شیرواری معنی دار اعلام شده است (۵). مدنی^{۷۹} و همکاران اثر سن مادر بر روی صفات مرتبط با شیردهی را معنی دار گزارش کردند (۶). بیشترین رکورد در دسترس مربوط به گاوهای ۶ ساله می باشد و بیشترین مقدار تولید شیر هم در این دسته قرار دارد. اثر جنس هم بر روی

⁷⁷ excel 2010⁷⁸ general linear model⁷⁹ Madani

تولید شیر هم بر روی درصد چربی غیر معنی دار شد. تقسیم بندی روزهای شیر دهی بر اساس هر ۵۰ روز و مقایسه آنها با یکدیگر نتایج جالبی را بوجود آورد. روزهای ۲۵۰-۱۵۰ پس از زایمان تفاوت معنی داری با هم ندارند ولی روزهای صفر تا ۵۰ دارای تفاوت معنی دار با بقیه روزها می باشد و بیشترین میانگین شیر تولیدی در این مرحله یعنی روز ۵۰-۰ است. کمترین میانگین شیر تولید شده مربوط به روزهای ۳۰۰-۲۵۰ می باشد. در این حالت دام در اواخر دوره شیردهی به سر می برد و به دوره خشکی نزدیک می باشد، بنابراین داشتن همچین رکوردی دور از انتظار نمی باشد. در این حالت بیشترین چربی شیر مربوط به روزهای ۱۰۰-۵۰ پس از زایش می باشد. ۵۰ روز اول پس از زایش با روزهای ۵۰ تا ۱۵۰ روز پس از زایش و همچنین روزهای اواخر شیردهی تفاوت معنی داری داشت ($p < 0.05$). ولی با روزهای ۲۵۰-۱۵۰ تفاوت معنی دار نداشت. از دلایلی که باعث می شوند روزهای پس از زایمان باعث تفاوت های معنی دار شوند می توان به عوامل ژنتیکی یا محیطی اشاره کرد (۳). یکی از مهمترین عوامل تاثیر گذار در روزهای پس از زایش جیره غذایی است به طوریکه درصد پروتئین خام بر روی ترکیبات شیر همچنین مقدار شیر روزانه موثر است (۲). در بررسی های مشابه ثابت کردند اثر فصل سال بر روی ترکیبات شیر گاو میش موثر است (۱).

جدول ۱. میانگین حداقل مربعات و خطای معیار صفات مورد مطالعه در گاو بومی

اثر/فاکتور	تعداد رکورد	چربی شیر	تولید شیر
روز پس از زایش			
سطح یک	۶۷۰	^a ۳/۰۱	^d ۱۳/۴۱
سطح دو	۶۲۹	^b ۲/۹۵	^c ۱۳/۳۹
سطح سه	۵۶۶	^b ۲/۹۵	^b ۱۵/۶۹
سطح چهار	۴۸۳	^{ab} ۲/۹۷	^b ۱۵/۷۴
سطح پنج	۴۰۵	^{ab} ۲/۹۷	^b ۱۶/۰۹
سطح شش	۶۳۴	^b ۲/۹۶	^a ۱۶/۸۹
سن مادر			
دو ساله	۱۳۱۲	^a ۲/۹۶	^{cd} ۱۴/۵۵
سه ساله	۱۰۵۶	^a ۲/۹۴	^{ab} ۱۵/۷۳
چهار ساله	۲۷۶	^a ۲/۹۹	^{cb} ۱۵/۲۲
پنج ساله	۳۹۹	^a ۳/۰۱	^{cb} ۱۵/۰۵
شش ساله	۱۵۴	^a ۲/۹۸	^a ۱۶/۳۱
هفت ساله	۱۹۰	^a ۲/۹۸	^d ۱۳/۷۵
جنسیت			
نر	۱۴۱۶	^a ۲/۹۷	^a ۱۵/۳۹

ماده	۱۹۷۱	^a ۲/۹۷	^a ۱۵/۱۹
ضریب تغییرات (%)		۱۳/۰۵	۳۲/۲۱

ستون‌های دارای حداقل یک حرف مشابه در سطح ۱٪ آزمون دانکن تفاوت معنی داری ندارند.

منابع

۱. ممویی، م و کاظمیان، م. ۱۳۷۹. بررسی ترکیبات شیر گاومیشهای ایستگاه دامپروری رامین. طرح تحقیقاتی، شماره ۳۱۶.
۲. علوی، س. م. ۱۳۷۹. بررسی وضعیت تغذیه و تاثیر آن بر ترکیبات شیر گاومیشهای شمال خوزستان. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان.
۳. روشنفکر، م. ۱۳۸۵. بررسی تغییرات ترکیبات شیر گاومیشهای خوزستان در فصول مختلف سال. دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان.

4. Dubey, A.R and S.C.Gupta.1988. Effect of season of the composition of buffalo milk I World Buffalo congress.New Delhi. 1: 27.

5. Fuerst, W. B. 2004. Effect of maternal age on milk production traits, fertility, and longevity in cattle.. J. Dairy Sci. Pp: 2293-2298.

6. Madani, T., Yakhlef, H and Marie, M. 2008. Effect of age at first calving on lation and reproduction of dairy cows reared in semi region of Algeria. Livestock Research for Rural Development. 20: 6.

Effect of days of postpartum, maternal age and sex of new born calf on milk production and fat percent on local cows of Lorestan province

Homayoon Banani Rad^{1*}, Jamal Fayazi², Fatemeh Beyranvand¹

¹MSc student, Ramin agriculture and Natural Resources University, ²Assistant professor, animal science department, Ramin agriculture and Natural Resources University

* Corresponding E-mail address: homayonbananirad@yahoo.com

In this study to examine the effect of lactation postpartum and maternal factors such as age and sex of the calf - born on milk yield and fat percentage is also related to Records of 500 herds were used in native cattle. The information gathered by the Organization of Agriculture in 2011 in city Boroujerdi has been raised. To estimate the effect of environmental factors of the GLM procedure of SAS software was used and Duncan test for mean comparisons were used. Only factor affecting the percentage of milk fat was days after birth ($p < 0.05$). In this study, maternal age and sex of calves born with no significant effect on milk fat. The second trait of milk production was two days after birth and maternal age had significant effects on it ($p < 0.05$). Calves were born no significant effect on milk production.

Keywords: days after calving, milk fat, sex of calf, maternal age

برآورد پارامترها و روند ژنتیکی صفات شیر ۳۰۵ روز گاوهای هلشتاین استان قزوین

ناصر بیگلری^{۱*}، ابراهیم میرزامحمدی^۱، محمد رزم‌کبیر^۲، معصومه نظری^۱

۱- دانشجویان کارشناسی ارشد دانشگاه کردستان، ۲- استادیار دانشگاه کردستان

*نویسنده مسئول: ناصر بیگلری، دانشگاه کردستان، دانشکده کشاورزی، N.Biglari63@gmail.com

چکیده

در این تحقیق از تعداد ۱۸۶۳۱، ۱۷۲۷۵ و ۱۵۱۴۳ رکورد ۳۰۵ روز مربوط به مقدار شیر، چربی و پروتئین از گاوهای هلشتاین دوره شیردهی اول در استان قزوین که طی ۱۸ سال (۱۳۷۰-۱۳۸۸) توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور از ۷۱ گله جمع‌آوری شده بود، به منظور برآورد روند ژنتیکی صفات مقدار شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین استفاده گردید. ارزش اصلاحی حیوانات برای هر صفت با استفاده از تجزیه چند صفتی دارای خاصیت بهترین پیش بینی نا اریب خطی نرم افزار Wombat پیش بینی شد. جهت برآورد روند ژنتیکی، از تابعیت میانگین ارزش اصلاحی حیوانات بر سال تولد استفاده شد. ضریب وراثت پذیری مقدار شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین به ترتیب 0.21 ± 0.01 ، 0.31 ± 0.02 و 0.30 ± 0.02 و روند ژنتیکی این صفات به ترتیب 29.25 ± 1.70 ، 0.54 ± 0.04 و 0.76 ± 0.05 کیلوگرم بر سال و -0.005 و -0.001 درصد بر سال برآورد شد ($p < 0.01$).

واژه‌های کلیدی: روند ژنتیکی - تولید شیر - درصد چربی - درصد پروتئین - گاو هلشتاین - استان قزوین

مقدمه

هدف از برآورد روندهای ژنتیکی، مقایسه روند واقعی و مورد انتظار در برنامه‌های اصلاح نژادی می‌باشد (۷). بنابراین چنانچه برنامه اصلاح نژاد در یک منطقه خاص اجرا شود، جهت آزمون این برنامه‌ها می‌توان از روند ژنتیکی به عنوان یک ابزار استفاده نمود. معمولاً آزمون برنامه‌ها بسته به حیوان مورد مطالعه هر چند سال یکبار (در گاو معمولاً ۵ سال یک بار) انجام می‌شود (۶ و ۷). در ایران با توجه به افزایش قابل توجه گاوداری‌ها در سالهای اخیر معمولاً حذف حیوانات با اختیار دامدار صورت نگرفته و چنانچه یک گاو کم تولید از گله خاصی حذف گردد، امکان دارد به گله دیگری منتقل شود، بنابراین در جمعیت گاوهای کشور باقی می‌ماند و در ایجاد نسل آینده مشارکت می‌نماید (۳). جهت افزایش مقدار شیر در ایران برای حیوانات نر انتخاب صورت می‌گیرد و اسپرم گاوهای ممتاز داخلی و خارجی از طریق مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی در سطح کشور توزیع می‌شود (۱). حداکثر ظرفیت ژنتیکی حیوانات تنها با مدیریت مطلوب عوامل محیطی می‌تواند بروز نماید (۶ و ۱۰). از دلایل تفاوت در عملکرد گاوهای هلشتاین در گله‌های مختلف می‌توان به تفاوت در مدیریت، توزیع اسپرم و ... اشاره نمود. از طرفی در مطالعات اخیر، گزارش شده که روند تغییرات ژنتیکی در اقلیم‌های مختلف ایران متفاوت بوده است (۱). بنابراین هدف از این پژوهش برآورد روند ژنتیکی صفات مقدار شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین در گاوهای هلشتاین استان قزوین می‌باشد.

مواد و روش

در این پژوهش از تعداد ۱۸۶۳۱، ۱۷۲۷۵ و ۱۵۱۴۳ رکورد مقدار شیر، چربی و پروتئین مربوط به گاوهای هلشتاین دوره شیردهی اول، از ۷۱ گله در استان قزوین که طی ۱۸ سال (۱۳۷۰ تا ۱۳۸۸) توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور جمع‌آوری شده بود، به منظور برآورد روند ژنتیکی صفات مقدار شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین، گاوهای هلشتاین استان قزوین استفاده شد (جدول ۱). رکوردهای مربوط به صفات مورد مطالعه برای ۳۰۵ روز در سال، دو بار دوشش در روز و سن بلوغ تصحیح شده بود. جهت ویرایش و تنظیم داده‌ها از نرم افزار فاکس پرو (نسخه ۹) و اعمال محدودیت‌های زیر استفاده شد. مقدار شیر کمتر از ۱۰۰۰ و بیشتر از ۱۴۰۰۰ کیلوگرم، مقدار چربی و پروتئین کمتر از ۳۵ کیلوگرم در طول دوره ۳۰۵ روز، سن در زمان زایش اول کمتر از ۱۸ ماه و بیشتر از ۳۲ ماه، همچنین گروه‌های هم‌دوره‌ایی که (گله-سال-فصل) کمتر از چهار رکورد داشته‌اند، از فایل داده‌ها حذف گردید. جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش بینی ارزش اصلاحی حیوانات با آنالیز چند صفتی از نرم افزار Wombat 1.0 استفاده شد (۸). تجزیه و تحلیل آماری و برازش مدل مناسب با استفاده از نرم افزار SAS 9.1 و آماده سازی فایل شجره نیز با نرم افزار CFC 1.0 انجام شد (۹).

جدول ۱- آمار توصیفی داده های مورد استفاده در این پژوهش

صفت	تعداد	حداقل (کیلوگرم)	حداکثر (کیلوگرم)	میانگین (کیلوگرم)	انحراف معیار	ضریب تغییرات (%)
مقدار شیر	۱۸۶۳۱	۱۲۹۹/۹۹	۱۳۹۹۲/۲۴	۷۹۷۰/۸۵	۱۵۹۳/۶۱	۱۹/۹۹
مقدار چربی	۱۷۲۷۵	۶۴/۳۳	۴۷۲/۰۴	۲۵۰/۲۵	۵۷/۵۳	۲۲/۹۸
مقدار پروتئین	۱۵۱۴۳	۶۷/۶۵	۴۴۲/۰۸	۲۳۶/۳۹	۴۹/۷۲	۲۱/۰۴
درصد چربی	۱۷۲۷۵	۲/۰۰	۵/۷۶	۳/۱۷	۰/۰۴۸	۱۵/۲۴
درصد پروتئین	۱۵۱۴۳	۲/۰۱	۵/۳۷	۲/۹۵	۰/۳۱	۱۰/۶۶

مدل آماری مورد استفاده جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش بینی ارزش‌های اصلاحی حیوانات به صورت زیر بود.

$$y_{ijko} = \mu + HYS_i + a_j + age_k + e_{ijko}$$

در این مدل y_{ijko} = هر یک از مشاهدات، μ = میانگین کل، HYS_i = اثر آمین گله - سال - فصل تولد، a_j = اثر ژنتیک افزایشی [آمین حیوان، age_k = اثر آمین سن به ماه و e_{ijko} = اثر خطا می‌باشد. روندهای ژنتیکی صفات تولیدی با استفاده از تابعیت میانگین ارزش اصلاحی بر سال تولد برآورد شد. جهت برآورد روند فنوتیپی تابعیت میانگین رکوردها پس از ویرایش بر سال زایش برآورد گردید. همچنین جهت محاسبه روند محیطی از تابعیت میانگین تفاوت ارزش اصلاحی هر حیوان از ارزش فنوتیپی و میانگین جامعه، بر سال زایش استفاده شد.

نتایج و بحث

ضرایب وراثت پذیری و روند ژنتیکی صفات مورد مطالعه در این پژوهش در جدول ۲ نشان داده شده است.

جدول ۲: ضرایب وراثت پذیری و روند ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین استان قزوین

صفت	وراثت پذیری	روند ژنتیکی
مقدار شیر	$0/24 \pm 0/01$	$29/25 \pm 1/70^{**}$
مقدار چربی	$0/15 \pm 0/01$	$0/54 \pm 0/04^{**}$
مقدار پروتئین	$0/21 \pm 0/01$	$0/76 \pm 0/05^{**}$
درصد چربی	$0/31 \pm 0/02$	$-0/005 \pm 0/0001^{**}$
درصد پروتئین	$0/30 \pm 0/02$	$-0/001 \pm 0/0001^{**}$

$p < 0/01$: **

وراثت پذیری

وراثت پذیری صفات مقدار شیر، مقدار پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین در محدوده متوسط و وراثت پذیری مقدار چربی (۰/۱۵) در محدوده کم مطابق با گزارشات سایر پژوهشگران داخل و خارج برای این صفات بود (۱ و ۶). از علل پائین بودن وراثت پذیری مقدار چربی در این پژوهش می توان به عدم توجه به این صفت، عدم دقت وسایل رکوردگیری برای این صفت، دلایل تغذیه ای، و سایر دلایل ناشناخته مدیریتی در استان قزوین اشاره نمود.

روند ژنتیکی

روند تغییرات ژنتیکی مقدار شیر در جمعیت گاوهای هلشتاین استان قزوین نسبت به مقدار مورد انتظار (یک درصد میانگین فنوتیپ مقدار شیر که در این گله ها تقریباً ۷۰ کیلوگرم می باشد) کمتر بوده است، با این وجود روند ژنتیکی برآورد شده در این پژوهش در راستای نتایج بدست آمده برای گاوهای هلشتاین کل کشور (۳۳ کیلوگرم بر سال) و استان اصفهان (۲۹ کیلوگرم بر سال) بود (۱ و ۴). اما روند ژنتیکی درصد چربی منفی شد که با نتایج گزارش شده برای گاو هلشتاین استان مرکزی (۰/۰۲-) و هلشتاین ایران (۰/۰۶-) مطابقت دارد (۲ و ۳). یکی از دلایل آن می تواند، همبستگی منفی این صفت با مقدار شیر بوده باشد. زیرا با توجه به اهمیت مقدار شیر در ایران دامداران سعی بر افزایش مقدار شیر دارند و اغلب توجه کمتری به ترکیبات آن می شود. بنابراین همانطور که مشاهده می شود، در استان قزوین مقدار شیر در طول زمان افزایش و درصد چربی کاهش یافته است. اما علی رغم روند منفی درصد چربی، روند ژنتیکی مقدار چربی مثبت و معنی دار بوده است ($P < 0/01$)، که با نتایج سایر پژوهشگران مطابقت دارد (۱ و ۳). علت معنی دار شدن روند ژنتیکی مقدار چربی، ممکن است بدلیل همبستگی مثبت این صفت با مقدار شیر بوده است. بنابراین با توجه به روند ژنتیکی مقدار شیر از طریق پاسخ همبسته به انتخاب، روند ژنتیکی مقدار چربی نیز معنی دار

شده است ($P < 0.01$). همچنین روند ژنتیکی درصد پروتئین گاوهای هلشتاین استان قزوین منفی و معنی دار بود ($P < 0.01$), که احتمالاً علت آن، همبستگی منفی این صفت با مقدار شیر بوده است. در حالی که روند ژنتیکی مقدار پروتئین مثبت و معنی دار بود که با نتایج گزارش شده برای گاوهای هلشتاین اسرائیل (0.34 کیلوگرم) و گاوهای هلشتاین استان زنجان (0.165 کیلوگرم) مطابقت دارد (0.05 و 0.10).

بطور کلی نتایج این پژوهش نشان می‌دهد الگوی توزیع اسپرم و مدیریت ژنتیکی در استان قزوین برای صفات تولیدی گاو-های هلشتاین تا حدودی مناسب و روند تغییرات ژنتیکی برای این صفات مثبت بوده است.

منابع

۱. رزم کبیر، م.، ا. نجاتی جوارمی، م. مرادی شهربابک، ا. رشیدی و م. ب. صیادنژاد. ۱۳۸۸. برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران. دوره ۴۰، شماره ۱.
۲. رضوی. س. م.، م. وطن خواه، ح. ر. میرزایی و م. رکوعی. ۱۳۸۶. برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی در گاوهای هلشتاین استان مرکزی. مجله پژوهش و سازندگی در امور دام و آبزیان، شماره ۷۷، ۵۵ ص.
۳. صاحب هنر، م.، م. مرادی شهر بابک، س. ر. میرائی آشتیانی و م. ب. صیادنژاد. ۱۳۸۹. برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی و تعیین برخی عوامل تأثیر گذار بر آن در گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران، دوره ۴۱، شماره ۲، ۱۷۳ ص.
۴. میرزامحمدی، ا.، ا. رشیدی و م. رزم کبیر. ۱۳۹۰. ارزیابی روندهای ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی مقدار شیر، دوره شیرواری اول گاوهای هلشتاین در دو اقلیم گرم و معتدل. نخستین سمینار مدیریت پرورش دام و طیور در مناطق گرمسیر ایران. ۱۶ شهریور. ۹۵۴ ص.
۵. میرزامحمدی، ا.، ا. رشیدی، و م. رزم کبیر. ۱۳۹۰. برآورد روندهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدی در گاوهای دوره شیرواری اول هلشتاین استان زنجان. اولین کنگره ملی علوم و فناوری‌های نوین کشاورزی. ۱۹ الی ۲۱ شهریور. ۷۲۷ ص.
6. Elzo, M.A., A. Jara, and N. Barria. 2004. Genetic Parameters and Trends in the Chilean Multi breed Dairy Cattle Population. J. Dairy Sci. 87: 1506–1518.
7. Kennedy, B. W. and J.E. Moxley. 1975. Genetic trends among artificially bred Holsteins in Quebec. Journal of Dairy Science. 58, 1871-1875.
8. Meyer, K. 2007. WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML.
9. SAS Institute Inc. 2003. SAS 9.1.3 Help and Documentation, Cary, NC: SAS Institute Inc.
10. Weller, J.I and E. Ezra. 2004. Genetic Analysis of the Israeli Holstein Dairy Cattle Production for Production and Nonproduction Traits with multiple traits Animal Model. J. Dairy Sci. 87:1519–1527.

Estimate genetic parameters and trend the 305-day milk traits in Holstein cows in Qazvin province

Naser biglari^{1*}, Ebrahim Mirzamohamadi¹, Mohamad Razm kabir², Masome Nazari¹

1- Students of Kurdistan University, 2- Assist proof of Kurdistan University

* Corresponding E-mail address: N.Biglari63@gmail.com

Abstract

In this study 18631, 17257 and 15143 records of milk, fat and protein yields belonging to first lactation Holsteins cows distributed at 71 herds from 1991 to 2009 in Qazvin province that collected by the Animal Breeding Center of Iran were used to estimate the genetic trend for milk, fat, protein yield, fat and protein percent. Breeding value of animals predicted by multiple traits analysis and best liner unbiased prediction with Wombat software. Genetic trends estimated by the regression of average breeding values of animal on birth year. Heritability for milk, fat and protein yields, and fat and protein percent were 0.24 ± 0.01 , 0.15 ± 0.01 , 0.21 ± 0.01 , 0.31 ± 0.02 and 0.30 ± 0.02 respectively. Genetic trends were 29.25 ± 1.70 , 0.54 ± 0.04 and 0.76 ± 0.05 Kg/year and -0.005 and -0.001 per/year for production traits ($p < 0.01$).

Keywords: Genetic trend- milk yields- fat percent- protein percent- Holstein cows- Qazvin province

بررسی چندشکلی‌های اینترون دو و بخشی از اگزون دو ژن لپتین و ارتباط آنها با فراسنجه‌های خونی و صفات بیومتری در

گوسفند‌های نژاد لری بختیاری و زل با روش PCR-SSCP

پرویز عزیزی^۱، محمد مرادی شهراباک^۲، حسین مرادی شهراباک^۳، محمد علی طالبی^۴، رضا خلت‌آبادی فراهانی^۵
۱، ۲- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد و استاد و استادیار دانشگاه تهران، ۳- مرکز تحقیقات و کشاورزی و منابع طبیعی شهرکرد و
۴- مرکز تشخیص بیماری‌های سازمان دامپزشکی کل کشور

Email: p.azizi@ut.ac.ir

چکیده

پرورش گوسفند یکی از مهمترین بخش‌های صنعت دامپروری ایران محسوب می‌گردد به گونه‌ای که نزدیک به ۳۷/۵٪ از گوشت قرمز تولیدی از این بخش تامین می‌شود. لپتین هورمونی از خانواده سیتوکین‌ها و محصول بیان ژن چاقی است که ۱۶ کیلو دالتون وزن دارد و در کنترل وزن بدن، میزان خوراک مصرفی، زادآوری، تندرستی و ایمنی، رشد، سوخت‌وساز و چگونگی هزینه ذخیره‌ی انرژی در بدن نقش دارد. لپتین یکی از ژنهای کاندید موثر بر صفات مهم اقتصادی در دام است. این پژوهش با هدف بررسی چندشکلی یک قطعه‌ی ۲۷۱ جفت بازی دربرگیرنده بخشی از اگزون دو و اینترون دو ژن لپتین در نژادهای دنبه‌دار لری بختیاری و بی‌دنبه زل انجام گرفت. بدین منظور از ۱۶۹ رأس گوسفند لری بختیاری و ۱۳۰ رأس گوسفند زل، خونگیری شد. پس از جداسازی DNA با روش نمکی و تکثیر این قطعه با واکنش زنجیره‌ای پلیمرز، چندشکلی آن با روش SSCP روی ژل پلی-اکریل آمید ۱۲٪ و با ولتاژ ۳۰۰، بررسی شد. در پایان نه الگوی بانندی برای این بخش دیده شد. فراوانی الگوهای یک تا نه در نژاد لری بختیاری به ترتیب ۳۰/۹۷، ۲۱/۹۳، ۷/۷۴، ۶/۴۵، ۳/۲۳، ۳/۲۳، ۱/۹۴ و ۲/۵۸ بود و در نژاد زل تنها الگوهای یک، دو و پنج، به ترتیب با فراوانی ۴/۴، ۸۷/۹۱ و ۷/۶۹ دیده شد. پس از بررسی آماری در نژاد زل، بین الگوهای بانندی دیده شده با دور ران، طول دم و میزان تری‌گلیسیرید خون ارتباط معنی‌داری دیده شد ($P < 0.05$) ولی در نژاد بختیاری رابطه معنی‌داری بین ژنوتیپ و فنوتیپ دیده نشد. ولی مشخص گردید تنوع زیادی بین نژادهای دنبه‌دار و بی‌دنبه بومی ایران برای این جایگاه وجود دارد.

واژه‌های کلیدی: چندشکلی - لپتین - زل - لری بختیاری - PCR-SSCP

مقدمه

پرورش گوسفند به عنوان یکی از مهمترین زیر بخش‌های صنعت دامپروری است. در ایران با توجه به شرایط آب و هوایی از دیدگاه پرورشی و زیرساخت‌های فرهنگی-مذهبی و ذائقه مردم از اهمیت بسزایی برخوردار است. گوشت قرمز یکی از مهمترین منابع تامین پروتئین، در ایران است و نزدیک به ۳۷/۵٪ از گوشت قرمز تولیدی کشور مربوط به گوسفند است (۱). با توجه به همبستگی بین بیماری‌های قلبی و میزان چربی اشباع مصرفی، این موضوع به یکی از بزرگترین چالش‌های دامپروری به ویژه در صنعت گوسفندداری ایران تبدیل شده است، چراکه از بین نژاد بومی ایران تنها نژاد زل است که ذخیره‌ی چربی به شکل دنبه را ندارد (۲، ۳). امروزه گزینش ژنومی راه تازه‌ای پیش روی بهنژادی گشوده و به کمک آن می‌توان دام‌های برتر را در سن پایین‌تر و با هزینه‌ی کمتر گزینش کرد (۴). ژن لپتین که در سال ۱۹۹۴ توسط ژانگ شناسایی شد بر میزان خوراک مصرفی، زادآوری، ایمنی و تندرستی، رشد، سوخت‌وساز و چگونگی هزینه ذخیره بدن نقش دارد و یکی از ژنهای کاندید مرتبط با صفات مهم اقتصادی در دام می‌باشد (۵-۹، ۱۱-۱۲، ۱۶، ۱۸). این ژن از سه اگزون و دو اینترون ساخته شده است که اگزون نخست آن ترجمه نمی‌شود و پیامد بیان این ژن هورمونی، پروتئینی از خانواده سیتوکین‌ها است که ۱۶ کیلودالتون وزن دارد (۱۸). تا چندی پیش تصور بر

این بود که اینترون‌ها ترجمه نمی‌شوند و در مرحله پیرایش در هسته سلول حذف می‌شوند نقشی در سلول ندارند ولی به تازگی نقش‌هایی مانند تاثیر بر میزان بیان ژنها از راه متیلاسیون، دمتیلاسیون، خاموشی و رونویسی ژنها برای آنها دیده شده است (۱۰، ۱۷). Micro RNAs که توالی‌هایی با ۱۸ تا ۲۵ باز هستند نیز یکی از خانواده‌های رایج در تنظیم بیان ژنها می‌باشند (۷، ۱۴-۱۵). این پژوهش با هدف بررسی چند شکلی بخشی از ژن لپتین که دربرگیرنده اینترون دو و بخشی از اگزون دو ژن لپتین است، در دو نژاد لری بختیاری و زل که ویژگی‌های کاملاً متفاوتی دارند، انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

این پژوهش روی دونژاد دنبه‌دار و بی دنبه از گوسفندان ایران، یعنی نژاد لری بختیاری و زل انجام گرفته است. نژاد لری بختیاری درشت جثه و سنگین وزن است و با وجود اینکه از نژادهای برتر ایرانی با ذخیره چربی بسیار بزرگی به شکل دنبه است که در برخی موارد تا ۲۵٪ از وزن لاشه را دنبه تشکیل می‌دهد و امروزه این ذخیره چربی خود به‌عنوان یکی از بزرگترین چالش‌های این نژاد مطرح شده است. نژاد زل که دارای جثه بسیار کوچکی است تنها نژاد بدون دنبه در بین گوسفندان ایرانی است. بدین منظور از ۱۶۹ راس بره ۹ ماهه‌ی نژاد لری بختیاری ایستگاه بهنژادی شولی شهرستان شهرکرد و ۱۳۰ راس دام نژاد زل ایستگاه بهنژادی شیرنگ شهرستان گرگان، درپاییز و زمستان سال ۱۳۸۹ خونگیری و بیومتری شد. ویژگی‌های اندازه‌گیری شده در نژاد لری بختیاری در برگیرنده دورگردن، دورسینه، دورشکم، دور بالا، میان و پایین دنبه، دور ران، عرض بالا، میان و پایین دنبه، ضخامت دنبه، طول-شکاف دنبه، طول چپ و راست دنبه و طول میانی دنبه بود و در نژاد زل اندازه دورگردن، دورسینه، دورشکم، دور بالا، میان و پایین دم، دور ران، طول دم گرفته شد. همچنین از هر دام یک نمونه خون نیز برای جداسازی پلاسما و اندازه‌گیری فراسنجه‌های خونی گرفته شد که میزان تری‌گلیسیرید و کلسترول خون با کیت‌های شرکت پارس آزمون و در آزمایشگاه تغذیه گروه علوم دامی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران اندازه‌گیری شد. پس از جداسازی DNA از خون با روش بهینه‌یافته نمکی (۱۳)، برای بررسی کمی و کیفی DNA، از ژل آگارز ۰/۸ درصد و همچنین دستگاه نانودراپ استفاده شد. برای تکثیر این بخش که ۲۷۱ جفت باز ساخته شده از آغازگرهای معرفی شده توسط بوچر در سال ۲۰۰۵ استفاده شد که توالی آنها در زیر آورده شده است.

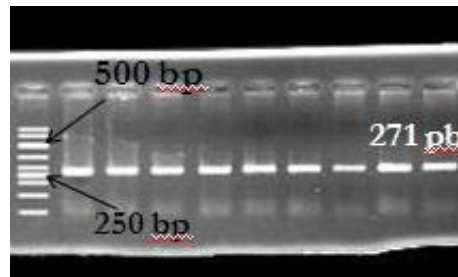
F: 5'-CGCAAGGTCCAGGATGACACC-3' رشته‌ی پیشرو

R: 5'-GTCTGGGAGGGAGGAGAGTGA-3' رشته‌ی پیرو

پس از بهینه‌سازی شرایط، واکنش‌های زنجیره‌ای پلیمراز بدین گونه انجام شد. 94°C ۹۴ دمای واسرشته‌سازی آغازین به مدت پنج دقیقه و سپس ۳۵ چرخه شامل 30°C ۳۰ ثانیه 94°C ۹۴ دمای واسرشته‌سازی، 59°C ۵۹ دمای پیوند آغازگر و 72°C ۷۲ دمای گسترش به مدت یک دقیقه و در پایان نیز 72°C به مدت ۵ دقیقه برای گسترش نهایی. پس از پایان واکنش ۴ تا ۵ میکرولیتر از آن را با محلول ویژه رنگ‌آمیزی روی ژل آگارز ۲٪ برده شد و چگونگی محصول‌ها ارزیابی شد که در نمایه یک نشان داده شده است همچنین مقدار و غلظت مواد بکاررفته برای انجام واکنش در جدول ۱ آورده شده است.

جدول ۱ - مقدار و غلظت مواد برای انجام واکنش PCR

ماده	مقدار	غلظت
DNA	2 μl	50-100 $_{\text{ng}}$



روی ژل آگارز ۲٪ PCR نمایه ۱- ارزیابی محصول

1 X	2.5 µl	Buffer
0.6	1.5 µl	dNTP
Mm/µl		
0.5	0.5 µl	MgCl ₂
Mm/µl		
0.28	0.7 µl	Prim. F
pm/µl		
0.28pm/-	0.7 µl	Prim. R
µl		
1.5 Unit	0.3 µl	Taq
-	16.8 µl	H ₂ O
-	25 µl	Total

پس از تکثیر این بخش که ۲۷۱ جفت باز طول دارد به منظور بررسی چگونگی چندشکلی‌های این بخش در دو نژاد، از تفاوت در شکل‌های فضایی تک رشته‌های DNA (SSCP) روشی است که در تشخیص جهش‌های تک نوکلئوتیدی (SNP) در قطعاتی که تا ۴۰۰ جفت باز طول دارند از دقت بسیار خوبی برخوردار است، استفاده شد و نمونه‌ها روی ژل پلی‌اکریل‌آمید ۱۲٪ و در دمای ۴°C با ولتاژ ۳۰۰ ولت به مدت ۱۴ ساعت الکتروفورز شدند. سپس ژل‌های پلی‌اکریل‌آمید با روش رنگ‌آمیزی نیترا ت نقره آشکارسازی شدند.

برای بررسی ارتباط هر یک از الگوها و صفات‌های گوناگون اندازه‌گیری شده در هر نژاد پس از آماده‌سازی داده‌ها و آزمون نرمال بودن داده‌ها و نرمال سازی داده‌هایی که توزیع نرمال داشتند با روش boxcox که در این روش برای نرمال کردن داده‌ها، با کمک نرم افزار SAS 9.12 رویه transreg یک مقدار به نام لامبدا (λ) بدست آورده و در فرمول زیر گذاشته شده و داده‌ها نرمال گردید. که در آن $X(n)$ داده نرمال شده و X داده غیر نرمال می‌باشد.

$$X(n) = (x^\lambda) - 1/\lambda$$

پس با کمک رویه Mixed در نرم‌افزار SAS 9.12 و مدل آماری زیر، داده‌ها مورد تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفت. که در آن جنس، سن در هنگام خون‌گیری، ماه تولد، سن مادر و ژنوتیپ هر دام برای جایگاه مورد بررسی از ژن لپتین به عنوان عوامل ثابت قابل دسته‌بندی در معادله مدل آورده شده است، همچنین برای نژاد بختیاری میزان همخوانی دام‌ها نیز به عنوان عامل همبسته در معادله مدل قرار گرفت. گفتنی در نژاد بختیاری چون همه دام‌ها هم سن بودند پس عامل سن در معادله مدل آنها وجود ندارد.

$$Y_{ijklmno} = \mu + G_i + S_j + L\bar{S}_k + A_l + MB_m + DA_n + b(I_o - I) + Animal_o + e_{ijklmno}$$

$Y_{ijklmno}$: مقدار صفت برای هر دام

μ : میانگین جامعه

$Animal_o$: اثر تصادفی حیوان

G_i : اثر i امین الگوی بانندی دیده شده برای این جایگاه از ژن لپتین (۱...۹)

S_j : اثر j امین جنس (۱...۲)

LS_k : اثر k امین چگونگی تولد (چندقلو بودن) ($k_{1...3}$)

A_l : اثر l امین سن دام در هنگام خون گیری ($l_{1...6}$)

MB_m : اثر m امین ماه تولد ($m_{1...4}$)

DA_n : اثر n امین سن مادر ($n_{1...7}$)

b : ضریب تابعیت Y روی I

I_o : میزان هم خونی فرد

I : میانگین ضرایب هم خونی در دام ها

e_{ijklmo} : اثر دیگر عوامل تصادفی

نتایج و بحث:

پس از بررسی ژل ها در مجموع برای این بخش نه الگوی بانندی گوناگون دیده شد که از این نه الگو تنها الگوهای شماره یک، دو و پنج در نژاد زل دیده شد که در این نژاد الگوی شماره دو نسبت به دو الگوی دیگر فراوانی بسیار بیشتری دارد. فراوانی هر یک از الگوها در هر نژاد در جدول دو آورده شده است. پراکندگی الگوهای دیده شده در دو نژاد برای الگوی شماره پنج بسیار به هم نزدیک است ولی پراکندگی دو الگوی دیگر بین این دو نژاد بسیار متفاوت است.

جدول ۲- درصد فراوانی هر یک از الگوها در هر نژاد

نژاد	یک	دو	سه	چهار	پنج	شش	هفت	هشت	نه
الگو									
بختیاری	۳۰/۹۷	۲۱/۹۳	۲۱/۹۳	۷/۷۴	۶/۴۵	۳/۲۳	۳/۲۳	۱/۹۴	۲/۵۸
زل	۴/۴	۸۹/۹۱	۰	۰	۷/۶۹	۰	۰	۰	۰



نمایه ۲- الگوهای بانندی دیده شده روی ژل پلی اکریل آمید ۱۲٪

پس از ارزیابی آماری داده‌ها، در نژاد لری بختیاری بین الگوهای بانندی دیده شده و صفات‌های اندازه‌گیری شده ارتباط معنی‌داری دیده نشد ولی در نژاد زل بین الگوهای بانندی دیده شده برای این جایگاه از ژن لپتین با دور ران، طول دم و میزان تری گلیسیرید خون ارتباط معنی‌داری دیده شد و بجز در مورد میزان تری گلیسیرید خون دام‌های دارای الگوی پنج نسبت به دو الگوی دیگر میانگین کمتری داشتند ($P < 0.05$) که نتایج در جدول ۳ آمده است. از عوامل ثابت مهمترین عامل، جنس بود که روی همه صفات‌ها اثری معنی‌دار داشت ($P < 0.0001$). پس از آن سن حیوان و سن مادر به ترتیب عواملی بودند که بر برخی از صفات‌ها اثر معنی‌داری داشتند ($P < 0.01$). همچنین رابطه همخوانی نیز که به عنوان عامل همبسته در مدل قرار گرفت با دورسینه، قد دام و دور ران در هر دو نژاد بسیار نزدیک به سطح معنی‌داری دیده شد ($P < 0.07$).

جدول ۳- رابطه الگوهای دیده شده و صفات در نژاد زل

الگوهای بانندی جایگاه نخست			صفت
شش	پنج	دو	
$\pm 0.67^{b18/04}$	$\pm 1.42^{ab18/91}$	$\pm 1.75^{a21/64}$	طول دم *
$\pm 0.90^{ab26/75}$	$\pm 2.03^{b23/29}$	$\pm 2.07^{a29/00}$	دور ران *
$\pm 0.16^{b2/79}$	$\pm 0.63^{a3/26}$	$\pm 0.61^{a4/21}$	تری گلیسیرید (ن) *

(ن) و * به ترتیب بیانگر نرمال شدن و معنی‌داری در سطح ۵٪ می‌باشد

با توجه به تفاوت بسیار بالا در الگوهای بانندی دیده شده در این دو نژاد و همچنین تفاوت زیادی که دو نژاد لری بختیاری و زل بویژه در ذخیره چربی با هم دارند و چون ژن لپتین از ژنهای کاندید موثر بر صفات تولیدی در گوسفند است بهتر است پژوهشی در زمینه شناسایی چندشکلی‌های موجود در این ژن و بررسی ارتباط بین چندشکلی‌ها و ژنوتیپ‌ها موجود با صفات تولیدی و میزان چربی و یا وجود دنبه یا نبود دنبه در این دام‌ها انجام گیرد تا در صورت وجود چنین ارتباطی از این ژن در گزینش دام‌های برتر در راستای تولید بالا با میزان چربی کمتر سود برد.

منابع:

- ۱) آمار نامه کشاورزی سال ۱۳۸۷. جلد دوم. دفتر آمار و اطلاعات وزارت جهاد کشاورزی. ۲۸۸ ص.
- ۲) خالداری م، ۱۳۸۱. اصول پرورش گوسفند و بز، انتشارات جهاد دانشگاهی.
- ۳) سیاه منصور، م سعادت نوری، م، ۱۳۸۴. پرورش گوسفند، انتشارات آتا.
- ۴) نجاتی جوارمی، ا. ارزیابی ژنومیک حرکتی گریزناپذیر به سوی روش‌های نوین اصلاح نژاد دام. چهارمین کنگره علوم دامی.

5. Apter D. Leptin in puberty. Clin Endocrinol (Oxf) 47: 175-176, 1997.
6. Barb CR, Hausman GJ, and Houseknecht KL. Biology of leptin in the pig. Domest Anim Endocrinol 21: 297-317, 2001.
7. Bartel DP. MicroRNAs: genomics, biogenesis, mechanism, and function. Cell 116: 281-297, 2004.
8. Boucher D, Palin M, Castonguay F, Gariépy C, and Pothier F. Detection of polymorphisms in the ovine leptin (LEP) gene: Association of a single nucleotide polymorphism with muscle growth and meat quality traits. Canadian journal of animal science 86: 31-35, 2006.

9. Clayton PE, and Trueman JA. Leptin and puberty. Arch Dis Child 83: 1-4, 2000.
10. Costa FF. Non-coding RNAs: lost in translation? Gene 386: 1-10, 2007.
11. Houseknecht KL, Baile CA, Matteri RL, and Spurlock ME. The biology of leptin: a review. J Anim Sci 76: 1405-1420, 1998.
12. Lam QL, and Lu L. Role of leptin in immunity. Cell Mol Immunol 4: 1-13, 2007.
13. Miller SA, Dykes DD, and Polesky HF. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. Nucleic Acids Res 16: 1215, 1988.
14. Storz G, Opdyke JA, and Zhang A. Controlling mRNA stability and translation with small, noncoding RNAs. Curr Opin Microbiol 7: 140-144, 2004.
15. Thompson DM, and Parker R. Stressing out over tRNA cleavage. Cell 138: 215-219, 2009.
16. Urbanski HF. Leptin and puberty. Trends Endocrinol Metab 12: 428-429, 2001.
17. Zaratiegui M, Irvine DV, and Martienssen RA. Noncoding RNAs and gene silencing. Cell 128: 763-776, 2007.
18. Zhang Y, Proenca R, Maffei M, Barone M, Leopold L, and Friedman JM. Positional cloning of the mouse obese gene and its human homologue. Nature 372: 425-432, 1994.

Study polymorphism of intron and exon 2 in Ovine Leptin gene and its association with biometric traits and blood parameters in Iranian Lori-Bakhtiari and Zel breed using PCR-SSCP

P. Azizi¹, M. Moradi shahrbabak², H. Moradi shahrbabak³ and M. A. Talebi⁴ and R. Khaltabadi Farahani⁵

1,2 and 3 M.Sc., Professor and Assistant Professor, Department of Animal Science, University College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, 4-Department of animal Science, Agriculture and Natural Research Center Shahr-e kord, Iran and 5-Department of poultry disease, Central Veterinary Laboratory (CLV), Iran Veterinary organization (IVO), Tehran, Iran

Email: p.azizi@ut.ac.ir

Abstract

The purpose of this study was to investigate polymorphism in the 271 bp fragment of leptin gene which contain a part of exon and intron 2 in fat-tailed Lori-Bakhtiari and tailed Zel breed. Sheep breeding is one of important parts livestock industry in Iran as which provides nearly 43% of meat production. Leptin is hormone of cytokine family which product the obese gene with 16 KD and has role in feed intake, body weight, reproductive, immunity, growth and metabolism and expense of energy storage in body. Leptin is a candidate gene for important economic traits in livestock and blood samples were collected of 169 Lori-Bakhtiari lambs and 130 Zel breed sheep. After the DNA extraction with salting out method and amplification of this fragment using polymerase chain reaction, study of polymorphism was carried out using SSCP technique on polyacrylamide gel with 300V in 14 hours. Finally nine SSCP patterns band were observed for this part. Frequency percentage patterns in Lori-bakhtiari breed were 30.97, 21.93, 7.74, 6.45, 3.23, 3.23, 1.94 and 2.58, for 1-9 patterns respectively. Patterns of 1,2 and 5 were observed in Zel sheep with frequency percentage of 4.4, 87.91 and 7.69 respectively. The Results of this study revealed high diversity between two Iranian native fat-tailed and non fat-tailed breed in this locus. Statistical analysis showed significant association between band patterns and hip circumference, tail length and blood triglyceride in the Zel breed ($P < 0.05$). But there were no significant association between observed bands and measured traits in the Bakhtiari breed.

Keywords: Leptin, Ovine, PCR-SSCP, polymorphism, Lori-bakhtiari, Zel, biometric trait.

شناسایی فرم های مختلف آللی در ناحیه تنظیمی ژن کد کننده آنزیم آروماتاز در گاوهای هلشتاین

فهیمه محمدنژاد سنگدهی*، قدرت رحیمی میانجی، زربخت انصاری پیرسرائی

آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام، گروه علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

* نویسنده مسئول: فهیمه محمدنژاد سنگدهی

Fhmohamadnejad@gmail.com

چکیده

استروژن مهمترین هورمون موثر بر رشد، تمایز و عملکرد بافت های تولید مثلی مانند تخمدان، رحم، واژن و غده های پستانی می باشد. آنزیم کلیدی در تولید استروژن، سیتوکروم P450 آروماتاز است که توسط ژن CYP19 کد می شود. در پژوهش حاضر به منظور شناسایی چند شکلی در ناحیه پروموتور ژن CYP19 از ۱۰۰ راس گاو هلشتاین خون گیری به عمل آمد. استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته و تکثیر یک قطعه ۲۸۸ جفت بازی توسط واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی انجام گرفت. ردیابی چند شکلی با استفاده از آنزیم PvuII و الکتروفورز محصولات حاصل از هضم آنزیمی روی ژل اکریل امید انجام شد. در جمعیت مورد مطالعه برای جایگاه مذکور دو ژنوتیپ AA و AB به ترتیب با فراوانی های ۰/۸۵ و ۰/۱۵ شناسایی شد. فراوانی هر یک از آلل های A و B به ترتیب ۰/۹۲۵ و ۰/۰۷۵ برآورد شد. نتایج پژوهش حاضر نشان داد که نشانگر آنزیمی PvuII قادر به شناسایی فرم های مختلف آللی در جایگاه مورد مطالعه می باشد. اثر ژنوتیپ بر صفات تولیدی و تولید مثلی در جمعیت مورد مطالعه در دست بررسی است.

واژگان کلیدی: آنزیم آروماتاز، ژن CYP19، چند شکلی، PCR-RFLP، گاو هلشتاین

مقدمه

در همه پستانداران چرخه تولید مثلی جنس ماده توسط استروژن تنظیم می شود. استروژن مهمترین هورمون موثر بر رشد، تمایز و عملکرد بافت های تولید مثلی مانند تخمدان، رحم، واژن و پستان می باشد (۴). آنزیم سازنده استروژن، سیتوکروم P450 آروماتاز^۱ نامیده می شود. این آنزیم در مسیر آروماتیزاسیون آندروژن ها به استروژن ها در فیزیولوژی تولید مثل نقش دارد (۲). ژن کد کننده آنزیم آروماتاز، CYP19 نامیده می شود. ویژگی بارز این ژن، استفاده از پروموتورهای مختلف در بیان اختصاصی بافت ها، با مکانیسم پیوندهای جایگزین^۱ است. این مکانیسم باعث می شود که در بافت های مختلف، رونوشت هایی با نواحی غیر قابل ترجمه^۲ متفاوت در پایانه ۵' (5'UTRs) تولید شود. در حالی که توالی کد کننده و پروتئین حاصل در همه بافت ها مشابه است (۳). احتمالاً واریته های 5'UTR در اتصال ریبوزوم ها و فاکتورهای پروتئینی دیگر به mRNA نقش داشته و راندمان ترجمه را تحت تاثیر قرار می دهند (۱). در گاو، ژن CYP19 روی کروموزوم ۱۰ قرار دارد و دارای ۹ اگزون قابل ترجمه است که از اگزون ۲ شروع می شود. در بالادست اگزون ۲، شش ناحیه پروموتور وجود دارد که این پروموتورها متناظر با اگزون های اول به طور متناوب بسته به این که در چه بافتی باشد فعال می شوند (۶). بیشترین سطح بیان ژن CYP19 و فعالیت آروماتاز، در جفت و

1. Cytochrome P450 aromatase
2. Alternative splicing
3. Untranslated regions

سلول‌های گرانولوزای تخمدان دیده می‌شود. بیان ژن CYP19 در جفت گاو، تحت کنترل پروموتور ۱,۱ است (۵). ونسلو^{۸۳} و همکاران (۱۹۹۹) سه چندشکلی تک نوکلئوتیدی^{۸۴} (SNP) در ناحیه پروموتور ۱,۱ ژن CYP19 گاوی شناسایی کردند که با تکنیک PCR-RFLP و آنزیم‌های برشی PvuII، Cfr13I و BseNI تشخیص داده می‌شوند. هدف از پژوهش حاضر شناسایی چند شکلی آللی در جایگاه نشانگر CYP19/PvuII در گاو هلشتاین بوده است.

مواد و روش‌ها

نمونه برداری و استخراج DNA

در این پژوهش از ۱۰۰ راس گاو نژاد هلشتاین از گاوداری صنعتی مهدشت ساری خون‌گیری به عمل آمد. نمونه‌ها با حفظ شرایط زنجیره سرد به آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام در دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری منتقل و تا زمان استخراج در دمای ۲۰- درجه سانتی گراد نگهداری شد. برای استخراج DNA از پروتکل استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته^{۸۵} و برای تعیین ویژگی‌های کمی و کیفی DNA از الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد.

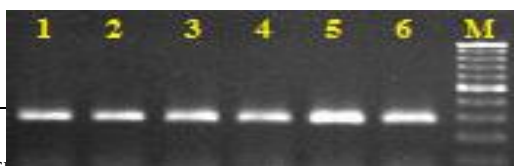
واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) و تعیین ژنوتیپ

در این مطالعه ناحیه پروموتور از جایگاه ژنی CYP19 انتخاب و با استفاده از آغازگرهای اختصاصی قطعه‌ای به طول ۲۸۸ جفت باز تکثیر شد. توالی آغازگرها شامل توالی رفت 5'-GCATGGGCACTTGCTCTCGAT-3' و توالی برگشت R: 5'-TGATTTCAGGTTGTAAAGTGAATGA-3' بود (۷). واکنش زنجیره ای پلی مرز در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ۲/۵ میکرولیتر بافر (10x) PCR، ۰/۵ میکرولیتر dNTPs، ۰/۲ میکرولیتر Taq polymerase، ۰/۶ میکرولیتر از هر یک از آغازگرها، ۱۰۰ نانو گرم DNA ژنومی و ۱ میکرولیتر MgCl₂ که در نهایت با آب مقطر به حجم ۲۵ میکرولیتر رسیده است، انجام گرفت. سپس چرخه‌های PCR با برنامه حرارتی شامل: ۹۴ درجه سانتی گراد برای واسرشت اولیه DNA به مدت ۴ دقیقه، واسرشت ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۴۵ ثانیه، دمای ۵۹ درجه سانتی گراد برای اتصال پرایمرها به مدت ۴۵ ثانیه، دمای ۷۰ درجه سانتی گراد برای بسط آغازگرها به مدت ۴۵ ثانیه به تعداد ۳۲ سیکل و بسط نهایی به مدت ۵ دقیقه در ۷۰ درجه سانتی گراد انجام شد. برای تعیین کیفیت محصول PCR از ژل آگارز ۱/۵ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید استفاده شد.

برای تفکیک آللی و تعیین ژنوتیپ هر حیوان از تکنیک PCR-RFLP و الکتروفورز ژل اکریل امید استفاده شد. چند شکلی در ژن CYP19 توسط آنزیم برشی PvuII شناسایی می‌شود. حضور محل برش این آنزیم در موقعیت ۱۰۴۴- سبب تولید دو قطعه ۱۹۷ و ۹۱ جفت بازی می‌شود (آل B). در حالی که عدم حضور این جایگاه فقط تولید یک قطعه ۲۸۸ جفت بازی می‌کند (آل A). بعد از هضم آنزیمی نمونه‌ها توسط آنزیم PvuII برای مشاهده بهتر باندها از ژل اکریل امید ۱۰ درصد استفاده شد.

نتایج و بحث

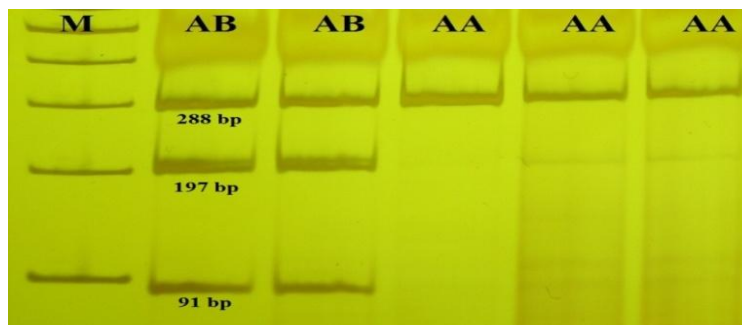
قطعه مورد نظر از جایگاه ژنی ERα به طول ۲۸۸ جفت باز با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی تکثیر شد. نمونه‌ای از محصولات PCR تکثیر شده در نگاره ۱ آمده است.



4. Vanselow
5. Single nucleotide polymorphism
6. modified salting out method

نگاره ۱- نمونه‌ای از محصولات PCR تکثیر شده

در اثر برش آنزیمی دو قطعه ۱۹۷ و ۹۱ جفت بازی حاصل شد. عدم وجود جایگاه برشی در یکی یا هیچکدام از آلل‌ها به ترتیب سبب بروز ژنوتیپ‌های AB و AA شد. تیمار هضم آنزیمی محصولات به دست آمده و مقایسه با سایز مارکر ۱۰۰ جفت بازی در نگاره ۲ نشان داده شد.



نگاره
۲-

نمونه‌ای از محصولات حاصل از هضم قطعه تکثیری با استفاده از آنزیم PvuII

توزیع ژنوتیپی و همچنین فراوانی‌های آللی و ژنوتیپی مربوط به جایگاه CYP19/PvuII در جدول ۱ نشان داده شد. ژنوتیپ BB در جمعیت مورد مطالعه شناسایی نشد که علت آن را می‌توان وفور کم آلل B دانست.

جدول ۱- فراوانی آللی و ژنوتیپی در جایگاه ژنی CYP19 در گاو هلشتاین

فراوانی آللی		فراوانی ژنوتیپی			توزیع ژنوتیپی		
B	A	BB	AB	AA	BB	AB	AA
۰/۰۷۵	۰/۹۲۵	۰/۰۰	۰/۱۵	۰/۸۵	۰	۱۵	۸۵

به دلیل پایین بودن وراثت پذیری صفات تولید مثلی، استفاده از روش‌های سنتی اصلاح نژاد برای بهبود این صفات چندان کارآمد نیست. تکنیک انتخاب به کمک مارکر^{۸۶} (MAS) راه حل بسیار مطلوبی برای افزایش پیشرفت ژنتیکی می‌باشد. در همه پستانداران، استروژن مهمترین هورمون تنظیم کننده فرایند تولید مثلی می‌باشد. پارامترهای مختلف باروری، شامل شکل‌گیری و رشد فولیکول‌ها، بلوغ تخمک‌ها، رشد و تمایز سلول‌های اندومتر و نگهداری آبستنی تحت تاثیر استروژن صورت می‌گیرد (۸). بنابراین آنزیم‌های تولید کننده استروژن می‌توانند به عنوان مارکرهای احتمالی برای صفات تولیدی و تولید مثلی محسوب شوند. جدرزچزاک^{۸۷} و همکاران (۲۰۰۶) اثر چند شکلی CYP19/PvuII را بر تولید شیر گاوه‌های سیاه و سفید و جرسی بررسی کردند. در نژاد سیاه و سفید فراوانی ژنوتیپ‌های AA، AB و BB به ترتیب ۰/۸۹۸۵، ۰/۰۹۷۷ و ۰/۰۰۳۸ برآورد شد. در نژاد جرسی همه گاوها ژنوتیپ AA داشتند. این پژوهشگران هیچ ارتباطی بین چندشکلی ژن CYP19 و صفات تولید شیر پیدا نکردند.

نکردند. در مطالعه دیگری که توسط زتکوسکا^۸ و همکاران (۲۰۱۱) به منظور بررسی همبستگی چند شکلی CYP19/PvuII با صفات تولید مثلی در گاوهای هلشتاین-فریزن انجام شد، فراوانی آلل‌های A و B به ترتیب ۰/۹۲ و ۰/۰۸ بود. بررسی تاثیر این ژنوتیپ‌ها بر صفات تولید مثلی نشان داد که ژنوتیپ CYP19/PvuII^{AA} نسبت به ژنوتیپ هتروزیگوت، با فاصله‌ی گوساله‌زایی تا آبستنی (CLVC) و فاصله بین دو گوساله‌زایی پیاپی (CLVI) طولانی‌تر ارتباط معنی‌دار داشت. نتایج پژوهش حاضر نشان داد که جایگاه نشانگر CYP19/PvuII در جمعیت مورد مطالعه چند شکل بوده است. اثر ژنوتیپ‌های B به دست آمده بر صفات تولیدی و تولید مثلی در جمعیت مورد مطالعه در دست بررسی است. با توجه به پایین بودن و فور آلل B ژنوتیپ BB در جمعیت مورد مطالعه مشاهده نشد که پیشنهاد می‌شود در مطالعات بعدی از تعداد نمونه‌های بیشتری استفاده شود.

منابع

10. Fürbass, R., Kalbe, C. and Vanselow, J. 1997. Tissue-specific expression of the bovine aromatase encoding gene uses multiple transcriptional start sites and alternative first exons. *Endocrinology*. 138: 2813-2819.
11. Jedrzejczak, M., Grzesiak, W., Szatkowska, I., Dybus, A., Muszynska, M. and Zaborski, D. 2011. Association between polymorphisms of CYP19, CYP21, and ER1 genes and milk production traits in Black-and-White cattle. *Turk. J. Vet. Anim. Sci.* 35: 41-49.
12. Kalbe, C., Fürbass, R., Schwerin, M. and Vanselow, J. 2000. Cis-acting elements regulating the placenta-specific promoter of the bovine Cyp19 gene. *J. Mol. Endocrinol.* 25: 265-273.
13. Szatkowska, I., Grzesiak, W., Jedrzejczak, M., Dybus, A., Zaborski, D. and Jankowiak, D. 2011. An analysis of CYP19, CYP21 and ER genotypes in Polish Holstein-Friesian cows with regard to the selected reproductive traits. *ACTA VET. BRNO*. 80: 065-071.
14. Vanselow, J., Fürbass, R., Rehbock, F., Klautschek, G. and Schwerin, M. 2004. Cattle and sheep use different promoters to direct the expression of the aromatase cytochrome P450 encoding gene, Cyp19, during pregnancy. *Domest. Anim. Endocrinol.* 27: 99-114.
15. Vanselow, J., Fürbass, R., Zsolnai, A., Kalbe, C., Said, H.M. and Schwerin, M. 2001. Expression of the aromatase cytochrome P450 encoding gene in cattle and sheep. *J. Steroid Biochem. Mol. Biol.* 79: 279-288.
16. Vanselow, J., Kühn, C., Fürbass, R. and Schwerin, M. 1999. Three PCR/RFLPs identified in the promoter region 1.1 of the bovine aromatase gene (CYP19). *Anim. Genet.* 30: 232-233.
17. Zahmatkesh, A., Rahmani, H.R., Edriss, M.A. and Sayed-Tabatabaei, B.E. 2011. Bovine ER- α polymorphism in relation with production traits. *International Conference on Food Engineering and Biotechnology*. vol.9.

Detection of different allelic forms in regulatory region of gene encoding enzyme aromatase in Holstein cows

F. Mohamadnejad*, G. Rahimi Mianji, Z. Ansari Pirsaraei

Laboratory for Molecular Genetics and Animal Biotechnology, Department of Animal Sciences, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

* Corresponding E-mail address: Fhmohamadnejad@gmail.com

Abstract

Estrogen is one of the most important hormones affecting growth, differentiation and function of reproductive tissues like ovary, uterus, vagina and mammary glands. The key enzyme responsible for the biosynthesis of estrogen is aromatase that is encoded by the CYP19 gene. In this study in order to identify polymorphism in CYP19 gene, blood samples were collected from one hundred Holstein cows. DNA was extracted using modified salting out method and polymerase chain reactions (PCR) were carried out by specific primer pairs for amplification of a DNA fragment with 288bp in length from promoter region of this gene. Allelic forms were detected by digestion of PCR products using PvuII restriction enzyme followed by polyacrylamide gel electrophoresis. In the studied population two genotypes of AA and AB were observed with the frequency of 0.85 and 0.15, respectively. The frequency of A and B alleles was estimated at 0.925 and 0.075, respectively. The results of the present research work showed that the restriction enzyme PvuII is capable of detecting different allelic form at studied marker site. The effect of genotypes on production and reproduction traits in the studied population gets under way.

Keywords: Aromatase enzyme, CYP19 gene, Polymorphism, PCR-RFLP, Holstein cattle.

برآورد مؤلفه‌های واریانس صفات مجموع و میانگین وزن شیرگیری بره‌ها در هر زایش در گوسفندان مغانی با کمک مدل‌های

تکرار پذیری و رگرسیون تصادفی

هادی فلکی مقدم^۱، پویا زمانی^۲، علیرضا عبدالمحمدی^۳، رضا سیدشریفی^۴

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد علوم دامی، دانشگاه بوعلی سینا همدان، ۲- استادیار گروه علوم دامی، دانشگاه بوعلی

سینا همدان، ۳- استادیار گروه علوم دامی، دانشگاه رازی کرمانشاه، ۴- مربی گروه علوم دامی، دانشگاه محقق اردبیلی

* نویسنده مسئول: هادی فلکی مقدم، hadi.falaki@yahoo.com

چکیده:

در این پژوهش از اطلاعات جمع آوری شده مربوط به ۶۸۹۱ رأس گوسفند نژاد مغانی برای برآورد مؤلفه‌های واریانس برخی از صفات تولیدمثلی ترکیبی استفاده شد. این داده‌ها از ۳۱ گله در طی ۱۶ سال (۱۳۷۳-۱۳۸۸) در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند مغانی استان اردبیل جمع آوری شدند. صفات مورد نظر شامل: ۱- مجموع وزن شیرگیری بره‌ها در هر زایش ۲- میانگین وزن شیرگیری بره‌ها در هر زایش بودند. برآورد مؤلفه‌های واریانس با استفاده از دو نوع مدل تکرارپذیری و رگرسیون تصادفی با استفاده از نرم‌افزار Wombat، صورت گرفت. وراثت‌پذیری صفات مجموع وزن شیرگیری بره‌ها در هر زایش و میانگین وزن شیرگیری بره‌ها در هر زایش به ترتیب 0.13 ± 0.13 و 0.14 ± 0.35 برآورد شد. با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی وراثت-پذیری صفات مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش و میانگین وزن از شیرگیری بره در هر زایش به ترتیب در دامنه‌های 0.008 تا 0.043 و 0.023 تا 0.06 قرار داشتند. برآورد مؤلفه‌های واریانس صفات مورد بررسی با استفاده از مدل تکرارپذیری نشان داد که همه صفات تولیدمثلی از وراثت‌پذیری پایینی برخوردارند بنابراین می‌توان انتخاب مستقیم برای این صفات پیشنهاد نمی‌شود. با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی بیشترین وراثت‌پذیری برای صفات مجموع وزن شیرگیری بره‌ها در هر زایش و میانگین وزن شیرگیری بره‌ها در هر زایش به ترتیب در ۴۸ و ۶۰ ماهگی برآورد شد.

واژه‌های کلیدی: گوسفندان مغانی - صفات تولید مثلی - مدل تکرار پذیری - مدل رگرسیون تصادفی

مقدمه:

مدل‌های روزآزمون بعنوان روش آماری جهت آنالیز رکوردهای تولید شیر با هدف حداکثر استفاده از کلیه اطلاعات موجود از هر حیوان پیشنهاد شدند (۱۱). تمایل به استفاده از این رکوردها جهت انجام ارزیابی‌های ژنتیکی به طور روز افزونی در حال گسترش است. این افزایش تمایل نسبت به استفاده از رکوردهای روزآزمون از تلاش محققین برای بهبود دقت پیش‌بینی ارزیابی‌های ژنتیکی ناشی می‌شود (۲).

هدف از این پژوهش برآورد مؤلفه‌های واریانس صفات تولید مثلی این نژاد به منظور برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات تولید مثلی ترکیبی در گوسفندان مغانی، مقایسه نتایج بدست آمده از برآورد مؤلفه‌های واریانس با استفاده از مدل‌های تکرارپذیری و رگرسیون تصادفی و ایجاد امکان بهینه سازی برنامه‌های اصلاح نژادی برای بهبود بازده تولید مثلی در گوسفند مغانی است.

مواد و روشها:

در این پژوهش از اطلاعات جمع آوری شده مربوط به ۱۳۷۲ رأس قوچ و ۱۴۲۲۸ رأس میش نژاد مغانی، از تعداد ۳۱ گله که طی ۱۶ سال (۱۳۷۳-۱۳۸۸) در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند مغانی استان اردبیل (جعفر آباد مغان) جمع آوری شده بود، استفاده شد. برای تجزیه و تحلیل رکوردها یکبار به صورت زیر با استفاده از مدل تکرارپذیری مورد آنالیز قرار گرفتند:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2pe$$

در این مدل y بردار مشاهدات حیوان، b بردار اثرات عوامل ثابت مؤثر بر صفت شامل گله-سال-فصل، تعداد شکم زایش میش و سن میش هنگام زایش، a بردار اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی، pe بردار اثرات تصادفی عوامل محیطی دائمی، Z_1, Z_2 و X : ماتریس‌های طرح، e بردار اثرات تصادفی باقی‌مانده. مدل جهت آنالیز رکوردها با استفاده از مدل‌های رگرسیون تصادفی به صورت زیر بود:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^K \beta_m \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{K_A-1} \alpha_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{K_p-1} \gamma_{im} \phi_m(t_{ij}) + e_{ij}$$

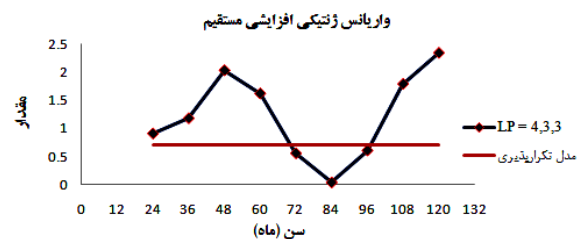
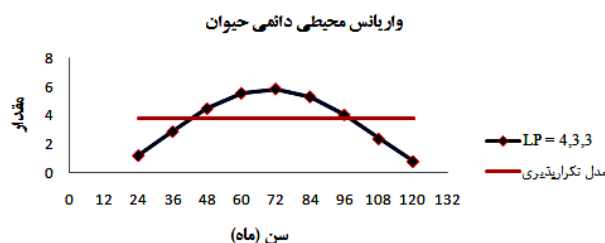
در این مدل y_{ij} رکورد مربوط به حیوان i ام در زمان j ام، F اثرات ثابت مربوط به y_{ij} می‌باشد، β_m : m امین ضریب رگرسیون ثابت α_{im} : m امین ضریب رگرسیون تصادفی ژنتیکی افزایشی مربوط به i امین حیوان، γ_{im} : m امین ضریب رگرسیون تصادفی محیطی دائمی مربوط به i امین حیوان، k : درجه برازش رگرسیون ثابت k_A و k_P : به ترتیب درجات برازش چند جمله‌ای ها، برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی، t_{ij} : نشان دهنده j امین زمان رکورد گیری برای i امین حیوان، $\phi_m(t_{ij})$: m امین چند جمله‌ای لژاندر برای t_{ij} و e_{ij} : خطای اندازه گیری می‌باشند. برای انجام آنالیزها با استفاده از مدل‌های مختلف از نرم‌افزار Wombat، استفاده شد. همچنین برای مقایسه مدل‌ها از آزمون AIC استفاده شد (۴؛ ۵؛ ۷ و ۸).

$$AIC = -2\text{LogL} + 2(P)$$

نتایج و بحث:

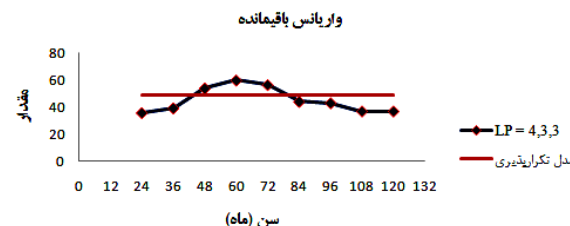
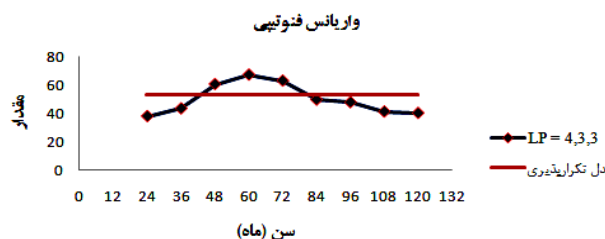
برآورد مؤلفه‌های واریانس برای صفت مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش با استفاده از مدل‌های رگرسیون تصادفی و تکرارپذیری:

مؤلفه‌های واریانس برای صفت فوق بر اساس مدل‌های مورد نظر در آنالیزهای تک متغیره و رگرسیون تصادفی (۴،۳،۳)، برآورد شدند. شکل‌های ۱، ۲، ۳ و ۴ به ترتیب تغییرات در واریانس‌های ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی حیوان، باقیمانده و فنوتیپی صفت مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش را با افزایش سن نشان می‌دهند



شکل ۲- واریانس محیطی دائمی حیوان برای صفت مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش بر اساس مدل‌های رگرسیون تصادفی و تکرارپذیری

شکل ۱- واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم صفت مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش بر اساس مدل‌های رگرسیون تصادفی و تکرارپذیری



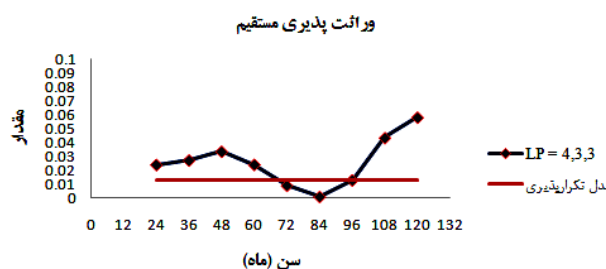
شکل ۳- واریانس باقیمانده صفت مجموع وزن از شیرگیری

شکل ۴- واریانس فنوتیپی صفت مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها

بره‌ها در هر زایش بر اساس مدل‌های رگرسیون تصادفی و تکرارپذیری و تکرارپذیری

برآورد وراثت‌پذیری صفت مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش با استفاده از مدل‌های رگرسیون تصادفی و تکرارپذیری: وراثت‌پذیری مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش با استفاده از مدل تکرارپذیری 0.13 ± 0.013 بدست آمد که نسبت به برآورد (۶) روی نژاد کلمبیا (۰/۱۶)، وانی میستی و همکاران (۱۰) در نژاد کاتاهدین (۰/۱۲) و پژمان (۱) در نژاد مهربانی (۰/۱۱) پایین‌تر بود.

وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفت مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در زایش با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی از سن ۲۴ ماهگی تا سن ۴۸ ماهگی افزایش و پس از آن تا سن ۸۴ ماهگی کاهش یافت و دوباره در ادامه روند افزایشی به خود گرفت. به علت کم بودن تعداد رکوردهای سن ۱۰۸ و ۱۲۰ ماهگی و احتمال بروز خطا، وراثت‌پذیری مربوط به این سنین را در نظر نمی‌گیریم در این صورت بیشترین وراثت‌پذیری در سن ۴۸ ماهگی برابر با ۰/۰۳۳ و کمترین آن در سن ۸۴ ماهگی برابر با ۰/۰۰۸ برآورد گردید که وراثت‌پذیری برآورد شده با استفاده از مدل تکرارپذیری در این دامنه قرار دارد.

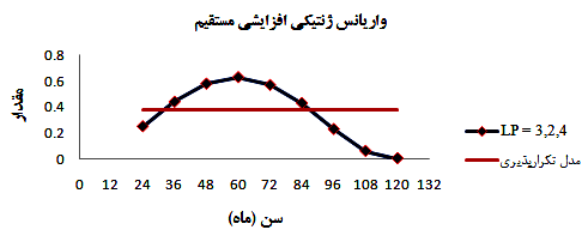
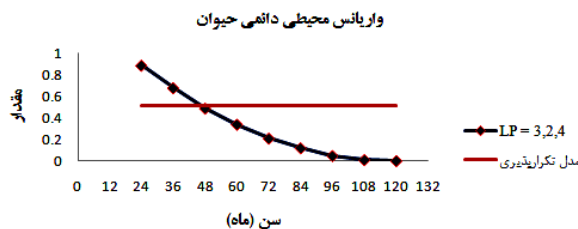


شکل ۵- وراثت‌پذیری مستقیم برآورد شده صفت مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در زایش بر اساس مدل‌های رگرسیون تصادفی و تکرارپذیری

با توجه به شکل (۵) مشاهده می‌شود که وراثت‌پذیری مستقیم بدست آمده با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی به‌جز سنین ۷۲ و ۸۴ ماهگی بالاتر از آنالیز با مدل تکرارپذیری برآورد شده است. هرچند با وجود برآورد بالاتر وراثت‌پذیری در سن ۱۰۸ و ۱۲۰ ماهگی، به علت کم بودن رکوردها در این مقطع زمانی و خطا در آنالیز مد نظر قرار نگرفتند. با توجه به بالاتر بودن مقدار وراثت‌پذیری سن ۴۸ ماهگی نسبت به سایر سنین، انتخاب در این سن باعث پیشرفت ژنتیکی صفت مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش خواهد شد. برآورد بالاتر وراثت‌پذیری در سن ۴۸ ماهگی برای صفت مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در زایش با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی نسبت به مدل تکرارپذیری می‌تواند به علت برآورد بالاتر واریانس ژنتیکی افزایشی باشد.

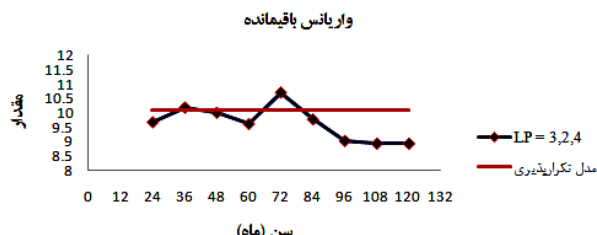
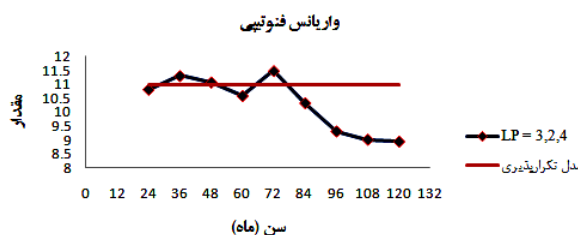
برآورد مؤلفه‌های واریانس میانگین وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش با استفاده از مدل‌های رگرسیون تصادفی و تکرارپذیری: با استفاده از آزمون AIC، برای انتخاب مدل مناسب، مدل شماره ۱۰ به عنوان بهترین مدل انتخاب شد. در مدل ۱۰ رگرسیون ثابت با درجه برازش ۴، درجه‌های برازش رگرسیون تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی به‌ترتیب ۳ و ۲ در نظر گرفته شدند.

شکل‌های ۶، ۷، ۸ و ۹ به‌ترتیب تغییرات در واریانس‌های ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی حیوان، باقیمانده و فنوتیپی را با افزایش سن برای صفت میانگین وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش نشان می‌دهند.



شکل ۷- واریانس محیطی دائمی حیوان برای صفت میانگین وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش بر اساس مدل‌های رگرسیون تصادفی و تکرارپذیری

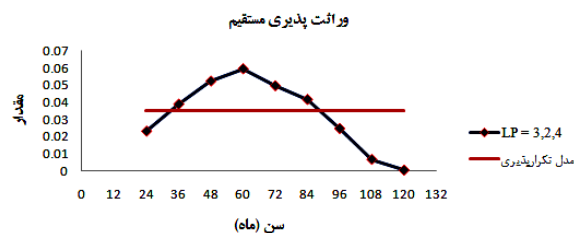
شکل ۶- واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم صفت میانگین وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش بر اساس مدل‌های رگرسیون تصادفی و تکرارپذیری



شکل ۹- واریانس فنوتیپی صفت میانگین وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش بر اساس مدل‌های رگرسیون تصادفی و تکرارپذیری

شکل ۸- واریانس باقیمانده صفت میانگین وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش بر اساس مدل‌های رگرسیون تصادفی و تکرارپذیری

برآورد وراثت‌پذیری میانگین وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش با استفاده از مدل‌های رگرسیون تصادفی و تکرارپذیری: وراثت‌پذیری میانگین وزن از شیرگیری بره در هر زایش 0.25 ± 0.35 برآورد شد که از نتایج وانی میستی و همکاران (۱۰) در نژاد کاتاهدین که 0.13 گزارش شده بود پایین‌تر است.



شکل ۱۰- وراثت‌پذیری مستقیم برآورد شده صفت میانگین وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش بر اساس مدل‌های رگرسیون تصادفی و تکرارپذیری

همانگونه که مشاهده می‌شود در روش رگرسیون تصادفی وراثت‌پذیری مستقیم در سن ۲۴ ماهگی (0.23) پایین بوده و سپس تا سن ۶۰ ماهگی (0.06) افزایش یافته و بعد از آن دوباره کاهش می‌یابد (شکل ۱۰). برآورد بالاتر وراثت‌پذیری در سن ۶۰ ماهگی برای صفت میانگین وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش علاوه بر، برآورد نسبتاً پایین‌تر واریانس باقیمانده با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی نسبت به مدل تکرارپذیری، به علت برآورد بالاتر واریانس ژنتیکی افزایشی نیز می‌باشد. الگوی تغییرات وراثت‌پذیری مشابه با تغییرات حاصل از واریانس ژنتیکی افزایشی می‌باشد. مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده با کمک مدل

تکرارپذیری در این دامنه قرار دارد. با توجه به برآورد وراثت‌پذیری بالاتر در سن ۶۰ ماهگی نسبت به سایر سنین اگر انتخاب در این سن صورت پذیرد باعث پیشرفت ژنتیکی برای صفت میانگین وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش خواهد شد.

منابع:

- ۱- پژمان ل. (۱۳۸۸) "برآورد مولفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات تولید مثلی در گوسفند نژاد مهربان". پایان نامه کارشناسی ارشد، رشته ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا همدان.
- ۲- مقدس‌زاده س. ۱۳۸۲. "بررسی پتانسیل ژنتیکی یک گله گاو هلشتاین با استفاده از رکوردهای روزآزمون و مدل رگرسیون تصادفی". پایان نامه کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان
- ۳- وطن‌خواه م. ادریس م. ع. (۱۳۷۹) "برآورد عملکرد و بررسی تأثیر برخی از عوامل محیطی بر صفات تولیدمثلی در گوسفندان نژاد بختیاری". علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی، جلد چهارم، شماره اول.
- 4- Albuquerque, L. G. and Meyer, K. (2001) "Estimates of covariance function for growth to 630 days of age in Nelore cattle". J. Anim. Sci. 79:277-275.
- 5- Fischer, T. M., VanderWerf, J. H. J., Banks, R. G. and Ball, A. J. (2004) "Description of lamb growth using random regression on field data". J. Liv. Prod. Sci. 89:175-185.
- 6- Hanford, K. J., Van Vleck, L. D. and Snowden, G. D. (2002) "Estimation of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Columbia sheep". J. Anim. Sci. 80:3086-3098.
- 7- Huisman, A. E., Veerkamp, R. F. and Van arendonk, J. A. M. (2002) "Genetic parameters for various random regression models to describe the weight data of pigo". J. Anim. Sci. 80:575-582.
- 8- Meyer, K. (2001) "Estimating genetic covariance functions Assuming a parametric correlation structure for environmental effects". Genet. Select. Evol. 33:557-585.
- 9- Schaeffer, L. R. (2004) "Application of Random regression models in animal breeding. Livest". Prod. Sci. 86:35-45.
- 10- Vanimisetti, H. B., Notter, D. R. and Kuehn, L. A. (2012) "Genetic (co)variance components for ewe productivity traits in katahdin sheep". J. Anim. Sci. 85:60-68.
- 11- Vargas, B., E, perez., and J.A.M, Van Arendonk. 1998. Analysis of test day yields data of Costa Rican dairy cattle. J. Dairy Sci., 81: 255-263 .

Estimation of variance components for total and average weight of lambs weaned per lambing traits in Moghani sheep using repeatability and random regression models

Abstract

In this study the data of 46891 Moghani sheep were used to estimate variance components for some of composite reproduction traits. The data were collected from 31 flocks in 16 years (1994-2009) at Moghani sheep rearing and breeding state of Ardabil province. The evaluated traits were 1- total weight of lambs weaned per lambing 2- the average weight of lambs weaned per lambing. Variance components were estimated by two model types including repeatability and random regression models using Wombat software. Heritability estimates for total weight of

lambs weaned per lambing and average weight of lambs weaned per lambing with the reproducibility of the model were 0.013 ± 0.013 and 0.035 ± 0.014 , respectively. Heritability estimates using random regression models for total weight of lambs weaned per lambing and the average weight of lambs weaned per lambing were in the ranges of 0.0008 to 0.043 and 0.023 to 0.06, respectively. Estimation of variance components for the evaluated traits using repeatability models showed that all reproduction traits have low heritabilities, so direct selection for these traits could not be recommended. The highest heritability estimates using random regression models for total weight of lambs weaned per lambing and average weight of lambs weaned per lambing were at 48 and 60 months of age, respectively.

Keywords: Moghani sheep-Reproductive traits-Reproducibility Model-Random Regression Model

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات بازده بیولوژیکی گوسفند مغانی

یاسر آصفی^{*}، امیر رشیدی، محمد رزم کبیر و ابراهیم میرزا محمدی

گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان

^{*} نویسنده مسئول Email: asefiyaser65@gmail.com

چکیده

به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مربوط به بازده بیولوژیکی گوسفند مغانی از ۱۵۶۳ رکورد که توسط ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند جعفرآباد مغان طی سالهای ۱۳۷۵ تا ۱۳۸۸ جمع‌آوری شده بود استفاده شد. صفات مورد مطالعه شامل مجموع وزن تولد، گرم بره متولد شده به ازای هر کیلوگرم وزن میش و گرم بره متولد شده به ازای کیلوگرم وزن متابولیکی میش بود. اثر جنس بره‌ها با استفاده از روش مضربی تصحیح شدند و اثر سایر عوامل محیطی معنی‌دار، در مدل قرار گرفت. اثر سال زایش و سن میش بر تمام صفات (بجز اثر سن میش بر گرم بره متولد شده به ازای کیلوگرم وزن میش) معنی‌دار بود ($P < 0.01$). پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش REML در قالب چهار مدل مختلف تحت آنالیز تک صفتی نرم افزار ASreml برآورد شدند. جهت تعیین مدل مناسب از معیار AIC استفاده شد. مدل مناسب برای تمام صفات شامل اثر ژنتیک افزایشی و محیط مادری بود. وراثت پذیری مستقیم مجموع وزن تولد، گرم بره متولد شده به ازای کیلوگرم وزن میش و گرم بره متولد شده به ازای کیلوگرم وزن متابولیکی میش به ترتیب 0.07 ± 0.01 ، 0.02 ± 0.01 و 0.02 ± 0.01 برآورد شد. همچنین تکرار پذیری این صفات به ترتیب 0.22 ± 0.08 ، 0.24 ± 0.08 و 0.22 ± 0.08 برآورد شد.

واژگان کلیدی: گوسفند مغانی - مجموع وزن تولد - تولید مثل و تکرار پذیری.

مقدمه

علاوه بر صفات رشد صفات تولید مثل ترکیبی علی‌رغم وراثت پذیری پائین معیار مناسبی برای راندمان تولید گوشت می‌باشند زیرا تکرار پذیری این صفات در حد متوسط به بالا می‌باشد، بنابراین از طریق انتخاب مادران ممتاز پس از اولین زایش، در کنار بهبود عوامل محیطی می‌توان بازده تولید گوشت را در گله افزایش داد (۸). علاوه بر این گرم بره متولد شده به ازای کیلوگرم وزن میش و کیلوگرم وزن متابولیکی میش معیارهایی هستند که راندمان تولید گوشت مادران را نسبت به خوراک مصرفی مد نظر قرار می‌دهد که این مسئله در ایران که نسبت به تعداد دام‌های موجود علوفه در دسترس کم می‌باشد و اغلب مراتع تحت فشار قرار دارند بسیار حائز اهمیت می‌باشد (۱۰). لذا ضرورت دارد پارامترهای ژنتیکی این صفات برآورد گردد تا جهت تدوین برنامه‌های اصلاح نژاد، پیش بینی ارزش‌های اصلاحی حیوانات و ... از آن استفاده شود. از اینرو هدف از این پژوهش برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات مربوط به بازده بیولوژیکی گوسفند مغانی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش به منظور تعیین برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی مربوط به صفات بازده بیولوژیکی گوسفند مغانی از تعداد ۱۵۶۳ رکورد که توسط ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند جعفرآباد مغان طی سالهای ۱۳۷۵ تا ۱۳۸۸ جمع‌آوری شده بود استفاده

شد. جهت محاسبه مجموع وزن تولد وزن همزادها جمع شد. همچنین گرم وزن متولد شده به ازای کیلوگرم وزن میش و وزن متابولیکی میش به ترتیب از طریق تقسیم مجموع وزن تولد بر وزن مادر و وزن متابولیکی مادر در زمان زایش ضربدر ۱۰۰۰ بدست آمد. جهت ویرایش و تنظیم داده‌ها از نرم افزار ویزوال فاکس پرو ۹ استفاده شد. همچنین تجزیه و تحلیل آماری اثرات عوامل محیطی مؤثر بر صفات تولیدی با استفاده از نرم افزار SAS 9.1 و آماده سازی فایل شجره نیز با نرم افزار CFC 1.0 انجام شد. جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مورد مطالعه با استفاده از مدل دام، از ۴ مدل، زیر استفاده شد.

$$y = Xb + Z_a a + e \quad \text{مدل ۱}$$

$$y = Xb + Z_a a + Wpe + e \quad \text{مدل ۲}$$

$$y = Xb + Z_a a + Z_s s + e \quad \text{مدل ۳}$$

$$y = Xb + Z_a a + Wpe + Z_s s + e \quad \text{مدل ۴}$$

که در این مدل‌ها: y : بردار مشاهدات، b : بردار اثرات ثابت شامل سال زایش، سن زایش میش، گله و سن بره در زمان شیرگیری بر حسب روز (برای صفت مجموع وزن بره‌های شیرگیری شده از هر میش و صفت میانگین وزن شیرگیری بره‌ها)، a : بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، s : بردار اثر قوچ تلاقی‌کننده، e : بردار اثرات باقیمانده، Pe : بردار اثر محیط دایمی میش، X ، Z_a ، Z_s و Wpe : ماتریس‌های طرح هستند، که رکوردها را به ترتیب به عوامل ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی، اثرات قوچ تلاقی‌کننده و اثرات محیط دایمی مربوط به میش مرتبط می‌کند. تجزیه و تحلیل داده‌ها با استفاده از مدل تک صفتی و دو صفتی نرم افزار ASReml 3 صورت گرفت. همچنین جهت تعیین مناسب ترین مدل از رابطه زیر استفاده شد. در این رابطه: AIC_i معیار آکایک، $\log Li$ نسبت لگاریتم در ستمائی و P_i تعداد پارامترهای موجود در مدل است. در نهایت مدلی که کمترین مقدار آکائیکه را داشت به عنوان مناسب ترین مدل در نظر گرفته شد.

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

نتایج و بحث

نتایج مربوط به برآورد اثرات محیطی مؤثر بر صفات مجموع وزن تولد، گرم وزن تولد به ازای کیلوگرم وزن میش و وزن متابولیکی میش در جدول ۱ نشان داده شده است. اثر سن بر وزن تولد و گرم وزن تولد به ازای کیلوگرم وزن میش و وزن متابولیکی میش معنی‌دار بود ($P < 0.01$)، اما بر گرم وزن تولد به ازای کیلوگرم وزن میش معنی‌دار نبود ($P > 0.05$). علت این مسئله را می‌توان به افزایش قابلیت مادری و توسعه محیط رحم میش با افزایش سن نسبت داد. همچنین اثر سال بر تمام صفات معنی‌دار بود که با توجه به تغییرات جوی، تفاوت در میزان نزولات طی سال‌های مختلف این نتایج دور از انتظار نمی‌باشد. این نتایج در محدوده گزارش‌های سایر پژوهشگران (۵ و ۹) می‌باشد.

جدول ۱- نتایج مربوط به اثر عوامل محیطی بر صفات بازده بیولوژیکی گوسفند مغانی

اثرات ثابت		وزن تولد بره	گرم وزن تولد به ازای کیلوگرم	گرم مجموع وزن تولد به ازای
			مجموع وزن میش	کیلوگرم وزن متابولیکی میش

اثر سال تولد	**	**	**
اثر سن مادر	**	ns	**
۲	$b_{5/0.6 \pm 0.04}$	$a_{94/28 \pm 0.87}$	$b_{254/65 \pm 2.24}$
۳	$b_{5/15 \pm 0.27}$	$a_{87/40 \pm 1.14}$	$b_{241/78 \pm 1.57}$
۴	$a_{6/33 \pm 0.17}$	$a_{96/94 \pm 2.28}$	$a_{275/52 \pm 3.25}$
میانگین کل	$5/25 \pm 0.27$	$96/23 \pm 4.15$	$260/90 \pm 47.92$

** معنی دار در سطح ۰/۰۱ ns غیر معنی دار

نتایج مربوط به پارامترهای ژنتیکی با مناسبترین مدل در جدول ۲ نشان داده شده است. آزمون آکائیکه نشان داد اثر قوچ تلاقی کننده بر این صفات معنی دار نمی باشد و مدل مناسب برای آنالیز این صفات شامل اثر ژنتیک مستقیم و محیط دائمی میش می باشد.

جدول ۲- پارامترهای ژنتیکی صفات بازده بیولوژیکی گوسفند مغانی

صفات *	مدل	پارامتر**			
		$S.E \pm h_a^2$	$S.E \pm p^2$	$S.E \pm r^2$	σ_p^2
TLWBEE	۲	0.07 ± 0.02	0.15 ± 0.03	0.22 ± 0.08	۱/۷۰
TLWBEE(g)/EBWT(kg)	۲	0.01 ± 0.001	0.23 ± 0.09	0.024 ± 0.01	۵۹۱/۳۵
TLWBEE(g)/(EBWT) 0.75	۲	0.02 ± 0.02	0.21 ± 0.02	0.22 ± 0.07	۸۹۵/۴۹

*: TLWBEE = مجموع وزن تولد، TLWBEE(g)/EBWT(kg) = گرم مجموع وزن تولد به ازای کیلوگرم وزن

میش، $TLWBEE(g)/(EBWT)^{0.75}$ = گرم مجموع وزن تولد به ازای کیلوگرم وزن متابولیکی میش.

** : h_a^2 = وراثت پذیری مستقیم، p^2 = محیط دائمی مادری، σ_p^2 = واریانس فنوتیپی، r^2 = ضریب تکرار پذیری.

وراثت پذیری مستقیم میش برای هر سه صفت در محدوده کم و مطابق با گزارش های سایر پژوهشگران (۶ و ۷) بود، و اثر محیط دائم میش نقش زیادی بر این صفات دارد. نتایج عمده پژوهشگران نشان داده است که معمولاً صفات تولید مثلی دارای توارث پذیری نسبتاً کمی می باشند و عملکرد دام برای این صفات بیشتر تحت تأثیر عوامل محیطی نظیر محیط دائمی مادری، وضعیت آب و هوا، مدیریت تغذیه، تولید مثل و... قرار دارد. ضریب تکرارپذیری مجموع وزن تولد، گرم مجموع وزن تولد به ازای کیلوگرم مجموع وزن میش و گرم مجموع وزن تولد به ازای کیلوگرم وزن متابولیکی میش به ترتیب ۰/۲۲، ۰/۲۴ و ۰/۲۲ برآورد شد. اگرچه وراثت پذیری این صفات کم برآورد شده است اما تکرار پذیری این صفات نشان می دهد میش های ممتاز هم دارای پتانسیل ژنتیکی بهتری هستند هم قابلیت مادری بالایی دارند. بنابراین می توان میش های با عملکرد مناسب تر را برای دوره های بعدی انتخاب کرد. این نتایج در راستای گزارش های سایر پژوهشگران می باشد.

منابع

۱. باقری، م.، م. مرادی شهر بابک و ر. واعظ ترشیزی. ۱۳۸۷. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت تولیدمثل ترکیبی با استفاده از مدل رکوردهای تکرار شده در گوسفند بلوچی. مجموعه مقالات سومین کنگره علوم دامی کشور، دانشگاه فردوسی مشهد.
۲. غلامحسینی، ک.، ر. واعظ ترشیزی و م. وطن خواه. ۱۳۸۵. برآورد مولفه های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی کل وزن شیرگیری بره های هر میش تحت آمیزش در نژاد لری بختیاری. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۳۷، شماره ۱: ۸۲-۷۳.
۳. مختاری، م.، ا. رشیدی، م. وطن خواه و ی. محمدی. ۱۳۸۷. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدمثل ترکیبی در گوسفند کرمانی. مجموعه مقالات سومین کنگره علوم دامی کشور، دانشگاه فردوسی مشهد.
4. Gilmour, A.R., Gogel, B.J., Cullis, B.R., Thompson, R., (2009). ASReml User Guide Release 4.0 VSN International Ltd, Hempstead, HP1 1ES, UK.
5. Mokhtari, M. S., A. Rashidi and A. K. Esmailzadeh. 2010. Estimates of phenotypic and genetic parameters for reproductive traits in Kermani sheep. Small Ruminant Research. 88: 27-31.
6. Rashidi, A., S. C. Bishop and O. Matika. 2011. Genetic parameter estimation for pre weaning performance and reproduction traits in Markhoz goats. Small Ruminant Research. 100: 100-106.
7. Rosati, A., E. Mousa, L. D. Van Vleck and L. D. Young. 2002. Genetic parameters of reproductive traits in sheep. Small Ruminant Research. 43: 65-74.
8. Safari. E., N.M. Fogarty and A.R. Gilmour. 2005. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. Livestock Production Science 92: 271-289.
9. Vatankhah, M., M. A. Talebi and M. A. Edriss. 2008. Estimation of genetic parameters for reproductive traits in Lori-Bakhtiari sheep. Small Ruminant Research. 74: 216-220.
10. Vatankhah, M and S. A. Salehi. 2010. Genetic and non-genetic factors affecting Lori-Bakhtiari ewe body Weight and its relationship with productivity. Small Ruminant Research 94: 98-102.

Estimate of genetic parameters for Biological efficiency traits in Moghani sheep
Yaser Asefi*, Amir Rashidi, Mohamad Razm Kabir and Ebrahim Mirza Mohamadi
Department of animal science, college of agriculture, university of kurdistan

* Corresponding E-mail address: asefiyaser65@gmail.com

Abstract

To estimate the genetic parameters for Biological efficiency traits in moghani sheep 1563 records were used which collected in Jafarabad Moghani sheep breeding station. Studied traits were inclusive total birth weight, total litter weight (kg) at birth per ewe exposed (TLWBEE (kg)), total litter weight (g) at birth per kg body weight of ewe exposed (TLWBEE (g)/EBWT (kg)), total litter weight (g) at birth per kg metabolic body weight of ewe exposed (TLWBEE (g)/(EBWT) 0.75). Corrected effect of sex from multiple adjustments and other significant effect added in model. Year of birth and age of ewe were significant on all traits (except age of ewe on TLWBEE (g)/EBWT). Genetic parameters were estimated using REML method with different model under univariate analyses in Asreml software. The most appropriate model for each trait was determinate based on AIC criteria. The suitable model for all traits included effects of direct additive genetic, permanent environmental of ewe. Direct heritability for TLWBEE, TLWBEE (g)/EBWT (kg) and TLWBEE (g)/(EBWT) 0.75 were 0.07 ± 0.01 , 0.02 ± 0.01 and 0.02 ± 0.01 respectively. Also the repeatability for these trait were 0.22 ± 0.08 , 0.24 ± 0.08 and 0.22 ± 0.08 respectively.

Keywords: Moghani sheep- total birth weight- repeatability- reproduction

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات قبل از شیرگیری در گوسفند مغانی

یاسر آصفی^{*}، امیر رشیدی، محمد رزم کبیر و ابراهیم میرزا محمدی

گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان

^{*} نویسنده مسئول Email: asefiyaser65@gmail.com

چکیده

در این پژوهش برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات قبل از شیرگیری از داده‌های گوسفند مغانی که طی سالهای ۱۳۶۷ تا ۱۳۸۸ توسط ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند مغانی جمع‌آوری شده بود استفاده شد. بدین منظور به ترتیب از ۵۷۹۳، ۵۷۹۳ و ۵۷۹۳ رکورد مربوط به وزن تولد، وزن شیرگیری، افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری و نسبت کلیبر استفاده شد. پارامترهای ژنتیکی با ۱۲ مدل مختلف در قالب مدل حیوانی با روش REML و با استفاده از نرم افزار Wombat برآورد شدند. جهت تعیین مدل مناسب برای هر صفت از آزمون AIC استفاده شد. مدل مناسب برای آنالیز وزن تولد، شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی مادری، ژنتیکی افزایشی مادری و محیط مشترک بود. برای وزن شیرگیری و افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری مدل مناسب شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیک افزایشی مادری، همبستگی بین ژنتیک افزایشی مستقیم و مادری و محیط مشترک بود. همچنین مدل مناسب برای آنالیز نسبت کلیبر شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، همبستگی بین ژنتیک افزایشی مستقیم و مادری، محیطی دائمی مادری و محیط مشترک بود. ضریب وراثت پذیری مستقیم برای صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، افزایش وزن روزانه و نسبت کلیبر به ترتیب 0.09 ± 0.02 ، 0.19 ± 0.04 ، 0.23 ± 0.05 و 0.27 ± 0.05 برآورد شد. همچنین وراثت پذیری مادری برای صفات مورد مطالعه به ترتیب 0.09 ± 0.02 ، 0.11 ± 0.02 ، 0.10 ± 0.02 و 0.05 ± 0.02 بود.

واژگان کلیدی: گوسفند مغانی - صفات قبل شیرگیری - وراثت‌پذیری.

مقدمه

تولید گوشت یکی از مهمترین پارامترهای تعیین کننده سود اقتصادی در پرورش گوسفند در ایران است. جهت دستیابی به حداکثر راندمان تولید گوشت، صفات رشد (وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی، یکسالگی و افزایش وزن روزانه) به عنوان معیار انتخاب پیشنهاد شده اند (۵). ولی غالباً نسبت کلیبر به عنوان یک معیار غیرمستقیم بر بهبود بازده غذایی و سرعت رشد در انتخاب قوچ مورد توجه قرار گرفته است (۱). اگر چه در برخی منابع گوسفند نژاد مغانی را دو منظوره عنوان کرده‌اند، اما با توجه به اینکه این نژاد قابلیت مناسبی برای تولید بره‌های سنگین دارد، یک نژاد گوشتی محسوب شده و هدف اصلی از پرورش این نژاد تولید گوشت است. لذا برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصادی جهت طراحی برنامه‌های اصلاح نژاد، پیش‌بینی ارزش اصلاحی افراد، پاسخ به انتخاب و بهبود راندمان اقتصادی ضرورت دارد. هدف از این تحقیق برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات قبل از شیرگیری در بره‌های گوسفند مغانی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش به ترتیب ۶۶۰۷، ۵۷۹۳، ۵۷۹۳ و ۵۷۹۳ رکورد مربوط به وزن تولد، وزن شیرگیری، افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری و نسبت کلیبر که طی سالهای ۱۳۶۷ تا ۱۳۸۸ توسط ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند جعفرآباد مغان جمع آوری شده بود استفاده شد. ویرایش و تنظیم داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار Microsoft Visual FoxPro 9.0 انجام شد. مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورد مطالعه با روش REML و با استفاده از نرم افزار Wombat برآورد شدند. مدل‌های حیوانی مورد استفاده در آنالیز صفات به شرح زیر بود.

$y = Xb + Z_a a + e$	مدل ۱
$y = Xb + Z_a a + Z_c c + e$	مدل ۲
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$	مدل ۳
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$	مدل ۴
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$	مدل ۵
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$	مدل ۶
$y = Xb + Z_a a + Z_l l + e$	مدل ۷
$y = Xb + Z_a a + Z_c c + Z_l l + e$	مدل ۸
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e$	مدل ۹
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e$	مدل ۱۰
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_l l + e$	مدل ۱۱
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_l l + e$	مدل ۱۲

در این مدل ها: y بردار مشاهدات، b بردار اثرات عوامل ثابت، a بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، m بردار اثرات ژنتیکی افزایش مادری، c بردار اثرات محیطی دائمی مادری، l بردار اثرات محیط مشترک، e بردار اثرات باقیمانده و A ماتریس رابطه خویشاوندی است. X ، Z_a ، Z_c ، Z_m و Z_l ماتریس‌های طرح هستند، که ارتباط اثرات ثابت، ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات محیطی دائمی مادری، اثرات ژنتیکی افزایشی مادری و اثرات محیط مشترک را با بردار مشاهدات برقرار می کنند. همچنین σ_{am} کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی افزایشی مادری را نشان می دهد.

جهت تعیین مناسب ترین مدل از رابطه زیر استفاده شد. در این رابطه: AIC_i معیار آکایک، $\log L_i$ نسبت لگاریتم درستنمایی، P_i تعداد پامترهای موجود در مدل است. در نهایت مدلی که کمترین مقدار AIC را داشت به عنوان مناسب ترین مدل در نظر گرفته شد (۳).

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

نتایج و بحث

نتایج مربوط به آزمون معیار آکایک (AIC) برای تعیین مدل مناسب جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی در جدول ۱ نشان داده شده است. مدل مناسب برای آنالیز وزن تولد، شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی مادری، ژنتیکی افزایشی مادری و محیط مشترک بود (مدل ۱۱). برای وزن شیرگیری و افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری مدل مناسب شامل اثرات ژنتیکی

افزایشی مستقیم، ژنتیک افزایشی مادری، همبستگی بین ژنتیک افزایشی مستقیم و مادری و محیط مشترک بود (مدل ۱۰). همچنین مدل مناسب برای آنالیز نسبت کلیبر شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، همبستگی بین ژنتیک افزایشی مستقیم و مادری، محیطی دائمی مادری و محیط مشترک بود (مدل ۱۲).

پارامترهای ژنتیکی برآورد شده با مناسبترین مدل برای صفات وزن تولد (۱۱)، وزن شیرگیری، افزایش وزن روزانه (۱۰) و نسبت کلیبر (۱۲) در جدول ۱ ارائه شده است، ضریب وراثت پذیرگی مستقیم برای صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، افزایش وزن روزانه و نسبت کلیبر به ترتیب 0.09 ± 0.02 ، 0.19 ± 0.04 ، 0.23 ± 0.05 و 0.27 ± 0.05 برآورد شد. نتایج نشان داد، ضریب وراثت پذیرگی با افزایش سن از تولد تا شیرگیری افزایش یافته است، که یکی از دلایل آن کاهش اثرات ژنتیکی مادری و سایر عوامل محیطی با افزایش سن می باشد، نتایج حاصل با نتایج گزارش شده توسط سایر محققین مطابقت دارد (۴).

نتایج حاصل از این پژوهش نشان داد اثرات محیط مشترک بر صفات مورد بررسی معنی دار است. احتمالاً مهمترین دلیل آن بالا بودن میزان دوقلو زایی در این نژاد است. نتایج حاصل با نتایج گزارش شده برای بز مرخز مطابقت دارد (۷). همبستگی بین اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی مادری برای صفات وزن شیرگیری، افزایش وزن روزانه و نسبت کلیبر منفی بود، که با نتایج گزارش شده توسط محققین دیگر مطابقت دارد (۷).

جدول ۱: معیار آکایک* برای تعیین مدل مناسب

مدل	وزن تولد	وزن شیرگیری	افزایش وزن روزانه	نسبت کلیبر
۱	۳۴۵/۸۱	۴۳/۱۸	۳۷/۹۱	۷۹
۲	۲۰۵/۱۴	۳۲/۱۴	۲۸/۸۴	۵۹/۰۶
۳	۲۰۶/۵۶	۲۷/۷۴	۲۷/۵۳	۷۶/۷۱
۴	۲۰۸/۰۲	۱۲/۹	۱۲/۰۲	۶۸/۰۳
۵	۱۸۹/۶۲	۲۹/۱۳	۲۸/۰۳	۶۱/۰۷
۶	۱۹۱/۳	۱۳/۷۸	۱۱/۵۱	۴۷/۰۹
۷	۷۷/۵۱	۲۳/۱۳	۲۰/۳۹	۱۴/۵۴
۸	۱۸/۷۱	۱۹/۶۹	۱۷/۸۵	۱۱/۸
۹	۲/۰۸	۱۴/۵۲	۱۵/۲	۱۶/۴۵
۱۰	۳/۴	۰	۰	۶/۵۵
۱۱	۰	۱۶/۵۲	۱۶/۹۸	۱۳/۸
۱۲	۱/۳۸	۱/۸۹	۱/۲۹	۰

*: تمام اعداد هر ستون در جدول ۱ از کمترین عدد (مناسب ترین مدل) کسر شده است.

جدول ۲- پارامترهای ژنتیکی برآورد شده با مناسب‌ترین مدل

نسبت کلیبر	افزایش وزن روزانه	وزن شیر گیری	وزن تولد	پارامتر*
۱۲	۱۰	۱۰	۱۱	مدل
0.27 ± 0.05	0.23 ± 0.05	0.19 ± 0.04	0.09 ± 0.02	$h_a^2 \pm S.E$
0.05 ± 0.02	0.10 ± 0.02	0.11 ± 0.02	0.09 ± 0.02	$h_m^2 \pm S.E$
0.04 ± 0.01	-	-	0.04 ± 0.02	$pe^2 \pm S.E$
0.21 ± 0.03	0.12 ± 0.03	0.12 ± 0.03	0.33 ± 0.02	$l^2 \pm S.E$
-0.89 ± 0.09	-0.80 ± 0.07	-0.75 ± 0.08	-	$r_{a,m} \pm S.E$
0.11 ± 0.11	$1678/96 \pm 34/20$	$14/7 \pm 0.29$	0.37 ± 0.01	σ_p^2

h_a^2 = وراثت پذیری مستقیم، h_m^2 = وراثت پذیری مادری، pe^2 = نسبت واریانس محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی، l^2 = نسبت واریانس محیط مشترک به واریانس فنوتیپی، $r_{a,m}$ = همبستگی بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری و σ_p^2 = واریانس فنوتیپی

منابع

۱. اسدی‌خشویی، ا.، س. ر. میزائی‌آشتیانی و آ. ترکمن‌زهی. ۱۳۷۸. ارزیابی نسبت‌کلیبر (Kleiber-Ratio) به عنوان یکی از معیارهای انتخاب قوچ در گوسفند نژاد لری‌بختیاری. مجله علوم کشاورزی ایران. ۳۰(۴): ۶۵۵-۶۴۹.
۲. درستکار، م.، س. ع. رافت، ج. شجاع و ن. پیرانی. ۱۳۸۸. بررسی روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد در بره های مغانی. مجله پژوهش های علوم دامی. ۴(۲۰): ۲۶-۱۵.
۳. مختاری، م.، س. ا. رشیدی، ع. اسماعیل‌زاده کشکویی و ج. فیاضی. ۱۳۸۹. برآورد پارامترهای ژنتیکی مجموع وزن بره های شیرگیری شده در میش مغانی. چهارمین کنگره علوم دامی ایران، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی تهران (کرج). ۳۴۴۵-۳۴۴۹.
۴. وطن‌خواه، م.، م. شهربابک، ا. نجاتی‌جوارمی، س. ر. میزائی‌آشتیانی و ر. واعظ‌ترشیزی. ۱۳۸۴. بررسی پارامترهای صفات رشد برای برخی از نژادهای گوسفند ایرانی. پژوهش و سازندگی امور دام و آبزیان. ۶۹: ۲۸-۱۹.
5. Hossein-Zadeh, N. G and M. Ardalan. 2010. Comparison of different models for the estimation of genetic parameters of body weight traits in Moghani sheep. Agricultural and Food Science. 19: 207-213.
6. Rashidi, A., M.S. Mokhtari, A. Safi Jahanshahi and M.R. Mohammad Abadi. 2008. Genetic parameter estimates of pre-weaning growth traits in Kermani sheep. Small Ruminant Research. 74: 165-171.
7. Rashidi, A., S.C. Bishop and O. Matika. 2011. Genetic parameter estimates for pre-weaning performance and reproduction traits in Markhoz goats. Small Ruminant Research. 100: 100- 106.

Genetic parameter estimates for pre-weaning traits in Moghani sheep

Yaser Asefi*, Amir Rashidi, Mohamad Razm Kabir and Ebrahim Mirza Mohamadi

Department of animal science, college of agriculture, university of kurdistan

* Corresponding E-mail address: asefiyaser65@gmail.com

Abstract

Genetic parameter for pre-weaning traits were estimated using data collected from 1988 to 2009 in Moghani Sheep Breeding Station. Number of observation for birth weight (BW), weaning weight (WW), average daily gain (ADG) and Kleiber ratio (KR) were 6607, 5793, 5793 and 5793, respectively. Genetic parameters were estimated using restricted maximum likelihood (REML) procedure under 12 different animal models by Wombat software. The most appropriate model for each trait was determined based on Akaike's Information Criterion (AIC). The appropriate model for BW was included direct additive genetic effects, maternal additive genetic effects, maternal permanent environmental effects and common litter effects. Also, the appropriate model for WW and ADG were including direct genetic effects, maternal additive genetic effects, covariance between direct and maternal additive genetic effects and common litter effects and the suitable model for KR was including direct genetic effects, maternal additive genetic effects, covariance between direct and maternal genetic effects, maternal permanent environmental effects and common litter effects. Estimated direct heritabilities for BW, WW, ADG and KR were 0.09 ± 0.02 , 0.19 ± 0.04 , 0.23 ± 0.05 and 0.27 ± 0.05 respectively. The estimation of maternal heritability for BW, WW, ADG and KR were 0.09 ± 0.02 , 0.11 ± 0.02 , 0.10 ± 0.02 and 0.05 ± 0.02 , respectively.

Keywords: Moghani sheep- pre-weaning traits- heritability.

مطالعه چند شکلی اگزون ده ژن گیرنده هورمون رشد (E10-GHR) و ارتباط آن‌ها با فراسنجه‌های خونی و صفات بیومتری

درگوسفند نژاد کرمانی با روش PCR-SSCP

اکبر اسدی^۱، حسین مرادی شهرابک^۲، محمد مرادی شهرابک^۲، پرویز عزیزی^۳ و سعید عباسی^۳

۱-عضو هیئت علمی دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهرابک، ۲و۳-استادیار، استاد و دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه تهران

Email:p.aziz@gmail.com

چکیده

گوسفند کرمانی یکی از نژادهای سازگار با شرایط آب و هوایی کویری و گرم و خشک است که هم از دید تولید پشم برای صنعت قالیبافی و هم تولید گوشت دارای اهمیت می‌باشد. این پژوهش با هدف بررسی چند شکلی اگزون ده ژن گیرنده هورمون رشد (E10-GHR) در نژاد کرمانی انجام گرفت. بدین منظور از ۱۸۰ رأس گوسفند موجود در ایستگاه بهنژادی شهرابک خونگیری و به آزمایشگاه بیو تکنولوژی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران منتقل شد. استخراج DNA به روش نمکی انجام شد. برای تکثیر اگزون ده ژن گیرنده هورمون رشد از یک جفت آغازگر اختصاصی استفاده شد. پس از تکثیر قطعه ژنی مورد نظر برای مشاهده الگوهای بانندی از روش چندشکلی فضایی تک رشته‌های DNA (SSCP) بر روی ژل پلی آکریل آمید و رنگ آمیزی نیترا ت نقره استفاده شد. در مجموع شش الگوی بانندی گوناگون با فراوانی های ۰/۱۲، ۰/۱۴، ۰/۰۵، ۰/۰۷، ۰/۳۹ و ۰/۲۳ برای اگزون ده این ژن دیده شد که بیانگر تنوع بسیار بالای این ژن هم از لحاظ فراوانی و هم از دید تعداد الگوهای دیده شده می‌باشد. بررسی‌های آماری نشان داد رابطه معنی‌داری بین الگوهای دیده و میزان کلسترول خون، قد دام، دور شکم وجود دارد ($p < 0.05$).

کلمات کلیدی: گیرنده هورمون رشد، گوسفند کرمانی، SSCP، صفات بیومتری، فراسنجه‌های خونی

مقدمه

گوسفند نژاد کرمانی که در استان کرمان و بخش‌های کوچکی از شرق استان فارس پراکنده است. از دید دسته‌بندی این نژاد در زمره‌ی گوسفندان با بدن سفید و جثه متوسط قرار می‌گیرد و برخی این نژاد را یکی از واریته‌های نژاد بلوچی می‌دانند ولی تفاوت‌های بین این دو نژاد وجود دارد. گوسفندان کرمانی نسبت به نژاد بلوچی ارتفاع بلندتر، وزن بیشتر، دنبه‌ی سنگین‌تر و پشم مرغوب‌تری دارند (۱). برای اینکه هورمون رشد بتواند برای رشد و در متابولیسم چربی شرکت کند نیاز به گیرنده‌های آن در سطح سلول‌های هدف می‌باشد (۷، ۱۲)، این گیرنده پروتئینی بوسیله ژنی که گیرنده هورمون رشد نام گرفته کد می‌شوند و از ۶۳۴ اسید آمینه ساخته شده است که وزن مولکولی آن ۷۱ کیلو دالتون است. این ژن دارای ده اگزون می‌باشد که بیشترین بخش کد کننده آن اگزون در شماره ده می‌باشد (۸) چندشکلی در ژن گیرنده هورمون رشد اولین بار جی و همکاران (۱۹۹۹) با استفاده از تکنیک SSCP یک جهش تک نوکلئوتیدی در ژن GHR را گزارش نمودند و مشخص کردند که در ناحیه ۵ یک جایگزینی نوکلئوتید A به G اتفاق افتاده است همچنین جابجایی مقاطع بازهای آلی C به T، A به G در اگزون ۱۰ قابل شناسایی است (۶). در پژوهشی بر روی ۸ نژاد گوسفند نشان داده شد که جایگزینی A به T در ناحیه تنظیمی ژن و ۱۱۸۲ جفت باز قبل از اولین کدون اگزون اول اتفاق افتاده است که توسط آنزیم محدودگر AluI قابل شناسایی است (۱۳). در گاوهای نر برانگوس که چربی پشت آنها در سن ۳۶۵ روزگی اندازه‌گیری شده بود دامهای با ژنوتیپ GG در اگزون A ۱ با ۶/۱٪ چربی بیشتری نسبت به ژنوتیپ‌های AA و AG داشتند (۵). در پژوهشی که روی سه گروه گاو گوشتی (۷۵ راس نلور، ۳۰ راس کانیشیم و ۲۷۵ راس آمیخته شامل ۳۰ راس آمیخته سمیتال- نلور و ۲۴۵ راس آنگوس- نلور نشان داده شد که جهش در ناحیه پروموتور ژن سبب

کاهش معنی داری بر روی وزن لاشه در هنگام کشتار با اثر متوسط جایگزینی ۱۱/۸۵۱ - کیلوگرم می شود (۳). همچنین جهش در ناحیه پروموتور ژن GHR/AluI گاوه های گوشتی نژاد زبو سبب اثر معنی داری بر روی وزن لاشه گرم می شود (۴). ارتباط معنی - داری بین چندشکلی در ناحیه پروموتور ژن با وزن لاشه و چربی داخل ماهیچه ای را در دام های آنگوس وجود دارد (۹). گاوه های گوشتی شاروله و آنگوس چندشکلی A/G در ایترون چهار با وزن بدن ($p < 0.01$) و بازدهی مصرف خوراک ($p < 0.05$) رابطه معنی داری داشت همچنین چندشکلی A/G دیگری در پروموتور این ژن اثری مشابه با آن اما با سطح معنی داری کمتر داشت ($p < 0.05$) (۱۴). اثر معنی داری بین چندشکلی در ناحیه پروموتور ژن در دام های گوشتی شاروله، آبردین آنگوس و لیموزین بر روی وزن بدن را نشان داده شده است همچنین در پژوهشی دیگر که بر روی گاوه های سیاه و سفید لهستان اثر چندشکلی بر روی وزن لاشه گرم، درصد بازده لاشه و کل چربی لاشه را معنی دار گزارش کردند (۱۰).

مواد و روش ها

در این مطالعه از ۱۸۰ رأس گوسفند نژاد کرمانی موجود در ایستگاه اصلاح نژاد شهر بابک در اسفند ماه سال ۱۳۸۹ خونگیری و بیومتری شد ککه صفتهای اندازه گیری شده در برگیرنده طول و قد دام، دور گردن، دور سینه، دور شکم، دور ران، دور دنبه در سه بخش بالا و میان و پایین دنبه، طول دنبه و عرض دنبه در سه بخش بالا، میان و پایین بود. همچنین از هر دام یک نمونه خون نیز برای جداسازی پلاسما و اندازه گیری فراسنجه های خونی گرفته شد. جداسازی DNA به روش بهینه یافته نمکی انجام شد (۱۱). برای تعیین خلوص DNA با روش اسپکتوفوتومتری از نسبت جذبی ۲۶۰/۲۸۰ نانومتر استفاده شد. برای تکثیر اگزون ده ژن گیرنده هورمون رشد از دو آغازگر اختصاصی به توالی های زیر که توسط باستوس و همکاران (۲۰۰۱) معرفی شدند، استفاده شد (۲) که توالی آغازگرها بدین گونه بود.

F: 5'-TTGGCCTCAACTGGACTCTAC3'

R: 5'-CCACTGGGTCTCATTAGTT-3'

تکثیر این قطعه که ۱۵۵ جفت بازی با کمک واکنش زنجیره ای پلیمرز در حجم ۲۵ میکرولیتر و با ۳۵ چرخه بدین گونه انجام گرفت که: پنج دقیقه دمای واسرشته سازی آغازین با 95°C سپس ۳۵ چرخه شامل ۳۰ ثانیه واسرشته سازی با دمای 95°C ، ۳۰ ثانیه با دمای 56°C برای اتصال آغازگرها و ۳۰ ثانیه با دمای 72°C برای گسترش و در پایان نیز پنج دقیقه در دمای 72°C برای گسترش نهایی در نظر گرفته شد که مقدار و غلظت مواد برای انجام واکنش های زنجیره ای پلیمرز در جدول یک نشان داد شده است. پس از انجام واکنش PCR برای اطمینان درستی از عمل تکثیر، برای بررسی تفاوت بین دام های گوناگون از روش SSCP استفاده گردید. بدین گونه که ۲ تا ۴ میکرولیتر از فرآورده PCR را با ۲۳ میکرولیتر از محلول ویژه دای (Dye) (که از فرماید که خود یک ماده واسرشته ساز است ساخته شده است) مخلوط کرده و به مدت ۸-۱۰ دقیقه در دمای 95°C گرما داده تا همه پیوندهای هیدروژنی شکسته شود. و پس از آن نمونه ها را درون چاهک های ژل پلی اکریل آمید ریخته و به مدت ۱۷ ساعت در ولتاژ ۳۰۰ V قرار داده و برای دیدن الگوهای بانندی از رنگ آمیزی به روش نترات نقره استفاده شد.

جدول ۱. غلظت های مواد مورد استفاده برای انجام واکنش PCR

غلظت	مقدار مورد	غلظت استوک	نام ماده
نهایی	استفاده	اصلی	

MgCl ₂	50 mM/μL	1 μL	2 mM
PCR buffer	10X	2.5 μL	1 X
dNTPs	25 mM /μL	0.2 μL	0.2 mM
Primer (Forward)	50 pm/μL	0.25 μL	0.5 pm
Primer (Reverse)	50 pm/μL	0.25 μL	0.5 pm
Taq	5 unit/μL	0.2 μL	1 unit
DNA	100 ng/ μL	1.5 μL	150 ng/ μL
dH ₂ O	-	19.35 μL	-

به منظور بررسی آماری داده‌ها، صفت‌های اندازه‌گیری شده برای هر دام به عنوان متغیر وابسته و جنس، سن دام در زمان خونگیری و اثر حیوان به عنوان عامل تصادفی به عنوان متغیرهای مستقل وارد معادله مدل گردید. سپس با کمک نرم‌افزار SAS 9.1 از نرمال بودن داده‌ها اطمینان یافته و در صورتی که داده‌ها از توزیع نرمال برخوردار نبودند با کمک روش boxcox و رویه transreg در نرم‌افزار SAS 9.1 داده‌ها نرمال شدند. سپس با رویه MIX در نرم‌افزار SAS 9.1 داده‌ها تجزیه و تحلیل آماری گردید. مدل آماری بکار رفته برای ارزیابی داده‌ها بدین گونه بود:

$$Y_{ijkl} = \mu + P_i + S_j + A_k + \text{Animal}_l + e_{ijkl}$$

Y_{ijkl} : مقدار صفت برای هر دام

μ : میانگین جامعه

Animal_l : اثر حیوان

P_i : اثر i امین الگوی بانندی دیده شده برای این جایگاه از ژن هورمون

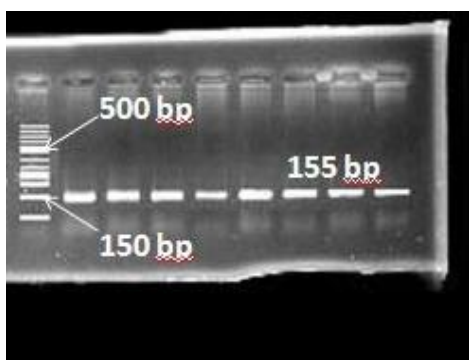
رشد

S_j : اثر j امین جنس

A_k : اثر k امین سن دام در هنگام خون‌گیری

e_{ijkl} : اثر دیگر عوامل تصادفی

نتایج:



پس از انجام واکنش PCR برای اطمینان از عمل تکثیر و درستی و میزان DNA تکثیر شده، فرآورده واکنش PCR را روی ژل آگارز ۲٪ الکتروفورز شدند که در نمایه روبرو دیده می‌شود.

نمایه ۱- فرآورده PCR بر روی ژل آگارز ۲٪

پس از رنگ آمیزی ژل پلی آکریل آمید و بررسی الگوهای بانندی مشاهده

شده رشدتئوع بسیار بالایی برای گیرنده‌ی هورمون رشد در گوسفندان نژاد کرمانی دیده شد و روی هم‌رفته شش الگوی بانندی گوناگون با فراوانی های ۰/۰۷، ۰/۰۵، ۰/۱۴، ۰/۱۲، ۰/۳۹ و ۰/۲۳ مشاهده شد. بررسی‌های آماری نشان داد بین الگوهای دیده شده برای اگرئون ۱۰ ژن گیرنده هورمون رشد و میزان کلسترول خون، قد دام، دور شکم معنی‌دار دیده شد ($p < 0.05$) که میانگین حداقل مربعات این صفت‌ها در جدول ۲- نشان داده شده است.

جدول ۲- الگوهای دیده شده برای اگزون ده ژن گیرنده هورمون رشد

صفت	شماره الگو	یک	دو	سه	چهار	پنج	شش
کلسترو	۴۳/۹۷ ^c ±۴/۳۵	۵۷/۸۶ ^a ±۴/۹۱	۴۷ ^{abc} ±۳/۷۲	۵۲/۵۳ ^{ab} ±۳/۸۶	۵۵/۳۴ ^{ab} ±۲/۹۲	۵۴/۵۷ ^{ab} ±۲/۹۷	
قد (نرمال)	۸۳۲ ^{ad} ±۰/۰۰۲	۸۳۸ ^{acd} ±۰/۰۰۱	۹/۸۴۷ ^a ±۰/۰۰۷	۸۴۲ ^{abc} ±۰/۰۰۲	۸۴۲ ^{abc} ±۰/۰۰۲	۸۴۴ ^{ab} ±۰/۰۰۱	
(	۹	۹	۹	۹	۹	۹	۹
دور شکم	۷۱/۲۸ ^{bc} ±۲/۰۱	۷۵/۹۲ ^{ab} ±۲/۲۷	۷۱/۱۱ ^c ±۱/۷۲	۷۳/۹۴ ^{abc} ±۱/۷۹	۷۳/۵۶ ^{bc} ±۱/۳۵	۷۶/۲۲ ^a ±۱/۳۸	



نمایه ۲- الگوهای باندی دیده ۱۰ ژن گیرنده هورمون رشد
شده برای اگزون

با توجه به نقش بسیار مهم هورمون رشد و در پی آن گیرنده این هورمون بر صفت‌های مهم تولیدی- اقتصادی و با در نظر گرفتن گوناگونی بسیار بالای این جایگاه از ژن گیرنده هورمون رشد در نژاد کرمانی و همچنین ارتباط معنی‌داری که بین این الگوها و برخی از صفات دیده شد و اینکه گوناگونی بسیار زیاد الگوهای دیده شده می‌تواند ناشی از چندشکلی‌های تک نوکلئوتیدی در این ژن باشد، بهتر است در پژوهشی نخست جهش‌های موجود در این نژاد و دیگر نژادهای بومی ایران شناسایی گردد و پس از آن به بررسی ارتباط چندشکلی‌های موجود با صفات تولیدی و عملکردی در گوسفند پرداخته شود و در صورت وجود ارتباط می‌توان از این ژن در گزینش دام‌های برتر بهره گرفت.

منابع:

- ۱) خالداری، م. ۱۳۸۱. اصول پرورش گوسفند و بز، انتشارات جهاد دانشگاهی، ۵۵ ص.
2. Bastos, E. Cravador, A. Azevedo, J. and Guedes-Pinto, H. 2001. Single strand conformation polymorphism (SSCP) detection in six genes in Portuguese indigenous sheep breed "Churra da Terra Quente". BIOTECHNOLOGIE AGRONOMIE SOCIETE ET ENVIRONNEMENT 5: 7-16.
3. Curi, R. de Oliveira, H. Silveira, A. and Lopes, C. 2005. Association between IGF-I, IGF-IR and GHRH gene polymorphisms and growth and carcass traits in beef cattle. Livestock Production Science 94: 159-167.
4. Curi, R. Palmieri, D. Sugisawa, L. Ferraz, A. De Oliveira, H. Furlan, L. Silveira, A. and Lopes, C. 2006. Effects of GHR gene polymorphisms on growth and carcass traits in Zebu and crossbred beef cattle. Livestock Science 101: 94-100.
5. Garrett, A.J. Rincon, G. Medrano, J.F. Elzo, M.A. Silver, G.A. and Thomas, M.G. 2008. Promoter region of the bovine growth hormone receptor gene: single nucleotide polymorphism discovery in cattle and association with performance in Brangus bulls. J Anim Sci 86: 3315-3323.

6. Ge, W, Davis, ME, Hines, HC, and Irvin, KM. 1999. Polymorphism in exon 10 of the bovine GHR gene detected by PCR-DGGE. *Anim Genet* 30: 167-168.
7. Ge, W. Davis, M.E., Hines, H.C. Irvin, K.M. and Simmen, R.C. 2003. Association of single nucleotide polymorphisms in the growth hormone and growth hormone receptor genes with blood serum insulin-like growth factor I concentration and growth traits in Angus cattle. *J Anim Sci* 81: 641-648.
8. Goffin, V. and Kelly, P.A. 1997. The prolactin/growth hormone receptor family: structure/function relationships. *J Mammary Gland Biol Neoplasia* 2 :17-7.
9. Hale, C.S. Herring, W.O. Shibuya, H. Lucy M.C. Lubahn, D.B., Keisler, D.H. and Johnson, GS. 2000. Decreased growth in angus steers with a short TG-microsatellite allele in the P1 promoter of the growth hormone receptor gene. *J Anim Sci* 78: 2099-2104.
10. Maj, A. Oprzadek, J. Dymnicki, E. and Zwierzchowski, L. 2006. Association of the polymorphism in the 5'-noncoding region of the bovine growth hormone receptor gene with meat production traits in Polish Black-and-White cattle. *Meat Sci* 72: 539-544.
11. Miller, S.A. Dykes, D.D. and Polesky, H.F. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Res* 16: 1215.
12. Moody, D.E. Pomp, D. and Barendse, W. 1995. Rapid communication: restriction fragment length polymorphism in amplification products of the bovine growth hormone-releasing hormone gene. *J Anim Sci* 73: 3789.
13. Pariset, L. Cappuccio, I. Ajmone-Marsan, P. Bruford, M. Dunner, S. Cortes, O. Erhardt, G. Prinzenberg, E.M. Gutscher, K. Joost, S. Pinto-Juma, G. Nijman, I.J. Lenstra J.A. Perez, T. and Valentini, A. 2006. Characterization of 37 breed-specific single-nucleotide polymorphisms in sheep. *J Hered* 97: 531-534.
14. Sherman, E.L. Nkrumah, J.D. Murdoch, B.M. Li, C. Wang, Z. Fu, A. and Moore, S.S. 2008. Polymorphisms and haplotypes in the bovine neuropeptide Y, growth hormone receptor, ghrelin, insulin-like growth factor 2, and uncoupling proteins 2 and 3 genes and their associations with measures of growth, performance, feed efficiency, and carcass merit in beef cattle. *J Anim Sci* 86: 1-16.

Study polymorphisms of exon 10 growth hormone receptor gene in Kermani sheep and their associations with biometric traits and blood parameters using PCR-SSCP

A. Asadi¹, H. Moradi shahrbabak², M. Moradi shahrbabak², P. Azizi³, S. Abbasi³

1- Department of veterinary medicine, shahrbabak Islamic Azad University, Shahrababak, Iran,
2and 3 Assistant Professor, Professor and M.Sc. Student, Department of Animal Science,
University College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran.

Email: p.aziz@gmail.com

Abstract

The research was conducted to study polymorphism in exon 10 Growth hormone receptor (GHR) gene and their associations with biometric traits and blood parameters in Kermani sheep. Kermani sheep were adopted in arid region and important in meat production and specially in production of quantitative wool for carpetmaking. GHR has ten exons and translated to the protein with 71 KD molecular weight. The blood samples were collected from 180 sheep Kermani breeding station in Shahr-e Babak, Iran. DNA extraction was performed by salting out method. The 155bp fragment was amplified by polymerase chain reaction (PCR) and genotyping samples carried out on polyacrylamide gel (12%, 300V, 17hours) or single strand conformation polymorphism method (SSCP) and staining with silver nitrate. We observed high diversity for this fragment in Kermani sheep, and results showed six band patterns SSCP for exon 10 of GHR which frequency for 1-6 patterns were 0.07, 0.05, 0.14, 0.12, 0.39 and 0.23 respectively. The statistical studies showed significant relationship between observed band patterns and levels of blood cholesterol, trap height, abdominal circumference ($p < 0.05$). As regards high diversity in exon 10 of GHR and roles of growth hormone in growth, metabolism and productive traits and traits, this gene will assist in the selection of superior animals.

Keywords: Growth hormone receptor- Kermani sheep- SSCP- Biometric trait- Blood parameters

مطالعه چند شکلی اگزون چهارژن هورمون رشد (E4-GH) و ارتباط آن با صفات بیومتری و فراسنجه‌های خونی درگوسفند

نژادکرمانی با روش PCR-SSCP

اکبر اسدی^۱، حسین مرادی شهربابک^۲، مصطفی صادقی^۲، پرویز عزیزی^۳ و سعید عباسی^۳

۱-عضو هیئت علمی دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهربابک، ۲و۳-استادیار و دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی

دانشگاه تهران

Email:p.aziz@gmail.com

چکیده

هورمون رشد، پلی پپتیدی تک زنجیره‌ای با وزن مولکولی ۲۲ کیلو دالتون است و از ۱۹۰ یا ۱۹۱ اسید آمینه تشکیل شده و دارای دو پل دی سولفیدی است که دارای دو گونه می‌باشد اولی شامل ۱۹۱ اسید آمینه با اسید آمینه انتهایی آلانین، دومی شامل ۱۹۰ اسید آمینه با اسید آمینه انتهایی فنیل آلانین. در این مطالعه از ۱۸۰ رأس گوسفند نر و ماده نژاد کرمانی موجود در ایستگاه اصلاح نژاد شهربابک با هدف بررسی چندشکلی اگزون چهارم ژن هورمون رشد خونگیری و بیومتری شد، استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته انجام شد. برای تعیین خلوص DNA با روش اسپکتروفتومتری از نسبت جذبی ۲۶۰/۲۸۰ نانومتر استفاده شد. تکثیر اگزون چهار ژن هورمون رشد با استفاده از واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) و با استفاده از دو پرایمر اختصاصی انجام شد. پس از تکثیر قطعه ژنی مورد نظر برای مشاهده الگوهای بانندی از روش چندشکلی فضایی تک رشته‌های DNA (SSCP) بر روی ژل پلی‌اکریل‌آمید و رنگ آمیزی نیترات نقره استفاده شد. در پایان سه الگوی بانندی مختلف با فراوانی های ۰/۲۵، ۰/۴۲ و ۰/۳۳ مشاهده شد. پس از بررسی‌های آماری بین الگوهای دیده شده و طول بدن رابطه معنی‌داری دیده شد ($p < 0.05$). همچنین رابطه الگوهای دیده شده با طول دنبه و دورپایین دنبه نزدیک به سطح معنی‌داری دیده شد ($p < 0.10$).

واژه‌های کلیدی: هورمون رشد، گوسفند کرمانی، چند شکلی، PCR-SSCP، صفات بیومتری، فراسنجه‌های خونی

مقدمه

هم اکنون سالانه حدود ۴۳۵/۹ هزار تن (۳۷/۵٪) از کل گوشت تولیدی در کشور توسط بیش از ۵۰ میلیون رأس گوسفند در قالب ۲۸ نژاد سازگار با شرایط اقلیمی، فرهنگی، اقتصادی و اجتماعی مناطق مختلف تولید می‌گردد (۱). این مقدار گوشت تولید شده پاسخ گوی نیاز رو به افزایش جمعیت کشور نبوده و افزایش بازدهی در تولید گوشت گوسفند از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. بهبود عملکرد صفات تولیدی در گله‌های گوسفند می‌تواند از طریق بهبود مدیریت، تغذیه و بهبود ژنتیکی حاصل گردد. با این وجود بهبود از طریق گزینش حیواناتی که از نظر ژنتیکی برتر هستند، به لحاظ تجمعی بودن بهترین راه برای افزایش بازدهی در تولید حیوانات می‌باشد (۷). گوسفند نژاد کرمانی از لحاظ دسته‌بندی در زمره‌ی گوسفندان با بدن سفید و جثه متوسط قرار می‌گیرد، برخی این نژاد را یکی از واریته‌های نژاد بلوچی می‌دانند ولی تفاوت‌های بین این دو نژاد وجود دارد. گوسفندان کرمانی نسبت به نژاد بلوچی ارتفاع بلندتر، وزن بیشتر، دنبه‌ی سنگین‌تر و پشم مرغوبتری دارند (۲،۳). هورمون رشد، پلی پپتیدی تک زنجیری با وزن مولکولی ۲۲ کیلو دالتون است و از ۱۹۰ یا ۱۹۱ اسید آمینه تشکیل شده و دو پل دی سولفیدی بین Cys35، که دارای دو واریانت است: اولی شامل ۱۹۱ اسید آمینه با اسید آمینه انتهایی آلانین، دومی شامل ۱۹۰ اسید آمینه با اسید آمینه انتهایی فنیل آلانین. این هورمون نقش زیادی در رشد پس از تولد و متابولیسم در پستانداران دارد و با نرخ رشد، تندرستی و تولید شیر همبستگی دارد و با بسیاری از ژن‌ها مانند فاکتور رشد شبه انسولین (IGF1) در تعامل می‌باشد (۶)، تنوع آلی در توالی‌های ساختاری یا تنظیمی ژن GH به دلیل اثر مستقیم یا غیر مستقیم آن بر صفات و عملکرد رشد بسیار مورد توجه است. بهترین

چندشکلی آلی شناخته شده، تغییر نوکلئوتیدی در کدون CTG (لوسین) به کدون GTG (والین) است که در اسید آمینه ۱۲۷ مولکول GH رخ می‌دهد و سبب تغییر خاصیت بیولوژیکی این هورمون می‌شود (۵، ۹). جهش تک نقطه‌ای در نوکلئوتید ۱۵۴۷ که به دلیل تبدیل C/T به وجود می‌آید، باعث ایجاد ناحیه شناسایی MspI در اینترون ۴ می‌شود. جابجایی متقاطع بازهای آلی C به G در نوکلئوتید شماره ۲۱۴۱ و A به C در نوکلئوتید ۲۲۹۰ اگرز ۵ به ترتیب توسط آنزیم‌های محدود کننده DdeI، AluI قابل شناسایی است. جهش در نوکلئوتید ۲۱۴۱ باعث تغییر اسید آمینه لوسین به والین در اسید آمینه ۱۲۷ هورمون رشد می‌شود (۱۰).

مواد و روش‌ها

در این مطالعه از ۱۸۰ رأس گوسفند نژاد کرمانی موجود در ایستگاه اصلاح نژاد شهر بابک در اسفند ماه سال ۱۳۸۹ خونگیری و اندازه بخش‌های گوناگون بدن دام شامل طول و قد دام، دور گردن، دور سینه، دور شکم، دور ران، دور دنبه در سه بخش بالا و میان و پایین دنبه، طول دنبه و عرض دنبه در سه بخش بالا، میان و پایین گرفته شد، گفتنی است که از هر دام دو نمونه خون یکی برای جداسازی ماده ژنتیکی و دیگری برای جداسازی پلاسما برای اندازه‌گیری میزان تری‌گلیسیرید و کلسترول خون، گرفته شده و به آزمایشگاه بیوتکنولوژی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران منتقل شد. استخراج DNA به روش بهینه یافته نمکی انجام شد (۸). برای تعیین خلوص DNA با روش اسپکتوفتومتری از نسبت جذبی ۲۶۰/۲۸۰ نانومتر استفاده شد. تکثیراگزون چهار ژن هورمون رشد به کمک تکنیک PCR و با استفاده از دو آغازگر پیشرو (F) و پیرو (R) معرفی شده توسط باستوس، جهت تکثیر قطعه ۲۱۴ بازی از هورمون رشد گوسفندی انجام شد که دارای توالی زیر بودند (۴).

F: 5'-CCACCAACCACCCATCTGCC-3'

R: 5'-GAAGGGACCCAAGAACGCC-3'

شرایط بهینه برای انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمرز با ۳۵ چرخه‌دین گونه بود، همچنین مقدار و غلظت مواد برای انجام واکنش در جدول ۱- آورده شده است.

جدول ۱. مقدار و غلظت مواد بکاررفته برای انجام واکنش PCR

غلظت	مقدار	غلظت استوک اصلی	نام ماده	
2 mM	1 µl	50 mM/µl	MgCl ₂	
1 X	2.5 µl	10X	PCR buffer	در ۹۵ درجه سانتیگراد به
0.2 mM	0.2 µl	25 mM /µl	dNTPs	مدت ۵ دقیقه
0.5 pm	0.25 µl	50 pm/µl	Primer (Forward)	درجه سانتیگراد برای ۳۰ ثانیه
0.5 pm	0.25 µl	50 pm/µl	Primer (Reverse)	ثانیه برای اتصال آغازگرها
1 unit	0.2 µl	5 unit/µl	Taq DNA Polymerase	مدت ۳۰ ثانیه برای انجام
-	1.5 µl	100-200ng/µl	DNA	درجه سانتیگراد به مدت ۵ دقیقه
-	19.35 µl	-	dH ₂ O	زنجیری پلیمر، به منظور اختصاصی قطعه ۲۱۴
-	-	-	-	هورمون رشد فرآورده‌های

PCR بر روی ژل آگارز ۲٪ بررسی و مشاهده شد که در نمایه یک نشان داده شده است. سپس برای بررسی تفاوت در توالی آگزون چهارم ژن هورمون رشد از روش چندشکلی فضایی تک‌رشته‌های DNA (SSCP) استفاده شد که این روش برای تشخیص جهش‌های تک نوکلئوتیدی توان بالایی دارد. جهت انجام این کار، ۲ تا ۴ میکرولیتر از محصول PCR را با ۲۱ تا ۲۳ میکرولیتر از دای (Dye) مخلوط کرده و به مدت ۸-۱۰ دقیقه در دمای ۹۵ °C گرما داده شدند در این دما همه پیوندهای هیدروژنی شکسته شده و DNA دورشته‌ای به حالت تک رشته‌ای در می‌آید. سپس نمونه‌ها را بی‌درنگ بر روی ژل پلی‌اکریل‌آمید سرد برده و با ولتاژ ۳۰۰ ولت به مدت ۱۷ ساعت الکتروفورز شدند. پس از این مرحله برای دیدن الگوهای باندهای از رنگ آمیزی به روش نیترات نقره استفاده شد که از سه گامه تثبیت، لکه‌گذاری و آشکارسازی تشکیل شده است. به منظور بررسی آماری داده‌ها پس از فراهم شدن پوشه داده‌ها که در بر گیرنده صفت‌های اندازه‌گیری شده برای هر دام و عوامل ثابت قابل دسته‌بندی شامل جنس، سن دام در زمان خونگیری و اثر حیوان به عنوان عامل تصادفی بود نخست با کمک نرم‌افزار SAS 9.1 از نرمال بودن داده‌ها اطمینان پیدا کرده و در صورتی که داده‌ها از توزیع نرمال برخوردار نبودند با کمک روش boxcox و رویه transreg در نرم‌افزار SAS 9.1 داده‌ها نرمال شد، سپس با رویه Mixed در نرم‌افزار SAS 9.1 داده‌ها تجزیه و تحلیل آماری گردید. مدل آماری بکار رفته برای ارزیابی داده‌ها بدین گونه بود:

$$Y_{ijkl} = \mu + P_i + S_j + A_k + An_{iml} + e_{ijkl}$$

Y_{ijkl} : مقدار صفت برای هر دام

μ : میانگین جامعه

$Anim_i$: امین اثر تصادفی حیوان

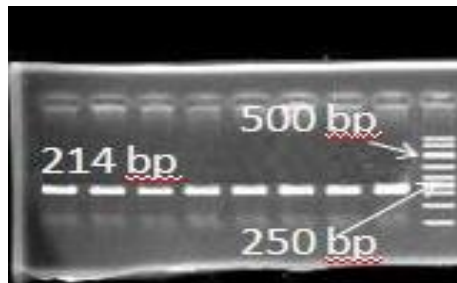
P_i : اثر i امین الگوی بانندی دیده شده برای این جایگاه از ژن هورمون رشد ($i_1 \dots i_3$)

S_j : اثر j امین جنس ($j_1 \dots j_2$)

A_k : اثر k امین سن دام در هنگام خون گیری ($i_1 \dots i_6$)

ϵ_{ijkl} : اثر دیگر عوامل تصادفی

نتایج:



همانگونه که گفته شد برای بررسی فرآورده واکنش زنجیره‌ای پلیمرز همه نمونه‌ها بر روی ژل آگارز ۲٪ الکتروفورز شدند که در نمایه یک نمونه آن دیده می‌شود. پس از رنگ آمیزی ژل پلی اکریل آمید سه الگوی بانندی گوناگون برای اگزون شماره ۴ ژن هورمون رشد در نژاد کرمانی دیده شد که در نمایه ۲ نشان داده شده است. فراوانی الگوهای بانندی دیده شده برای این جایگاه به ترتیب ۰/۲۵، ۰/۴۲ و ۰/۳۳ تعیین شد. بررسی‌های آماری نشان داد بین الگوهای دیده نمایه ۱- فرآورده PCR ژن هورمون رشد بر روی ژل آگارز شده برای اگزون شماره چهار ژن هورمون رشد و طول بدن ارتباط معنی‌دار دیده شد ($p < 0.05$) همچنین الگوهای دیده شده با طول دنبه و دورپایین دنبه نزدیک به سطح معنی‌داری بود. میانگین حداقل مربعات این صفت‌ها در جدول ۲ نشان داده شده است.

جدول ۲- میانگین کمترین مربعات ($\pm SE$)



نمایه ۲- الگوهای بانندی دیده شده برای اگزون چهار ژن هورمون رشد

صفت	الگو		
	سه	دو	یک
طول بدن (ن)*	$2/97^a \pm 0/006$	$2/77^b \pm 0/005$	$2/77^b \pm 0/006$
طول دنبه	$26/29^a \pm 0/94$	$24/59^a \pm 0/78$	$25/47^a \pm 0/88$
دورپایین دنبه	$30/55^a \pm 1/55$	$27/74^a \pm 1/28$	$28/54^a \pm 1/45$

(ن) و * به ترتیب بیانگر نرمال شده و معنی داری در سطح ۵٪ می‌باشد

هورمون رشد یکی از مهمترین ژنهای موثر بر تولید است. از آنجا این بررسی بر روی آگزون چهار که بخشی از منطقه کدکننده پروتئین هورمون رشد را تشکیل می دهد انجام شده است و جهش های موجود در ناحیه کد کننده می تواند به طور مستقیم بر ساختار و کارکرد پروتئین اثر بگذارند پیشنهاد می شود در بررسی های بعدی به شناسایی جهش های موجود در این آگزون در این نژاد و دیگر نژادهای ایرانی و همچنین بررسی ارتباط آنها با صفات مهم اقتصادی پرداخته شود تا در صورت وجود ارتباط از این ژن در گزینش دام های برتر سود جست.

منابع:

۱. بی نام. آمار نامه کشاورزی سال ۱۳۸۸. جلد دوم. دفتر آمار و اطلاعات وزارت جهاد کشاورزی. ۱۰۷ ص.
۲. سیاه منصور، م سعادت نوری، م، ۱۳۸۴. پرورش گوسفند، انتشارات آتا، ۵۶ ص.
۳. خالداری، م. ۱۳۸۱. اصول پرورش گوسفند و بز، انتشارات جهاد دانشگاهی، ۵۵ ص.
4. Bastos, E. Cravador, A. Azevedo, J. and Guedes-Pinto, H. 2001. Single strand conformation polymorphism (SSCP) detection in six genes in Portuguese indigenous sheep breed "Churra da Terra Quente". BIOTECHNOLOGIE AGRONOMIE SOCIETE ET ENVIRONNEMENT 5: 7-16.
5. Dario, C. Carnicella, D. and Bufano, G. 2005. A note on the growth hormone (GH1-AluI) polymorphism in Podolian cattle in Southern Italy. Animal Science Papers and Reports 23: 43-49.
6. Ge, W. Davis, M.E. Hines, H.C. Irvin, K.M. and Simmen, R.C. 2003. Association of single nucleotide polymorphisms in the growth hormone and growth hormone receptor genes with blood serum insulin-like growth factor I concentration and growth traits in Angus cattle. J Anim Sci 81: 641-648.
7. Kosgey, I. Baker, R. Udo, H. and Van Arendonk, J. 2006. Successes and failures of small ruminant breeding programmes in the tropics: a review. Small Ruminant Research 61: 13-28.
8. Miller, S.A. Dykes, D.D. and Polesky, H.F. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. Nucleic Acids Res 16: 1215.
9. Noso, S.J. Young, M. J. and Beason, P. R. 1999. The genetic control and manipulation of lean tissue growth and body composition in sheep. J Animal Breed 67: 433-434.
10. Yao, J. Aggrey, S.E. Zadworny, D. Hayes, J.F. and Kuhnlein, U. 1996. Sequence variations in the bovine growth hormone gene characterized by single-strand conformation polymorphism (SSCP) analysis and their association with milk production traits in Holsteins. Genetics 144: 1809-1816.

Study of polymorphism exon 4 Growth hormone gene (E4-GH) and its association with biometric traits and blood parameters in kermani sheep with PCR-SSCP technique

A. Asadi¹, H. Moradi shahrbabak², M. Sadeghi², P. Azizi³, S. Abbasi³

1- Department of veterinary medicine, shahrbabak Islamic Azad University, Shahr-babak, Iran,
2and 3 Assistant Professor M.Sc. Student, Department of Animal Science, University College of
Agriculture and Natural Resources, University of Tehran.

Email:p.aziz@gmail.com

Abstract

Growth hormone is a peptide with 22 KD with two disulfide bands. It has two variants, the first variant composed of 191 amino acids with terminal Alanine amino acid and second variant have 190 amino acids with Phenylalanine end. This hormone is a major regulator of postnatal growth and metabolism in mammals and has role in body composition, health, milk production. The aim of this study is investigation of polymorphism in fourth exon of growth hormone gene in Kermanian sheep. The blood samples were collected of 180 male and female Kermani sheep at Kermani breeding station located on Shahr-e babak, Iran. DNA was extracted with salting out method from the blood. For amplification 214 bp fragment of genome using PCR reaction and then PCR's products running on 12% poly acryl amid gel in 14 hours and 300 V, after staining gels with silver nitrate method we have observed three SSCP band patterns for this part of growth hormone gene in Kermani sheep which frequency each of patterns are 0.25, 0.42 and 0.33 respectively. Statistical analysis were showed significant relationship between the band patterns and body length ($p < 0.05$). The relationship between band patterns seen with tail length and tail down circumference was close to the significant level ($p < 0.10$).

Keywords: polymorphism, Growth hormone, Kermani, PCR-SSCP, Biometric trait.

ارزیابی شیر تولیدی در اولین دوره شیردهی گاوهای هلشتاین ایران در استان‌های مختلف کشور

وحید داستانیان^{*}، سعید خلیج زاده^۱، محمد باقر صیادنژاد^۲

۱ - دانشگاه آزاد اسلامی واحد ساوه، گروه علوم دامی، ساوه ۲ - مرکز اصلاح نژاد دام کشور

* نویسنده مسئول: وحید داستانیان، vahid_dastanian@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی شیر تولیدی در تمام استان‌ها از اطلاعات مربوط به اولین دوره شیردهی ۲۷۶۴۲۰ گاو شیری هلشتاین از ۵۸۳ گله که طی سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۷ توسط مرکز اصلاح نژاد ایران جمع‌آوری شده بود، استفاده گردید. صفت شیر تولیدی برای ۳۰۵ روز شیردهی، دو بار دوشش در روز و سن معادل بلوغ توسط مرکز اصلاح نژاد کشور مورد تصحیح قرار گرفته بود. اطلاعات مربوط به حیواناتی که رکورد شیر تولیدی آنها کمتر از ۲۵۰۰ و بیشتر از ۱۳۰۰۰ کیلوگرم بود حذف شدند. به منظور تعیین اثرات عوامل محیطی مؤثر بر صفت مورد بررسی از رویه GLM استفاده شد و اثر سال زایش-فصل زایش-گله به عنوان اثر ثابت و اثر سن اولین زایش به عنوان یک عامل همبسته در مدل در نظر گرفته شد. پیش‌بینی ارزش اصلاحی و فنوتیپی توسط یک مدل حیوانی تک متغیره با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) انجام شد. میانگین و انحراف معیار تولید شیر در کل کشور 7944 ± 1743 کیلوگرم و وراثت‌پذیری این صفت به مقدار ۰/۲۸ برآورد شد. در این پژوهش بیشترین میانگین ارزش اصلاحی و فنوتیپی شیرتولیدی مربوط به استان قزوین است که مقادیر آنها به ترتیب ۵۵۷ و ۹۰۶۶ کیلوگرم می‌باشد. کمترین مقدار میانگین ارزش اصلاحی از میان تمام استانها مربوط به استان قم (با میانگین ارزش اصلاحی ۲۷ کیلوگرم) و کمترین میانگین فنوتیپی در استان خوزستان (با میانگین فنوتیپی ۵۲۱۱ کیلوگرم) دیده می‌شود.

واژه‌های کلیدی: وراثت‌پذیری- تولید شیر- استان- گاو هلشتاین.

مقدمه

در پرورش گاو شیری تولید شیر و ترکیبات آن به عنوان اصلی‌ترین و مهمترین منبع درآمد دامدار محسوب می‌شود و به همین دلیل صفات تولیدی بعنوان اولین معیار انتخاب و اصلاح نژاد در نظر گرفته می‌شود. جمع‌آوری اطلاعات اساسی برای شناسایی تأثیرات ژنتیکی و محیطی بر روی شیر به منظور طراحی برنامه‌های اصلاحی و در نهایت بهبود تولیدات گاوهای شیری، حائز اهمیت است. از جمله راه‌های عملی افزایش تولید یک گله گاو شیری انتخاب گاوهای برتر از نظر ژنتیکی است. طبق مطالعات انجام شده در سطح کشور مقادیر متفاوتی برای پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفت شیر تولیدی به دست آمده است. با توجه به متفاوت بودن برآوردها در مناطق و استان‌های مختلف، به نظر می‌رسد که برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی شیر تولیدی با استفاده از یک مدل حیوانی یکسان برای تمام استانهای کشور جهت ارزیابی برنامه‌های اصلاحی نژادی موثر باشد. هدف از انجام این تحقیق مقایسه میانگین ارزش اصلاحی و فنوتیپی تولید شیر در اولین دوره شیردهی گاوهای هلشتاین ایران در استان‌های مختلف کشور می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی شیر تولیدی در تمام استان‌ها از اطلاعات مربوط به اولین دوره شیردهی ۲۷۶۴۲۰ گاو شیری هلشتاین از ۵۸۳ گله که طی سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۷ توسط مرکز اصلاح نژاد ایران جمع‌آوری شده بود، استفاده گردید. صفت شیر تولیدی برای ۳۰۵ روز شیردهی، دو بار دوشش در روز و سن معادل بلوغ توسط مرکز اصلاح نژاد کشور مورد تصحیح قرار گرفته بود. ویرایش داده‌ها با استفاده از نرم افزار Visual Fox Pro 6.0 صورت گرفت. اطلاعات مربوط به حیواناتی که رکوردهای شیر تولیدی آنها کمتر از ۲۵۰۰ و بیشتر از ۱۳۰۰۰ کیلوگرم بود حذف شدند. به منظور تعیین اثرات عوامل محیطی مؤثر بر صفت تولید شیر از رویه GLM نرم افزار SAS 9.1 استفاده شد و در نهایت عوامل ثابت و همبسته تأثیر گذار بر روی صفت مورد بررسی تشخیص داده شدند. پیش بینی ارزش اصلاحی توسط یک مدل حیوانی تک متغیره با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) به کمک نرم افزار ASREML انجام شد. به منظور اطمینان از وجود ارتباط ژنتیکی بین گله‌ها بررسی گردید که حداقل تعدادی از گاوهای نر در تمامی گله‌ها دارای نتاج باشند.

مدل مورد استفاده جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت شیر تولیدی در اولین دوره شیردهی عبارتند از:

$$Y_{ijkl} = \mu + HYS_i + a_j + b(\text{Age}_k - \overline{\text{Age}}) + e_{ijkl}$$

علائم در این مدل عبارتند از Y_{ijk} مقدار مشاهده برای صفت، μ میانگین صفت در جمعیت، HYS_i اثر ثابت i امین گله - سال زایش - فصل زایش، b ضریب تابعیت خطی صفت شیر تولیدی از سن اولین زایش، Age_k اثر همبسته k امین سن در زمان زایش، a_j اثر ژنتیکی افزایشی j امین حیوان، e_{ijkl} اثر تصادفی عوامل باقیمانده. نتایج و بحث

در جدول (۱) وراثت‌پذیری و مؤلفه‌های واریانس صفت شیر تولیدی در اولین دوره شیردهی گاوهای هلشتاین کل کشور نشان داده شده است. در این پژوهش میانگین و انحراف معیار تولید شیر در کل کشور $۷۹۴۳/۵۱ \pm ۱۷۴۲/۹۶$ کیلوگرم محاسبه شد که مشابه نتایج مطالعات توحیدی و همکاران (۱۳۸۶)، خدائی مطلق و همکاران (۱۳۸۳)، ماک و همکاران (۲۰۰۷)، پیرلو و همکاران (۲۰۰۰) و مارتی و فانک (۱۹۹۴) می‌باشد که میانگین تولید شیر را در محدوده ۷۲۴۶ تا ۸۰۲۵ کیلوگرم گزارش دادند و همچنین در این تحقیق وراثت‌پذیری صفت تولید شیر به مقدار ۰/۲۸ برآورد شد که با نتایج تحقیقات تهرانی و همکاران (۱۳۸۷)، حقوقی و همکاران (۱۳۸۶)، هنرور و همکاران (۱۳۸۳)، رضائی (۱۳۸۳)، رزم کبیر و همکاران (۲۰۰۶)، کادارمین (۲۰۰۴) و اجانگو و پلوت (۲۰۰۱) مطابقت دارد که وراثت‌پذیری شیر تولیدی را در دامنه ۰/۲۷ - ۰/۲۹ برآورد کردند. اندک تفاوت مشاهده در مقادیر گزارش شده میانگین و وراثت‌پذیری صفت شیر تولیدی می‌تواند ناشی از اختلاف ژنتیکی بین حیوانات، استفاده از مدل‌های مختلف، تعداد رکوردها مورد مطالعه و روش آنالیز اطلاعات باشد.

جدول (۱) وراثت پذیری و مؤلفه های واریانس صفت شیر تولیدی در اولین دوره شیردهی حاصل از آنالیز تک متغیره

واریانس				
صفت	ژنتیکی	محیطی	فنوتیپی	وراثت پذیری
شیر تولیدی	۴۷۶۳۵۴	۱۲۲۲۱۷۰	۱۶۹۸۵۲۴	۰/۲۸±۰/۰۱

در جدول (۲) میانگین ارزش اصلاحی و فنوتیپی تولید شیر در استان های مختلف نشان داده شده است. همانگونه که مشاهده می شود بیشترین میانگین ارزش اصلاحی و فنوتیپی شیر تولیدی مربوط به استان قزوین است که مقادیر آنها به ترتیب ۵۵۶/۶۴ و ۹۰۶۶/۱ کیلوگرم می باشد. کمترین میانگین ارزش اصلاحی از میان تمام استانها مربوط به استان قم (با میانگین ارزش اصلاحی ۲۶/۹۹ کیلوگرم) و کمترین میانگین فنوتیپی در استان خوزستان (با میانگین فنوتیپی ۵۲۱۱ کیلوگرم) دیده می شود. این تفاوت ها در میانگین فنوتیپی شیر تولیدی علاوه بر ارزش ژنتیکی و تعداد رکوردهای متفاوت در استانهای مختلف کشور، ناشی از شرایط مدیریتی و آب و هوایی در مناطق مختلف ایران است. در استان خوزستان به دلیل شرایط گرم آب و هوایی تولید شیر نسبت به سایر استانها کاهش شدیدی داشته است. زمانی که درجه حرارت محیط افزایش پیدا می کند، عملکرد حیوان از لحاظ تولید و تولید مثل کاهش می یابد از این رو دستکاری جیره یکی از مهمترین راهکارهای پیشنهاد شده برای مقابله با تنشهای گرمایی موجود در مناطق گرمسیر از جمله خوزستان می باشد. در استان قزوین علاوه بر ارزش اصلاحی بالای حیوانات برای تولید شیر شرایط مدیریتی بسیار مطلوب منجر به افزایش چشمگیر تولید شیر در این استان شده است.

جدول (۲) میانگین ارزش اصلاحی و فنوتیپی تولید شیر در گاوهای نژاد هلشتاین استان های مختلف ایران

میانگین				میانگین			
تعداد	ارزش اصلاحی	فنوتیپی	استان	تعداد	ارزش اصلاحی	فنوتیپی	استان
رکورد	(کیلوگرم)	(کیلوگرم)		رکورد	(کیلوگرم)	(کیلوگرم)	
د							
۱۵۴۴	۳۸۱/۳۷	۶۷۰۲/۵	فارس	۷۱۴۴	۳۶۳/۷۳	۷۲۷۰/۲	اردبیل
۵							
۴۳۹۵	۴۹۱/۱	۸۳۶۷/۶	قزوین	۱۶۳۶	۵۵۶/۶۴	۹۰۶۶/۱	اصفهان
۰				۷			

ایلام	۵۸	۵۶/۶۶	۶۶۴۴/۶	قم	۳۰۱	۲۶/۹۹	۶۹۸۸/۸
آذربایجان - شرقی	۵۶۵۷	۴۳۶/۶۷	۸۰۸۹	کرمان	۲۷۴۸	۴۰۲/۸۴	۸۰۷۳/۳
آذربایجان - غربی	۳۴۲	۲۷۰/۷۱	۷۴۵۴/۶	کرمانشاه	۳۲۵۴	۳۰۰/۲۳	۷۴۴۵/۴
تهران	۹۸۳۱	۴۵۹/۶۴	۸۱۸۰/۵	کهگیلویه و بوکیر	۱۲۱	۲۴۲/۳۸	۷۴۷۲/۷
چهارمحال و بختیاری	۱۶۸۶	۴۰۷/۲۶	۷۹۷۱/۶	گیلان	۳۸۴۴	۱۵۵/۳۱	۵۸۰۰/۱
خراسان جنوبی	۶۴۴	۲۵۱/۴۳	۷۴۵۱/۲	لرستان	۱۰۴	۲۹۶/۶۶	۸۵۵۴/۴
خراسان رضوی	۴۲۳۵	۴۰۷/۸۱	۷۸۸۹/۹	مازندران	۶۴۹۵	۳۰۸/۱۲	۷۰۷۸/۹
خوزستان	۳۲۶	۱۱۳/۶۹	۵۲۱۱	مرکزی	۵۸۹۳	۴۲۱/۹۳	۷۲۱۵/۱
زنجان	۵۸۷۰	۴۱۴/۰۵	۷۷۸۶/۱	همدان	۲۹۳۵	۳۸۳/۶۶	۷۸۲۸/۲
سمنان	۳۴۰۱	۲۵۵/۹۸	۶۶۲۲/۸	یزد	۳۲۷۴	۳۲۷/۶۹	۷۳۶۷/۵

از استان‌های خراسان شمالی، بوشهر، گلستان، کردستان، هرمزگان و سیستان و بلوچستان اطلاعات در دسترس نبود.

منابع

۸. توحیدی، آ.، زارع شهنه، ا. و معتمدی، م.، ۱۳۸۶. تعیین برخی عوامل مؤثر بر عملکرد تولید مثل در دو گله گاو هلستاین اصفهان، دومین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، ۱۴۹۷-۱۴۹۵. ص.
۹. تهرانی، م. ر.، ستائی مختاری، م.، اعمی ازغدی، م.، ۱۳۸۷. ارزیابی ژنتیکی صفات تولیدی در گاوهای هلستاین با استفاده از مدل‌های حیوانی تک متغیره و چند متغیره، سومین کنگره علوم دامی کشور. ردیف: ۳۷.
۱۰. حقوقی، پ.، اسدی خشویی، ا. و رحیمی، ح.، ۱۳۸۶. ارزیابی ژنتیکی یک گله گاو هلستاین برای صفات تولید شیر، چربی و پروتئین، دومین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، ۱۱۲۳-۱۱۲۱. ص.
۱۱. خدائی مطلق، م.، زارع شهنه، ا.، مرادی شهر بابک، م. و ضمیری، ج.، ۱۳۸۳. تعیین برخی عوامل مؤثر بر عملکرد تولید مثل در گاوهای هلستاین ایران، اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، ۹۳۸-۹۳۵. ص.
۱۲. رضائی، ه.، شادپرور، ع. و میرحسینی، س. ض.، ۱۳۸۳. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تیپ و تولید در گاوهای هلستاین ایران، اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، ۸۰۶-۸۰۳. ص.

۱۳. طهماسبی، ع.، فرهنگفر، ه.، جرجانی، ع. و نعیمی پور یونسی، ح.، ۱۳۸۳. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولید شیر و درصد چربی گاوهای هلشتاین در استان گلستان و مازندران با استفاده از مدل‌های دامی یک و چند متغیره، اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور. کرج، ۷۷۲-۷۷۰ ص.
۱۴. هنرور، م.، مرادی شهر بابک، م.، میرائی آشتیانی، س. ر.، ۱۳۸۳، بررسی پارامترهای صفات تولید مثلی و رابطه آن با تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران، اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، ۶۸۸-۶۸۵ ص.
15. C
astillo-Juarez, H., P. A. Oltenacu, R. W. Blake, C. E. McCulloch, and Cienfuegos-Rivas, E. G. 2000. Effect of her environment on the genetic and phenotypic relationships among milk yield, conception rate and somatic cell score in Holstein cattle. J. Dairy. Sci. 83: 807-814.
16. K
adarmideen, H. N. 2004. Genetic correlations among body condition score, somatic cell score, milk production, fertility and conformation traits in dairy cows. Br. Soc. Anim. Sci. 79:191-201.
17. L
ucy, M. C., 2001. Reproductive loss in high-producing dairy cattle: Where will it end? J. Dairy Sci. 84:1277-1293.
18. M
ackey, D. R., Gordon, A. W., McCoy, M. A., Verner, M. and Mayne, C. S., 2007. Associations between genetic merit for milk production and animal parameters and the fertility performance of dairy cows. Anim. Cons. 29-43.
19. M
arti, C. F., and D. A. Funk. 1994. Relationship between production and days open at different levels of herd production. J. Dairy Sci. 77:1682-1690.
20. O
jango, J. M. and Pollott, G. E., 2001. Genetics of milk yield and fertility traits in Holstein-Friesian cattle on large-scale Kenyan farms. J. Anim. Sci. 79: 1742-1750.
21. P
irlo, G., F. Miglior, and M. Speroni. 2000. Effect of age at first calving on production traits and on difference between milk yield returns and rearing costs in Italian Holsteins. J. Dairy Sci. 83: 603-608.
22. Ra
zmkabir, M., Nejati-Javaremi, A., Moradi-Shahrbabak, M., Rashidi, A. and Sayadnejad, M. B., 2006. Estimation of genetic trends for production traits in Holstein cattle of Iran, 8th world congress on genetics applied to livestock production, Brazil.

Genetic evaluation of first lactation milk yield of Holstein dairy cows in different provinces of Iran

Vahid Dastanian^{1*}, Saeed Khalajzadeh¹, Mohammad Bagher Sayyadnezhad²

1-Department of Animal Sciences, Saveh Branch, Islamic Azad University, Saveh, Iran.

2- Animal breeding center of Iran

* E-mail address: vahid_dastanian@yahoo.com

Abstract

In order to genetic evaluate of first lactation records of Iranian Holstein dairy cows were used 276420 records in 583 herds which were collected by animal breeding center of Iran from 1991 to 2008. Milk production records were corrected based on 305 days of lactation, two times milking and maturity equivalent age. Records lower than 2500 kg and more than 13000 kg were deleted from data file before analyzing. A general linear model (GLM) procedure was applied to determine fixed factors affecting milk production. According to GLM, herd-year-season (HYS) and age at first calving were considered as fixed factor and covariate in model respectively. A single trait animal model was applied by using restricted maximum likelihood (REML) method. Average of milk production and heritability obtained 7944 ± 1743 kg and 0.28 ± 0.01 respectively. Maximum of phenotypic and breeding values was observed in Qazvin province which were 9066 and 576 kg respectively. By contrast, minimum of phenotypic value obtained in Khozestan province that is 5211 kg and moreover the lowest breeding value was observed in Qom province (27 kg). Totally, the result showed there are noticeable differences in genetic merit of dairy cows among various provinces of Iran.

Key words: heritability- milk production- province- Holstein dairy cows.

برآورد روند ژنتیکی صفت شیر ۳۰۵ روز در گاوهای هلشتاین استان تهران با استفاده از مدل تابع کواریانس

محدثه سالاری*^۱، همایون فرهنگ فر^۲، محمدرضا اصغری^۳ و علیرضا اقبال^۴

۱ - دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه بیرجند

۲ - دانشیار دانشگاه بیرجند

۳ - مربی دانشگاه بیرجند

۴ - کارشناس ارشد مرکز اصلاح دام کشور

* نویسنده مسئول: محدثه سالاری، دانشگاه بیرجند، دانشکده کشاورزی، گروه علوم دامی M.salari_89@yahoo.com

چکیده

در این پژوهش به منظور برآورد مقدار پیشرفت ژنتیکی صفت شیر ۳۰۵ روز در گاوهای هلشتاین استان تهران از تعداد ۱۲۲۸۵۰ رکورد شیر روز آزمون جمع آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور متعلق به ۱۲۲۸۵ رأس گاو شکم اول هلشتاین سه بار دوشش در ۱۴۷ گله که طی سالهای ۱۳۷۶ تا ۱۳۸۸ زایش داشته‌اند، استفاده گردید. رکوردهای شیر روز آزمون با استفاده از یک مدل تابع کواریانس آنالیز شدند. میانگین وراثت پذیری و تکرارپذیری رکوردهای شیر روز آزمون در طول دوره شیردهی به ترتیب ۰/۲۱ و ۰/۶۴ برآورد گردید. نتایج نشان داد که روند ظرفیت ژنتیکی تولید شیر ۳۰۵ روز در جمعیت گاوهای هلشتاین استان تهران طی سالهای ۱۳۷۶ تا ۱۳۸۸ افزایشی بوده و لذا اصلاح نژاد سبب بهبود تولید گردیده است. پیشرفت ژنتیکی سالانه برای صفت شیر ۳۰۵ روز، ۱۸/۴۱۴ کیلوگرم (با اشتباه معیار ۳/۷۴۱ کیلوگرم) برآورد شد که به لحاظ آماری معنی‌دار بود ($P < 0.001$).

واژه‌های کلیدی: روند ژنتیکی - تولید شیر - گاو هلشتاین - استان تهران.

مقدمه

اصلاح دام از نظر لغوی به معنای بهتر کردن و هدف از اصلاح نژاد به دست آوردن حیواناتی با سود بیشتر است (۴). وراثت پذیری و تکرارپذیری مربوط به صفات تولید شیر و ترکیبات آن زیاد است که نشان می‌دهد با انتخاب می‌توان این صفات را بهبود بخشید (۱۱). امروزه در کشورهای زیادی برای تغییر در خصوصیات تولیدی حیوانات از روش‌های علمی اصلاح نژاد استفاده می‌شود که لازم است از صفات مختلف رکوردگیری شده و از مشخصات شجره ای حیوانات استفاده شود (۱). در سال‌های اخیر، استفاده از مدل‌های روز آزمون برای آنالیز صفات مربوط به شیر و بررسی پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی آنها به منظور بیشینه کردن استفاده از اطلاعات موجود، افزایش یافته است (۸). مدل رگرسیون تصادفی حالت توسعه یافته مدل رگرسیون ثابت است که تغییرات واریانس‌ها را با گذشت زمان، در مدل و محاسبات وارد می‌کند و به آنالیز رکوردهای تکرار شده صفاتی که دارای تغییرات تدریجی و مداوم در طول زمان هستند، می‌پردازد (۱۰). هدف از تحقیق حاضر، برآورد روند ژنتیکی صفت شیر ۳۰۵ روز در جمعیت گاوهای هلشتاین استان تهران با استفاده از مدل تابع کواریانس بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش به منظور برآورد روند ژنتیکی صفت شیر ۳۰۵ روز در گاوهای هلشتاین استان تهران از تعداد ۱۲۲۸۵۰ رکورد شیر روز آزمون جمع آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور و متعلق به ۱۲۲۸۵ رأس گاو شکم اول هلشتاین سه بار دوشش در ۱۴۷ گله که طی سال‌های ۱۳۷۶ تا ۱۳۸۸ زایش داشتند، استفاده گردید. ساختار داده‌های مورد استفاده در جدول ۱ نشان داده شده است. ویرایش اولیه داده‌ها (شامل مواردی نظیر کنترل محدوده سن زایش بین ۱۸ تا ۳۶ ماه، تعداد ۱۰ رکورد روز آزمون برای هر گاو) توسط نرم افزارهای بانک اطلاعاتی اکسل و فاکس پرو (نسخه ۲/۶) انجام شد. برای برآورد اجزای (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی رکوردهای شیر روز آزمون از یک مدل تابع کواریانس استفاده و با نرم افزار DFREML تجزیه و تحلیل شدند. در فرم ماتریسی مدل مزبور عبارت است از:

$$y = Xb + Z_1u + Z_2p + e$$

که در آن y بردار مقدار شیر روز آزمون، b بردار حاوی عوامل محیطی (شامل گروه‌های همزمان سطح تولید گله - سال - فصل - نوع اسپرم، و متغیرهای کمکی سن و درصد ژن هلشتاین) و همچنین ضرایب تابعیت ثابت تابع چند جمله ای لژاندر، u و p به ترتیب بردارهای ضرایب تابعیت تصادفی لژاندر برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی، e بردار اثر تصادفی باقی‌مانده مدل و X ، Z_1 و Z_2 ماتریس‌های ضرایب هستند. بر اساس ارزش‌های اصلاحی پیش بینی شده هر یک از گاوها در رابطه با شیر روز آزمون در طول یک دوره شیردهی ۳۰۵ روز، ارزش اصلاحی صفت شیر ۳۰۵ روز محاسبه گردید. روند ژنتیکی شیر ۳۰۵ روز به روش تابعیت وزنی میانگین ارزش‌های اصلاحی از سال زایش توسط نرم افزار آماری SAS (نسخه ۹/۲) برآورد شد.

جدول ۱. خلاصه اطلاعات آماری مربوط به داده‌های مورد استفاده در تحقیق حاضر

تعداد رکورد	۱۲۲۸۵۰
تعداد حیوانات نسل پایه	۱۱۴۴۳
تعداد حیوانات دارای رکورد	۱۲۲۸۵
تعداد مادرها	۱۱۳۲۰
تعداد پدرها	۱۲۴۸
تعداد گله‌ها	۱۴۷
تعداد سال‌های زایش	۱۳ سال (۱۳۷۶ تا ۱۳۸۸)
میانگین شیر روزانه به کیلوگرم	$29/85 \pm 7/6$

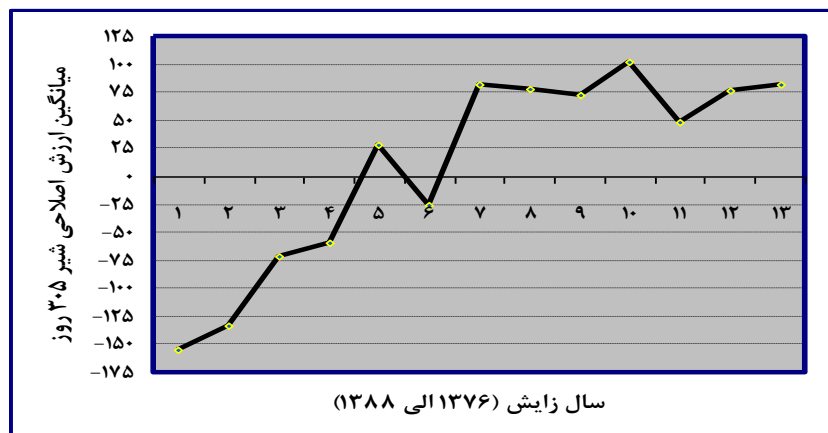
نتایج

برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی شیر روز آزمون در جدول ۲ نشان داده شده است. در کل دوره شیردهی، میانگین وراثت پذیری ۰/۲۱ و تکرارپذیری ۰/۶۴ بود. در یک تحقیق، وراثت پذیری تولید شیرگاوهای هلشتاین در استان مرکزی ۰/۲۰ و تکرارپذیری آن ۰/۴۶ گزارش شد (۲). فرهنگ فر و نعیمی پور یونسی (۱۳۸۶) با مطالعه بر روی گاوهای هلشتاین ایران، وراثت پذیری تولید شیر را ۰/۳۱ گزارش نمودند (۶). بیگناردی و همکاران (۲۰۰۹) وراثت پذیری صفت مزبور بین ۰/۲ تا ۰/۴ برآورد کردند (۸).

جدول ۲. برآورد حداکثر درستمایی محدود شده میانگین اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای صفت شیر روز آزمون در کل دوره شیردهی ۳۰۵ روزه

صفت	σ_a^2	σ_{pe}^2	σ_e^2	h^2	c^2	r
شیر روز آزمون	۶/۸	۱۴/۲	۱۱/۸۱	۰/۲۱	۰/۴۳	۰/۶۴

σ_a^2 واریانس ژنتیکی افزایشی؛ σ_{pe}^2 واریانس محیط دائمی؛ σ_e^2 واریانس باقی مانده؛ h^2 وراثت پذیری؛ c^2 نسبت واریانس محیط دائمی به واریانس فنوتیپی؛ r تکرارپذیری



نمودار ۱. تغییرات سالانه میانگین ارزش اصلاحی شیر ۳۰۵ روز

در نمودار ۱ میانگین تغییرات میانگین ارزش اصلاحی شیر ۳۰۵ روز در سالهای مختلف زایش نشان داده شده است. میانگین ارزش اصلاحی از ۱۵۴/۸۴- کیلوگرم در سال ۱۳۷۶ تا ۱۰۲/۶۷ در سال ۱۳۸۵ تغییرات داشت. گر چه میانگین تغییرات ارزش اصلاحی دارای نوساناتی بود ولی برآیند کلی نشان دهنده سیر صعودی است. نتایج تحقیق حاضر نشان داد که روند ژنتیکی شیر ۳۰۵ روز در گاوهای هلشتاین استان تهران $۱۸/۴۱۴ \pm ۳/۷۴۱$ کیلوگرم در سال بود. لی و فریمن (۱۹۸۵) روند ژنتیکی سالانه برای

تولید شیر را ۸۴ کیلوگرم بیان کردند (۹). سید دخت دهبار (۱۳۸۹) روند ژنتیکی صفت تولید شیر ۳۰۵ روز گاوهای هلستاین ایران با استفاده از یک مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی، به ترتیب ۲۵/۱۳ و ۱۵/۴۵ برای نرها و ماده‌ها برآورد نمود (۳). عوضی یادکوری (۱۳۷۷) در مطالعه‌ای که روی گاوهای هلستاین کشت و صنعت و دامپروری مغان انجام داد روند ژنتیکی تولید شیر ۲۴/۶۵ کیلوگرم شیر در سال برآورد کرد (۵). نعیمی پور (۱۳۷۳) روند فنوتیپی و ژنتیکی تولید شیر گاوهای هلستاین استان خراسان بزرگ را به ترتیب ۱۳۹/۹۶۲ و ۹/۲۸۷ کیلوگرم برآورد کرد و بیان داشت که بخش عمده افزایش سالانه تولید شیر در استان خراسان، به دلیل بهبود شرایط محیطی بود (۷). نتایج حاصل از تحقیق حاضر نشان می‌دهد ظرفیت ژنتیکی تولید شیر ۳۰۵ روز در جمعیت گاوهای هلستاین استان تهران طی سال‌های اخیر دارای روند رو به افزایش بوده و لذا اصلاح نژاد سبب بهبود تولید شیر طی سال‌های ۱۳۷۶ تا ۱۳۸۸ گردیده است.

منابع

۲۳. امام جمعه کاشان، ن. ۱۳۸۰. اصلاح نژاد دام روش‌های پیش بینی ارزش‌های ژنتیکی. (چاپ اول). انتشارات دانشگاه تهران.
۲۴. رضوی، م؛ وطن خواه، م؛ میرزایی، ح. ر و رکوعی، م. ۱۳۸۶. برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی در گاوهای هلستاین استان مرکزی. مجله پژوهش و سازندگی در امور دام و آبزیان، شماره ۷۷. ص ۵۵ تا ۶۲.
۲۵. سید دخت دهبار، ع. ۱۳۸۹. برآورد روند ژنتیکی صفت تولید شیر ۳۰۵ روز گاوهای هلستاین ایران با استفاده از یک مدل روز آزمون با تابعیت تصادفی. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد.
۲۶. طهمورث پور، م. ۱۳۸۶. اصول ژنتیک کمی و مسائل آن. چاپ اول. انتشارات دانشگاه فردوسی مشهد.
۲۷. عوضی یادکوری، ح. ۱۳۷۷. بررسی روند تغییرات پیشرفت ژنتیکی صفت تولید شیر در گاوهای هلستاین کشت و صنعت و دامپروری مغان. پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز.
۲۸. فرهنگ فر. ه. و نعیمی پور یونسی ح، ۱۳۸۶. برآورد پارامترهای فنوتیپی و ژنتیکی صفات تولید و تولید مثل در نژاد گاو هلستاین ایران. مجله علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی. سال یازدهم، شماره اول. صفحه‌های ۴۳۱-۴۴۰.
۲۹. نعیمی پور، ح. ۱۳۸۴. برآورد روند فنوتیپی ژنتیکی صفت تولید شیر در گاوهای هلستاین استان خراسان. پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل. ص ۵۵ تا ۵۹.

8. Bignardi, A.B., Ei Faro, L., Cardose, V.L., Machado, P.F. and Albuquerque, L.G. 2009. Parametric correlation functions to model the structure of permanent environmental (co)variances in milk yield random regression models. Journal of Dairy Science, 92: 4634-4640.

9. Lee, L. and Freeman, A.E. 1985. Estimation of genetic change in the registered Holstein cattle population. Journal of Dairy Science, 68: 2629-2638.

10. Meyer, K. 2001. Estimating genetic covariance functions assuming a parametric correlation structure for environmental effects. Genetics Selection and Evolution, Vol. 33: 557-585.

11. Van Vleck, L.D., Pollack, E.J. and Branford Atenacu, E.A. 1987. Genetics for the Animal Science. Freeman. New York.

Estimation of genetic trend for 305-d milk trait of Holstein dairy cattle in Tehran province using a covariance function model

m.salari¹, m.r. asqari², h.farhangfar³, a.r. eqbal⁴

1- m.sc. student, department of animal science .university of birjand, iran

2- associate professor, department of animal science .university of birjand, iran

3- lecturer. , department of animal science .university of birjand, iran

Abstract

The data set consisted of 122,850 milk test day records belonging to 12,285 first-parity Holstein cows (three times milking a day) in 147 herds from Tehran province and calved between 1998-2009 were used to estimate genetic trend for 305-d milk trait. The test day records were analyzed by a covariance function model. Over the course of the lactation, average heritability and repeatability of test day milk records were 0.21 and 0.64, respectively. The results indicated that genetic trend have been increased for 305-d milk production of Holstein cows over the period of years suggesting that animal breeding was caused production improvement. Annual genetic trend was estimated 18.414 kg (SE 3.741 kg) which in was statistically significant ($P < 0.0001$).

Keywords: Genetic trend - milk production - Holstein cow - Tehran province

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن گوسفند نژاد کردی

اسماعیل فاضلی کیا، هادی اسلامی مقدم و رضا اشکانی فر

ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند کردی شیروان

نویسنده مسئول: اسماعیل فاضلی کیا ekhash@gmail.com

چکیده:

در این تحقیق از تعداد ۲۱۵۰۰ رکورد روزآزمون وزن بدن (تولد، سه و شش ماهگی) مربوط به ۵۳۵۰ راس بره نژاد کردی طی سال های ۱۳۷۲ تا ۱۳۸۸ جمع آوری شده در ایستگاه کردی واقع در شیروان استفاده شد. صفات مورد مطالعه شامل وزن تولد، سه ماهگی، شش ماهگی بود. برای تجزیه داده ها از مدل رگرسیون تصادفی استفاده شد. وراثت پذیری مستقیم برای صفات فوق به ترتیب ۷، ۳۰، ۳۳ درصد برآورد شد. وراثت پذیری مادری صفات مذکور به ترتیب ۲۶، ۶، ۱۳ درصد برآورد شد. روند ژنتیکی صفات وزن تولد، سه ماهگی و شش ماهگی به ترتیب $0.06 \pm (0.012)$ ، $0.059 \pm (0.015)$ و $0.61 \pm (0.022)$ گرم برآورد شد.

کلمات کلیدی: وزن بدن، روند ژنتیکی، وراثت پذیری، گوسفند کردی، رگرسیون تصادفی.

مقدمه:

جمعیت گوسفند بزرگترین جزیی از کل جمعیت دامی کشور می باشد که سهم بسزایی در تولید گوشت قرمز دارد. با توجه به رشد روز افزون جمعیت انسانی و نیاز به منابع پروتئینی باید اقدامات لازم برای اصلاح نژاد های بومی در کنار بهبود شرایط بهداشتی و تغذیه صورت گیرد. گوسفند کردی یکی از نژادهای گوشتی ایران است که به دلیل استعدادهای ژنتیکی مطلوب نظیر سازگاری با شرایط محیطی و مقاومت به بیماریها از سرمایه های ژنی با ارزش کشور محسوب می شود. برای موفقیت در اجرای برنامه های اصلاح نژادی و بهبود نسبی ارزش صفات اقتصادی، داشتن پارامترهای ژنتیکی ضرورت دارد. این پارامترها برای برآورد پیشرفت ژنتیکی حاصل از انتخاب حیوانات و بکارگیری روش مناسب انتخاب استفاده می شود. یکی از فاکتورهای موثر بر صفات تولیدی بویژه در گوسفند اثرات مادری می باشد. نتایج حاصل از تحقیقات متعدد نشان داده است که اثرات مادری یک منبع تنوع قابل توجهی برای صفات مربوط به رشد در دام های جوان محسوب می شود و در این گونه موارد لحاظ نکردن این فاکتور در مدل منجر به اریب شدن برآوردهای حاصله خواهد شد (۱). هدف این تحقیق برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد بره های نژاد کردی ایستگاه حسین آباد شیروان با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی می باشد.

مواد و روش ها:

رکوردهای مورد استفاده در این تحقیق شامل ۲۱۵۰۰ رکورد مربوط به ۵۳۵۰ راس بره نژاد کردی در طی سال های ۱۳۷۲ تا ۱۳۸۸ ایستگاه پرورش گوسفند کردی شمال خراسان می باشد. در این ایستگاه پرورش گله به روش نیمه متمرکز می باشد گوسفندان در فصول نامساعد در محل ایستگاه و در فصول مساعد بر روی مراتع و پس چر غلات نگهداری می شوند. پرورش و تغذیه بره ها پس از شیرگیری در جایگاه و با جیره نگهداری و رشد صورت می گیرد و در سنین مختلف توزین می شوند. صفات مورد مطالعه شامل وزن تولد، وزن از شیرگیری (سه ماهگی)، وزن شش ماهگی بودند. برای تجزیه داده ها از نرم افزار DMU استفاده شد. برای تجزیه و تحلیل داده ها از مدل رگرسیون تصادفی با درجه برازش ۶ بصورت زیر استفاده شد.

$$y = xb + \sum_{j=0}^{k-1} z_{1j}a_j + \sum_{j=0}^{k-1} z_{2j}m_j + \sum_{j=0}^{k-1} z_{3j}pe_j + e$$

که در این مدل Y بردار مشاهدات وزن بدن بره ها، b بردار اثرات ثابت (نوع تولد، سال تولد، سن مادر و جنس بره)، a بردار ضرایب تصادفی ژنتیکی افزایشی، m بردار ضرایب تابعیت تصادفی ژنتیکی افزایشی مادر، pe بردار ضرایب تابعیت تصادفی محیط دائمی، e بردار اثر باقیمانده و X و Z و Z ماتریس های طرح می باشند.

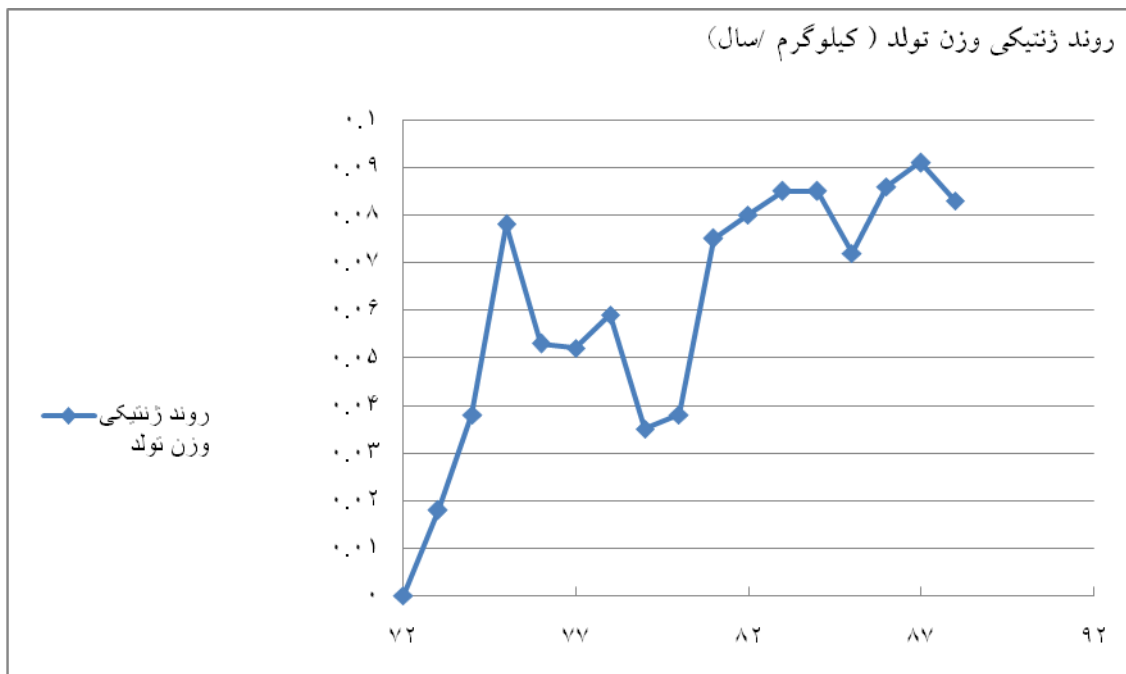
نتایج و بحث:

مقدار وراثت پذیری مستقیم برای صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن شش ماهگی به ترتیب ۷، ۳۰، ۳۳ درصد برآورد شد. برآورد مولفه های (کو)واریانس و پارامترهای حاصل از آنها برای صفات رشد نشان می دهد که مقدار وراثت پذیری مستقیم برای این صفات با افزایش سن روندی صعودی دارد بطوریکه بیشترین مقدار وراثت پذیری مستقیم برای وزن شش ماهگی و کمترین مقدار وراثت پذیری مستقیم برای وزن تولد برآورد گردید. تحقیقات نشان می دهند که برای برآورد مولفه های کواریانس برآورد شده با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی با افزایش سن، واریانس ژنتیکی افزایش یافته و در نتیجه وراثت پذیری نیز افزایش می یابد (۴). مقدار وراثت پذیری مادری برآورد شده برای صفات ذکر شده به ترتیب ۲۶، شش، ۱۳ درصد برآورد شد.

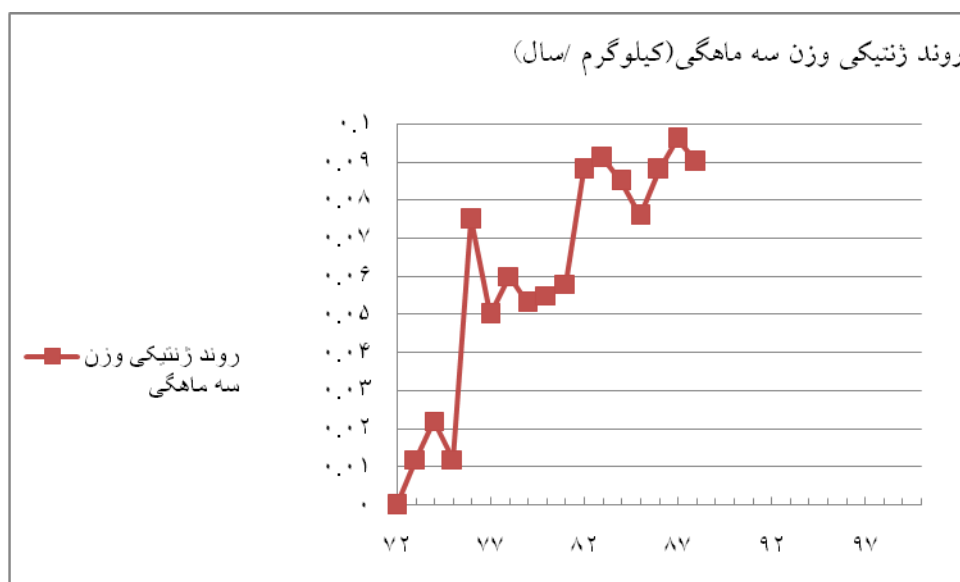
میزان روند ژنتیکی وزن تولد (نمودار ۱) و وزن سه ماهگی (نمودار ۲) به ترتیب $0.06 \pm (0.012)$ ، $0.059 \pm (0.015)$ گرم برآورد گردید. در یک تحقیق که بر روی گوسفندان نژاد بختیاری انجام گرفت روند ژنتیکی برای صفات وزن تولد، شیرگیری و ۶ ماهگی برای میش ها به ترتیب $0.14 \pm (0.04)$ ، $0.06 \pm (0.05)$ و $0.15 \pm (0.04)$ گرم در سال برآورد گردید (۳).

در تحقیقی دیگر که بر روی بزهای مرخز انجام گرفت میزان روند ژنتیکی برای صفات وزن تولد، شیرگیری و ۶ ماهگی به ترتیب $0.003 \pm (0.001)$ ، $0.04 \pm (0.015)$ و $0.045 \pm (0.015)$ کیلوگرم در سال برآورد گردید (۲).

وزن تولد تحت تاثیر اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری و کواریانس بین آنها و اثرات محیط دائمی مادر می باشد ولی با افزایش سن دام تاثیر اثرات ژنتیکی غیر مستقیم بر روی صفات رشد کاهش می یابد. نتایج تحقیقات نشان می دهد که اثرات مادری منبع تنوع قابل ملاحظه ای در صفات مربوط به رشد در ابتدای دوره زندگی محسوس می شوند. محققین مختلف گزارش نموده اند که اگر اثرات مادری وجود داشته باشد ولی در مدل لحاظ نگردد این امر منجر به برآورد بیش از حد وراثت پذیری خواهد شد بطوریکه ممکن است وراثت پذیری مستقیم بیش از دو برابر وراثت پذیری مستقیم واقعی برآورد گردد (۵). برآورد بیش از حد واقعی وراثت پذیری در ارزیابی ژنتیکی منجر به کاهش دقت انتخاب و در نتیجه ارزیابی ناصحیح دام ها خواهد شد. برآوردهای متفاوت ضرایب وراثت پذیری بدن در سنین مختلف نشان می دهد که وزن زنده در سنین پایین صفات متفاوتی از وزن زنده در سنین بالا بوده و احتمالاً برخی ژنهای کنترل کننده آنها نیز متفاوت می باشند.



نمودار ۱- روند ژنتیکی وزن تولد (کیلوگرم / سال)



نمودار ۲- روند ژنتیکی وزن تولد (کیلوگرم / سال)

منابع:

- ۱- پاکدل، ع، جمشیدی زاده، ف، میرزایی، ح. ۱۳۸۷، بررسی تاثیر اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری بر صفات مربوط به رشد در گوسفند کردی، سومین کنگره علوم دامی دانشگاه فردوسی مشهد.
 - ۲- رشیدی، ا، رمضانیان، م، واعظ ترشیزی، ر، ۱۳۸۴، برآورد روند ژنتیکی و محیطی صفات اقتصادی در بزهای مرخز، مجله علوم کشاورزی ایران (۱۱۳۰-۱۱۲۳).
 - ۳- سرگلزهی، م، ادریس، م، ۱۳۸۳، تخمین روند فنوتیپی و محیطی برخی صفات مربوط به رشد در گوسفند بختیاری، مجله علوم و فنون کشاورزی (۱۲۵-۱۳۴).
- ۴- Clement, V, Bibe B, Verrier E, Elseb JM, Maneredi E, Bouix J, Hanocq E. 2001. Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure on the estimation of genetic parameters for traits with direct and maternal effects. *Genet Sel Evol*. 2001 33(4):369-395.
- ۵- Lewis RM, and Brother Stone S (2002) A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. *Anim. Sci.* 74:60-70.

Genetic parameters estimation for traits of body weight in kordi sheep

Abstract:

In research were used 21500 test day records of 5350 lambs of kordi breed from 1991 -2009 by kordi sheep breeding station in hosein abad, shirvan. Traits considered were birth weight, weaning weight, body weight at 6 month of age. Data were analyzed by random regression model. Estimates of direct and maternal heritability's were 0.07, 0.30, 0.33 and 0.26, 0.06, 0.13 for above traits respectively. The estimates of genetic trend were $0.06 \pm (0.012)$, $0.059 \pm (0.015)$ and $0.61 \pm (0.022)$ respectively.

Key words:

Body weight, Genetic trend, Heritability, Kordi sheep, Random regression.

بررسی چند شکلی ژن FecB در جمعیت گوسفندان نژاد مغانی با استفاده از تکنیک PCR-RFLP

ناصرروشنی علی بنه سی^{۱*}، محمدتقی بیگی نصیری^۲، جمال فیاضی^۲، هدایت الله روشنفکر^۲

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، ۲- اعضاء هیئت علمی دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان

Email: n.roshni@gmail.com

چکیده

ژن عمده (FecB) یک ژن اتوزومال است که نرخ تخمک ریزی و میزان زایش در گوسفند را افزایش می دهد. عملکرد باروری بالا میش های بورولا ناشی از حضور آلل FecB^B در لوکوس FecB است که اخیرا به عنوان جانشینی تک اسید آمینه (Q249R) پروتئین مورفوژنیک استخوان (BMP) نوع گیرنده IB شناسایی شده، که با زودرسی بالای سلول گرانولوزا تخمدان در ارتباط است. به منظور بررسی چند شکلی ژن FecB در گوسفند مغانی از تعداد ۱۰۰ رأس گوسفند مغانی ایستگاه اصلاح نژاد جعفرآباد مغان شمال غرب ایران خونگیری شد. پس از استخراج با استفاده از کیت استخراج استاندارد، واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) DNA جهت تکثیر قطعه ۱۹۰ جفت بازی انجام شد. الگوی بانندی پس از هضم با آنزیم محدود الاثر Ava II نشان داد که در جمعیت گوسفند مغانی مورد مطالعه جهش مسئول چندقلو زایی ژن بورولا وجود ندارد.

واژه های کلیدی: چندشکلی - ژن بورولا - PCR_RFLP - گوسفند مغانی

مقدمه

گوشت گوسفند یکی از اصلی ترین منابع پروتئین حیوانی مصرفی در ایران می باشد. به دلیل ضعف مدیریت، کافی نبودن عملکرد نژادهای گوسفند و محدودیت ظرفیت مراتع در ایران توجه به اصلاح ژنتیکی دامهای پرورشی و شناسایی پتانسیل ژنتیکی دامهای بومی و استفاده از نژادهای چندقلوزا برای تأمین نیازهای فزاینده ضروری به نظر می رسد (۲،۳). مرکز اصلی پرورش نژاد مغانی در دشت وسیع مغان واقع در شمال استان اردبیل می باشد. سیستم پرورشی معمولاً به صورت ییلاق و قشلاق می باشد (۵). علم ژنتیک مولکولی به جای مشاهده فنوتیپی مستقیماً ژنوتیپ را آنالیز می کند و می تواند ژنهایی که دارای اثرات زیاد بر روی صفت مورد نظر هستند را شناسایی و چگونگی تغییرات آنها را در سطح مولکولی بررسی کنند (۴). برخی از صفات مطلوب و نامطلوب در دامها وجود دارند که در صورت اطلاع به موقع از آنها، باید راهبردی خاصی در دامپروری اعمال نمود. بسیاری از این صفات جزو صفات کمی بوده و با استفاده از QTL (لوکوس های تعیین کننده صفات کمی) قابل شناسایی هستند. ژنهای موثر بر دوقلو زایی جزئی از این ژن ها می باشند. با استفاده از فن مذکور می توان در بدو تولد تشخیص داد که یک دام دوقلو زاست یا خیر. در صورت اطلاع از وجود ژن مذکور، می توان از دامهای دوقلو ز در ازدیاد نسل و از سایر دامها در تولید فرآورده های دیگر استفاده کرد (۱). در سال های اخیر، بیشتر جنبه های ژن FecB، شامل اندوکراین لوژی تولید مثلی (۱۷) توسعه تخمدانی (۶)، میزان زایش، توسعه ارگان و توده بدن (۱۸) مطالعه شده است، این ژن یک اثر افزایشی روی میزان زایش و نرخ تخمک ریزی داشته ولی اثر منفی روی توسعه و رشد جنین و توده بدنی در زمان آبستنی دارد (۱۱). اخیراً دیویس (۲۰۰۴) گزارش کرد که یک کپی از ژن FecB میزان تخمک ریزی را در مریوس بورولا به میزان ۱/۵ و دو کپی به میزان ۳ افزایش می دهد. این افزایش میزان تخمک ریزی به نوبه خود میزان زایش را به ترتیب ۱ و ۱/۵ افزایش می دهد (۷). باروری بالا در گوسفند بورولا ناشی از یک جهش غیر

محافظه کارانه (Q249R) در حوزه کیناز داخل سلولی پروتئین مورفوژنیک استخوان IB (BMPR_IB) است که در تخمدان سلولهای گرانولوزا بیان می شود (۱۶،۱۹).

مواد و روش ها

برای انجام این تحقیق ایستگاه تحقیقاتی جعفرآباد مغان که دارای ۱۰۰۰ رأس گوسفند می باشد مدنظر بود. نمونه گیری خون به صورت تصادفی وبا استفاده از لوله ونوجکت حاوی EDTA از تعداد ۱۰۰ رأس گوسفند نژاد مغانی (۸۵ رأس میش و ۱۵ رأس قوچ) به عمل آمد و سپس نمونه های خون را درون فلاسک حاوی یخ قرار داده شد و به آزمایشگاه مرکزی دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان انتقال گردید. درآزمایشگاه پس از استخراج DNA با استفاده از کیت دیاتوم از خون کامل، DNA جمع آوری گشته و به فریزر منتقل گردید. جهت تکثیر قطعه مورد نظر از واکنش زنجیره ای پلیمرز و با استفاده از یک جفت آغازگر پیشنهادی دیویس وهمکاران مطابق جدول ۱ استفاده شد (۸). توالی آغازگر ها عبارت بودند از:

جدول (۱) پرایمر مورد استفاده

FecB-R	(5'-CAAGATGTTTTCATGCCTCATGAACACGGTC-3')
FecB- F	(5'-CCAGAGGACAATAGCAAAGCAAA-3')

جدول اجزاء واکنش PCR

اجزاء واکنش	غلظت موجود (استوک)	غلظت مورد نیاز
DNA	-	1µl
PCR buffer	10X	2.5 µl
Mgcl2	50 mM/µl	0.75µl
dNTPs	25 mM/µl	0.5µl
Primer(Forward)	100 pmol/µl	2µl or 10pm
Primer(Reverse)	100 pmol/µl	2µl or 10pm
Tag DNA polymerase	5 unit/µ	1 unit/µl
ddH2O	-	-

پس از مرحله واسرشتی اولیه به مدت پنج دقیقه در دمای ۹۵ درجه سانتی گراد، ۳۵ چرخه و هر چرخه شامل ۳۰ ثانیه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد، ۳۰ ثانیه در دمای ۶۰ درجه سانتی گراد؛ ۳۰ ثانیه در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد انجام شد چرخه آخر، بسط نهایی واکنش به مدت ۵ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد ادامه یافت.

پس از انجام واکنش های تکثیر صحت قطعه تکثیر شده توسط الکتروفورز ژل آگاروز ۱/۲ درصد تأیید گردید. جهت تشخیص جهش در ژن FecB، قطعات تکثیر یافته با استفاده از آنزیم Ava II برش داده شد. این آنزیم در آلل وحشی دارای جایگاه برشی نمی باشد ولی در آلل جهش یافته قادر به شناسایی و برش در جایگاه G/GACC می باشد و قطعه ۱۹۰ جفت بازی -BMPR

IB را به ۲ قطعه ۳۰ و ۱۶۰ جفت بازی برش می‌دهد. واکنش به مدت ۱۶ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتیگراد انجام شد. مقدار ۱۰ میکرولیتر محصول پی‌سی‌آر ۱ میکرولیتر بافر ۱۰X، واحد آنزیم برشی و ۱۸ میکرولیتر آب در حجم نهایی ۳۰ میکرولیتر واکنشگرهای واکنش را تشکیل دادند، پس از هضم آنزیمی محصولات هضم با استفاده از الکتروفورز ژل آگاروز ۳ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید شناسایی شدند. از همه ژل‌های الکتروفورز عکس‌برداری به عمل آمد و باندهای مشاهده شده براساس اندازه آنها بررسی و ثبت گردید.

نتایج

دردهه گذشته مطالعه بر روی ژن‌های موثر بر روی افزایش باروری به طور قابل توجهی افزایش یافته است. تاکنون ژن بورولا در مریوس بورولا، گارول، جاوانز، هووهان تثبیت شده است (۹، ۱۴، ۱۵). نتایج یافت شده در این پژوهش با بررسی‌های که کسیریان و همکاران (۲۰۰۹) بر روی نژاد سنکسری ایران، گورسل و همکاران (۲۰۱۱) بر روی چهار نژاد بومی ترکیه (ساکز، کیورجیک، آواسی و امروز)، دیویس و همکاران (۲۰۰۲ و ۲۰۰۶) و ویلسون و همکاران (۲۰۰۱) بر روی سه نژاد مدرس رد، دگانی و بونورانجام داده بودند که هیچ یک از نژادهای مذکور جهش *FecB* را نشان ندادند، مطابقت داشت (۹، ۱۹، ۱۰، ۱۲، ۱۳). این نتایج نشان می‌دهد که جهش انتقالی $A \rightarrow G$ در موقعیت ۷۴۶ ژن *BMPR1B* باعث جایگزینی اسید آمین گلوتامین با آرژنین ($CAG \rightarrow CGG$) در جمعیت مطالعه شده گوسفندمانی وجود ندارد.

منابع

۱. الیاسی زرین قبایی ق.، پیرایی ن و پیراهری ا. ۱۳۸۷. بیوتکنولوژی و نشانگرهای DNA در علوم دامی. اولین همایش فناوریهای نوین در کشاورزی و منابع طبیعی. ۱۵-۱۴ اسفند ماه، دانشگاه آزاد اسلامی واحد رشت.
۲. جلالی زنور م ج. ۱۳۸۲. اصول نوین پرورش گوسفند. چاپ اول، نشر پرتو، تهران.
۳. خالداری م. ۱۳۸۴. اصول پرورش گوسفند و بز. چاپ دوم، انتشارات جهاد دانشگاهی، تهران
۴. رضایی ه. ۱۳۸۰. انتخاب به کمک نشانگرهای ژنتیکی در اصلاح نژاد دام. پایان نامه کارشناسی ارشد علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گیلان، ص ۶۰.
۵. مناف حسینی ع. ۱۳۸۳. پرورش گوسفند. چاپ اول، انتشارات کیمیا گستر، تبریز.
- ۶.
7. Cognie, Y., Benoit, F., Poulin, N., Khatir, H., Driancourt, M.A., 1998. Effect of follicle size and of the *FecB* Booroola gene on oocyte function in sheep. *J. Reprod. Fertil.* 2, 379-386.
8. Davis, G.H., 2004. Fecundity genes in sheep. *Anim. Reprod. Sci.*, 82-83: 247-253.
9. Davis, G.H., Montgomery G.W., Alison, R.W., Kelly, A.R., Bray, 1982. Effect of follicle size and of the *FecB* Booroola gene on oocyte function in sheep. *Journal of Reproduction and Fertility*. 112:379-386.
10. Davis G.H, Balakrishnan L, Ross IK, Wilson T, Galloway SM, Lumsden JM, Hanrahan JP, Mullen M, Mao XZ, Wang GL, Zhao ZS, Zeng YQ, Robinson JJ, Mayrognis AP, Papachristoforou C, Peter C, Baumung R, Cardyn P, Boujenane I, Cockett NE, Eythorsdottir E, Arranz JJ, Noter DR (2006): Investigation of the Booroola (*FecB*) and

- Inverdale (FecXI) mutation in 21 prolific breeds and strains of sheep sampled in 13 countries. *Animal. Reprod. Sci.*, 92: 7-96.
11. Davis, G.H., S.M. Galloway, I.K. Ross, S.M. Gergan, J. Ward, B.V. Nimbkar, P.M. Ghalsasi, C. Nimbkar, G.D. Gray, I. Inounu, B. Tiesnsuriti, J.P. Hanrahan and T. Wilson, 2002. DND Tests in Prolific Sheep from 8 Countries Provide new evidence on origin of the booroola (FecB) Mutation. *Biol. Reprod.*, 66: 1869-1874.
 12. Feng Guan, Shou-Ren Liu, Guo-Qing Shi, Li-Guo Yang. Polymorphism of FecB gene in nine sheep breeds or strains and its effects on litter size, lamb growth and development. Feng Guan, Shou-Ren Liu, Guo-Qing Shi, Li-Guo Yang. *Animal Reproduction Science* 99(2007) 44-52.
 13. Gürsel, F.E., Akiş, I. Mengi, A. Öztürk, K. 2011. Determination of BMP-15, BMPR-1B and GDF-9 Gene Mutations of the Indigenous Sheep Breeds in Turkey. *Kafkas Univ Vet Fak Derg.* 17 (5): 725-729.
 14. Kasariyan MM, Hafezeyan H, Sayahzadeh H, Jamshidi R, Asghari SR, Irajeyan GH, Buesagh H (2009): Genetic Polymorphism FecB and BMP15 Genes and Its Association with Litter Size in Sangsari Sheep Breed of Iran. *Journal of Animal Veterinary Advances*, 8 (5) 1025-1031.
 15. Kumar, S., Kolte, A. P., Mishra, A. K., Arora, A. L., Singh, V. K. 2006. Identification of the FecB mutation in Garole×Malpura sheep and its effect on litter size. *Small Ruminant Research* 64, 305-310.
 16. Kumar S, Mishra AK, Kolte AP, Dash SK, Karim SA (2008): Screening for Booroola(FecB) and Galway (FecXG) mutations in Indian sheep. *Small Ruminant Research*, 80: 57-61.
 17. Mulsant, P., F. Lecerf, S. Fabre, L. Schibler, P. Monget, I. Laneluc, C. Pisselet, J. Riquet, D. Monniaux, I. Callebaut, E. Cribiu, J. Thimonier, J. Teyssier, L. Bodin, Y. Cognie, N. Chitour and J.M. Elsen, 2001. Mutation in the bone morphogenetic protein receptor-IB is associated with increased ovulation rate in Booroola ewes. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 98: 5104-5109
 18. Smith, P., O, W.S., Hudson, N.L., Shaw, L., Heath, D.A., Condell, L., Phillips, D.J., McNatty, K.P., 1993. Effects of the Booroola gene (FecB) on body weight, ovarian development and hormone concentrations during fetal life. *J. Reprod. Fertil.* 1, 41-54.
 19. Smith, P., Hudson, N.L., Corrigan, K.A., Shaw, L., Smith, T., Phillips, D.J., McNatty, K.P.J., 1996. Effects of the Booroola gene (FecB(B)) on body mass, testis development and hormone concentrations during fetal life. *Reprod. Fertil.* 2, 253-261.
 20. Wilson, X.Y.W., J.L. Juengel, I.K. Ross, J.M. Lumsden, E.A. Lord, K.G. Dodds, G.A. Walling, J.C. McEwan, A.R. O'Connell, K.P. McNatty and G.W. Montgomery, 2001. Highly prolific Booroola sheep have a mutation in the intracellular kinase domain of bone morphogenetic protein IB receptor (ALK-6) that is expressed in both oocytes and granulosa cells. *Biol. Reprod.*, 64: 1225-1235.

The investigation of FecB gene polymorphism in Moghani sheep using PCR- RFLP method
N. Roshani ali binasi^{1*}, M. T. Beigi Nasiri², J. Fayazi³, H. A Roshanfekar⁴

Department of Animal Sciences, Ramin Agricultural and Natural Resources University,
Mollasani, Khuzestan, Iran
Email: n.roshni@gmail.com

Abstract

Booroola is an autosomal mutation identified on the basis of segregational studies on litter size and ovulation rate. recently identified as a single amino acid substitution (Q249R) in the bone morphogenetic protein (BMP) type-IB receptor (BMPRII), and is associated with a more precocious differentiation of ovarian granulosa cells (GCs). The present study describes polymorphism of FecB gene in Moghani sheep in order to characterize polymorphism. Blood samples were collected from 100 animals of Moghani sheep breed in the Jafarabad breeding station, north-east of Iran. Forced PCR of the FecB gene 190 base pair (bp) was amplified using specific primer designed to introduce a point mutation in the resulting PCR products with FecB carrier sheep containing an *Ava*I restriction site (G|GACC), whereas products from noncarriers lacked (of) this site. All samples showed wild allele and FecB⁺⁺ genotype.

Keywords: Polymorphism - FecB gene - Forced PCR_RFLP - Moghani Sheep

برآورد اجزاء (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی و محیطی نرخ زایش در گوسفندان نژاد مغانی
ناصرروشنی علی بنه سی^{۱*}، محمدتقی بیگی نصیری^۲، جمال فیاضی^۳، آذر راشدی^۴، سجاد فاطمی سید بگلو^۵
۱، ۵- دانشجوی کارشناسی ارشد، ۲، ۳- اعضای هیئت علمی دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان

Email: n.roshni@gmail.com

چکیده

برای انجام این تحقیق از تعداد ۷۱۲۱ رکورد نرخ زایش گوسفند مغانی که طی سالهای ۱۳۷۱ تا ۱۳۸۹ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند مغانی واقع در شهرستان جعفرآباد مغان جمع‌آوری شده بود استفاده شد. عوامل موثر بر صفات به کمک مدل های خطی تعمیم یافته و با استفاده از رویه GLM نرم افزار SAS تعیین شدند. عوامل محیطی سال تولد، فصل تولد و سن مادر هنگام زایش بر صفت نرخ زایش معنی‌دار بودند. مولفه‌های (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی توسط روش نرم افزار Wombat براساس مدل دام یک متغیره مورد آنالیز قرار گرفت. شش مدل دام مختلف برای این صفات مورد استفاده قرار گرفت. براساس آزمون لگاریتم درست نمایی مناسب ترین مدل به دست آمده برای صفت مربوطه مدل (۶) بود. وراثت پذیری مستقیم مادری و نرخ تولید مثل براساس مناسب ترین مدل به دست آمده به ترتیب برابر 0.03 ± 0.04 و 0.04 ± 0.03 برآورد گردید. بر اساس نتایج به دست آمده، واریانس ژنتیکی افزایشی برابر با 0.001 و واریانس محیطی دائمی برابر با 0.002 و واریانس محیطی موقت برابر با 0.025 بود.

واژه‌های کلیدی: پارامتر ژنتیکی - گوسفند مغانی - صفت نرخ زایش

مقدمه

دو روش عمده برای بهبود بازده تولیدمثل شامل بهبود شرایط محیطی (مدیریت و تغذیه) و بهبود وضعیت ژنتیکی دام می‌باشد. استفاده از تغییرات ژنتیکی و اصلاح نژاد به سه طریق انتخاب در داخل نژاد، آمیخته‌گری بین نژادها و ایجاد یک نژاد ترکیبی با استفاده از ژن‌های عمده که در برخی نژادها تأثیر عمده‌ای بر صفات تولیدمثل دارند، میسر است (۴). امکان بهبود ژنتیکی صفات به وسیله انتخاب بهترین حیوانات به عنوان والدین نسل آینده، خود مستلزم شناخت پارامترهای ژنتیکی صفات مورد نظر می باشد. لذا تعیین صحیح پارامترهای ژنتیکی نه فقط برای حفظ نژادهای بومی، بلکه برای تعیین اهداف و طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی، درک بهتر مکانیسم ژنتیکی صفات، پیش بینی ارزش اصلاحی و پیش بینی پاسخ مورد نظر از برنامه های انتخاب، ضروری است. صفات تولیدمثلی مهمترین صفات مؤثر بر سودآوری در پرورش گوسفند می باشند (۷). متوسط میزان بهره گیری در گوسفندان ایرانی حدود ۷۰ درصد است. همچنین هزینه تغذیه سالیانه یک میش و بره آن در مدت تغذیه دستی حدود ۳۰-۲۰ درصد قیمت فروش بره است. بنابراین ملاحظه می‌شود درآمد حاصل از پرورش گوسفند ناکافی بوده و رضایت دامدار از فعالیت خود حاصل نمی شود. این عدم رضایت درحالی است که تخریب مراتع به علت تراکم بیش از حد دام ها در واحد سطح محسوس می باشد. بنابراین افزایش بهره‌گیری در مناطقی که از لحاظ منابع خوراک محدودیت ندارند، هدف اصلی پرورش گوسفند و یک موضوع قابل بررسی است (۱).

مرکز اصلی پرورش گوسفندان نژاد مغانی در دشت وسیع مغان واقع در شمال استان اردبیل می باشد که ییلاق این گوسفند را مراتع خوب و سرسبز کوه سبلان تشکیل می دهد. پرورش به طور ییلاقی و قشلاقی سبب گردیده است که آنها در تمام ایام سال در آب و هوایی نسبتاً معتدل و اندکی سرد بین ۱۵ تا ۳۰ درجه زندگی کنند. جفت گیری معمولاً در ییلاق صورت می گیرد به طوری که گله هایی که به ییلاق می روند، اغلب قوچ نیز همراه دارند که در داخل گله به طور آزاد زندگی می کنند و به این ترتیب جفت گیری آزاد در تابستان انجام می گیرد. استعداد قابل ملاحظه این گوسفند برای تولید گوشت باعث شده است که ۲۰ الی ۳۵ درصد گوشت مصرفی کشور را تامین نماید. (۲). الگوی فعالیت تولید مثلی نشخوارکنندگان کوچک با تغییرات فصلی در منطقه بومی که ساکن هستند شکل می گیرد (۵). بیشترین درآمد حاصل از پرورش گوسفند از طریق تولید بره می باشد؛ کنترل راندمان تولید بره توسط توان تولید مثلی، قابلیت مادری و تولید شیر میش به اندازه سرعت رشد و بقاء بره می باشد (۹). از آنجایی که صفات تولید مثلی تحت تاثیر عوامل غیر ژنتیکی می باشند؛ بنابراین با شناسایی این عوامل و کنترل آنها می توان توان تولید و تولید مثلی حیوان را افزایش داد.

هانفورد و همکاران در بررسی تغییرات ژنتیکی صفات تولید مثلی، خصوصیات پشم کله هائی از نژادهای کلمبیا و تارگی، در خلال یک دوره ۴۹ ساله که در معرض معیارهای انتخاب مختلف ولی مرتبط با صفت افزایش وزن شیرگیری قرار داشتند میانگین ارزش اصلاحی صفت تعداد بره متولد شد در زایمان میش را به ترتیب ۰/۴ و ۰/۶ گزارش کردند (۶). در دو گزارش جداگانه میانگین وزنی ضریب وراثت پذیری تعداد بره متولد شده در زایش میش ۰/۸ و ۰/۱۰ گزارش شده است. (۴ و ۸)

مواد و روش ها

این پژوهش با استفاده از اطلاعات شجره ای و رکوردهای تولید مثلی جمع آوری شده در طی سال های ۱۳۷۱ تا ۱۳۸۹ در ایستگاه پرورش اصلاح نژاد گوسفند مغانی واقع در جعفرآباد مغان انجام شد. اطلاعات شامل شماره حیوان، پدر و مادر، سال تولد، فصل تولد و سن مادر هنگام زایش بود. همچنین رکوردهای مربوط به صفت نرخ زایش نیز شامل می شد. صفت مورد مطالعه نرخ زایش بود. ابتدا اثرات عوامل محیطی با روش حداقل مربعات و با استفاده از رویه GLM برنامه آماری SAS تجزیه و تحلیل شدند، اثرات ثابت مورد مطالعه شامل اثر سال تولد، فصل تولد، سن مادر هنگام زایش بود که معنی دار بودند.

به منظور آنالیز مشاهدات به صورت تک متغیره از مدل های حیوانی زیر استفاده شد.

$Y = Xb + Z_1a + e$	(مدل ۱)
$Y = Xb + Z_1a + Z_2c + e$	(مدل ۲)
$Y = Xb + Z_1a + Z_3m + e$	$Cov(a, m) = 0$ (مدل ۳)
$Y = Xb + Z_1a + Z_3m + e$	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$ (مدل ۴)
$Y = Xb + Z_1a + Z_2c + Z_3m + e$	$Cov(a, m) = 0$ (مدل ۵)
$Y = Xb + Z_1a + Z_2c + Z_3m + e$	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$ (مدل ۶)

در معادله فوق Y بردار مشاهدات، b بردار اثرات ثابت (سال تولد، فصل تولد، سن مادر هنگام زایش) a بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، m بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری و c بردار اثرات محیطی دائمی می باشد. Z_3, Z_2, Z_1, X ماتریس های

ضرایب (۱ و ۰) هستند که به ترتیب رابطه عناصر m, a, b و c را به عناصر y نشان داده و e نیز بردار اثرات ثابت باقیمانده است. مؤلفه های واریانس-کوواریانس و پارامترهای ژنتیکی براساس مدل حیوان تک متغیره با نرم افزار *wombat* برآورد شدند

نتایج و بحث

اثرات محیطی

میانگین های حداقل مربعات و خطای استاندارد برای صفت مورد بررسی در جدول ۱ نشان داده شده است. اثرات محیطی سال تولد، فصل تولد و سن مادر هنگام زایش بر صفت نرخ زایش معنی دار بودند ($P < 0.01$). به طور کلی اثر سال از طریق تفاوت در میزان بارندگی، رطوبت، و دمای محیط که کمیت و کیفیت مراتع را تحت تأثیر قرار می دهند. در گوسفند با افزایش سن، متوسط زایش نیز افزایش یافته است بطوری که میش های سنین ۴ و بالاتر نسبت به سنین پایین تر متوسط زایش بیشتری داشته اند، بهبود این پارامتر با افزایش سن را می توان در اثر کامل شدن بلوغ و دستیابی به حداکثر ظرفیت ژنتیکی و جثه ای مادر دانست (۳).

جدول ۱- میانگین حداقل مربعات و خطای معیار نرخ زایش در گوسفندان مغانی

اثر	اطلاعات	اثر	اطلاعات
میانگین کل	۱/۳۹	سن مادر هنگام	**
سال تولد	**	زایش	۱/۲۲
فصل تولد	**	۲	۱/۳۲
		۳	۱/۴۶
۱	۱/۵۱	۴	۱/۵۰
۲	۱/۳۸	۵	۱/۵۱
۳	۱/۳۶	۶	۱/۴۲
۴		۷	
R^2	۰/۲۴	%CV	۳۶,۴۷

نشان دهنده معنی داری در سطح ۰/۰۱

اثرات ژنتیکی

نتایج برآورد مؤلفه های (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی و محیطی (واریانس ژنتیکی، محیطی، فنوتیپی، وراثت پذیری مستقیم (h^2a) وراثت پذیری مادری (h^2m) نسبت واریانس محیط دائمی مادری به واریانس فنوتیپی (c^2) و همبستگی بین اثر ژنتیک افزایشی مستقیم و مادری (r_{am}) برای صفت مورد نظر در جدول ۱ ارائه شده است. براساس آزمون لگاریتم درست نمایی مناسبترین مدل به دست آمده برای صفت مربوطه مدل ۶ بود. وراثت پذیری مستقیم مادری و نرخ تولید مثل براساس مناسب ترین

مدل به دست آمده به ترتیب برابر 0.04 ± 0.03 و 0.04 ± 0.03 برآورد گردید. دلیل پایین بودن توارث پذیری نرخ زایش، تاثیر ژنهای زیاد بر روی صفت مزبور می باشد. بر اساس نتایج به دست آمده، واریانس ژنتیکی افزایشی برابر با 0.01 و واریانس محیطی دائمی برابر با 0.02 و واریانس محیطی موقت برابر با 0.25 بود.

جدول ۱ برآورد اجزاء (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفت نرخ تولید مثل با استفاده از نرم افزار Wombat

اجزاء /						
مدل	مدل ۱	مدل ۲	مدل ۳	مدل ۴	مدل ۵	مدل ۶
σ_a^2	0.000122	0.00049	0.00051	0.0087	0.00049	0.00104
σ_m^2	---	---	0.0018	0.00058	0.00027	0.00079
σ_{pe}^2	---	0.0029	---	---	0.0029	0.0029
σ_e^2	0.025	0.0224	0.0236	0.0309	0.0225	0.0221
σ_p^2	0.0259	0.0259	0.026	0.0389	0.0259	0.0259
	0.047 ± 0.01	0.019 ± 0.01		0.022 ± 0.01	0.019 ± 0.01	
h_a^2	0.28	0.24	0.02 ± 0.025	0.8	0.2	0.04 ± 0.03
			0.071 ± 0.01	0.015 ± 0.01	0.001 ± 0.01	
h_m^2	---	---	0.23	0.3	0.3	0.03 ± 0.04
σ_{am}	---	---	---	-0.0013	---	-0.0009
r_{am}	---	---	---	-0.573	---	-0.996
		0.115 ± 0.01			0.114 ± 0.01	0.111 ± 0.01
c^2	---	0.26	---	---	0.4	0.4
Log L	$3511/810$	$3521/295$	$3516/586$	$3419/991$	$3221/295$	$3522/319$

σ_a^2 : واریانس ژنتیکی افزایشی دام، σ_m^2 : واریانس ژنتیکی افزایشی مادر، σ_e^2 : واریانس باقیمانده، σ_{pe}^2 : واریانس محیطی دائمی مادری، σ_p^2 : واریانس فنوتیپی، h_a^2 : وراثت پذیری مستقیم دام، h_m^2 : وراثت پذیری مستقیم مادری، c^2 : نسبتی از واریانس فنوتیپی که ناشی از محیط دائمی مادر است، σ_{am} : کواریانس ژنتیکی مستقیم و مادری، r_{am} : همبستگی ژنتیکی مستقیم و مادری، Log L: تابع درست نمایی

منابع:

۱. جلالی زنور م ج. ۱۳۸۲. اصول نوین پرورش گوسفند. چاپ اول، نشر پرتو، تهران.
۲. مناف حسینی ع. ۱۳۸۳. پرورش گوسفند. چاپ اول، انتشارات کیمیا گستر، تبریز.
3. FAO, 2002. Goat Population. Food and Agricultural Organization of the United Nations, Regional Office for Asia and the Pacific, <http://www.fao.org/documents>

4. Fogarty, N.M. (1995) "Genetic parameters for liveweight, fat and muscle measurement, wool production and reproduction in sheep: A review". *Anim. Bre Abst.* 63:101-143.
5. Gundogan, M. 2006. Some reproductive parameters and seminal plasma constituents in relation to season in Akkaraman and Awassi rams. *Turk. J. V. Anim. Sci.* 30: 95-100.
6. Hanford, K. J., L. D. Van Vleck. and G. D. Snowder. 2002. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Columbia sheep. *J. Anim. Sci.* 80: 3086-3098
7. Matos, C.A., Thomas, D.L., Gianola, D. and Tempelman, R.J. (1997) "Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: I. Estimation of genetic parameters". *J. Anim. Sci.* 75:76-87
8. Safari, E., N. M. Fogarty. and A. R. Gilmour. 2005. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Live. Prod. Sci.* 92: 271-289.
9. Snyman, M. A. J.J. Olivier, G.J. Erasmus and J.B. Van Wyk. 1997. Genetic parameter estimates for total weight of lamb weaned in Afrino and Merino sheep. *Livest. Prod. Sci.* 48: 111-116

Estimation of (CO) Variance Components and Genetic Parameters of litter size Trait in Moghani sheep

N. Roshani ali binasi^{1*}, M. T. Beigi Nasiri², J. Fayazi³, A. Rashedi⁴ and S. Fatemei seyed baglu⁵

Department of Animal Sciences, Ramin Agricultural and Natural Resources University, Mollasani, Khuzestan, Iran

Email: n.roshni@gmail.com

Abstract

The present study, lambing rate trait (co) variance components and genetic parameters were estimated in Moghani sheep using 7121 records of lambing rate trait, which The data was collected in the Jafarabad breeding station, north-east of Iran, during a 18-year period (1992–2010). The SAS and GLM proc statistical software were used to determine the effect of environmental factors, the Wombat software was employed to estimate genetic parameters. Environmental factors, birth year, birth season, and the age of mother are the significant parameters of the traits. using the best models, the lambing rate trait and maternal heritability estimated respectively 0.03 ± 0.04 and 0.04 ± 0.03 . The results obtained in the present study showed that Additive variance genetic for lambing rate is 0.001 and permanent environment variance and temporary environment variance respectively are 0.002 and 0.025.

Keywords: Genetic parameters– Moghani sheep - lambing rate trait

بررسی عوامل موثر بر روی روزهای باز در گاوهای هلشتاین استان اصفهان

^۱، احمد آیت اللهی^{۲*} مژده محمودی

^۱عضو انجمن پژوهشگران جوان و دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام، دانشگاه شهید باهنر کرمان

^۲استادیار دانشگاه شهید باهنر کرمان

Mozhdeh3940@gmail.com نویسنده مسئول: مژده محمودی، *

چکیده

برای تعیین عوامل موثر بر روی روزهای باز گاوهای هلشتاین استان اصفهان از رکوردهای مربوط به ۴۵۳۰۶ حیوان از ۸۴ گله برای صفات تولیدمثلی استفاده شد. رکوردها توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور طی سالهای ۱۳۸۰ تا ۱۳۹۰ جمع آوری شده بودند. در این تحقیق از مدل تکرارپذیر برای آنالیز داده ها استفاده شد. اثر دفعات دوشش، دوره شیردهی، فصل بر روزهای باز معنی دار بود ($P < 0.01$). نتایج این تحقیق نشان می دهد بیشترین و کمترین تعداد روزهای باز به ترتیب مربوط به زایش های فصل بهار و پاییز بود. با افزایش دفعات دوشش از ۳ بار به ۴ بار در روز عملکرد تولیدمثلی کاهش می یابد. واژگان کلیدی: روزهای باز- دفعات دوشش- گاو هلشتاین- استان اصفهان

مقدمه

هزینه های تولید شیر در طول دهه اخیر به طور چشمگیری افزایش پیدا کرده و تولیدکنندگان شیر مجبور به جستجوی روشهایی برای افزایش درآمد خالصشان هستند. روشهایی که بیشتر برای افزایش درآمد استفاده می شود، افزایش اندازه گله یا افزایش تولید با افزایش مصرف کنسانتره است که این روش اخیر معمولاً اما نه همیشه با افزایش هزینه غذا همراه است. روش دیگر برای افزایش تولید افزایش تعداد دفعات دوشش است. گزارش هایی وجود دارد که نشان می دهند دوشیدن گاوها روزی ۳ بار ($3x$) نسبت به ۲ بار ($2x$) تولید شیر را ۳ تا ۲۶٪ افزایش می دهد و گزارش هایی نیز نشان می دهند که ۳ بار دوشش حتی ممکن است تولید را از ۶ تا ۳۹٪ افزایش دهد (۴). تکرار دوشش (۳ یا بیشتر در روز) به عنوان یک ابزار مدیریتی موثر گاودارها، برای افزایش بازده تولید شیر گاوهای شیری استفاده می شود. تولید شیر به ازای هر گاو به خاطر ترکیبی از بهبود مدیریت، تغذیه بهتر و شدت انتخاب ژنتیکی به طور پیوسته افزایش یافته است. اما معطوف شدن به سوی گاوهایی با تولید بیشتر و اندازه گله های بزرگتر، کاهش باروری و بازدهی تولیدمثلی را به دنبال داشته است و این یک چالش است که بدون شک روی بازده آینده صنعت شیری اثر می گذارد. تولید مثل یکی از عوامل اساسی و عمده در میزان تولید محصول همه حیوانات اهلی است. به طوری که یکی از علل حذف عمده ی گاوها در شکم های اول و دوم باروری ضعیف، افزایش روزهای باز و کاهش نرخ آبستنی می باشد (۱). هدف از این تحقیق بررسی اثر عوامل موثر بر تعداد روزهای باز است.

مواد و روشها

در این پژوهش از داده های جمع آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور برای گاوهای هلشتاین در ۴ دوره شیردهی شامل روزهای باز و شجره در طی سال های ۱۳۸۰ تا ۱۳۹۰ و مربوط به ۸۴ گله استفاده گردید.

مدل مورد استفاده

برای تجزیه و تحلیل از مدل تکرارپذیر استفاده شد که به صورت زیر تعریف می‌شود:

$$y = Xb + Z_1u + Z_2pe + e$$

در این مدل، y بردار مشاهدات (شامل روزهای باز)، b بردار اثرات ثابت (شامل گله-سال-فصل زایش، e سطح شکم زایش، تعداد دفعات دوشش ۳ و ۴ بار)، u بردار اثر ژنتیک افزایشی هر حیوان (تصادفی)، pe بردار اثر تصادفی کواریانس محیطی بین رکورد های تکرار شده (یا اثر محیطی پایدار) مربوط به حیوان، X ماتریس ضرایب ارتباط دهنده اثرات ثابت به بردار مشاهدات، Z_1 ماتریس ضرایب ارتباط دهنده اثر تصادفی به بردار مشاهدات، Z_2 ماتریس ضرایب ارتباط دهنده محیط دائمی به بردار مشاهدات، e بردار اثر تصادفی باقیمانده می‌باشد. برآورد مولفه های واریانس برای صفت روزهای باز با استفاده از نرم افزار ASReml31 محاسبه گردید.

نتایج و بحث

میانگین روزهای باز $118/3 \pm 64/6$ روز و ضریب تغییرات $54/6$ درصد بود.

در مطالعه‌ای که توسط بختیاری زاده و همکاران صورت گرفته است در گاوهای نژاد هلشتاین، میانگین روزهای باز برابر $133/74$ و انحراف معیار برابر $71/26$ برآورد شده است. گزنالس-رسیو و آلتدا (۲۰۰۵) میانگین روزهای باز در گاوهای اسپانیا را 117 روز گزارش نمودند. طی دو دهه اخیر تعداد روزهای باز حدود 24 روز در آمریکا افزایش یافته است. نمودار این روند در گله‌های هلشتاین در جنوب شرقی ایالات متحده نیز افزایش یافته است به طوریکه افزایش میانگین تعداد روزهای باز (بالغ بر 40 روز) در بین سالهای 1982 تا 1999 گزارش شده است (۶). امینی و همکاران (۱۳۸۷) میانگین روزهای باز را 111 روز برآورد کردند همچنین انحراف معیار را برابر با 58 گزارش نمودند. میانگین روزهای باز در این تحقیق تقریباً در دامنه اعداد محاسبه شده توسط دیگران قرار دارد.

با توجه به نتایج نشان داده شده در جدول شماره ۱، روزهای باز به طور معنی داری تحت تاثیر دفعات دوشش قرار می‌گیرد ($P < 0.01$).

جدول ۱- میانگین حداقل مربعات تعداد روزهای باز در دفعات دوشش ۳ و ۴ بار

تعداد روزهای باز	
**	
دفعات دوشش	
۳	$91/3 \pm 1/018$
۴	$95/6 \pm 1/023$

با توجه به نتایج نشان داده شده در جدول شماره ۲، تعداد روزهای باز به طور معنی داری تحت تاثیر شکم زایش قرار می‌گیرد ($P < 0.01$).

جدول ۲- میانگین حداقل مربعات تعداد روزهای باز در دوره‌های شیردهی مختلف

روزهای باز	
دوره شیردهی	**
۲	۹۱/۱±۱/۰۱۹۷
۳	۹۳/۲±۱/۰۱۹۷
۴	۹۳/۷±۱/۰۱۹۹
۵	۹۵/۷±۱/۰۲۰۲

با توجه به نتایج بدست آمده در جدول شماره ۳، تعداد روزهای باز به طور معنی داری تحت تاثیر فصل زایش قرار می‌گیرد ($P < 0.01$)

بیشترین و کمترین تعداد روزهای باز به ترتیب در فصل بهار و پاییز بود. نتیجه می‌گیریم که در فصول گرم به علت ایجاد استرس گرمایی تعداد روزهای باز افزایش می‌یابد. آل-کاتانانی و همکاران (۱۹۹۹) گزارش کردند که ناباروری در تابستان در گاو-های شیری با تولید شیر بالا بیشتر است.

جدول ۳- میانگین حداقل مربعات تعداد روزهای باز در فصل‌های مختلف

تعداد روزهای باز	
فصل	**
بهار	۱۰۲/۲±۱/۰۱۹۷
تابستان	۹۲/۹±۱/۰۱۹۹
پاییز	۸۸/۳±۱/۰۱۹۹
زمستان	۹۰/۸±۱/۰۱۹۷

منابع

۱. امینی، س. پاکدل، ع. ۱۳۸۷. بررسی صفات تولیدی و تولید مثلی گاوهای هلشتاین ایران و مقایسه آنها با دامهای پرتولید. نخستین همایش ملی صنعت دام و طیور. گرگان.
۲. بختیاری‌زاده، م. مرادی شهربابک، م. پاکدل، ع. مقیمی، ا. ۱۳۸۸. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تیپ، تولید شیر و روزهای باز در گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران. ۴: ۱۹-۱۳.
3. Al-Katanani, Y. M., D. W. Webb, and P. J. Hansen. 1999. Factors affecting seasonal variation in 90-day nonreturn rate to first service in lactating Holstein cows in a hot climate. J. Dairy Sci. 82:2611-2616.

4. Amos, H. E., T. Kiser, and M. Lowenstein. 1985. Influence of milking frequency on productive and reproductive efficiencies of dairy cows. J Dairy Sci 68:732.
5. Gonzalez-Recio O, A. R. 2005. Genetic parameters for female fertility traits and a fertility index in Spanish dairy cattle. J Dairy Sci 88:3282–3289.
6. Weigel, K. A., and Rekaya. 2000. Genetic parameters for reproductive traits of Holstein cattle in California and Minnesota. J.Dairy Sci.83:1071-1080.

Study of Effective Factors on Open Days of Holstein Cows in Isfahan Province

Mahmoudi M.^{1*}, Ayatollahi A.²

¹Member of Young Researchers Society,

MSc. Student of Animal genetic and breeding, Shahid Bahonar University of Kerman

²Assistant professor of Shahid Bahonar University of Kerman

* Corresponding E-mail address: mozhdeh3940@gmail.com

Abstract

This study was carried out to determine the factors affecting open days of cows in Isfahan Province, using records of 45,306 Cows from 84 herds for reproductive traits. The records were collected by the Animal Breeding Center of Iran, during 2001 to 2011. Univariate animal model was used for the analyses. The effects of milking frequency, lactation number and calving season on open days were significant ($p < 0.01$). The longest and shortest days open was in spring and autumn calving seasons respectively. The reproductive performance decreased with increase in milking frequency from 3x to 4x.

Key Words: Open days- Milking frequency- Holstein Cow- Isfahan Province

برآورد پارامترهای ژنتیکی تعداد روزهای باز و فواصل گوساله زایی در

گاوهای هلشتاین ایران

مژده محمودی^{*}، احمد آیت اللهی^۲

^۱عضو انجمن پژوهشگران جوان و دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام، دانشگاه شهید باهنر کرمان

^۲استادیار دانشگاه شهید باهنر کرمان

*نویسنده مسئول: مژده محمودی، Mozhdeh3940@gmail.com

چکیده

به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی روزهای باز و فواصل گوساله زایی گاوهای هلشتاین از رکوردهای مربوط به ۴۵۳۰۶ حیوان از ۸۴ گله استفاده شد. رکوردها توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور طی سالهای ۱۳۸۰ تا ۱۳۹۰ جمع آوری شده بودند. مدل تکرارپذیر برای آنالیز داده ها استفاده شد. میانگین و انحراف استاندارد برای روزهای باز به ترتیب ۱۱۸/۳ و ۶۴ و برای فاصله گوساله زایی به ترتیب ۳۹۶/۳ و ۶۴ روز برآورد گردید. وراثت پذیری روزهای باز و فواصل گوساله زایی به ترتیب 0.056 ± 0.0049 و 0.054 ± 0.0049 و تکرارپذیری به ترتیب 0.11 ± 0.0048 و 0.11 ± 0.0048 برآورد شد. واژگان کلیدی: وراثت پذیری - تکرارپذیری - روزهای باز - فواصل گوساله زایی - گاو هلشتاین

مقدمه

عملکرد تولید مثلی دام سود آوری گله های گاو شیری را تحت تاثیر قرار می دهد (۵). می توان گفت گاوی از لحاظ باروری مناسب می باشد که در یک زمان مناسب پس از زایش فحلی را بروز دهد و با حداقل تعداد تلقیح آبستن گردد (۶). اثرات عملکرد نامطلوب باروری شامل: افزایش روزهای باز و فاصله گوساله زایی، افزایش حذف غیر اختیاری، افزایش هزینه جایگزینی باعث کاهش سود آوری می گردد (۱۱). در حال حاضر مشکلات تولیدمثلی بخش مهمی از مشکلات گاوهای موجود (۱۶٪ در ایالات متحده آمریکا و ۲۵٪ در کانادا) را تشکیل می دهد. در سالهای اخیر بیشترین توجه در برنامه های اصلاح نژادی بر روی تولید شیر بوده است، که این خود سبب کاهش در باروری گاوهای شیری گردیده است زیرا بین صفات تولید شیر و باروری همبستگی ژنتیکی نامطلوبی وجود دارد. بنابراین در برنامه های اصلاح نژادی باید به صفات تولیدمثلی دام نیز توجه شود (۸). گنزالس-رسیو و آلتا (۲۰۰۵) برای فاصله گوساله زایی، روزهای باز، موفقیت در اولین تلقیح وراثت پذیری ۰/۰۴ برای فاصله بین زایش تا اولین تلقیح وراثت پذیری ۰/۰۵ و برای فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح وراثت پذیری ۰/۰۳ را گزارش کردند.

مؤلفه های واریانس و کوواریانس مبنای برآورد وراثت پذیری، تکرارپذیری صفات هستند. بر این اساس برآورد مؤلفه های واریانس و کوواریانس برای طراحی برنامه های مناسب اصلاحی، پیش بینی ارزش های اصلاحی حیوانات و محاسبه پیشرفت ژنتیکی ضروری می باشد (۱۰). هدف از این مطالعه برآورد وراثت پذیری و تکرارپذیری برای تعداد روزهای باز و فواصل گوساله زایی در گاوهای هلشتاین ایران بود.

مواد و روشها

در این پژوهش از داده‌های جمع آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور برای گاوهای هلشتاین در ۴ دوره شیردهی شامل داده‌های روزهای باز و شجره در طی سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۹۰ و مربوط به ۸۴ گله استفاده گردید. تعداد و ترکیب جمعیت مورد مطالعه در جدول ۱ نشان داده شده است. به این دلیل که داده‌ها به صورت شمارشی بود و توزیع نرمال نبود از لگاریتم داده‌ها استفاده شد. سپس ویرایش داده‌ها با اعمال محدودیت‌های زیر انجام گردید:

۱. حیواناتی که دارای روزهای باز در محدوده ۲۱ تا ۳۰۰ روز نبودند، حذف شدند.
۲. حیواناتی که دارای روزهای شیردهی در محدوده ۵ تا ۳۰۵ روز نبودند حذف شدند.
۳. آماده سازی و ویرایش داده‌ها توسط نرم افزارهای فاکس پرو نسخه ۲/۶، سیگوین نسخه ۱-۱,۷,۷ و ایکسل ۲۰۱۰ انجام گرفت.

جدول ۱- تعداد و ترکیب جامعه آماری مورد مطالعه

تعداد حیوانات دارای رکورد	۴۵۳۰۶
تعداد کل نرها	۱۴۳۸
تعداد کل ماده‌ها	۲۸۴۲۲
تعداد حیوانات دارای نتاج	۲۹۸۶۰
تعداد حیوانات فاقد نتاج	۲۹۴۰۱
تعداد حیوانات پایه	۱۴۳۸
پدران	۱۳۵۲۸
مادران	۲۲۵۸
فاقد نتاج	۹۹۰
تعداد پدر بزرگ‌ها	۱۱۶۸۱
مادر بزرگ‌ها	۵۷۴
تعداد پدر پدر بزرگ‌ها	۴۴۱۴
مادر مادر بزرگ‌ها	

مدل مورد استفاده برای تجزیه و تحلیل از مدل تکرارپذیر استفاده شد که به صورت زیر تعریف می‌شود:

$$y = Xb + Z_1u + Z_2pe + e$$

در این مدل، y بردار مشاهدات (شامل روزهای باز)، b بردار اثرات ثابت (شامل گله-سال-فصل زایش، ۴ سطح شکم زایش، تعداد دفعات دوشش ۳ و ۴ بار)، u بردار اثر ژنتیک افزایشی هر حیوان (تصادفی)، pe بردار اثر تصادفی کواریانس محیطی بین رکورد های تکرار شده (یا اثر محیطی پایدار) مربوط به حیوان، X ماتریس ضرایب ارتباط دهنده اثرات ثابت به بردار مشاهدات، Z_1 ماتریس ضرایب ارتباط دهنده اثر تصادفی به بردار مشاهدات، Z_2 ماتریس ضرایب ارتباط دهنده محیط دائمی به بردار مشاهدات، e بردار اثر تصادفی باقیمانده می‌باشد. برآورد مولفه‌های واریانس برای صفت روزهای باز با استفاده از نرم افزار ASReml محاسبه گردید. در این مطالعه مقادیر واریانس فنوتیپی، ژنتیکی افزایشی، محیطی دائم و واریانس خطا با استفاده از

مدل تکرارپذیری برای صفت روزهای باز به ترتیب برابر با $0/056$ ، $0/003$ ، $0/003$ ، $0/003$ و $0/05$ و برای صفت فواصل گوساله زایی به ترتیب برابر با $0/046$ ، $0/003$ ، $0/003$ ، $0/004$ محاسبه گردید.

نتایج و بحث

وراثت پذیری و تکرارپذیری

وراثت پذیری روزهای باز $0/056 \pm 0/049$ و تکرارپذیری $0/11 \pm 0/047$ برآورد شد و وراثت پذیری فواصل گوساله زایی در این تحقیق $0/054 \pm 0/049$ و تکرار پذیری $0/11 \pm 0/048$ برآورد شد.

توقیانی پوزوه و همکاران (۲۰۰۹) وراثت پذیری صفات تولیدمثلی را در گاوهای هلشتاین استان خراسان $0/04$ تا $0/07$ و تکرارپذیری را $0/06$ تا $0/12$ گزارش نمودند. قیاسی و همکاران (۱۳۸۹) وراثت پذیری روزهای باز را ($0/076$) و برای فاصله گوساله زایی ($0/074$) برآورد کردند. گروهی از محققین وراثت پذیری فاصله گوساله زایی، روزهای باز، موفقیت در اولین تلقیح را $0/04$ برآورد کردند (۷). بختیاری زاده و همکاران (۱۳۸۸) وراثت پذیری صفت روزهای باز با کاربرد مدل تکرارپذیر در ۳ دوره زایش $0/34$ و تکرارپذیری را $0/06$ همچنین وراثت پذیری این صفت با کاربرد مدل تک متغیره و دو متغیره را همین مقدار برآورد کردند. پهلوان و همکاران (۱۳۸۹) وراثت پذیری فاصله دو زایش اول و دوم، $0/01 \pm 0/02$ برآورد کردند. وراثت پذیری فاصله زایش گاوهای هلشتاین ایران $0/05$ گزارش شده است (۴).

وراثت پذیری و تکرارپذیری حاصل از این پژوهش در دامنه نتایج سایر محققین قرار دارد و در محدوده وراثت پذیری صفات تولیدمثلی ($0/10-0/01$) می باشد. به طور کلی وراثت پذیری کم صفات تولیدمثلی نشان می دهد که تغییرات آنها بیشتر تحت تاثیر عوامل غیر ژنتیکی قرار داشته و تغییر در میانگین آنها به بهبود عوامل محیطی و مدیریتی مختلف (نظیر تغذیه، مدیریت تشخیص فحلی و غیره) بستگی دارد. لذا پیشرفت ژنتیکی در این صفات از طریق انتخاب کم است (۹). در کل با توجه به این که وراثت پذیری از خصوصیات جمعیتی می باشد، از جامعه ای به جامعه دیگر متفاوت می باشد. همچنین با تعریف مدل های مختلف و عوامل موجود در مدل تغییر می کند در نتیجه متفاوت بودن مقادیر بدست آمده در مطالعات انجام شده امری طبیعی می باشد.

سپاسگزاری

از مرکز اصلاح نژاد دام کشور جهت فراهم نمودن اطلاعات مورد نیاز این تحقیق صمیمانه تقدیر و تشکر می شود.

منابع

۱. بختیاری زاده، م. مرادی شهربابک، م. پاکدل، ع. مقیمی، ا. ۱۳۸۸. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تیپ، تولید شیر و روزهای باز در گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران. ۴: ۱۹-۱۳.
۲. پهلوان، ر. مقیمی، ا. ۱۳۸۹. بررسی ژنتیکی صفات ظاهری بدن، تولید و تولید مثل در یک جامعه گاو هلشتاین. فصلنامه تخصصی علوم دامی ۳: ۱۲-۱.
۳. قیاسی، ح. پاکدل، ع. نجاتی جوارمی، ا. مهربانی یگانه، ح. شهریور ۱۳۸۹. برآورد اجزای واریانس صفات مرتبط با باروری در گاوهای هلشتاین. چهارمین کنگره علوم دامی ایران. دانشگاه تهران (کرج).

۴. هنرور، م. مرادی شهربابک، م. میرایی آشتیانی، س.ر. ۱۳۸۳. بررسی پارامترهای صفات تولیدمثلی و رابطه آن با تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران. اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور. صفحه ۶۸۵.

5. De Vries, A. 2006. Economic Value of Pregnancy in Dairy Cattle J. Dairy Sci. 89: 3876-3885.
6. De Jong, G. 1998. Index for daughter's fertility in the Netherlands. 1997. Interbull Bull. 18: 102-105.
7. González-Recio O and Alenda R 2005. Genetic Parameters for Female Fertility Traits and a Fertility Index in Spanish Dairy Cattle. J. Dairy Sci. 88, 3282-3289.
8. Liu, Z., J. Jaitner, E. Pasman, S. Rensing, F. Reinhardt, and R. Reents. 2007. Genetic evaluation of fertility traits of dairy cattle using a multiple-trait model. Interbull Bull. 37: 134-139.
9. Royal, M. D., Flint, A. P. F. and Woolliams, J. A. 2002. Genetic and phenotypic relationships among endocrine and traditional fertility traits and production traits in Holstein-Friesian dairy cows. J Dairy Sci 85: 958-967.
10. Thompson, R. 1996. Design of experiments to estimate genetic parameters within population. In: Evolution and Animal Breeding. W. G. Hill and T. F. C. Mackay. CAB International. 169-174.
11. Toghiani Pozveh, S., A.A. Shadparvar, M. Moradi Shahrababak, and M. Dadpasand Taromsari. 2009. Genetic analysis of reproduction traits and their relationship with conformation traits in Holstein cows. Livestock Science. 125: 84-87.

Estimates Genetic Parameters of Open Days and Calving Interval in Holstein Dairy Cattles
Mahmoudi M.^{1*}, Ayatollahi A.²

¹Member of Young Researchers Society,

MSc. Student of Animal genetic and breeding, Shahid Bahonar University of Kerman

²Assistant professor of Shahid Bahonar University of Kerman

* Corresponding E-mail address: mozhdeh3940@gmail.com

Abstract

The genetic parameters of open days and calving interval traits of Holstein Cows was estimated using the records measured on 45,306 cows from 84 herds. The records were collected by the Animal Breeding Center of Iran, during 2001 to 2011. Univariate animal models were used for the analyses. The means and standard deviation of open days were estimated 118.3, 64 and for calving interval 396.3, 64 days, respectively. The heritability of open days and calving interval by using repeatability model were 0.056 ± 0.0049 and 0.054 ± 0.0049 , respectively. Repeatability of these traits were 0.11 ± 0.0047 and 0.11 ± 0.0048 , respectively.

Key Words: Heritability- Repeatability- Open days- Calving Interval- Holstein dairy cattle

بررسی چند شکلی ژن POU1F1(Pit-1) در گوسفند لری بختیاری و زل به روش PCR-RFLP

علی جلیل سرقلهه^{۱*}، محمد مرادی شهربابک^۲، حسین مرادی شهربابک^۳ و مصطفی صادقی^۴

۱ - دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران (کرج)

۲ - استاد گروه علوم دامی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران (کرج)

۳ و ۴ - استادیاران گروه علوم دامی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران (کرج)

E-Mail: ali_jalil17@ut.ac.ir علی جلیل سرقلهه

چکیده

ژن POU1F1 (PIT-1) یا فاکتور ۱ هورمون رشد) به عنوان عضوی از خانواده فاکتورهای رونوشت برداری ژن POU، که بطور عمده در غده هیپوفیز بیان شده و تنظیم کننده مثبت هورمون رشد، هورمون پرولاکتین، هورمون محرک تیروئید، خود ژن POU1F1 و همچنین ژنهای مربوط به گیرنده های هورمون آزاد کننده هورمون رشد می باشد. این ژن در گوسفند بر روی کروموزم یک قرار داشته و دارای پنج ایترون و شش اگزون می باشد. هدف از این مطالعه بررسی چند شکلی قطعه ۲۹۵ جفت بازی ژن POU1F1 شامل بخشی از ایترون ۲، اگزون ۳ و بخشی از ایترون ۳ در نژادهای گوسفند لری بختیاری و زل می باشد. در این تحقیق از ۷۰ راس گوسفند زل و ۸۳ راس گوسفند لری بختیاری خون گریو بعد از استخراج DNA و تکثیر قطعه مورد نظر با استفاده از آنزیم محدودگر Acil که با نرم افزار ویکتور ۱ طراحی شدواکشن هضم آنزیمی صورت گرفت. ژنوتیپ های GG، AG و AA در گوسفند لری بختیاری به ترتیب با فراوانی ۰/۲۷، ۰/۴۰، ۰/۳۳ و در گوسفند زل به ترتیب با فراوانی ۰/۵۱، ۰/۲۳، ۰/۲۶ مشاهده شده اند نتایج حاصل از تعیین ژنوتایپ حاکی از وجود چند شکلی این بخش از ژن در نژادهای ایرانی است که دارای تفاوت معنی داری است و همچنین این تفاوت داخل و بین نژادی مشاهده می شود

واژه های کلیدی: چند شکلی - گوسفند لری بختیاری و زل - PCR-RFLP - POU1F1

مقدمه

ژن های کاندیدا، ژن هایی هستند که قبلا شناسایی شده اند و دارای نقش بیولوژیکی شناخته شده در چرخه های فیزیولوژی هستند و می توانند صفات مور نظر را تحت تاثیر قرار دهند. ژن های کاندیدا یا مستقیما صفت مورد نظر را تحت تاثیر قرار می دهند و یا با ژن های اثر گذار بر صفت مورد بررسی همبسته هستند. می توان از چند شکلی ژن های کاندیدا برای ارتباط آن ها با صفات کمی و درک بهتر اثر آن ها و همچنین استفاده از آن ها در برنامه انتخاب به کمک مارکر بهره برد [۱] ژن POU1F1 (که PIT-1 یا فاکتور ۱ هورمون رشد^۹ نیز نامیده می شود) بطور عمده در غده هیپوفیز بیان شده و تنظیم کننده مثبت برای هورمون رشد، هورمون پرولاکتین، هورمون محرک تیروئید، خود ژن POU1F1 و همچنین ژنهای مربوط به گیرنده های هورمون آزاد کننده هورمون رشد^۹ می باشد. ژن POU1F1 شامل ۶ اگزون و ۵ ایترون بوده و به طول تقریبی ۱۶۵۰۰ جفت باز می باشد این ژن بر روی کروموزوم شماره ۱ قرار دارد [۲-۵]. مطالعه ایروی ژن POU1F1 برای بررسی چند شکلی هر ۶ اگزون از طریق تعیین توالی در

^۱Growth hormone factor-1

90 Growth hormone releasing hormone receptor

۱۰۰ گوسفند نژاد کورادا تراکونت^{۹۱} در کشور پرتغال انجام شد. از میان ۶ آگزون مورد مطالعه چندشکلی تنها در آگزون‌های ۲، ۳ و ۵ مشاهده شده است [۶] در گاو گوشتی ۳ چندشکلی در ایترون ۳ و یک چندشکلیدر ایترون ۴ و یک چندشکلیدر ایترون ۵ و چندشکلیدر آگزون ۶ قرار دارد که بین این چندشکلیو ضخامت چربی پشت، همبستگی معنی داری وجود داشت [۷] چهار جهش در آگزون ۶ ژن POU1F1 بـز توسط PCR-SSCP و روش توالی یابی DNA مشخص شده است که بین این چندشکلی هاهمبستگی معنی داری با صفات تولید شیرو وزن تولد وجود داشت [۸] بنابراین ژن POU1F1 می‌تواند ژن کاندید خوبی برای صفات رشد و لاشه باشد هدف از این تحقیق بررسی فراوانی آللی، تعادل هاردی واینبرگ و فاصله ژنتیکی در نژادهای لری و بختیاری و زل با استفاده از تکنیک PCR-RFLP می‌باشد

مواد و روش ها

در این تحقیق بطور تصادفی از ۸۴ رأس گوسفندان نژاد لری- بختیاریاز مرکز اصلاحنژاد شولی واقع در شهرستان شهرکرد و ۷۰ رأس گوسفند زل از مرکز اصلاح نژاد شیرنگ واقع در شهرستان گرگانبا استفاده از ونوجکتهای ۵ میلی‌لیتری حاوی ماده ضد انعقاد EDTA از سیاهرگ و داج خونگیری انجام شد و نمونه‌های خون در فریزر 20°C - درجه سانتیگراد جهت استخراج DNA نگهداری شدند استخراج DNA تمامی نمونه‌ها به روش نمکی^{۹۲} انجام گرفت [۸]. سنجش کمیت و کیفیت DNA استخراج شده توسط روش اسپکتروفتومتری انجام گرفت. برای تکثیر قطعه‌ی ۲۹۵ جفت بازی که شامل بخشی از ایترون ۲، آگزون ۳ و بخشی از ایترون ۳ ژن POU1F1 می‌باشد از آغازگرهای طراحی شد توسط باستوس و همکاران (۲۰۰۶) استفاده گردید [۶].

R:5'-TGTTAACAGCTGTGGGACACAC-3' و F:5'-GAGGGATAATTACAAATGGTCC-3'

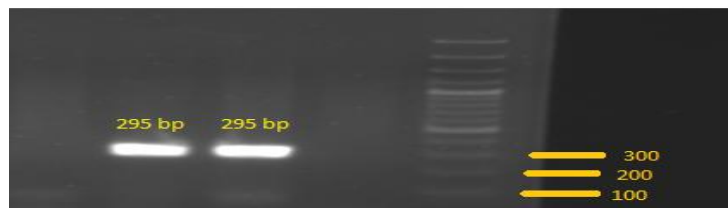
واکنش زنجیره‌ای پلیمرز با شرایط دمایی شامل دمای ۹۵ درجه سانتیگراد به مدت ۵ دقیقه جهت واسرشته شدن اولیه، دمای ۹۵ درجه سانتیگراد به مدت ۳۰ ثانیه جهت واسرشته شدن، دمای ۵۶ درجه سانتیگراد بمدت ۳۰ ثانیه جهت اتصال آغازگرها، دمای ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۳۰ ثانیه جهت تکثیر و در نهایت در / دمای ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۵ دقیقه جهت بسط نهایی استفاده شد به تعداد ۳۵ سیکل بودواکنش PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر و با ترکیب ۲ میکرولیتر DNA ژنومی با غلظت ۱۰۰ نانوگرم، ۱ میکرولیتر از هر آغازگر با غلظت ۱۰ پیکومول بر میکرولیتر، ۲/۵ میکرولیتر بافر، ۱/۵ میکرولیتر کلرید منیزیم با غلظت ۲/۵ میلی‌مولار، ۲ میکرولیتر مخلوط نوکلئوتیدها با غلظت ۲/۵ میلی‌مولار، یک واحد آنزیم Taq پلیمرز انجام شد. جهت تشخیص چند شکلی در آگزون ۳ ژن POU1F1 از آنزیم Acil که با نرم‌افزار ویکتور طراحی شد بود استفاده شد. واکنش هضم به حجم ۱۲/۸ میکرولیتر و در دمای 37°C داخل بنماری به مدت ۱۵ ساعت انجام گرفت. واکنش شامل ۸ میکرولیتر محصول PCR، ۱/۵ میکرولیتر بافر، ۳ واحد آنزیم برشی و ۳ میکرولیتر آب مقطر، در مرحله بعد ۵ میکرولیتر محصول هضم را با بافر بارگذاری مخلوط کرد و بر روی ژل اکریل ۱۴ درصد به مدت ۵ ساعت و ولتاژ ۱۰۰ ولت بارگذاری شد برای مشاهده باندها از رنگ آمیزی نقره طی سه مرحله تثبیت، لکه گذاری ظهور استفاده شد برای محاسبه فراوانی‌های آللی و ژنوتیپی و هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار از نرم افزار GenAlEx نسخه 6.41 انجام شد.

نتایج و بحث

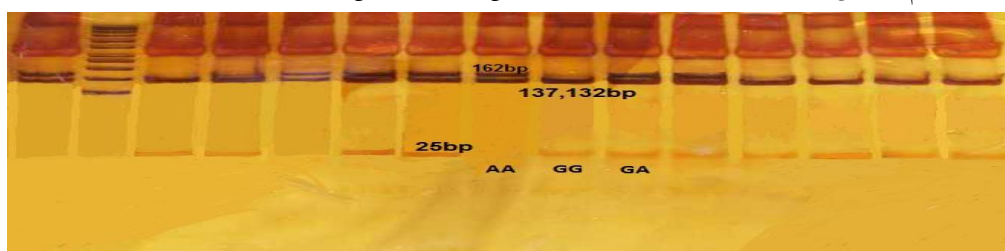
نتیجه‌ی الکتروفورز قطعه‌ی ۲۹۵ جفت بازی تکثیر شده ژن POU1F1 مورد تأیید واقع شد که در شکل ۱ آورده شده است.

91Churrada Terra Quente

92Salting out



شکل ۱- الکتروفورز محصولات PCR برای ژن POU1F1 (۲۹۵ جفت بازی).
نتیجه هضم آنزیمی و قطعات تولید شد روی ژل آکریل آمید در شکل (۲) آمد است.



شکل ۲- الکتروفورز محصولات هضم ژن POU1F1 روی ژل آکریل آمید.

تعداد توالی شناسایی آنزیم در قطعه ۲۹۵ جفت بازی دو جایگاه می باشد در آلل A یک جایگاه شناسایی بوده که قطعات ۱۶۲ و ۱۳۳ تولید می کند ولی در آلل G دو جایگاه شناسایی بود و قطعات ۲۵ و ۱۳۳، ۱۳۷ جفت بازی تولید می نماید فراوانی های ژنوتیپی و آللی در جدول ۱ آورده شده است فراوانی های آللی مشاهده شد در گوسفندان زل و لری و بختیاری تفاوت معنی دار بود بطوریکه فراوانی آلل G در جمعیت گوسفندان زل بیشتر از آلل A بود و در گوسفندان لری و بختیاری فراوانی آلل A بیشتر از آلل G بود و این نتایج بر خلاف نتایج کانسولو مورا و همکاران بود که گزارش کردند در این قطعه از ژن چند شکلی وجود ندارد [۹] ولی نتایج بدست آمد در جمعیت لری و بختیاری با نتایج باستوس که در سال ۲۰۰۶ گزارش کردند [۶] مطابقت ندارد آزمون کای مربع برقراری تعادل هاردی واینبرگ را برای جمعیت لری و بختیاری تایید کرد ولی در جمعیت زل تعادل هاردی واینبرگ برقرار نبود (جدول ۱) فراوانی های آللی و ژنوتیپی مشاهده شده جایگاه ژنی POU1F1 گوسفندان لری و بختیاری و زل

	فراوانی AA مشاهده شد	فراوانی GA مشاهده شد	فراوانی GG مشاهده شد	آلل A	آلل G
گوسفندان زل	۰/۲۶	۰/۲۳	۰/۵۱	۰/۳۷	۰/۶۳
گوسفندان لری و بختیاری	۰/۳۳	۰/۴۰	۰/۲۷	۰/۵۳	۰/۴۷

با توجه به شناسایی ۳ نوع ژنوتیپ در جمعیت دو مورد مطالعه، با روش PCR-RFLP بیانگر وجود چندشکلی بالای این ژن در داخل و بین نژادی است و از آنجاییکه ژن POU1F1 در بیان ژنهای هورمون رشد، هورمون پرولاکتین و هورمون محرک تیروئید نقش بسزایی دارد، و از طرفی هورمون رشد نیز هورمون اصلی در صفات رشدی محسوب می شود، بنابراین ژن کانديد POU1F1 می تواند نشانگرهای ژنتیکی مناسبی در زمینه ی برنامه اصلاح نژاد دامها باشند

منابع:

1. Wu XL, MacNeil MD, De S, Xiao QJ, Michal JJ, Gaskins CT, Reeves JJ, Busboom JR, Wright RW, Jiang Z: Evaluation of candidate gene effects for beef backfat via Bayesian model selection. *Genetica* 2005, 125(1):103-113.
2. Bodner M, Castrillo J, Theill LE, Deerinck T, Ellisman M, Karin M: The pituitary-specific transcription factor GHF-1 is a homeobox-containing protein. *Cell* 1988, 55(3):505.
۳. Chen R, Ingraham HA, Treacy MN, Albert VR, Wilson L, Rosenfeld MG: Autoregulation of pit-1 gene expression mediated by two cis-active promoter elements. 1990.
۴. Li S, Crenshaw EB, Rawson EJ, Simmons DM, Swanson LW, Rosenfeld MG: Dwarf locus mutants lacking three pituitary cell types result from mutations in the POU-domain gene pit-1. *Nature* 1990, 347(6293):528-533.
۵. Lin C, Lin SC, Chang CP, Rosenfeld MG: Pit-1-dependent expression of the receptor for growth hormone releasing factor mediates pituitary cell growth. 1992.
6. Bastos E, Santos I, Parmentier I, Castrillo JL, Cravador A, Guedes-Pinto H, Renaville R: Ovis aries POU1F1 gene: cloning, characterization and polymorphism analysis. *Genetica* 2006, 126(3):303-314.
7. Zhao Q: Genetic markers for genes encoding Pit-1, GHRH-receptor, and IGF-II, and their association with growth and carcass traits in beef cattle. The Ohio State University; 2002.
8. Miller SA DD, Polesky HF A simple salting out procedure for extraction of DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research* 1998, 16:12-15.
9. Mura MC, Daga C, Paludo M, Luridiana S, Pazzola M, Bodano S, Dettori ML, Vacca GM, Carcangiu V: Analysis of polymorphism within POU1F1 gene in relation to milk production traits in dairy Sarda sheep breed. *Molecular Biology Reports* 2012:1-5.

Study of POU1F1 (Pit-1) gene polymorphism to PCR-RFLP method in Lori-Bakhtiari sheep and Zel sheep¹

Ali Jalil Sarghale¹, Mohammad Moradi Shahrehabak², Hossein Moradi Shahrehabak³ and Mostafa Sadeghi⁴.

1-m.s student of Animal Genetics and Breeding, University College of Agriculture Natural Resources, University of Tehran, 31587-77871 Karaj, Iran.

2-professor of Animal Science University of Tehran

3,4-Assistant professors of Animal Science University of Tehran

Corresponding E-mail address: ali_jalil17@ut.ac.ir

Abstract: POU1F1 (PIT-1 or GHF-1) as a member of the POU family of transcription factors, is mainly expressed in the pituitary and has positive regulation of growth hormone, prolactin, thyroid-stimulating hormone β , POU1F1 itself and also growth hormone releasing hormone receptor genes. This gene in sheep is located on chromosome 1 and it contains five introns and

six exons. The aim of this research was to study the polymorphism fragment 295 bp of the POU1F1 gene (part of intron 2, exon 3 and part of intron 3) in Lori-Bakhtiari sheep and Zel sheep. Blood sample in 83 Lori-Bakhtiari and 70 Zel sheep used to extract DNA and the desired fragment was amplified. The *AccI* restrictive enzyme that by vector 1 design for enzymatic digestion. The genotype of GG, GA and AA in Lori-Bakhtiari sheep were 0.27, 0.4, 0.33 and in Zel sheep were 0.51, 0.23, 0.26. The result of determination genotype show there are polymorphism in this part of gene in Iranian breeds that have significant hence this different, Observed inside and between breed

Keywords: polymorphism - Lori-Bakhtiari and Zel sheep- PCR-RFLP - POU1F1

مقایسه‌ی پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین مناطق مختلف ایران با استفاده از مدل تکرارپذیر
فاطمه پوربایرامیان^{۱*}، حافظعلی دلجو عیسی لو^۲، محمد قادرزاده^۱

^۱ گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، ^۲ گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان

*نویسنده مسئول: فاطمه پوربایرامیان: fatemehpurbayramian@yahoo.com

چکیده

در تحقیق حاضر از ۸۵۳۲۴ داده مربوط به صفات تولیدی (شیر، مقدار و درصد چربی) مربوط به پنج دوره شیردهی مختلف، ۲۰ گله بزرگ جمعیت گاو هلشتاین نواحی مختلف سردسیر (آذربایجان شرقی)، معتدل (استان زنجان) و گرمسیری (استان یزد) در سال‌های (۱۳۶۴-۱۳۸۹) به منظور مقایسه پارامترهای ژنتیکی و محیطی صفات تولیدی استفاده شد. برای برآورد مولفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی از مدل دام و به صورت تجزیه یک صفی و از مدل تکرارپذیری استفاده شد. در مدل مذکور اثرات گله-سال-فصل زایش و شکم زایش به عنوان اثرات ثابت و سن مادر به عنوان متغیر کمکی در نظر گرفته شد. ارزش‌های اصلاحی صفات پیش‌بینی و روندهای فنوتیپی، ژنتیکی و محیطی با استفاده از بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP) و به صورت تابعیت میانگین مقادیر فنوتیپی، ارزش اصلاحی و محیطی بر سال تولد گاو محاسبه شد. وراثت‌پذیری صفات تولید شیر به ترتیب برای استان‌های زنجان، یزد و تبریز برابر ۰/۲۴، ۰/۲۵ و ۰/۲۳ برآورد گردید. تکرارپذیری این صفات نیز به ترتیب برابر ۰/۳۸، ۰/۵۵ و ۰/۴۲ و معنی‌دار بود ($p < 0/01$).

واژه‌های کلیدی: پارامتر ژنتیکی و فنوتیپی - مناطق مختلف ایران - گاو هلشتاین - صفات

مقدمه

مقدار تولید شیر در گاوهای شیری به دلیل تفاوت‌های ژنتیکی در بین نژادها بسیار متفاوت می‌باشد. گاو هلشتاین با توجه به ظرفیت تولید بالا، حساسیت بالا هم دارد و در شرایط محیطی مختلف عملکرد متفاوتی را نشان می‌دهد (۱،۲). نشان داده شده که اثر متقابل ژنتیک و محیط پرورش بر عملکرد گاوهای هلشتاین معنی‌دار است (۲) در تحقیقات انجام شده در جمعیت گاوهای هلشتاین مناطق مختلف توسط محققین، وراثت‌پذیری تولید شیر، مقدار چربی و درصد چربی به ترتیب در محدوده ۰/۲۹ تا ۰/۳۱، ۰/۲۳ تا ۰/۳۷ و ۰/۱۴ تا ۰/۳۲ گزارش شده است (۲،۳،۴). همچنین تکرارپذیری این صفات به ترتیب برابر ۰/۴۵، ۰/۳۹ و ۰/۴۱ گزارش شده است (۳). دمای محیط یکی از عوامل اصلی تغییرات فصلی تولید شیر گاوهای شیری است. در دمای بیشتر از ۳۰ درجه سانتیگراد کاهش تولید شیر بیشتر از کاهش تولید چربی است و افزایش نسبی درصد چربی شیر را در پی دارد (۷). ساقی (۲۰۰۱) وراثت‌پذیری صفت تولید شیر در گاوهای هلشتاین مناطق خشک بیابانی، نیمه خشک، مدیترانه‌ای، نیمه مرطوب، مرطوب و خیلی مرطوب ایران را به ترتیب ۰/۲۹، ۰/۲۹، ۰/۱۷، ۰/۲۵ و ۰/۲۶ برآورد کرده است (۵). همچنین طهماسبی-نژاد (۲۰۰۴) وراثت‌پذیری صفت تولید شیر گاو هلشتاین مناطق مرطوب مازنداران را برابر ۰/۱۹ گزارش کرده است (۷). با توجه به متفاوت بودن برآورد پارامترهای ژنتیکی و دامنه وسیع صفات تولیدی در مناطق مختلف، هدف از تحقیق حاضر برآورد این پارامترها در جمعیت‌های مناطق مختلف ایران می‌باشد.

در این تحقیق به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی صفات تولید شیر، ۸۵۳۲۴ داده ثبت شده در طی سال‌های ۱۳۶۴ تا ۱۳۸۹ در پنج دوره شیردهی مختلف مربوط به ۲۰ گله بزرگ گاو هلشتاین استان‌های مناطق مختلف کشور شامل: سردسیر (آذربایجان شرقی)، معتدل (زنجان)، گرمسیر (یزد) جمع‌آوری شدند. ابتدا داده‌ها با استفاده از Excel و Access ویرایش شد و برای تعیین اثر عوامل ثابت، داده‌ها با استفاده از رویه GLM برنامه (SAS ۱۹۹۶) آنالیز شدند. برای برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی از مدل دام یک صفتی به روش حداکثر درستنمایی محدود شده بی‌نیاز از مشتق گیری (DFREML) از نرم‌افزار WOMBAT (۲۰۰۶) استفاده شد.

$$y = Xb + Za + Wpe + e$$

در این مدل y : بردار مشاهدات، b : بردار اثر عوامل ثابت (شامل اثرات سال- فصل- گله- شکم زایش، سن مادر)، a : بردار اثرات عوامل تصادفی ژنتیکی افزایشی، Pe : بردار اثرات عوامل تصادفی محیطی دایمی. e : بردار اثر عوامل تصادفی باقی مانده و X, Z, W ماتریس‌های طرح هستند.

نتایج

نتایج جدول ۱ نشان می‌دهد که صفات تولیدی تفاوت معنی‌داری را در مناطق مختلف ایران داشته و بیشترین میانگین تولید مربوط به استان یزد است که احتمالاً به دلیل داشتن گله‌های بزرگ است. ضریب پراکندگی بالا در تمام صفات در گاوداری‌های استان یزد نشان‌دهنده بالا بودن تفاوت در صفات تولیدی این منطقه و پراکندگی بالای سطوح گله‌ها از لحاظ مدیریتی می‌باشد. البته به نظر می‌رسد گاوه‌های موجود در استان یزد از نظر توان تولیدی و ژنتیک افزایشی در سطح بالاتری از دو استان دیگر قرار دارد و در سال‌های بعدی این ارزش اصلاحی بالا را حفظ کرده به نسل‌های بعدی انتقال داده‌اند.

جدول ۱- آمار توصیفی صفات تولید شیر گاو هلشتاین استان‌های نواحی مختلف ایران

صفه	تولید شیر		تولید چربی		درصد چربی	
استان	تبریز	یزد	زنجان	تبریز	یزد	زنجان
میانگین	۶۵۶۰	۸۲۳۴	۷۶۰۳	۲۳۸	۳۰۸	۲۷۱
انحراف معیار	۲۰۱	۱۰۳۱	۲۴۱	۲۴	۳۸	۲۹
ضریب تغییرات %	۳/۱	۱۲/۵	۳/۲	۱۰	۱۲/۳	۱۰/۷

جدول ۲- مقایسه میانگین صفات تولیدی در سطح استان‌ها

صفه	میزان t	درجه آزادی	سطح معنی‌داری	تفاوت میانگین
تولید شیر***	۱۵/۲۹۵	۲	۰/۰۰۴	۷۴۶۵/۶۶۶۶۷
درصد چربی***	۶۹/۷۳۷	۲	۰/۰۰۰	۳/۶۵۳۳۳
مقدار چربی***	۱۳/۴۷۰	۲	۰/۰۰۵	۲۷۲/۳۳۳۳۳

$p < 0.05$ ns, * $p < 0.05$, ** $p < 0.01$

سوزوکی و همکاران (۱۹۹۴) بیان داشتند که برای صفات تولیدی وراثت‌پذیری نسبتاً بالایی وجود دارد و هرچه وراثت‌پذیری صفتی بیشتر باشد سهم واریانس ژنتیکی از واریانس فنوتیپی بیشتر است و محیط تأثیر کمتری بر روی آن صفت داشته است (۶). نسبت واریانس محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی (C^2) برای تولید شیر مقدار چربی و درصد چربی در دامنه (۰/۵۴-۰/۰۸) بود. این ارقام نشان می‌دهد که اثرات محیطی دائمی شامل مدیریت، تغذیه و ژنتیک غیر افزایشی بر تولید شیر بیشتر از وراثت‌پذیری این صفت است. نتایج برای میزان تکرارپذیری صفات نشان می‌دهد که استان یزد (به جز در مقدار چربی) بیشترین میزان وراثت-پذیری و تکرارپذیری را داشته است و این نشان دهنده مدیریت مناسب و بالا بودن سطح تأثیر عوامل محیطی دائم و کنترل عوامل محیطی موقت بوده است و با مطالعات دیگر پژوهشگران مطابقت دارد. میانگین تکرارپذیری برآورد شده برای صفات تولید شیر با مقادیر برآورد شده توسط دمتاوا، کادارمیدن، سوزوکی و ویسچر (۰/۵۹-۰/۵۱) و برای مقدار چربی پایین‌تر از مقادیر برآورد شده توسط این محققین (۰/۴۱-۰/۵۶) بود. به دلیل بالا بودن ضریب تکرارپذیری صفات مورد مطالعه به نظر می‌رسد که انتخاب بر اساس عملکرد صفات در اولین دوره شیردهی منجر به افزایش تولید در دوره‌های بعدی به‌خصوص در استان یزد و همچنین کاهش فاصله نسلی گردد.

جدول ۳- مولفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات تولید شیر، چربی و درصد چربی

عنوان	σ_a^2	σ_e^2	σ_{pe}^2	$C^2 \pm SE$	$h^2 \pm SE$	R
مقدار شیر	۱۸۶۱۹۴/۹	۴۰۳۷۵۵/۷	۷۱۱۱۴۱/۷	۰/۵۴±۰/۰۲	۰/۲۵±۰/۰۱۶	۰/۵۶
	۲۳۴۹۱/۸۵	۶۷۲۵۸/۱	۳۱۳۲۰/۶	۰/۲۵±۰/۰۴	۰/۲۳±۰/۰۲	۰/۴۲
	۳۶۳۹۸۴/۲	۹۱۹۸۰۴	۱۲۸۳۷۸۸	۰/۳۴±۰/۰۰۷	۰/۲۴±۰/۰۰۶	۰/۳۸
مقدار چربی	۲۴۱/۶۸	۸۳۴/۷۷	۱۰۷۶/۴۳	۰/۴۲±۰/۰۱	۰/۲۱±۰/۰۱۱	۰/۴۷
	۳۱۲/۴۵	۲۴۱/۸۷	۸۵۹/۴۵	۰/۲۶±۰/۰۳	۰/۲۴±۰/۰۰۳	۰/۳۸
	۲۲۱/۰۴	۹۳۵/۱۴	۱۱۵۶/۱۸	۰/۳۰±۰/۰۰۱	۰/۱۹±۰/۰۰۱	۰/۳۴
درصد چربی	۷۱۹/۵۳	۵۴۸/۶۴	۱۹۹۸/۷۱	۰/۶۱±۰/۰۲	۰/۳۶±۰/۰۰۱	۰/۶۹
	۰/۰۶	۰/۱۲	۰/۱۷	۰/۰۸±۰/۰۰۱	۰/۳۱±۰/۰۰۲	۰/۴۱
	۰/۲۳۲۷	۰/۲۲۰۶	۰/۴۲۹۵	۰/۴۸±۰/۰۰۲	۰/۲۹±۰/۰۰۲	۰/۴۹

σ_a^2 = واریانس ژنتیکی افزایشی، σ_e^2 = واریانس باقیمانده، σ_{pe}^2 = واریانس محیطی دائمی، C^2 = نسبت واریانس

محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی کل، h^2 = ضریب وراثت-پذیری، R = ضریب تکرارپذیری

منابع

1. Aguilar, I., I. Misztal, and S. Tsuruta. 2010. Short communication: Genetic trends of milk yield under heat stress for US Holsteins. Journal of Dairy Science. 93 (4): 1754-1758.
2. Galip, B. and A. Kaygisiz. 2004. Estimates of trends components of 305 days milk yield at holstein cattle's. Journal Biological Science. 4 (4): 486-488.
3. Nizamani, A. H. and P. J. Berger. 1995. Estimate of genetic trend for yield traits of the registered jersey population. Journal of Dairy Science. 79 (3): 487-494

4. Ojango, J. M. K. and G. E. Pollott. 2001. Genetics of milk yield and fertility traits in Holstein-Friesian cattle on large-scale Kenyan farms. *Journal of Dairy Science*. 79 (7): 1742-1750
5. Saghi, D. A. 2001. Adaptability of Holstein dairy cattle Environmental conditions in Iran. First animal breeding and genetic seminar. Vol. 1. (In Farsi).
6. Suzuki, S and D. Van Vleck. 1994. Heritability and repeatability for milk production traits of Japanese Holsteins from an Animal Model. *Journal of Dairy Science*. 77(2): 583 - 588.
7. Tahmasebinezhad, I. 2004. Estimates of genetic parameters for production traits using animal model univariate and bivariate in Mazandran Holsteindairy cattle. First animal Science congress. Tehran. Iran (In Farsi)

Genetic and phenotypic parameters of production traits of Holstein cows comparing the different parts of Iran using a repeatable model

F. Purbayramian¹, H. A. Deljo isalo², M. Ghaderzadeh¹

¹ Department of Animal Science Agriculture Urmia University, ² Department of Animal Science Agriculture Zanjan University

Corresponding E-mail address: fatemehpurbayramian@yahoo.com

Abstract

The research data from 85324 to production traits (milk, fat amount and percentage) corresponding to five different lactation, 20 large herd of Holstein cattle in cold regions (East Azarbaijan), moderate (Zanjan province) and tropical (Yazd Province) in years (1364-1389) to compare the genetic parameters, the genetic and environmental traits were used. Component estimate (co) variance and genetic parameters without the need for animal models with the analysis of a trait and repeatability model was used. The finding of the herd - year - season of lambing and calving as fixed effects and maternal age as a covariate abdomen was considered. valuable breeding traits ago - nose and trends of phenotypic, genetic and environmental use of best linear unbiased pre prediction (BLUP) and regressing the mean phenotypic values, the value of cattle breeding and birth year were calculated on the environment. genetic variability of milk yield Respectively province of Zanjan, Tabriz, Yazd and the 0.24, 0.25 and 0.23 was. Repeatability of this trait were 0.38, 0.65, 0.42 and means significant ($p < 0.01$) respectively.

Key words: Genetic and Phenotypic parameters- Different regions of Iran- Iranian Holstein cattle-Production traits

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدمثلی گاوهای هلشتاین ایران

محمد حسین سلیمی^{۱*}، نوید قوی حسین زاده^۲ و عبدالاحد شادپرور^۳

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه گیلان، ۲- استادیار گروه علوم دامی دانشگاه گیلان، ۳- دانشیار

گروه علوم دامی دانشگاه گیلان

* نویسنده مسئول: محمد حسین سلیمی، دانشگاه گیلان، mhsalimi_65@yahoo.com

چکیده

پارامترهای ژنتیکی صفات تولید مثلی شامل روز های زایش تا اولین تلقیح (DFS)، روز های زایش تا تلقیح منجر به آبستنی (DO) و فاصله بین دو زایش (CI) در گاوهای شکم زایش اول هلشتاین ایران تحت مدل حیوانی خطی تک صفتی به روش حداکثر درستنمایی محدود شده با الگوریتم AIREML و توسط برنامه MATVEC برآورد شد. داده ها شامل ۱۲۹،۱۹۹ رکورد از ۱۵۴۵ گله بین سالهای ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۰ جمع آوری شده از مرکز اصلاح نژاد دام ایران بود. با استفاده از رویه GLM نرم-افزار SAS عوامل ثابت مؤثر بر سه صفت مورد نظر شناسایی شد. مدل شامل اثرات ثابت گله-سال، فصل زایش و سن حیوان در زمان زایش، اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی حیوان و اثر باقیمانده بود. وراثت پذیری برآورد شده برای سه صفت DFS، DO و CI، کم، و به ترتیب ۰/۰۳، ۰/۰۴ و ۰/۰۴ بود.

واژه های کلیدی: صفات تولیدمثلی - وراثت پذیری - پارامتر های ژنتیکی - مدل خطی

مقدمه

اغلب در طی سال های گذشته انتخاب برای عملکرد گاوها بخش مهمی از اهداف اصلاحی در تمام جهان را به خود اختصاص می داد. از جمله صفاتی که به ویژگی های عملکردی حیوان تعلق دارد و می تواند هزینه های تولید را به ازای گاو افزایش دهد، صفات باروری می باشند (۱۸). انتخاب برای عملکرد تلیسه های گاو شیری منجر به کاهش باروری به سبب همبستگی ژنتیکی نامطلوب بین عملکرد و باروری شده است (۱۶). از طرفی انتخاب برای صفات باروری جهت بهبود عملکرد تولیدمثلی حیوانات لازم است (۱). در چند دهه اخیر کارایی تولیدمثلی گاوها در کشورهای جهان کاهش یافته است (۱۲ و ۱۷). پیشرفت اندک در بازدهی تولیدمثلی می تواند تاثیر شایان توجهی بر بازدهی گله بگذارد بطوریکه ناتوانی در تولید یک گوساله در سال با افزایش هزینه های حذف، کاهش فروش شیر و افزایش فاصله بین دو زایش، سود را کاهش می دهد. مطالعات گذشته نشان داده است که بهره وری در باروری می تواند بیش از هر چیز بوسیله مدیریت بهتر افزایش یابد (۲) اما با این حال قسمتی از تنوع در صفات باروری منشأ ژنتیکی دارد (۹). این بدان معنا است که انتخاب برای چنین صفاتی می تواند عملی باشد. به هر حال، بهبود کارایی باروری چه از طریق مدیریت خوب و چه از طریق ژنتیکی متکی بر «ویرایش داده های مزرعه ای» و «استفاده از مدل آماری مناسب» برای ارزیابی مؤلفه های واریانس و ارزش های اصلاحی است (۱۰). مطالعات دیگری نشان می دهد که صفات باروری در تلیسه ها وراثت پذیری بالاتری نسبت به گاوها دارند (۱۴) و به نظر می رسد که اعمال تجزیه ژنتیکی روی صفات باروری تلیسه ها امری ضروری باشد زیرا زودتر قابل اندازه گیری هستند. تعیین اینکه کدام صفت برای باروری باید مورد ارزیابی قرار گیرد مشکل است با این حال در این تحقیق پارامترهای ژنتیکی سه صفت تولید مثلی روز های زایش تا اولین تلقیح (DFS)، روز های زایش تا تلقیح منجر به آبستنی (DO) و فاصله بین دو زایش (CI) مربوط به زایش اول گاو های هلشتاین ایران تحت مدل حیوانی خطی تک صفتی برآورد شد.

مواد و روش ها

داده های صفات تولید مثلی گاو های هلشتاین ایران از مرکز اصلاح دام ایران که شامل رکورد های زایش بین سال های ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۰ از ۱۵۴۵ گله بود تهیه گردید. شجره شامل ۲۳۶,۲۰۰ حیوان، ۴,۶۶۰ پدر دارای ۹۵,۸۲۲ فرزند، ۱۳۹,۵۶۱ مادر دارای ۱۸۵,۹۶۵ فرزند و ۴۰۲ حیوان دارای همخوانی با میانگین همخوانی ۰/۲۲ بود. صفاتی که در این تحقیق مورد ارزیابی قرار گرفتند شامل سه صفت تولید مثلی روزهای زایش تا اولین تلقیح (DFS)، روزهای زایش تا تلقیح منجر به آبستنی (DO) و فاصله بین دو زایش (CI) بود.

برای ویرایش داده ها رکورد های زایش مربوط به نوبت زایش اول از داده ها استخراج گردید و حیوانات فاقد اطلاعات شجره از داده ها حذف شدند. تنها رکورد های حیواناتی که دارای اطلاعات معلوم برای هر سه صفت بودند مورد استفاده قرار گرفت و سایر ویرایش ها بصورت ذیل بود: سن تلیسه ها در زمان زایش در محدوده ۴۰-۲۰ ماه قرار گرفت رکورد های خارج از دامنه ۳۰-۳۰۰، ۳۵۰-۴۵۰ و ۶۰۰-۳۰۰ روز به ترتیب برای DFS، DO و CI حذف گردیدند. ماه های زایش به ۴ گروه فصلی شامل بهار، تابستان، پاییز و زمستان تقسیم شدند و در نهایت گله - سال های با کمتر از ۵ تکرار از داده ها حذف شدند. استفاده از نرم افزار SAS و رویه GLM عوامل ثابت مؤثر بر سه صفت مورد نظر شناسایی شد که شامل اثرات ثابت گله-سال، فصل زایش و سن حیوان در زمان زایش بود. اثر تمامی عوامل بر هر سه صفت در سطح $P < 0/0001$ معنی دار بود. آماره های توصیفی مربوط به سه صفت در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱- آماره های توصیفی صفات مورد مطالعه

صفت	علامت	تعداد رکورد	میانگین	انحراف معیار	کمینه	بیشینه
روزهای زایش تا اولین تلقیح	DFS	۱۲۹,۱۹۹	۱۰۹	۵۹	۳۰	۳۰۰
روزهای زایش تا تلقیح منجر به آبستنی	DO	۱۲۹,۱۹۹	۱۱۶	۶۲	۴۵	۳۵۰
فاصله بین دو زایش	CI	۱۲۹,۱۹۹	۴۰۵	۶۵	۳۰۰	۶۰۰

مدل تک صفتی خطی حیوانی با روش حداکثر درستنمایی محدود شده و با الگوریتم AIREML در برنامه MATVEC (۲۲) برای برآورد پارامتر های ژنتیکی و وراثت پذیری صفات مورد نظر اجرا شد. فرم ماتریسی مدل به صورت زیر است:

$$y = Xb + Zu + e$$

که در آن y بردار ستونی مشاهدات مربوط به هر صفت، b بردار ستونی اثرات ثابت مدل شامل گله-سال، فصل زایش و سن حیوان در زمان زایش، u بردار ستونی اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مربوط به حیوان، e بردار ستونی اثر تصادفی باقیمانده، و X و Z ماتریس هایی هستند که رکوردها را به ترتیب به اثر عوامل ثابت و تصادفی ربط می دهند.

نتایج و بحث

برآورد مولفه های واریانس در جدول ۲ نشان داده شده است. وراثت پذیری برآورد شده برای DFS برابر با ۰/۰۳ بود که مشابه با وراثت پذیری بدست آمده توسط نئونش واندر و همکاران (۱۵)، هایس و همکاران (۷) و نیز اندرسن-رانبرگ و همکاران (۱)

بود. DFS به شدت تحت تاثیر طول دوره انتظار اختیاری قرار می گیرد که در میان گله ها و میان گروه های مدیریتی درون گله متفاوت است با این حال، انتخاب برای این صفت برای گاوهایی که فحلی زودرس در شیردهی نشان می دهند مناسب است (۱۹). وراثت پذیری برآورد شده برای DO معادل ۰/۰۴ بود که با وراثت پذیری گزارش شده توسط دمتاوا و برگر (۳) و گردلر و همکاران (۵) انطباق دارد. وراثت پذیری برآورد شده برای CI نیز معادل ۰/۰۴ بود که با نتایج بدست آمده توسط قوی حسین زاده (۴) مطابقت دارد این صفت را نیز می توان توسط برخی از عوامل مدیریتی مانند طول دوره انتظار اختیاری و استفاده از روش های همزمان سازی فحلی تحت تاثیر قرار داد.

جدول ۲- برآورد مؤلفه های واریانس و وراثت پذیری صفات تولیدمثلی مورد مطالعه

صفت	σ_A^2	σ_E^2	σ_P^2	$h^2 \pm SE$
DFS	۸۹/۴۷	۲۸۸۰/۱۱	۲۹۶۹/۵۸	۰/۰۳ $\pm$ ۰/۰۰۳
DO	۱۲۶/۰۳	۳۰۳۹/۰۶	۳۱۶۵/۰۹	۰/۰۴ $\pm$ ۰/۰۰۳
CI	۱۶۶/۰۴	۳۸۵۸/۸۵	۴۰۲۴/۸۹	۰/۰۴ $\pm$ ۰/۰۰۳

σ_P^2 ، σ_E^2 ، σ_A^2 به ترتیب مؤلفه های واریانس ژنتیکی افزایشی، واریانس باقیمانده و واریانس فنوتیپی؛ h^2 ضریب وراثت پذیری؛ SE خطای معیار؛ DFS، DO و CI به ترتیب روزهای زایش تا اولین تلقیح، روزهای زایش تا تلقیح منجر به آبستنی و فاصله بین دو زایش می باشند

وراثت پذیری های برآورد شده در این تحقیق کمتر از مقدار برآورد شده توسط غیائی و همکاران (۸) بود که می تواند به دلیل تفاوت در داده ها، روش برآورد و مدل مورد استفاده باشد اما از آنجایی که وراثت پذیری اغلب صفات تولیدمثلی عموماً کمتر از ۰/۱ است (۱۱)، این نتایج توافق خوبی با تحقیقات گذشته دارد. بطور کلی به دلیل تفاوت در واریانس ژنتیکی درون جمعیت ها، سطوح مدیریتی، ظرفیت ژنتیکی دام ها و واکنش متفاوت نژادها به شرایط محیطی و مدل های مورد استفاده برای آنالیز داده ها، وراثت پذیری برای صفات مختلف از یک جمعیت به جمعیت دیگر متفاوت است (۶ و ۱۳) از طرفی اطلاعات نادرست شجره دربرآورد وراثت پذیری ایجاد آریبی می کند و باعث کاهش میزان برآورد می شود. هر قدر خطای موجود در شجره بیشتر باشد، کاهش بیشتری دربرآورد وراثت پذیری مشاهده میشود (۲۰). برنامه های اصلاحی موثر، وابسته به دقت پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی برآورد شده است. اکثر صفات تولید مثلی اصولاً تحت تأثیر عملکردهای مدیرتی و دیگر فاکتورهای محیطی قرار دارند. در این پژوهش میزان وراثت پذیری برای صفات تولید مثلی کم بود که می تواند به علت واریانس فنوتیپی بالای ناشی از تنوع زیاد محیطی باشد. این امر بر این موضوع دلالت دارد که پیشرفت در وضعیت صفات مورد نظر می تواند با بهبود محیط تولید، و نه از طریق انتخاب ژنتیکی بدست آید (۲۱). از طرفی تحقیقات دیگری نشان می دهد که تنوع ژنتیکی معنی داری در باروری گاوهای ماده وجود دارد که امکان انتخاب برای بهبود این صفات را فراهم می سازد اما در صورت انتخاب برای این صفات سرعت پیشرفت ژنتیکی کم خواهد بود. بنابراین برای انتخاب صفات مورد نظر، باید صحت انتخاب را از طریق اطلاعات صفات همبسته و خویشاوندان افزایش داد.

منابع

1. Andersen-Ranberg, I.M., G. Klemetsdal, B. Heringstad and T. Steine. 2005. Heritabilities, genetic correlations and genetic change for female fertility and protein yield in Norwegian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 88:348–355.
2. Darwash, A.O., G.E. Lamming and M.D. Royal. 2001. A protocol for initiating oestrus and ovulation early post partum in dairy cows. *J. Anim. Sci.* 72:539 - 546.
3. Dematawewa, C.M.B. and P.J. Berger. 1998. Genetic and phenotypic parameters for 305-day yield, fertility, and survival in Holsteins. *J. Dairy Sci.* 81:2700–2709.
4. Ghavi Hossein-Zade, N. 2011. Genetic parameters and trends for calving interval in the first three lactations of Iranian Holsteins. *Trop Anim Health Prod.* 43:1111–1115.
5. Gredler, B., C. Fuerst and J. Solkner. 2007. Analysis of new fertility traits for the joint genetic evaluation in Austria and Germany. *Interbull Bull.* 37:152–155.
6. Hare, E., H.D. Norman and J.R. Wright. 2006. Trends in calving ages and calving intervals for dairy cattle breed in the United States. *J. Dairy Sci.* 89:365-370.
7. Hayes, J.F.R., I. Cue and H.G. Monardes. 1992. Estimates of repeatability of reproductive measures in Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 75:1701-1706.
8. Heydar Ghiasi, Abbas Pakdel, Ardeshir Nejati-Javaremi, Hassan Mehrabani-Yeganeh, Mahmood Honarvar, Oscar Gonzalez-Recio, Maria Jesus Carabano and Rafael Alenda. 2011. Genetic variance components for female fertility in Iranian Holstein cows. *Livest. Sci.* [139\(3\):277-280](#).
9. Jansen, J. 1985. Genetic aspects of fertility in dairy cattle based on analysis of A.I. of data - A review with emphasis on areas for further research. *Livest. Prod. Sci.* (12): 1-12.
10. Kadarmideen, H.N., M. Coffey. 2001. Quality and validation of insemination data for national genetic evaluations for dairy cow fertility in the United Kingdom. *Interbull Bulletin* 27. Proceedings of the 2001 Interbull Meeting in Budapest, Hungary, August 30-31 2001.
11. Kadarmideen, H.N., R. Thompson, M.P. Coffey and M.A. Kossaibati. 2003. Genetic parameters and evaluations from single- and multiple-trait analysis of dairy cow fertility and milk production. *Livest. Prod. Sci.* 81:183-195.
12. Lopez-Gatius, F. 2003. Is fertility declining in dairy cattle? A retrospective study in northeastern Spain, *Theriogenology*, 60:89–99.
13. Makgahlela, M. L., C.B. Banga, D. Norris, K. Dzama and J.W. Ngambi. 2008. Genetic analysis of age at first calving and calving interval in South African Holstein cattle. *Asian. J. Anim. Vet. Adv.* 3(4):197-205.
14. Muir, B.L., J. Fatehi and L.R. Schaeffer. 2004. Genetic relationships between persistency and reproductive performance in first-lactation Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 87:3029-3037.
15. Neuenschwander, T., H.N. Kadarmideen, S. Wegmann and Y. de Haas. 2005. Genetics of parity-dependant production increase and its relationship with health, fertility, longevity and conformation in Swiss Holsteins. *J. Dairy Sci.* 88:1540–1551.
16. Pryce, J.E., M.D. Royal, P.C. Garnsworthy and I.L. Mao. 2004. Fertility in high producing dairy cow. *Livest. Prod. Sci.* 86:125-135.
17. Rajala-Schultz, P.J. and G.S. Frazer. 2003. Reproductive performance in Ohio dairy herds is the 1990s. *Anim. Rep. Sci.* 76:127–142.
18. Romeo, L. 1999. Cause di eliminazione dall'allevamento nella popolazione bovina di razza frisona italiana. Degree Dissertation, University Of Milan, Italy.
19. Sajjad Toghiani Pozveh, Abdol Ahad Shadparvar, Mohammad Moradi Shahrababak, Mohammad Dadpasand Taromsari. 2009. Genetic analysis of reproduction traits and their relationship with conformation traits in Holstein cows. *Livest. Sci.* 125:84–87.

20. Slama, H., M.E. Wells, G.D. Adams and R.D. Morrison. 1996. Factors affecting calving interval in dairy herds. *J. Anim. Sci.* 59:1334-1339.
21. van der Westhuizen, R.R., S.J. Schoeman, G.F. Jordaan, and J.B. Van Wyk,. 2001. Genetic parameters for reproductive traits in a beef cattle herd estimated using multitrait analysis. *South African Journal of Animal Science.* 3:41-48.
22. Wang, T., R.I. Fernando and D.S. Kachman. 2001. *MATVEC User's Guide*. Department of Biometry, University of Nebraska, Lincoln.

Estimation of genetic parameters for reproductive traits in Iranian Holstein cows
Mohammad Hossein Salimi*, Navid Ghavi Hossein-Zade and Abdol Ahad Shadparvar
Department of Animal Sciences, College of Agriculture, University of Guilan
*E-mail: mhsalimi_65@yahoo.com

Abstract

Genetic parameters of reproductive traits including days from calving to first insemination (DFS), days from calving to conception (DO) and calving interval (CI) in first lactation Iranian Holstein cows were estimated under linear single-trait animal model using maximum restricted likelihood of AIREML algorithm of the MATVEC program. Data included 129,199 records of 1545 herds between 1370 to 1390 which were collected from the Animal Breeding Center of Iran. Using the GLM procedure of SAS software, fixed factors affecting on under study traits were identified. The model included the fixed effects of herd - year of calving, calving season and age at calving, random genetic effect of animal and residual effects. Estimated heritabilities were 0.03, 0.04 and 0.04 for DFS, OD and CI, respectively.

Key words: reproductive traits - heritability - genetic parameters - linear model

تأثیر برآزش مدل‌های مختلف حیوانی بر برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت وزن شش هفتگی یک لاین گوشتی تجاری
سارا سلیمی^{۱*}، عباس پاکدل^۲، حسن مهربانی یگانه^۲

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، ژنتیک و اصلاح نژاد گروه علوم دامی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران،

۲- بترتیب دانشیار و استادیار گروه علوم دامی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران

* نویسنده مسئول: سارا سلیمی، sara_salimi@ut.ac.ir

چکیده

دراین تحقیق، اثر عوامل تصادفی مادری مؤثر بر وزن شش هفتگی یک لاین تجاری گوشتی آراین، به همراه تأثیر برآزش اثرمتقابل پدر- نسل با ده مدل حیوان مختلف و روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) با استفاده از نرم افزار ASREML بر برآورد پارامترهای ژنتیکی بررسی شد. برآزش و معنی‌داری آثار در مدل‌ها با آزمون نسبت درستنمایی (LRT) ارزیابی گردید. کلیه مدل‌ها شامل اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم بودند. ولی تفاوت آنها با یکدیگر در برآزش آثار ژنتیکی افزایشی مادری، محیطی دائمی مادری، کوواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری، اثر متقابل پدر- نسل و ترکیبهای مختلف این آثار بود. برآزش اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم بدون منظور کردن سایر آثار تصادفی موجب شد وراثت پذیری مستقیم بیش از حد برآورد شود (۰/۴۱). کاهش در این برآوردها در نتیجه برآزش آثار مادری به خصوص اثر ژنتیکی افزایشی مادری، با و بدون منظور کردن اثر متقابل پدر- نسل (دامنه ای از ۰/۴۱ تا ۰/۲۱)، نشان داد. نتایج حاصل نشان داد که بخش قابل ملاحظه‌ای از واریانس فنوتیپی مشاهده شده بر وزن شش هفتگی ناشی از اثرات مادری است.

واژه‌های کلیدی: اثرات مادری- اثر متقابل پدر- نسل- مدل دام- لاین گوشتی تجاری.

مقدمه

نتایج حاصل از بررسی‌های مختلف نشان داده است، که در نظر گرفتن اثر عوامل مادری باعث برآورد صحیح تری از اجزای (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی و تولیدمثلی طیور خواهد شد (۱ و ۲). حذف هر یک از این آثار از مدل تجزیه و تحلیل آماری موجب برآورد بیشتر واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم و در نتیجه وراثت پذیری حاصل از آن خواهد شد. همچنین در بسیاری از این مطالعات همبستگی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری منفی برآورد شده است. برخی محققین مناسب نبودن مدل آماری را دلیلی بر برآورد منفی و بالای همبستگی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری بیان کرده اند (۸). در مطالعه‌ای با استفاده از داده‌های شبیه‌سازی شده صفت وزن شیرگیری گوسفندان مرینو نشان داده شد که چنانچه اثر متقابل پدر و سال معنی دار باشد، حذف آن از مدل موجب می‌شود واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری و در نتیجه وراثت پذیری‌های مربوطه بیش از مقدار واقعی برآورد شود (۳). همچنین با منظور نمودن این اثر میزان منفی بودن مقدار همبستگی ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری به مقدار زیادی کاهش می‌یابد. در طیور نیز در مطالعه‌ای بر روی داده‌های وزن شش هفتگی یک لاین گوشتی تجاری گزارش گردید که حذف اثر متقابل پدر و نسل از مدل، موجب برآورد منفی تر همبستگی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری شود (۱). وزن شش هفتگی وزنی است که رشد کامل شده و پس از آن پرنده‌ها برای صفات تولید مثلی وارد رژیم نوری و غذایی می‌شوند. هدف از این تحقیق، بررسی اثر منظور کردن آثار تصادفی

مختلف در مدل تجزیه و تحلیل صفت وزن شش هفتگی جوجه‌های لاین تجاری گوشتی آرین و همچنین تأثیر برازش اثر متقابل پدر-نسل بر مؤلفه‌های واریانس از جمله کوواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از اطلاعات ۱۲۵۳۲۰ پرنده مربوط به صفت وزن شش هفتگی یک لاین گوشتی تجاری مربوط به مرکز پرورش و اصلاح نژاد مرغ گوشتی آرین در بخش بابلکنار از شهرستان بابل وابسته به مرکز پشتیبانی امور دام کشور استفاده شد. داده‌ها با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) با استفاده از نرم افزار ASREML و مدل دام تجزیه و تحلیل شدند. مدل‌های مورد استفاده به صورت زیر بود:

$$\begin{array}{ll} ۱) y = Xb + Z_1a + e & \sigma_{am} = 0 \\ ۲) y = Xb + Z_1a + Wc + e & \sigma_{am} \neq 0 \\ ۳) y = Xb + Z_1a + Z_2m + e & \sigma_{am} = 0 \\ ۴) y = Xb + Z_1a + Z_2m + e & \sigma_{am} \neq 0 \\ ۵) y = Xb + Z_1a + Z_2m + Wc + e & \sigma_{am} = 0 \\ ۶) y = Xb + Z_1a + Z_2m + Wc + e & \sigma_{am} \neq 0 \\ ۷) y = Xb + Z_1a + Z_2m + Ss + e & \sigma_{am} = 0 \\ ۸) y = Xb + Z_1a + Z_2m + Ss + e & \sigma_{am} \neq 0 \\ ۹) y = Xb + Z_1a + Z_2m + Wc + Ss + e & \sigma_{am} = 0 \\ ۱۰) y = Xb + Z_1a + Z_2m + Wc + Ss + e & \sigma_{am} \neq 0 \end{array}$$

در این مدل‌ها، y بردار مشاهدات، b بردار اثر عوامل ثابت (شامل نسل - نوبت جوجه‌کشی، جنس، سن مادر، وزن یک روزگی به عنوان متغیر کمکی) a بردار اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم، m بردار اثر ژنتیکی افزایشی مادری، c بردار اثر محیطی دائمی مادری، s بردار اثر متقابل پدر-نسل، e بردار اثر باقی‌مانده است. همچنین، X ، Z_1 ، Z_2 و W ماتریس‌های طرح هستند که مشاهدات را به ترتیب به اثر عوامل ثابت، اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم حیوان، اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مادری، اثر تصادفی محیطی دائمی مادری و اثر تصادفی متقابل پدر-نسل ربط می‌دهند. σ_{am} نیز کوواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری است.

برای بررسی تأثیر عوامل تصادفی مختلف بر صفات مورد مطالعه و همچنین بر واریانس ژنتیکی و وراثت‌پذیری مستقیم و مادری و نیز همبستگی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری از روش آزمون نسبت لگاریتم درستنمایی به شرح زیر استفاده شد:

$$\chi^2 = -2(\log L_{Mi} - \log L_{Mj})$$

در این رابطه χ^2 عبارت از مربع کای محاسبه شده، $\log L_{Mi}$ لگاریتم درستنمایی مدل ساده‌تر و $\log L_{Mj}$ لگاریتم درستنمایی مدل کامل می‌باشد. این مقدار با مربع کای جدول با درجه آزادی به دست آمده از تفاضل تعداد اثرات تصادفی

مدل j از مدل i مقایسه می‌شود. مقدار مربع کای محاسباتی از مقدار مربع کای جدول بزرگتر باشد، تفاوت مدل‌ها از نظر آماری معنی‌دار ($P < 0.05$) و مدل کامل، مناسب‌تر خواهد بود

نتایج و بحث

برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفت وزن شش هفتگی جوجه‌های یک لاین گوشتی همراه با لگاریتم درستنمایی حاصل از مدل‌های دام با آثار تصادفی مختلف در جدول شماره ۱ نشان داده شده است.

جدول ۱- برآورد مؤلفه‌های (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفت وزن ۶ هفتگی جوجه‌های در لاین گوشتی آرین

مدل	σ_a^2	σ_c^2	σ_s^2	σ_m^2	σ_{am}^2	σ_e^2	σ_p^2	h_a^2	c^2	s^2	h_m^2	r_{am}	LogL
۱	۱۱۶۹۰	-	-	-	-	۱۶۶۷۰	۱۸۳۶۰	۰/۴۱	-	-	-	-	-۶۹۲۶۷۳
۲	۱۷۳۶	۱۰۴۶	-	-	-	۱۸۰۷۰	۲۶۸۵۰	۰/۲۸	۰/۰۴۰	-	-	-	-۶۹۲۶۶۷
۳	۸۲۸۷	-	-	۱۳۹۴	-	۱۷۹۰۰	۲۷۸۵۰	۰/۳۰	-	-	۰/۰۵۰	-	-۶۹۲۶۹۹
۴	۸۲۸۱	-	-	۱۳۹۱	-	۱۷۹۰۰	۲۷۸۵۰	۰/۳۰	-	-	۰/۰۵۰	۰/۰۰۲	-۶۹۲۶۹۹
۵	۷۴۱۸	۷۸۰/۳	-	۴۶۳/۱	-	۱۸۲۰۰	۲۶۸۹۰	۰/۲۸	۰/۰۳۰	-	۰/۰۲۰	-	-۶۹۲۶۴۶
۶	۷۹۳۶	۸۶۴/۶	-	۵۶۶/۳	-	۱۷۹۷۰	۲۶۸۱۰	۰/۳۰	۰/۰۳۰	-	۰/۰۲۰	۰/۰۲۵	-۶۹۲۶۴۰
۷	۷۲۵۶	-	۵۹۱	۱۲۴۳	-	۱۸۲۸۰	۲۷۳۷۰	۰/۲۶	-	۰/۰۲۰	۰/۰۴۵	-	-۶۹۲۳۴۵
۸	۵۸۱۲	-	۷۳۴/۱	۶۷۴/۷	۱۲۰۶	۱۸۹۱۰	۲۷۳۴۰	۰/۲۱	-	۰/۰۲۷	۰/۰۲۵	۰/۰۱	-۶۹۲۳۱۹
۹	۶۳۶۱	۸۲۰/۶	۶۲۷/۳	۲۵۶/۷	-	۱۸۵۹۰	۲۶۶۶۰	۰/۲۳	۰/۰۳۰	۰/۰۲۳	۰/۰۱۰	-	-۶۹۲۲۸۴
۱۰	۵۶۲۷	۷۱۰/۳	۶۹۶/۲	۱۷۷/۹	۵۳۴	۱۸۹۲۰	۲۶۶۶۰	۰/۲۱	۰/۰۲۷	۰/۰۲۶	۰/۰۰۷	۰/۰۵۳	-۶۹۲۲۷۸

σ_a^2 ، واریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم؛ σ_c^2 ، واریانس اثر محیط دائم مادری؛ σ_s^2 ، واریانس اثر متقابل پدر-نسل؛ σ_m^2 ، واریانس ژنتیکی اثر افزایشی مادری؛ σ_{am}^2 ، کوواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری؛ σ_e^2 ، واریانس اثر باقیمانده؛ σ_p^2 ، واریانس فنوتیپی؛ h_a^2 ، وراثت‌پذیری مستقیم؛ c^2 ، نسبت واریانس محیطی مادری به واریانس فنوتیپی؛ s^2 ، نسبت واریانس اثر متقابل پدر-نسل به واریانس فنوتیپی؛ h_m^2 ، وراثت‌پذیری مادری؛ r_{am} ، همبستگی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری. دامنه انحراف استاندارد پارامترها از ۰/۰۰۹ تا ۰/۰۴۵ بود.

واریانس ژنتیکی افزایشی وزن ۶ هفتگی جوجه‌ها و وراثت‌پذیری حاصل از آن بر اساس مدل ۱ به ترتیب برابر با ۱۱۶۹۰ و ۰/۴۱ بود. برازش مدل ۲ نشان داد که وجود اثر محیطی مادری در مدل موجب کاهش ۳۱/۷ درصدی وراثت‌پذیری مستقیم وزن ۶ هفتگی می‌شود و ۰/۲۸ برآورد شد ($P < 0/01$). افزودن اثر ژنتیکی مادری به مدل اول (مدل ۳) مانند مدل ۲ باعث کاهش وراثت‌پذیری مستقیم شد و ۰/۳ برآورد شد ($P < 0/01$). مقایسه این ۳ مدل به وضوح نشان می‌دهد حذف هر یک از آثار مادری از مدل، سبب بیشتر برآورد شدن وراثت‌پذیری مستقیم می‌شود. با افزودن کوواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری (مدل ۴)، هیچ تغییری در وراثت‌پذیری مستقیم و مادری مشاهده نشد ($P > 0/05$). برازش مدل ۵ که هر دو اثر ژنتیکی و محیطی مادری را شامل می‌شد، موجب کاهش وراثت‌پذیری مادری و نسبت واریانس محیطی مادری به واریانس فنوتیپی نسبت به مدل ۲ شد، تفاوت این ۲ مدل از نظر آماری معنی‌دار بود ($P < 0/01$). همچنین در مقایسه با مدل ۳ باعث کاهش وراثت‌پذیری مستقیم و مادری شد و تفاوت این ۲ مدل (۳ و ۵) معنی‌دار بود ($P < 0/01$). در مقایسه با مدل ۴، وراثت‌پذیری مستقیم و مادری کاهش داشته به طوری که وراثت‌پذیری مادری از ۰/۰۵ به ۰/۰۲ (کاهش ۶۰ درصدی) تغییر یافت. افزودن کوواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری به مدل ۵ (مدل ۶) باعث افزایش در وراثت‌پذیری مستقیم شد ($P < 0/01$). مقایسه مدل ۶ با مدل ۴ نشان داد که حضور اثر محیطی مادری در مدل باعث کاهش چشمگیری در وراثت‌پذیری مادری (از ۰/۰۵ به ۰/۰۲) و همبستگی ژنتیکی بین اثر ژنتیکی مستقیم و مادری (از ۰/۰۲ به -۰/۲۵) می‌شود ($P < 0/01$). مدل ۶ مدل مناسب‌تری نسبت به مدل‌های ۴ و ۵ بود. جایگزین کردن اثر متقابل پدر-نسل به جای اثر محیطی مادری در مدل ۵ (مدل ۷) باعث کاهش وراثت‌پذیری مستقیم نسبت به مدل ۵ شد. اما وراثت‌پذیری مادری افزایش پیدا کرد (از ۰/۰۲ به ۰/۰۴۵). همین‌طور در مقایسه با مدل ۳ که فاقد اثر متقابل پدر-نسل بود موجب کاهش ۱۳/۳ درصدی وراثت‌پذیری مستقیم شد ($P < 0/01$) در صورتی که تغییری در وراثت‌پذیری مادری به وجود نیامد و نتایج حاصل نشان داد که منظور نکردن اثر متقابل پدر-نسل در مدل تجزیه و تحلیل آماری، سبب تداخل واریانس این اثر در واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم می‌شود. منظور کردن اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری در مدل ۷ (مدل ۸)، باعث کاهش مقدار وراثت‌پذیری مستقیم و مادری شد (به ترتیب از ۰/۲۶ و ۰/۰۴۵ به ۰/۲۱ و ۰/۰۲۵) و افزایش لگاریتم درست‌نمایی نسبت به مدل ۷ معنی‌دار بود ($P < 0/01$). برازش مدل ۹ در مقایسه با مدل ۷ نشان می‌دهد که منظور نکردن اثر متقابل پدر-نسل موجب بیش از حد برآورد شدن وراثت‌پذیری مادری می‌شود (۰/۰۴۵ در مدل ۷ در مقایسه با ۰/۰۱ در مدل ۹) و همچنین وراثت‌پذیری مستقیم نسبت به مدل ۷ کاهش داشته است ($P < 0/01$). مدل ۹ نسبت به مدل ۷ مدل مناسب‌تری بود. منظور کردن اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری در مدل ۹ (مدل ۱۰)، باعث کاهش مقدار وراثت‌پذیری مستقیم و مادری شد و افزایش لگاریتم درست‌نمایی نسبت به مدل ۹ معنی‌دار بود ($P < 0/01$). مدل ۱۰ مناسب‌ترین مدل برای صفت وزن ۶ هفتگی بود. وجود اثر عوامل مادری با استفاده از مدل‌های دام در بررسی‌های محدودی توسط برخی از محققین گزارش شده است. در یک تحقیق وراثت‌پذیری برآورد شده برای وزن بدن در ۴۲ روزگی، سن بلوغ جنسی، وزن تخم‌مرغ و تولید تخم با استفاده از مدل دام و روش REML به ترتیب، ۰/۲۹، ۰/۳۴، ۰/۵۵ و ۰/۱۴ گزارش شده است (۴). در مطالعه این محقق، مقدار برآورد اثر محیط دائم مادری بسیار کم (بین ۲ تا ۳ درصد) بود. در مطالعه دیگری که بر روی وزن بدن جوجه‌های گوشتی انجام شد (۵)، دامنه وراثت‌پذیری مادری از ۲ تا ۴ درصد و نسبت واریانس محیطی دائم مادری به واریانس فنوتیپی از ۵ تا ۶ درصد گزارش شد. در بررسی بر روی داده‌های وزن بدن در جوجه‌های گوشتی (۶)، ۳ تا ۸ درصد تغییرات فنوتیپی به اثر محیطی مادری نسبت داده شده است. این نسبت برای اثر ژنتیکی

افزایشی مادری و محیط دائم مادری در مرغان بومی جنوب شرقی مکزیک (۷) به ترتیب ۱۶ درصد و ۸ درصد تغییرات فنوتیپی گزارش شده است.

منابع

- ۱ - شفاعت ک. واعظ ترشیزی ر. و امام جمعه کاشان ن. ۱۳۸۷. بررسی تأثیر منظور کردن اثر متقابل پدر و نسل به مدل بر همبستگی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری و سایر پارامترهای ژنتیکی وزن ۶ هفتگی جوجه‌های یک لاین تجاری گوشتی. سومین کنگره علوم دامی کشور.
- ۲ - فتحی ع. واعظ ترشیزی ر. و امام جمعه کاشان ن. ۱۳۸۴. بررسی اثر عوامل مادری بر صفات تولیدی و تولیدمثلی یک لاین گوشتی تجاری. مجله پژوهش و سازندگی، شماره ۶۷.

- 3-Konstantinov, K.V. and F.D.Brien. 2003. Influence of sire by year interaction on the direct-maternal genetic correlation for weaning weight of western Australian merino sheep. Australian Journal of Agricultural Research. 54: 723-729.
- 4-Koerhuis, A.N.M. and J.C. McKay. 1996. Restricted maximum likelihood estimation of genetic parameters on egg production traits in relation to juvenile body weight in broiler chicken. Livestock Production Science. 46: 117-127.
- 5-Koerhuis, A.N.M. and R. Thompson. 1997. Models to estimate maternal effects for juvenile body weight in broiler chickens. Genetic Selection Evolution. 29: 225-249.
- 6-Le Bihan-Duval, E., S. Mignon-Grasteau., N. Millet and C. Beaumont. 1998. Genetic analysis of selection experiment on increased body weight and breast muscle weight as well as on limited abdominal fat weight. British Poultry Science. 39: 346- 353.
- 7-Prado-Gonzalez, E.A., L. Ramirez-Avila and J.C. Segura-Correa. 2003. Genetic parameters for bodyweights of creole chickens from Southeastern Mexico using an animal model. Livestock Research For Rural Development. 15: 1.
- 8- Robinson, D.L. 1996. Models which might explain negative correlation between direct and maternal genetic effects. Livestock Production Science. 45: 111-122.

Effects of fitting different animal models on estimations of genetic parameters of body weight at 6 weeks in a commercial broiler line

Sara Salimi¹, Abas Pakdel², Hasan Mehrabani Yeganeh²

1-MSc, Department of of Animal Breeding and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, 2-Associate Professor and Assistant Professor in Animal Breeding & Genetic Department of Animal and Poultry Science, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran.

*Corresponding E-mail address: sara_salimi@ut.ac.ir

Abstract

In this study the effects of randomized maternal factors and sire-generation interaction effect on body weight at 6 weeks was investigated in commercial Arian

broiler line and ten different animal models and restricted maximum likelihood (REML) procedures using ASREML software for estimation of genetic parameters. Likelihood ratio test (LRT) was used to determine the most appropriate and significant factors in models. All models consisted of direct additive genetic effect but differed in combinations of maternal additive genetic, maternal permanent environmental, covariance between direct and maternal additive genetic effects and sire-generation interaction effects and different combinations of these effects. Fitting direct additive genetic effects without considering other random effects tended to overestimation of direct heritability (0.41). The reduction in these estimates was substantially due to maternal effects, especially maternal additive genetic, which accounted from 0.41 to 0.21, either with or without inclusion of sire-generation interaction, indicated that considerable part of phenotypic variations on body weight at 6 weeks is due to maternal effects.

Key Words: Maternal effects- Sire generation interaction effect- Animal model- Commercial broiler line.

تأثیر نرخ انتقال قوچ از هسته به پایه بر روی رشد ژنتیکی در سیستم اصلاح نژاد هسته
نسرین ابراهیمیان^{۱*}، عبدالاحد شادپرور^۲، نوید قوی حسین زاده^۲ و حشمت الله عسکری همت^۳
دانشجوی دوره‌ی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشگاه گیلان، ۲- عضو هیات علمی گروه علوم دامی، دانشگاه
گیلان، ۳- عضو هیات علمی گروه علوم دامی، دانشگاه شهید باهنر کرمان
نسرین ابراهیمیان- کیلومتر ۵ جاده رشت - تهران، دانشکده‌ی کشاورزی، دانشگاه گیلان.
nasrinebrahemian@yahoo.com

چکیده

در این مقاله تأثیر تغییر نرخ انتقال قوچ از هسته به پایه در جامعه‌ی گوسفندان نژاد مغانی بررسی شد. با توجه به ترکیب سنی میش‌ها و قوچ‌ها در جامعه‌ی مورد بررسی نتایج نشان داد که با افزایش نرخ انتقال قوچ از هسته به پایه (W) با توجه به بسته بودن سیستم هسته در این جامعه، نرخ رشد ژنتیکی در واحد زمان (G) تغییر نکرد ولی تأخیر ژنتیکی با افزایش W کاهش پیدا کرد و همچنین در بررسی همه جانبه با فرض باز بودن سیستم، میزان رشد ژنتیکی در واحد زمان در مقادیر مختلف نرخ انتقال میش از پایه به هسته (X) و با افزایش W میزان رشد ژنتیکی در ابتدا کمتر از مقدار آن در حالت بسته بوده و پس از آن با افزایش W در $X=0.25$ و $W=0.1614$ به یک مقدار ماکزیمم رسیده ($G=0.1614$)، و مجدداً کاهش می‌یابد. دلیل این امر را می‌توان به تغییر نسبت انتخاب در مسیر افراد جایگزین نر پایه‌ی متولد هسته و پایه و افراد جایگزین ماده‌ی هسته‌ی متولد هسته و پایه در دو جهت مخالف نسبت داد.

واژگان کلیدی: گوسفند مغانی- هسته‌ی اصلاح نژادی - نرخ انتقال- رشد ژنتیکی.

مقدمه

سیستم اصلاح نژادی دارای هسته یک سیستم اصلاحی است که از گله‌ی ممتاز بعنوان هسته و گله یا گله‌های غیر ممتاز بعنوان پایه تشکیل می‌شود (۵). ساختار اصلاح نژادی دارای هسته یک شروع مناسب برای بسیاری از برنامه‌های پیشرفت ژنتیکی است (۸). هسته می‌تواند به صورت باز یا بسته باشد. در یک سیستم هسته‌ی بسته، هیچ جریان ژنی از لایه‌های پایین تر به هسته وجود ندارد (۷). در اغلب کشورها از جمله ایران گله‌های دولتی وجود دارد که می‌توان از آنها بعنوان هسته‌های اصلاح نژادی یاد کرد. بررسی‌ها نشان می‌دهد که در ایران از سه دهه‌ی گذشته چندین ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند در کشور احداث شده است (۱ و ۲) که مرکز اصلاح نژاد گوسفند مغانی از آن جمله بوده و از یک گله‌ی هسته و ۱۷ گله‌ی پایه تشکیل شده است. سیستم‌های مدیریتی در گله‌های پایه مشابه بوده و سیستم پرورشی بصورت سیستم عشایری (ییلاق- قشلاق) انجام می‌شود که در تابستان در مناطق کوهستانی و در زمستان در منطقه دشت مغان و مراتع به سر می‌برند.

رشد ژنتیکی در یک طرح اصلاح نژادی بوسیله‌ی چندین عامل از جمله نرخ انتقال بین جمعیت هسته و پایه تحت تأثیر قرار می‌گیرد (۹). با توجه به سیستم پرورشی و مدیریتی در گله‌ی هسته و پایه در سیستم اصلاح نژادی گوسفند مغانی، هدف از مطالعه‌ی

حاضر، بررسی تأثیر تغییر نرخ انتقال قوچ از هسته به پایه بر روی رشد ژنتیکی است تا با توجه به شرایط موجود با استفاده از شبیه سازی رشد ژنتیکی، نرخ انتقال بهینه برآورد شود.

مواد و روش‌ها

در برنامه های اصلاح نژادی که در کشورهای مختلف اجرا می شود اهداف اصلاحی و شاخص انتخاب مناسب برای رسیدن به آن اهداف تعریف می شود. با توجه به شرایط موجود در جامعه ی مورد بررسی، از اطلاعات ثبت شده توسط مرکز اصلاح نژاد گوسفند مغانی طی سال های ۹۰-۷۴ به منظور برآورد ترکیب سنی میش و قوچ در جمعیت گله ی هسته و جمعیت گله های پایه استفاده شد. با توجه به مشابه بودن سیستم مدیریتی در گله های پایه، در این بررسی طرح به صورت یک پایه در نظر گرفته شده و تعداد افراد در هر کلاس سنی در جمعیت پایه بصورت مجموع میانگین ترکیب سنی ۱۷ گله ی پایه طی ۱۷ سال محاسبه شد. تعداد کلاس سنی برای میش هم در هسته و هم در پایه برابر ۸ و تعداد کلاس سنی برای قوچ در هسته و پایه به ترتیب برابر ۳ و ۴ کلاس سنی بود. اولین سن تولد فرزند در هر دو جنس و در هر دو جمعیت ۲ سالگی بوده و به ازای هر میش ۱/۲۵ بره یک ساله حاصل می شد (۶) و نسبت نر به ماده در هسته و پایه به ترتیب برابر ۱:۱۲ و ۱:۶ بود. انتقال میش در هیچ جهتی انجام نشده ($x=0$ و $y=0$) و فقط انتقال قوچ انجام می شود که به طور متعارف این انتقال قوچ از جمعیت هسته به جمعیت پایه می باشد ($w \neq 0$ و $v=0$). تعداد کل جمعیت ۱۹۹۳ رأس و درصد مشارکت هسته از کل جمعیت ۰/۲ (۳۹۵ رأس) می باشد. با توجه به اینکه انتخاب در گله های هسته و پایه پس از شیرگیری بره ها انجام می شود و با توجه به بالا بودن ارزش اقتصادی صفت وزن از شیرگیری بر اساس بررسی انجام شده توسط عبدالهی و همکاران (۲۰۱۲)، به این ترتیب هدف طرح بهبود ارزش اصلاحی از طریق انتخاب بر مبنای وزن شیرگیری بوده و انحراف معیار ژنتیکی افزایشی و صحت انتخاب صفت وزن از شیرگیری بر اساس بررسی انجام شده توسط جعفرآوغلی و همکاران (۲۰۱۰) به ترتیب برابر ۱/۱۵۳۳ و ۰/۳ در نظر گرفته شد و از فرمول های ارائه شده توسط مولر و جیمز (۱۹۸۴) برای محاسبه ی رشد ژنتیکی در واحد زمان استفاده شد که به قرار زیر می باشد:

$$G = (g C_N + (1-g) C_B) / (g L_N + (1-g) L_B)$$

$$A = 2(L_B G - C_B) / (w+y)$$

که در آن g ، نسبت تمام انتقالات با منشأ هسته و C_N و C_B ، به ترتیب تفاوت انتخاب ژنتیکی در هسته و پایه و L_B و L_N ، به ترتیب فاصله ی نسلی در هسته و پایه و A ، تأخیر ژنتیکی یا تفاوت در میانگین ژنتیکی هسته و پایه را نشان می دهند.

به منظور بررسی تأثیر تغییر نرخ انتقال قوچ از هسته به پایه (w) در جامعه ی مورد بررسی با استفاده از شبیه سازی رشد ژنتیکی، نرخ انتقال قوچ در مقادیر ۰، ۰/۲۵، ۰/۵، ۰/۷۵، ۱ در نظر گرفته شد. همچنین به منظور بررسی تأثیر همه جانبه ی نرخ انتقال، علاوه بر در نظر گرفتن حالت بسته بودن سیستم ($x=0$) بار دیگر سیستم به صورت هسته باز فرض گردید ($x>0$) تا با تغییر میزان باز بودن سیستم، به ازای تغییر نرخ انتقال میش از پایه به هسته (x) در مقادیر ۰/۲۵، ۰/۵، ۰/۷۵، ۱، نتیجه مورد بررسی قرار گیرد.

نتایج و بحث

در جامعه‌ی مورد بررسی در حالت $X=0$ که نشانه‌ی هسته‌ی بسته می باشد با افزایش نرخ انتقال قوچ از جمعیت هسته به پایه (W) رشد ژنتیکی در واحد زمان تغییر نکرد اما تاخیر ژنتیکی یا تفاوت در میانگین ژنتیکی هسته و پایه (A) با افزایش W روبه کاهش گذاشت و در مورد حالت باز بودن سیستم ($X>0$)، رشد ژنتیکی در واحد زمان تغییر کرد (جدول ۱). دلیل این امر را در صورت بسته بودن سیستم می توان اینگونه بیان نمود که در هسته‌ی بسته منشأ رشد ژنتیکی خود هسته است بنابراین با تغییر W رشد ژنتیکی تغییری نمی کند ولی بدلیل تغییر نسبت انتخاب مسیر افراد جایگزین نر پایه‌ی متولد هسته و پایه و در نتیجه شدت انتخاب این مسیرها، تفاوت انتخاب ژنتیکی پایه دچار تغییر شده و به این ترتیب با توجه به افزایش W، نهایتاً منجر به کاهش مقدار A در این حالت می گردد (جدول ۱).

در مورد حالت باز بودن سیستم ($X>0$)، ابتدا با تغییر W، میزان رشد ژنتیکی کمتر از مقدار آن در حالت بسته بودن سیستم می باشد و سپس با افزایش آن رو به افزایش گذاشته و پس از رسیدن به یک مقدار ماکزیمم به ازای افزایش مقدار X میزان رشد ژنتیکی در واحد زمان رو به کاهش گذاشته و مقدار آن کمتر از میزان رشد ژنتیکی در حالت بسته می شود ولی به ازای هر مقدار داده‌ی X با افزایش W مقدار رشد ژنتیکی نیز افزایش می یابد (جدول ۱). دلیل این امر را می توان اینگونه توجیه کرد که با افزایش X، نسبت انتخاب مسیر جایگزینان ماده‌ی هسته ی متولد هسته رو به کاهش گذاشته ولی با افزایش W تغییر نمی کند و نسبت انتخاب مسیر افراد جایگزین ماده‌ی هسته‌ی متولد پایه به ازای افزایش مقدار X، رو به افزایش گذاشته ولی با افزایش W تغییر نمی کند و در مورد نسبت انتخاب مسیر افراد جایگزین نر پایه‌ی متولد هسته به ازای افزایش مقدار X، مقدار آن ثابت بوده ولی با افزایش W رو به افزایش گذاشت و نسبت انتخاب مسیر افراد جایگزین نر پایه‌ی متولد پایه با افزایش مقدار X، تغییر نکرد ولی به ازای افزایش مقدار W، مقدار آن رو به کاهش گذاشت لذا با توجه به این امر که شدت انتخاب و نسبت انتخاب با یکدیگر دارای رابطه‌ی عکس هستند به این ترتیب اثر متقابل کاهش و افزایش این مسیرهای انتخاب در کنار هم باعث تغییر غیر خطی رشد ژنتیکی در حالت ($X>0$) می شود. در حالت تغییر غیر خطی نیز انتظار می رود که یک مقدار ماکزیمم و یک مقدار مینیمم بدست آید. در نتیجه‌ی این بررسی در حالت $X=0/25$ و $W=1$ مقدار ماکزیمم رشد ژنتیکی، $G=0/1614$ ، و در حالت $X=1$ و $W=0$ مقدار مینیمم رشد ژنتیکی، $G=0/0776$ ، بدست آمد. در بررسی حاضر در حالت باز بودن سیستم به ازای هر مقدار X با افزایش W رشد ژنتیکی در واحد زمان افزایش می یابد. کاسگی و همکاران (۲۰۰۶) بیان کردند که انتخاب هم افراد نر و هم ماده در سیستم هسته‌ی باز رشد ژنتیکی بیشتری نسبت به حالت فقط انتخاب نرها ایجاد می کند. جیمز (۱۹۷۷) بیان کرد که مقدار W بسته به اندازه‌ی هسته و نسبت نرهای متولد شده و مورد استفاده برای جایگزینی، به ازای افزایش اندازه‌ی هسته می تواند افزایش یابد.

جدول ۱: تغییر رشد ژنتیکی در واحد زمان، تفاوت در میانگین ژنتیکی هسته و پایه، نسبت انتخاب ها و فاصله‌ی نسلی در اثر

تغییر نرخ انتقال بین هسته و پایه.

تفاوت در	رشد	نسبت نرهای	نسبت نرهای	نسبت ماده‌های	نسبت ماده‌های	فاصله‌ی	فاصله‌ی	نسبت ماده	نسبت ماده	نسبت ماده	نسبت ماده
میانگین	ژنتیکی	پایه‌ی متولد	پایه‌ی متولد	پایه‌ی متولد	پایه‌ی متولد	نسلی	نسلی	های هسته‌ی	های هسته‌ی	های هسته‌ی	های هسته‌ی
ژنتیکی	در واحد	پایه	هسته	هسته	هسته	در جمعیت	در جمعیت	متولد هسته	متولد هسته	متولد هسته	متولد هسته
هسته و پایه	زمان			متولد پایه	متولد پایه	پایه	پایه				
NaN	۰/۳۷۸۵	۰	۰	۰	۰/۳۸۸۹	۳/۵۸۰۹	۳/۴۲۶۴	۰	۰	۰	۰

NaN*									
۰/۲۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۳۸۸۹	۰	۰/۰۷۱۹	۰/۲۸۳۹	۰/۱۵۶۳	۱/۳۵۸۸	
۰	۰/۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۳۸۸۹	۰	۰/۱۴۳۸	۰/۱۸۹۲	۰/۱۵۶۳	۰/۶۲۵۸
۰/۷۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۳۸۸۹	۰	۰/۲۱۵۷	۰/۰۹۴۶	۰/۱۵۶۳	۰/۴۵۴۱	
۱	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۳۸۸۹	۰	۰/۲۸۷۶	۰	۰/۱۵۶۳	۰/۴۴۸۳	
۰	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۲۹۱۶	۰/۰۲۴	۰	۰/۳۷۸۵	۰/۰۹۰۷	NaN	
۰/۲۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۲۹۱۶	۰/۰۲۴	۰/۰۷۱۹	۰/۲۸۳۹	۰/۱۴۰۸	۱/۰۹۶۵	
۰/۲۵	۰/۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۲۹۱۶	۰/۰۲۴	۰/۱۴۳۸	۰/۱۸۹۲	۰/۱۵۵۲	۰/۷۰۱۲
۰/۷۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۲۹۱۶	۰/۰۲۴	۰/۲۱۵۷	۰/۰۹۴۶	۰/۱۶۰۵	۰/۵۵۵۲	
۱	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۲۹۱۶	۰/۰۲۴	۰/۲۸۷۶	۰	۰/۱۶۱۴	۰/۵۳۰۵	
۰	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۱۹۴۴	۰/۰۴۸۱	۰	۰/۳۷۸۵	۰/۰۸۵۸	NaN	
۰/۲۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۱۹۴۴	۰/۰۴۸۱	۰/۰۷۱۹	۰/۲۸۳۹	۰/۱۲۹۱	۰/۹۰۰۳	
۰/۵	۰/۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۱۹۴۴	۰/۰۴۸۱	۰/۱۴۳۸	۰/۱۸۹۲	۰/۱۴۷۱	۰/۶۵۴
۰/۷۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۱۹۴۴	۰/۰۴۸۱	۰/۲۱۵۷	۰/۰۹۴۶	۰/۱۵۴۸	۰/۵۴۷۳	
۱	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۱۹۴۴	۰/۰۴۸۱	۰/۲۸۷۶	۰	۰/۱۵۶۲	۰/۵۲۸۱	
۰	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۰۹۷۲	۰/۰۷۲۱	۰	۰/۳۷۸۵	۰/۰۸۱۵	NaN	
۰/۲۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۰۹۷۲	۰/۰۷۲۱	۰/۰۷۱۹	۰/۲۸۳۹	۰/۱۱۹۴	۰/۷۴۵۸	
۰/۷۵	۰/۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۰۹۷۲	۰/۰۷۲۱	۰/۱۴۳۸	۰/۱۸۹۲	۰/۱۳۷۶	۰/۵۷۹۷
۰/۷۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۰۹۷۲	۰/۰۷۲۱	۰/۲۱۵۷	۰/۰۹۴۶	۰/۱۴۵۹	۰/۵۰۳۲	
۱	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	۰/۰۹۷۲	۰/۰۷۲۱	۰/۲۸۷۶	۰	۰/۱۴۷	۰/۴۹۳۱	
۰	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	0	۰/۰۹۶۱	۰	۰/۳۷۸۵	۰/۰۷۷۶	NaN	
۰/۲۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	0	۰/۰۹۶۱	۰/۰۷۱۹	۰/۲۸۳۹	۰/۱۱	۰/۵۹	
۱	۰/۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	0	۰/۰۹۶۱	۰/۱۴۳۸	۰/۱۸۹۲	۰/۱۲۶۵	۰/۴۷۷۲
۰/۷۵	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	0	۰/۰۹۶۱	۰/۲۱۵۷	۰/۰۹۴۶	۰/۱۳۳۹	۰/۴۲۶۱	
۱	۳/۴۲۶۴	۳/۵۸۰۹	0	۰/۰۹۶۱	۰/۲۸۷۶	۰	۰/۱۳۳۸	۰/۴۲۶۷	

*Not- a- Number

منابع

۱. عباسی، م. ع.، ا. نجاتی جوارمی، ر. واعظ ترشیزی، ر. عصفوری. ۱۳۸۶. تعیین برنامه‌ی مناسب برای اصلاح نژاد گوسفند بلوچی. پژوهش و سازندگی امور دام و آبزیان، ۷۶، ۱۴۳، ۱۳۸.

۲. وطن خواه، م.، م. مرادی شهر بابک، ا. نجاتی جوارمی، س.ر. میرائی آشتیانی، ر. واعظ ترشیزی. ۱۳۸۳. مروری بر اصلاح نژاد گوسفند در ایران. اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، کرج، ایران.

4. Abdollahy H., S. Hasani, S. Zerehdaran, A. A. Shadparvar, B. Mahmoudi. 2012. Determination economic values for some important traits in Moghani sheep. Small Ruminant Research, 105: 161-169.
5. James J. W. 1977. Open nucleus breeding systems. Anim. Prod. 24: 287-305.
6. Jafaroghli M, A. Rashidi, M. S. Mokhtari, A. A. Shadparvar. 2010. (Co) Variance components and genetic parameter estimates for growth traits in Moghani sheep. Small Ruminant Research, 91: 170-177.
7. Kosgey, I. S., R. L. Baker, H. M. J. Udo and J. A. M. Van Arendonk. 2006. Successes and failures of small ruminant breeding programmes in the tropics: a review. Small Ruminant Research, 61: 13-28.
8. Kosgey, I. S. and A. M. Okeyo. 2007. Genetic improvement of small ruminant in low- input, smallholder production systems: technical and infrastructural issues. Small Ruminant Research, 70: 76-88.
9. Mueller, J.p. and J.w. James. 1984. Developments in open nucleus breeding system. INTA Barioloché, Comunicacion Tecnica PA Nro. 175: 204-213.

Effect of ram transfer rate from nucleus to base population on genetic gain in nucleus breeding system

N. Ebrahemian¹, A. A. Shadparvar¹, N. Ghavi- Hoseinzade¹ and H. Askari- Hemamat²
Department of animal science, Faculty of Agriculture, University of Guilan, Iran. 2. Department of animal science, Faculty of Agriculture, Shahid- Bahonar University of Kerman, Iran.

* nasrinebrahemian@yahoo.com

Abstract

In this paper the effect of ram transfer rate from nucleus to base in Moghani sheep population was studied. Regarding to the age structure for ewes and rams in the population under study, the results indicated that because of considering closed nucleus in this population, genetic gain per time (G) did not change by increasing the ram transfers rate (w), but genetic lag decreased by increasing w. But when an open nucleus breeding system was considered, at first the genetic gain over time at different proportion of ewe transfer rates from base to nucleus and with increasing w, genetic gain was lower than its value in closed nucleus and then reached to a maximum value of $G=0.1614$ in $w=1$ and $x=0.25$ and afterwards it was decreased by increasing x. The reason for this result is the diverse changes in selection proportions in the paths of nucleus rams transfers to the base and base rams used in base population and base female transfers to nucleus and nucleus females used in the nucleus population.

Keywords: Moghani sheep- nucleus breeding- transfers rate- genetic gain.

بررسی تاثیر اندازه‌ی جمعیت بر روی رشد ژنتیکی در هسته‌های باز اصلاح نژادی

نسرین ابراهیمیان^{۱*}، عبدالاحد شادپرور^۲، نوید قوی حسین زاده^۲ و حشمت الله عسکری‌همت^۳

دانشجوی دوره‌ی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشگاه گیلان، ۲- عضو هیات علمی گروه علوم دامی، دانشگاه

گیلان، ۳- عضو هیات علمی گروه علوم دامی، دانشگاه شهید باهنر کرمانسیرین ابراهیمیان- کیلومتر ۵ جاده رشت- تهران،

دانشکده‌ی کشاورزی، دانشگاه گیلان. nasrinebrahemian@yahoo.com

چکیده

در این مقاله تاثیر تغییر اندازه‌ی جمعیت بر روی رشد ژنتیکی در یک طرح هسته‌ی باز اصلاح نژادی در دو حالت ثابت ماندن سهم هسته از کل جمعیت و ثابت ماندن اندازه‌ی هسته بررسی شد. نتایج نشان داد که با ثابت بودن سهم هسته از کل جمعیت، با افزایش اندازه‌ی جمعیت هیچ تغییری در رشد ژنتیکی در واحد زمان (G) مشاهده نشد. در حالت دوم، با تغییر اندازه‌ی جمعیت، G بصورت غیر خطی تحت تاثیر قرار گرفت یعنی با افزایش اندازه‌ی جمعیت و تا زمانی که سهم هسته از کل جمعیت بیش از $9/1$ درصد بود مقدار G زیاد شد، اما پس از کاهش این سهم از این میزان، G کاهش یافت. علت این روند غیر خطی، تغییر شدت انتخاب در مسیر انتقال هسته به پایه و مسیر انتقال پایه به هسته در دو جهت عکس می‌باشد.

واژگان کلیدی: هسته‌ی اصلاح نژادی- اندازه‌ی جمعیت- رشد ژنتیکی در واحد زمان- شدت انتخاب.

مقدمه

سیستم اصلاح نژادی دارای هسته یک سیستم اصلاحی است که از یک گله‌ی ممتاز به عنوان هسته و گله یا گله‌های غیر ممتاز به عنوان پایه تشکیل شده است و می‌تواند به صورت باز یا بسته باشد. سیستم هسته‌ی باز سلسله مراتب اصلاحی است که در آن دامها در دو جهت انتقال می‌یابند (۴). ساده‌ترین سیستم اصلاحی هسته‌ی باز از یک هسته‌ی دارای دام‌های ممتاز و یک گله‌ی پایه تشکیل شده است که در آن، هسته نرهای جایگزین مورد نیاز خود و همچنین گله‌ی پایه را تامین می‌کند و ماده‌های جایگزین مورد نیاز، هم از جمعیت هسته و هم از جمعیت پایه تامین می‌شوند. بعبارت دیگر، علاوه بر اینکه دام‌های ممتاز متولد هسته جهت جفت‌گیری به پایه منتقل می‌شوند، دام‌های ممتاز دارای ارزش ژنتیکی بالا از جمعیت پایه نیز به هسته منتقل می‌شوند (۲). رشد ژنتیکی در یک طرح اصلاح نژادی با هسته‌ی باز بوسیله‌ی عواملی از جمله اندازه‌ی جمعیت، و سهم هسته از کل جمعیت تحت تاثیر قرار می‌گیرد (۴). هدف از این مطالعه پاسخ به این سوال است که آیا افزایش اندازه‌ی کل جمعیت تحت پوشش یک برنامه هسته باز اصلاح نژادی، می‌تواند همواره به افزایش رشد ژنتیکی در واحد زمان منجر شود.

مواد و روش‌ها

در این بررسی از اطلاعات جامعه ارائه شده توسط مولر و جیمز (۱۹۸۴) که نشان دهنده‌ی یک طرح اصلاحی هسته‌ی باز در گوسفندان مرینوس استرالیاست استفاده شد (۴). در این جامعه تعداد کلاس سنی افراد نر و ماده، هم در هسته و هم در پایه به ترتیب برابر ۴ و ۱ بود. اولین سن تولد فرزند در هر دو جنس ۲ سالگی بوده و به ازای هر میش ۰/۸ بره یک ساله حاصل می شد و نسبت نر به ماده ۱:۱۰۰ بود. ۱۰ درصد از کل جمعیت در هسته بوده و تمام جایگزینان نر گله پایه از هسته ($y=1$) و نیمی از ماده های جایگزین هسته از پایه تامین شده ($x=0.5$) و هیچ تلفاتی در هیچ یک از دو جنس و جمعیت وجود نداشت. هدف طرح بهبود ارزش اصلاحی از طریق انتخاب بر مبنای وزن پشم ناشور بوده و انحراف معیار ژنتیکی افزایشی صفت ۲/۴۷۳۷ و صحت انتخاب ۰/۱۵۹۲ بود. در این بررسی از فرمولهای ارائه شده توسط مولر و جیمز (۱۹۸۴) برای حالت هسته‌ی اصلاحی با یک جمعیت پایه، استفاده شد که به قرار زیر می باشد:

$$G = (2 D_{NMN} + D_{NFN} + D_{BFN} + D_{BFB} + D_{NMB}) / (4 L_N + 2 L_B)$$

که در آن L و D به ترتیب نشان دهنده‌ی فاصله‌ی نسل و تفاوت انتخاب بوده و L_N و L_B ، به ترتیب فاصله‌ی نسلی در هسته و پایه، و D_{NMN} ، D_{NFN} ، D_{NMB} ، D_{BFN} ، D_{BFB} ، به ترتیب، تفاوت انتخاب نرهای هسته‌ی متولد هسته، ماده های هسته‌ی متولد هسته، نرهای پایه‌ی متولد هسته، ماده های هسته‌ی متولد پایه و ماده های پایه‌ی متولد پایه را نشان می دهند.

به منظور بررسی اثر تغییر اندازه جمعیت بر G دو حالت در نظر گرفته شد: الف. سهم هسته از کل جمعیت در حد ۱۰ درصد ثابت بماند که در این صورت اندازه‌ی جمعیت هسته و اندازه‌ی کل جمعیت متغیر خواهد بود، ب. اندازه‌ی جمعیت هسته ثابت بماند که در این صورت سهم هسته از کل جمعیت متغیر است.

نتایج و بحث

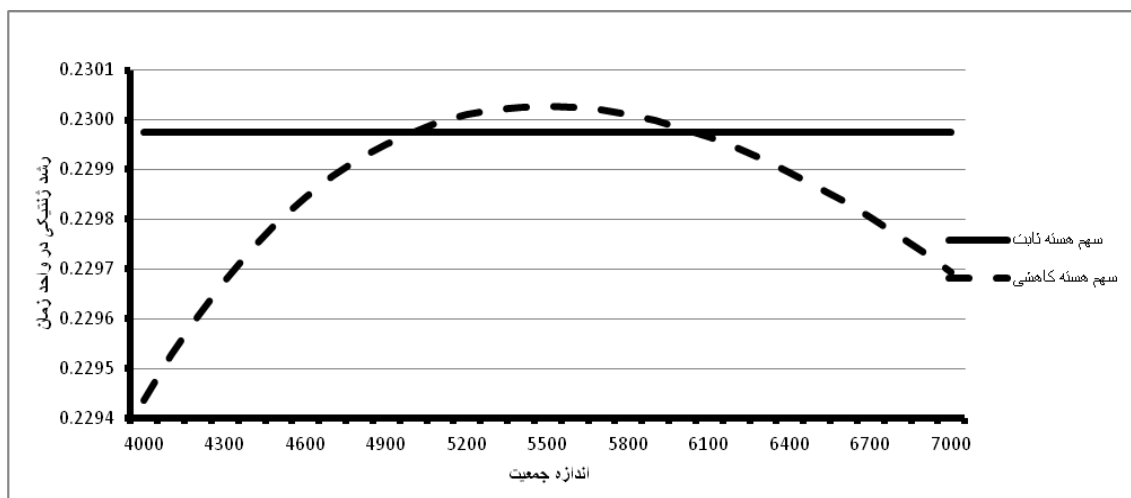
در حالت الف، با ثابت بودن سهم هسته از کل جمعیت (α)، با افزایش اندازه‌ی جمعیت هیچ تغییری در رشد ژنتیکی در واحد زمان (G) مشاهده نشد (شکل ۱). دلیل این امر را می توان اینگونه توجیه نمود که بدلیل ثابت بودن α ، با تغییر اندازه‌ی جمعیت، اندازه‌ی هسته نیز به همان نسبت تغییر می کند و در نتیجه عملاً هیچ تغییری در شدت انتخاب مسیرهای مختلف توارث در هیچ یک از دو جمعیت مشاهده نمی شود و در نتیجه مقادیر G که تابعی از آن می باشد (۳) تغییر نمی کند.

در مورد حالت ب، با تغییر اندازه‌ی جمعیت مقدار G نیز تغییر کرد (شکل ۱). در صورت ثابت بودن اندازه‌ی جمعیت هسته با افزایش اندازه‌ی جمعیت، مقدار α کاهش یافته و مقدار G تا زمانی که α به ۹,۱٪ برسد افزایش یافت و پس از آن با افزایش اندازه‌ی جمعیت، مقدار G کاهش یافت (جدول ۱). در صورت ثابت بودن اندازه‌ی جمعیت هسته، با افزایش اندازه‌ی کل جمعیت، رفته رفته شدت انتخاب در مسیر ماده های جایگزین هسته‌ی متولد پایه افزایش می یابد ولی از طرف دیگر شدت انتخاب در مسیر نرهای جایگزین پایه‌ی متولد هسته کم می شود. این دو عامل در جهت عکس هم عمل می کنند و به این دلیل تغییرات G بصورت غیر خطی است (جدول ۱). تا قبل از رسیدن به نقطه ماکزیمم، اثر عامل

اول بر رشد ژنتیکی بزرگتر از عامل دوم است اما بعد از نقطه اوج این وضعیت برعکس می شود (جدول ۱). عبدالسلام و همکاران (۲۰۱۰) در تحقیق خود که بررسی تغییر رشد ژنتیکی در اثر تغییر اندازه‌ی جمعیت و نرخ مهاجرت و شدت انتخاب نرها در گاومیش مصری با استفاده از شبیه سازی بود، مشاهده کردند که رشد ژنتیکی با افزایش اندازه‌ی جمعیت به طور معنی‌داری افزایش یافت و این افزایش را به بزرگ بودن نرخ مهاجرت از هسته به پایه در جمعیت بزرگتر نسبت دادند که از این نظر با بررسی حاضر که نرخ انتقال از هسته به پایه ثابت است تفاوت دارد (۱). مشابه آنچه که در این تحقیق دیده شد، جیمز (۱۹۷۷) گزارش کرد که نسبت انتخاب در مسیر نرهای پایه‌ی متولد هسته با افزایش اندازه‌ی جمعیت افزایش می یابد که منجر به کاهش شدت انتخاب در این مسیر می شود (۲). هم چنین مولر و جیمز (۱۹۸۳) گزارش کردند که با اندازه‌ی کوچک هسته جریان ژنی رو به پایین (از هسته به پایه) ضرورتاً آهسته صورت می گیرد (۳).

جدول ۱: تغییر رشد ژنتیکی در واحد زمان و شدت انتخاب‌ها در اثر تغییر اندازه‌ی جمعیت و سهم هسته.

اندازه‌ی سهم	شدت	شدت	شدت	رشد ژنتیکی
جمعیت	انتخاب	انتخاب ماده-	انتخاب	در واحد زمان
هسته	نرهای پایه‌ی	های هسته‌ی	ماده‌های	
	متولد هسته	متولد پایه	پایه‌ی	متولد پایه
۴۰۰	۰/۱۲۵	۱/۲۶۶	۲/۱۱۰	۰/۲۲۹۴۴
۴۳۰۰	۰/۱۱۶	۱/۲۳۰	۲/۱۴۳	۰/۲۲۹۶۸
۴۶۰۰	۰/۱۰۹	۱/۱۹۶	۲/۱۷۴	۰/۲۲۹۸۴
۴۹۰۰	۰/۱۰۲	۱/۱۶۳	۲/۲۰۲	۰/۲۲۹۹۵
۵۲۰۰	۰/۰۹۶	۱/۱۳۲	۲/۲۲۸	۰/۲۳۰۰۱
۵۵۰۰	۰/۰۹۱	۱/۱۰۱	۲/۲۵۲	۰/۲۳۰۰۳
۵۸۰۰	۰/۰۸۶	۱/۰۷۱	۲/۲۷۵	۰/۲۳۰۰۱
۶۱۰۰	۰/۰۸۲	۱/۰۴۲	۲/۲۹۶	۰/۲۲۹۹۶
۶۴۰۰	۰/۰۷۸	۱/۰۱۴	۲/۳۱۶	۰/۲۲۹۸۹
۶۷۰۰	۰/۰۷۵	۰/۹۸۷	۲/۳۳۵	۰/۲۲۹۸۰



شکل ۱: تغییر ژنتیکی در واحد زمان به ازای تغییر در اندازه‌ی جمعیت در دو حالت ثابت بودن اندازه‌ی جمعیت و ثابت بودن سهم مشارکت هسته.

منابع

1. Abdel-Salam S.A., A. I. Sayed, Manal Elsayed, S. Abou-Bakr. 2010. Genetic gain in open nucleus breeding scheme to improve milk production in Egyptian Buffalo. Livestock science. 131:162-167.
2. James J. W. 1977. Open nucleus breeding systems. Anim. Prod. 24: 287-305.
3. Mueller, J.p. and J.w. James. 1983. Effects of reduced variance due to Selection in open nucleus breeding systems. Aust. J. Agric. Res. 34: 53-62.
- 4 Mueller, J.p. and J.w. James. 1984. Developments in open nucleus breeding system. INTA Barioloché, Comunicacion Tecnica PA Nro. 175: 204-213.

Effect of population size on genetic gain in open nucleus breeding scheme

N. Ebrahemian¹, Sh^{*}, A. A. adparvar¹, N. Ghavi- Hoseinzade¹ and H. Askari- Hemamat
 Department of animal science, Faculty of Agriculture, University of Guilan, Iran. 2. Department of animal science, Faculty of Agriculture, Shahid- Bahonar University of Kerman, Iran.

* nasrinebrahemian@yahoo.com

Abstract:

In this study effect of changing population size on genetic gain in open nucleus breeding schemes for two states: constant nucleus contribution and constant nucleus size was reviewed and results indicated that for constant nucleus contribution, genetic gain (G) was not affected by increasing population size, and for constant nucleus population until nucleus contribution was more than 9.1 percent, G was affected in a non-linear fashion by increasing population size and then was decreased by declining population contribution. These results are due to changing in

selection intensity of transfers from nucleus to base population and from base population to nucleus in different directions.

Keywords: nucleus breeding- population size- genetic gain- selection intensity.

مطالعه اثرات دوره زایش بر صفت نمره سلول های سوماتیکی شیر در دو گله گاو شیری هلشتاین در استان ایلام

جبار جمالی^{۱*}، دکترابراهیم بابااحمدی^۲

۱ و ۲ به ترتیب عضو هیئت علمی دانشگاه ایلام گروه علوم دامی و دامپزشکی

* نویسنده مسئول: جبارجمالی، ایلام خیابان شهید بهشتی چهارراه بهزستی فاز فرهنگ بلوک ۱ واحد ۱ طبقه ۱ منزل جمالی و

jamali_jabar@yahoo.com

چکیده

در این پژوهش به منظور مطالعه اثر دوره زایش بر صفت نمره سلول های سوماتیکی از اطلاعات تعداد سلول های سوماتیکی مربوط به دو گاوداری صنعتی در استان ایلام استفاده گردید. بدین منظور از هر گله به طور تصادفی 50 رأس گاو شیری برای هر نوبت زایش (۴) دوره زایش استفاده شد. برای ایجاد توزیع تقریباً نرمال، ارقام مربوط به شمارش سلول های سوماتیک (SCC) از طریق تبدیل لگاریتمی در مبنای 2، به امتیاز سلول های سوماتیک تبدیل شد. از نرم افزار آماری SPSS رویه مدل مختلط جهت آنالیز داده ها استفاده گردید. نتایج نشان داد گاوهای شکم اول کمترین نمره سلول های سوماتیکی (۴/۱۱) را داشتند که تفاوت معنی داری با بقیه دوره های زایش (۵/۱۰ - ۵) نشان داد ($p < 0,01$). بین دوره های بالاتر زایش تفاوت معنی دار آماری برای نمره سلول های سوماتیک مشاهده نگردید. گله ها تفاوت معنی دار آماری برای صفت فوق نشان دادند ($p < 0,05$).

کلمات کلیدی: نمره سلول های سوماتیک، گاو هلشتاین، نوبت زایش، استان ایلام

مقدمه

ورم پستان یک بیماری مهم و پر هزینه است. تورم غدد پستانی که موجب تغییرات فیزیکی و شیمیایی در شیر و تغییرات آسیب شناسی در غده پستانی می شود را ورم گویند. واژه ورم پستان به التهاب غده پستانی بدون توجه بعلت آن اطلاق می شود که بوسیله تغییرات فیزیکی شیمیایی و معمولاً میکروبی شیر و همچنین تغییرات حاصل از بیماری در بافت غده پستانی مشخص می شود (۲). سلول های سوماتیک از گلبول های سفید خون و سلول های اپی تلیال تشکیل شده است. تعداد سلول های سوماتیک بیانگر تعداد سلول های موجود در شیر است که از این شاخص برای مشخص کردن عفونت پستان استفاده می شود. تعداد سلول های سوماتیک معیار اولیه ای است که عوامل مختلفی این دامنه را تحت تاثیر قرار می دهند. معمولاً در ورم پستان های مسری تعداد سلول های سوماتیک بالا می رود و در اغلب موارد ورم پستانهای تحت بالینی این باکتری ها دخالت دارند (1). گاوهایی که SCC بالایی دارند شیر غیر طبیعی تولید می کنند. پیشرفت ژنتیکی یا اصلاح نژاد گاوهای شیری از طریق انتخاب برای کمتر بودن سلول های سوماتیک در شیر امکان پذیر است. (1) میزان پیشرفت ژنتیکی از طریق انتخاب احتمالاً پایین است. اما هزینه ای که صرف بهبود ژنتیکی مقاومت به بیماری می شود، در مقایسه با هزینه های سنگینی در خصوص ورم پستان و اتلاف شیر کمتر است. (3) ورم پستان بالینی سبب افت 5 درصدی تولید شیر می شود. گاوهایی که نشانه های ورم پستان بالینی ندارند و SCC آنها بالاتر از 24500 عدد در هر میلی لیتر است. تولید آنها ۶/۲ درصد در مقایسه با گاوهایی که SCC کمتر از 90000 در هر میلی لیتر دارند کاهش می یابد. این مطالعه نشان داده است که کاهش تولید در ورم پستان های بالینی بیشتر در مواردی است که SCC آنها بالای 24500 در هر میلی لیتر است. زیرا 25 درصد از آنها ورم پستان بالینی داشتند و فقط ۵/۱۲ درصد از گاوها

scc بالاتر از 240000 عدد در هر میلی لیتر را نشان دادند. هر پستان مبتلا به عوامل اصلی ورم پستان تقریباً 625 کیلو گرم شیر کمتر در مقایسه با پستانهای سالم تولید می کند (2). هدف از تحقیق حاضر مطالعه اثرات دوره زایش بر صفت نمره سلول های سوماتیک در گاو هلشتاین بود.

مواد و روش ها

در این تحقیق دو گله از گاوهای شیری ایلام انتخاب شد. تعداد سلول های سوماتیک گاوهای زایش اول تا چهارم اندازه گیری شد. در این آزمایش از هر گله و در هر دوره زایش (اول تا چهارم) تعداد 50 گاو شیری به طور تصادفی انتخاب شد. برای ایجاد توزیع تقریباً نرمال، ارقام مربوط به شمارش سلول های سوماتیک SCC از طریق تبدیل لگاریتمی در مبنای 2، به امتیاز سلول های سوماتیک تبدیل شد. مشخصات آماری داده های فوق در جدول زیر نشان داده شده است.

جدول 1: مشخصات آماری صفت نمره سلول های سوماتیکی در دو گله گاو هلشتاین

حداکثر	حداقل	انحراف معیار	میانگین	شماره گله
۱۱,۴۶۵۶	۱,۴۸۵۰	۱,۵۴۰۵	۶,۷۳	گله ۱
۱۲,۳۵۱۱	۲,۲۲۲۰	۲,۲۱۶۱	۶	گله ۲

مدل آماری مورد استفاده شامل:

$$y_{ijk} = \mu + lact_i + herd_j + cow_k + e_{ijk}$$

که در آن Y صفت امتیاز سلولهای سوماتیکی، μ میانگین صفت، *lact* دوره زایش، *herd* گله، *cow* اثر تصادفی حیوان و *e* اثر تصادفی خطای مدل می باشد. پردازش مدل فوق بر نمره سلول های سوماتیک با استفاده از نرم افزار آماری SPSS و رویه مدل مختلط انجام شد. در جدول بالا برخی مشخصات آماری صفت مزبور آورده شده است.

نتایج و بحث

بر اساس اطلاعات ارائه شده در جدول های زیر، اولین دوره زایش کمترین نمره سلول های سوماتیکی را داشت و تفاوت معنی داری با بقیه دوره ها نشان داد ($p < 0,01$). بین دوره های بالاتر زایش، تفاوت معنی دار آماری مشاهده نگردید. گله ها تفاوت معنی دار آماری را برای صفت فوق نشان دادند ($p < 0,05$). گله 2 نمره سلول های سوماتیکی کمتری نسبت به گله 1 داشت که این امر می تواند به دلیل شرایط مدیریتی بهتر در گله مذکور باشد. که اطلاعات بدست آمده با تحقیق آقای محمودزاده و همکاران که در سال ۱۳۸۹ انجام گرفت مطابقت دارد. (4).

جدول 2: مقایسه میانگین ها در دو گله

گله	میانگین نمره سلولهای سوماتیکی	اشتباه معیار
گله ۱	6.73 ^a	۰,۱۱۵
گله ۲	6 ^b	۰,۱۱۶.

جدول 3: میانگین نمره سلولهای سوماتیکی برای نوبت های مختلف زایش

نوبت زایش	نمره سلولهای سوماتیکی
۱	4,11 ^b
۲	5,10 ^a
۳	5 ^a
۴	5,10 ^a

نتیجه گیری

دلیل پائین بودن نمره سلول های سوماتیکی در دوره اول شیردهی نسبت به سایر دوره ها می تواند این باشد که با افزایش سن، حیوان در طول حیات خود بیشتر در معرض میکرو ارگانیزم های مولد ورم پستان قرار می گیرند و در نتیجه به ورم پستان مبتلا می شوند همچنین ضعیف تر بودن سیستم ایمنی گاوهای مسن تر نسبت به گاوهای جوان می تواند از دلایل دیگر باشد.

منابع

- ۱- ادریس، م. ع. و خسروی نیا، ح. 1379. مقدمه ای بر اصلاح نژاد دام. مرکز نشر دانشگاه صنعتی اصفهان.
- ۲- شریف لو، م. 1369. تطابق پذیری گاوهای هلشتاین در ایران. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه تهران.
- ۳- صفیان، م. 1383. تشخیص ورم پستان از طریق اندازه گیری هدایت الکتریکی). ترجمه. (مجله گاودار ۱۵-۱۳: ۸۳).
- ۴- محمود زاده، م. نعیمی پور، ح. ۱۳۸۹. بررسی اثر نوبت زایش بر نمره سلول های سوماتیکی شیر در دو گله گاو شیری هلشتاین در استان خراسان، کنگره علوم دامی. تهران.

Effect of parity on somatic cell score in two herds of Holstein cows of Ilam province

J. Jamali¹, E. BabaAhmady²

1, 2, Academic Member of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ilam University.

Abstract

The main aim of this study was to evaluate the effect of parity on somatic cell score of Holstein cows. Data were collected from two herds in Ilam province. Parities 1 to 4 were studied and a total 240 cows (60 cows in each parity) were randomly selected for the individual herds. Somatic cell score was calculated as base 2 logarithm of somatic cell count. Statistical analysis of data set was undertaken by SAS programme. The results indicated that first lactating(4.22) cows had a lower somatic cell score(5-5.17) which was differ significantly from later lactations ($P<0.01$). There were no statistical significant differences among somatic cell scores of later lactations. Somatic cell score was affected significantly ($P<0.05$) by herd effect.

Keywords: Somatic cell score, Holstein cow, Ilam province.

مطالعه ی اثر ژنوتیپ بر صفات رفتاری در بلدرچین ژاپنی (۲)

هادی چراتی*^۱ - علی اسماعیلی زاده^۲ - رقیه جباری^۱

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دانشگاه شهید باهنر کرمان ۲- عضو هیئت علمی دانشگاه شهید باهنر کرمان

* هادی چراتی - دانشگاه شهید باهنر کرمان - دانشکده کشاورزی - بخش علوم دامی

hadicharati@yahoo.com

چکیده

تعداد ۶۴۲ پرنده نر و ماده از دو سویه بلدرچین وحشی و سفید و آمیخته های F1 و F2 آنها برای این صفت مورد بررسی قرار گرفت. مدت زمان عدم تحرک حیوان پس از تحریک دستی (TI) معیار اندازه گیری میزان ترس در پرندگان می باشد. در مدل آماری اثر گروه ژنتیکی، جنس و سن گنجانده شد. میانگین کلی مدت زمان TI، ۵۹/۴ ثانیه بدست آمد. اثر نژاد روی TI معنی دار بود ($p < 0/01$)، اما اثر جنس و سن معنی دار نبود. میانگین کلی تعداد تحریکات لازم برای شروع عدم تحرک (N) برابر ۱/۶۹ مرتبه بود و بر روی این صفت اثر نژاد و سن معنی دار بود ($p < 0/01$)، اما اثر جنس معنی دار نبود. همچنین برای این صفت، هتروزیس F1 در برابر میانگین والدین هم معنی دار شد ($p < 0/05$). میانگین کلی نسبت TI به N، ۴/۵۵ ثانیه بدست آمد و اثر گروه ژنتیکی، جنس، سن و مقدار هتروزیس بر آن معنی دار نشد.

کلمات کلیدی: بلدرچین ژاپنی، گروه ژنتیکی، هتروزیس

مقدمه

آسایش حیوان یکی از عوامل اساسی در تعریف سیستم های پرورش دام و طیور است. آسایش حیوان در واقع سازگاری موثر حیوان به شرایط مختلف محیط پرورش و اجتناب از ایجاد درد و رنج در حیوان در طی فرآیند تولید است. در صورت ایجاد ترس و تنش و تداوم آن، سلامتی و تولید به میزان قابل توجهی تحت تاثیر قرار می گیرد. بنابراین واضح است که انجام برنامه های اصلاح ژنتیکی به منظور کاهش میزان ترس و تنش در طیور ضروری است. TI (Tonic Immobility) یک پاسخ ناخود اگاه به محرک های بیرونی است. TI در بین گونه های زیادی شامل گروه بزرگی از حشرات، ماهی ها، خزندگان، دوزیستان، پرندگان و پستانداران انجام می شود (۶). TI بطور گسترده به عنوان روشی برای تخمین میزان ترس استفاده می شود و ارتباط مثبتی با ترس دارد. مطالعات تغییرات فیزیولوژیکی و فارماکولوژی بیان می دارند که سیستم عصبی، ارادی به طور مؤثری در فرایند TI نقش دارند. دوره ی القاء TI به وسیله ی افزایش در ضربان قلب، فشار خون، تنش دمایی و همچنین کاهش در دمای ماهیچه و توزیع مجدد داخل به خارج جریان خون انجام می گیرد که کل این تغییرات بیان کننده ی افزایش اولیه در فعالیت عصب سمپاتیک هستند. فاکتور های کلی موثر بر TI عبارتند از: فاکتور سن، اثر آزمایشگر، دستکاری منظم، اثر ژنتیک، فاکتور اجتماعی و اثر شرایط سالن پرورش. دستکاری منظم یک راه برای کاهش TI می باشد (۲). محققین پیشنهاد دادند که عادت دهی به وجود انسان، پاسخهای پرنده را نسبت به تماس با انسان کاهش و این پاسخها بیشتر نسبت به استرس های محیطی بکار برده می شود (۵). اختلاف جنسی در مدت TI در بلدرچین ژاپنی (۴) جوجه های اهلی یا ماکیان جوان (۳) مشاهده نشده است. هدف از این تحقیق، مطالعه ی اثر ژنوتیپ بر صفات رفتاری در بلدرچین ژاپنی بود.

مواد و روش ها

تعداد ۶۴ پرندۀ نر و ماده از دو سویه بلدرچین وحشی و سفید و آمیخته های F1 و F2 آنها برای این صفت مورد بررسی قرار گرفت. مدت زمان عدم تحرک حیوان پس از تحریک دستی (TI) معیار اندازه گیری میزان ترس در پرندگان می باشد. برای اندازه گیری TI، پرندۀ به پشت خوابانده شد و با دست به مدت ۱۵ ثانیه به همین حالت ثابت نگه داشته شد. پس از آن مدت زمان عدم تحرک حیوان تا زمانی که به خودی خود بلند شود، با استفاده از یک کرونومتر ثبت شد (جدول ۱). تعداد تحریکات لازم برای شروع عدم تحرک (N) یعنی تعداد دفعاتی که لازم بود پرندۀ به مدت ۱۵ ثانیه با دست نگه داشته شود نیز ثبت گردید (جدول ۲). از تقسیم TI به N، متوسط TI به ازای هر تحریک محاسبه شد (جدول ۳). اگر بعد از ۵ مرتبه تلاش، TI تحریک نمی شد، آزمایش روی آن پرندۀ خاتمه یافته و عدد صفر برای TI آن پرندۀ ثبت می شد. در صورتی که TI بعد از ۱۵ دقیقه ادامه داشت، آزمایش روی پرندۀ خاتمه یافته و حداکثر مقدار TI (۹۰۰ ثانیه) برای آن ثبت می شد. در مدل آماری اثر گروه ژنتیکی، جنس و سن گنجانده شد. برای تجزیه و تحلیل داده ها از نرم افزار SAS استفاده شد.

$$Y_{ijklm} = \mu + S_i + V_j + a_k + e_{ijklm}$$

در این مدل Y بردار مشاهدات، μ میانگین صفت مورد مطالعه، S اثر جنس، V اثر ژنوتیپ، a اثر سن، e اثر خطای آزمایشی است. نتایج و بحث

میانگین کلی مدت زمان TI، ۵۹/۴ ثانیه بدست آمد. بر روی آن اثر نژاد معنی دار بود ($p < 0.01$)، اما اثر جنس و سن معنی دار نبود. مدت زمان TI در سویه سفید بیشتر از سویه وحشی و نسل F1 آنها مشاهده شد ($p < 0.01$). میانگین کلی N برابر ۱/۶۹ مرتبه بود و بر روی این صفت اثر نژاد و سن معنی دار بوده ($p < 0.01$)، اما اثر جنس معنی دار نبود. همچنین برای این صفت هتروزیس F1 در برابر میانگین والدین هم معنی دار شد ($p < 0.05$). میانگین کلی نسبت TI به N، ۴۵/۴ ثانیه بدست آمد و اثر گروه ژنتیکی، جنس و سن بر آن معنی دار نبود، همچنین مقدار هتروزیس معنی دار نشد. در پژوهشی اختلاف جنسی در مدت TI در بلدرچین ژاپنی (۲)، جوجه های اهلی (۳) مشاهده نشد، که با نتایج حاضر مطابقت دارد، اما در مطالعه ای دیگر، ترس بیشتری در پرندگان نر مشاهده شد (۱). وجود اختلاف بین نژادها و سویه ها در رفتار ترس پیشنهاد می کند که این خصوصیت ممکن است تحت تاثیر انتخاب ژنتیکی بوده و راه را برای دستکاری ژنتیکی باز می نماید.

جدول ۱- بررسی اثر نژاد، جنس و سن بر تعداد دفعات تحریک لازم

N	جنس	N	سن (روزگی)	N	N / نژاد
^a ۱/۵۲±۰/۰۶	F	^a ۱/۶۹±۰/۰۸	۱۴	^a ۱/۳۹±۰/۰۸	F1
		^a ۱/۱۱±۰/۱۷	۳۵	^a ۱/۵۹±۰/۰۷	سفید
^a ۱/۶۳±۰/۰۷	M	^a ۱/۶۲±۰/۰۶	۴۲	^a ۱/۷۴±۰/۰۸	وحشی
		^a ۱/۸۷±۰/۰۷	۲۴۰		

جدول ۲- بررسی اثر نژاد، جنس و سن بر روی TI

TI	جنس	TI	سن (روزگی)	TI	TI / نژاد
^a ۵۹/۲۱±۴/۶۰	F	^a ۶۳/۶۱±۶/۶۴	۱۴	^a ۵۰/۲۲±۶/۴۲	F1
		^a ۳۹/۲۳±۱۳/۲۱	۳۵	^b ۶۷/۳۲±۵/۳۱	سفید
^a ۵۰/۹۱±۵/۲۸	M	^a ۵۶/۵۷±۴/۰۶	۴۲	^a ۴۷/۶۳±۵/۸۴	وحشی
		^a ۶۹/۸۱±۵/۶۸	۲۴۰		

جدول ۳- بررسی اثر نژاد، جنس و سن بر روی TI/N

TI/N	جنس	TI/N	سن (روزگی)	TI/N	TI/N / نژاد
^a ۴۷/۳۸±۴/۱۸	F	^a ۵۰/۶۷±۵/۹۲	۱۴	^a ۴۵/۹۴±۵/۷	F1
		^a ۴۰/۱۸±۱۱/۸۲	۳۵	^a ۵۰/۹۶±۴/۸۲	سفید
^a ۴۱/۴۸±۴/۸۹	M	^a ۴۰/۷۱±۴/۱۸	۴۲	^a ۳۶/۴۰±۵/۷۳	وحشی
		^a ۴۶/۱۸±۵/۱۱	۲۴۰		

منابع:

1. Banks , E. M., D. G. M. Woodgush, B. O. Hughes, and N. J. Mankovich. 1979. Social rank and priority of access to resources in domestic fowl. Behavioral processors. 4 : 197-209.
2. Benoff , F . H., and P. B. Siegel. 1976. Genetic analysis of tonic immobility in young Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*) . Animal learning and Behavior. 7: 383 – 386.
3. Gallup , G . G. 1974 b. Genetic influence tonic immobility in chickens. Animal learning and Behavior . 2 : 145- 147.
4. Gilman, T. T., F. L. Marcuse, and A. U. Moore. 1950. Animal hypnosis: A study of the induction of tonic immobility in chickens. Comparative and physiological psychology. 43: 99-111.
5. Gross, W .B., and P . B. Siegel. 1982. Socialization a factor in resistance infect feed efficiency and response to antigen in chickens .Veterinary Research. 43: 2010 – 2012.
6. Ratner, S. C. 1967. Comparative aspects of hypnosis. In handbook in clinical aid experimental hypnosis. 550 -587.

Study of genotype effects on behavioral traits in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*) (2)

Charati Hadi^{1*}, Esmailizadeh Ali², Jabbari roghayeh¹

¹ MSc Student, Animal Genetics and Breeding, Shahid Bahonar University of Kerman

² Department of Animal Science, Agricultural College, Shahid Bahonar University of Kerman

Hadicharati@yahoo.com

Abstract

A total of 642 male and female birds from two strains of Japanese quails, wild and White, and F1 and F2 crosses were examined for Tonic Immobility (TI). Duration of tonic immobility of animals after stimulation manually is a standard measure of fear in birds. The statistical model included effect of genetic group, sex and age. The overall average of the duration of TI was 59.4 seconds. Effect of genetic group on TI was significant ($p < 0.01$) but the effects of sex and age on TI were not significant. The overall average of the number of stimulations was 1.69 times (N). The effect of strains and age were significant on N ($p < 0.01$), but the effect of sex was not significant. F1 heterosis effect for N (when compared with the average of the parents) was also significant ($p < 0.05$). Overall average ratio of TI to N, was 45.4 seconds and was not affected by genetic group, sex and age.

Key words: Japanese quail - genetic group – heterosis

اثر گروه ژنتیکی بر صفات لاشه در بلدرچین ژاپنی

هادی چراتی*^۱ - علی اسماعیلی زاده^۲ - رقیه جباری^۱

۲ - دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دانشگاه شهید باهنر کرمان ۲ - عضو هیئت علمی دانشگاه شهید باهنر کرمان

* هادی چراتی - دانشگاه شهید باهنر کرمان - دانشکده کشاورزی - بخش علوم دامی

hadicharati@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق اثر گروه ژنتیکی بر صفات لاشه در بلدرچین ژاپنی مورد مطالعه قرار گرفت. وزن هفتگی بلدرچین ها در هر سه نسل والدین، F1 و F2 از تولد تا ۵ هفتگی اندازه گیری شد. کشتار در سن ۳۵ روزگی انجام شد. صفات اندازه گیری شده در مورد لاشه شامل وزن قبل از کشتار، وزن لاشه و بازده لاشه بود. در مدل تجزیه آماری اثرات گروه ژنتیکی، جنس، سن، مکان آزمایش، رنگ و هچ بررسی شد. اثر گروه ژنتیکی بر وزن کشتار، وزن لاشه و درصد لاشه معنی دار بود ($p < 0.01$). F1 ها دارای بیشترین وزن کشتار و لاشه بودند، اما درصد لاشه در F2 ها بیشتر بود. میزان هتروزیس F1 ها نسبت به والدین برای وزن هنگام کشتار و وزن لاشه به ترتیب $+10/09$ و $+8/56$ درصد بود. اثر جنس بر وزن کشتار و درصد لاشه معنی دار بود ($p < 0.01$). ماده ها وزن کشتار بیشتری نسبت به نرها و درصد لاشه کمتری داشتند. وزن کشتار و وزن لاشه در سن ۴۸ روزگی نسبت به ۳۵ روزگی بیشتر و معنی دار بود ($p < 0.01$).

کلمات کلیدی: بلدرچین ژاپنی - گروه ژنتیکی - هتروزیس - وزن لاشه

مقدمه

در دهه ی گذشته بلدرچین ژاپنی یا کوتورنیکس حیوان آزمایشگاهی مهمی برای تحقیقات علمی در دانشگاه ها و بخش های خصوصی بوده است (۳). بلدرچین بطور گسترده در ژنتیک، تغذیه، سم شناسی، جنین شناسی، فیزیولوژی، هورمون شناسی، پاتولوژی استفاده شده است (۵). تا کنون مطالعات زیادی روی رشد و ترکیبات بدن صورت گرفته است (۶). به طور میانگین این پرنده می تواند طی یک دوره ی ۴۵ روزه از ۶ تا ۱۰ گرم وزن به ۱۸۰ گرم برسد. وزن لاشه ی بلدرچین چیزی در حدود ۷۲ درصد وزن زنده ی آن را شامل می شود و ۲۰ درصد از کل وزن را عضله تشکیل می دهد. در پژوهشی با استفاده از ۴ گروه بلدرچین خاکستری، سیاه، وحشی و سفید و تلاقی دو طرفه بین آنها اثر گروه ژنتیکی بر وزن ۴۲ روزگی و لاشه معنی دار شده بود (۱). در تحقیقی جهت ارزیابی ویژگی های ژنتیکی سویه های تیپ وحشی، زرد و سفید بلدرچین موجود در ایستگاه شبستر صفت وزن بدن در هفته های مختلف تا هفته دهم و خصوصیات لاشه را مورد بررسی قرار دادند. نتایج حاصله اختلاف معنی داری را برای صفت وزن بدن در هفته های مختلف و خصوصیات لاشه در گروه های ژنتیکی نشان داد (۲). نتایج یک تحقیق نشان داد که ماده ها، لاشه سنگین تری از نر ها تولید می کنند، ولی بازده لاشه در نرها بیشتر از ماده است و این تفاوت ناشی از اختلاف وزن کبد، تخم ها و تخمدان هاست (۴). هدف از انجام این تحقیق، بررسی اثر گروه ژنتیکی بر صفات لاشه در بلدرچین ژاپنی بود.

مواد و روش ها

محل اجرای طرح، ایستگاه تحقیقاتی پرورش بلدرچین مرکز تحقیقات امور دام جهاد کشاورزی استان یزد واقع در شهرستان میبد بود. لاین های مورد استفاده در این طرح وحشی (گوشتی) و سفید (تخمگذار) بودند. قسمت ابتدایی طرح که شامل جمع آوری

تخم های نطفه دار از جمعیت پایه برای تشکیل نسل اول بود، در این مرکز انجام شد. با انتقال والدین به ایستگاه تحقیقاتی دانشگاه شهید باهنر کرمان، ادامه طرح در محل مذکور صورت گرفت. در ابتدا پرنده های نر و ماده از دو سویه سفید خالص (P1) و وحشی خالص (P2) به عنوان نسل والدین انتخاب شدند و تلاقی دوطرفه بین آنها انجام گرفت. نتاج حاصل (F1) بطور تصادفی با همدیگر آمیزش داده شدند تا نسل دوم (F2) ایجاد شود. همزمان با گروه های F1 و F2، نتاج خالص از دو سویه به عنوان گروه های کنترل پرورش داده شدند. وزن هفتگی بلدرچین ها در هر سه نسل والدین، F1 و F2 از تولد تا ۵ هفتگی با ترازویی با دقت ۰/۱ گرم اندازه گیری شد. جیره ی دوره های مختلف پرورش طبق جدول NRC (۱۹۹۴) تهیه شد. کشتار در سن ۳۵ روزگی انجام گرفت. حدود ۱۲ ساعت قبل از کشتار توزیع دان برای پرندگان متوقف شد، ولی آب به طور آزاد در اختیار آنها بود. بازده لاشه از تقسیم وزن لاشه به وزن قبل از کشتار محاسبه شد. در زمان کشتار شماره پرنده، جنس، رنگ و نژاد، شماره هیچ، محل رکورد برداری (کرمان یا یزد) و شماره والدین یادداشت شد. صفات اندازه گیری شده در مورد لاشه شامل وزن قبل از کشتار، وزن لاشه، بازده لاشه بود. بعد از رکورد برداری صفات مختلف اعداد وارد نرم افزار اکسل شد و با نرم افزار SAS مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. برای مقایسه میانگین ها از روش چند دامنه ای دانکن و از مدل زیر برای آنالیز آماری داده ها استفاده شد:

$$Y_{ijklmn} = \mu + s_i + v_j + a_k + h_l + b_m + e_{ijklmn}$$

در این مدل Y بردار مشاهدات، μ میانگین صفت مورد مطالعه، s اثر جنس، b اثر نژاد، v اثر گروه ژنتیکی، a اثر سن، h اثر هیچ، e اثر خطای آزمایشی است.

نتایج و بحث

بررسی اثر گروه ژنتیکی بر وزن کشتار، وزن لاشه و درصد لاشه (داده های کرمان):

داده های مربوط به ۷۵ بلدرچین از ۴ ترکیب ژنتیکی (وحشی، سفید، نسل اول، نسل دوم) در ۸ هیچ مختلف جمع آوری و مورد مطالعه قرار گرفت. از روش مقایسات متعامد برای مقایسه میانگین F1 ها و میانگین والدین (سفید و وحشی) استفاده شد. همچنین مقایسه میانگین F1 ها و F2 ها با میانگین والدین نیز انجام شد. معنی دار بودن این مقایسات بیانگر وجود هتروزیس بود.

الف) وزن کشتار

میانگین کلی وزن کشتار ۱۷۶/۹ گرم بود. همچنین اثر گروه ژنتیکی، جنس، نژاد داخل سن کشتار و نژاد داخل هیچ معنی دار بود ($p < 0.0001$). مقایسات میانگین F1 ها در برابر میانگین والدین، F1 ها در برابر F2 ها و میانگین F2 ها در برابر میانگین والدین معنی دار بود ($p < 0.05$). میزان هتروزیس F1 ها در مقابل میانگین والدین وحشی و سفید، مثبت و مقدار آنها ۱۰/۰۹+ درصد بود. اما هتروزیس F1:F2 و F2 در برابر والدین وحشی و سفید منفی و مقدار آنها به ترتیب ۱۲/۳۶- و ۳/۵۱- درصد بود. در مجموع وزن F1 از دیگر گروه های ژنتیکی بیشتر اما تقریباً به وزن وحشی نزدیک بود. همچنین کمترین وزن مربوط به نژاد سفید که یک تیپ تخم گذار بوده، می باشد.

ب) وزن لاشه

میانگین کلی وزن لاشه در گروه های ژنتیکی مختلف ۱۱۵/۷ گرم بود و اثر نژاد، جنس، نژاد داخل سن کشتار و نژاد داخل هیچ در سطح ($p < 0.0001$) معنی دار بود. همچنین مقایسات میانگین F1 ها در برابر میانگین والدین F1:F2 معنی دار ($p < 0.0001$)،

اما میانگین F2 ها در برابر میانگین والدین معنی دار نبود. هتروزیس F1 ها در برابر والدین وحشی و سفید مثبت و مقدار آن ۸/۵۶ درصد اما F2 در برابر F1 دارای هتروزیس منفی با مقدار ۹/۰۳- درصد بود.

(ج) درصد لاشه

درصد لاشه از تقسیم وزن لاشه به وزن قبل از کشتار ضربدر عدد ۱۰۰ بدست آمد. میانگین کلی درصد لاشه ۶۹ درصد بود. اثرات نژاد، جنس، نژاد داخل سن کشتار و نژاد داخل هیچ معنی دار بود ($p < ۰/۰۰۰۱$). بیشترین درصد لاشه مربوط به F2 ها با ۶۹/۴ درصد و کمترین مقدار مربوط به سویه وحشی با ۶۷/۱ درصد بود. همچنین مقایسه F1 ها در برابر میانگین والدین معنی دار نبوده اما مقایسه F1:F2 و میانگین F2 در برابر میانگین والدین معنی دار بود ($p < ۰/۰۱$). مقدار هتروزیس F1:F2 برابر با ۳/۳۹ درصد و مثبت و هتروزیس F2 در برابر میانگین والدین وحشی و سفید هم مثبت و مقدار آن ۲/۲۵ درصد بود.

بررسی اثر جنس بر وزن کشتار، لاشه و درصد لاشه در داده های کرمان:

آزمایش بر روی ۶۷۱ پرنده در ۴ گروه ژنتیکی وحشی، سفید، نسل اول و نسل دوم انجام گرفت. کشتار در سه سن مختلف ۳۵، ۴۸ و ۵۶ روزگی و در ۸ هیچ مختلف انجام شد. در مدل آنالیز اثر جنس، سن کشتار، نژاد و اثر متقابل نژاد و جنس آورده شد. (الف) وزن کشتار

اثر سن کشتار، جنس و نژاد روی وزن کشتار معنی دار بود ($p < ۰/۰۰۰۱$). اما اثر متقابل جنس و سن کشتار معنی دار نبود. وزن کشتار ماده ها نسبت به نرها بیشتر بود، وزن کشتار ۴۸ روزگی نسبت به ۵۶ روزگی معنی دار نبود، اما نسبت به ۳۵ روزگی معنی دار بود ($p < ۰/۰۰۰۱$).

(ب) وزن لاشه

اثر سن کشتار، جنس و نژاد ($p < ۰/۰۰۰۱$) و اثر متقابل جنس و نژاد معنی دار بود ($p < ۰/۰۵$). وزن لاشه ی ماده ها نسبت به نرها بیشتر بوده اما برخلاف وزن کشتار این مقدار معنی دار نبود. همچنین در سن کشتار ۴۸ روزگی وزن لاشه بیشتر بود. (ج) درصد لاشه

اثر سن کشتار، جنس، نژاد و اثر متقابل جنس و نژاد معنی دار بود ($p < ۰/۰۱$). نرهای دارای درصد لاشه بیشتری نسبت به ماده ها بودند ($p < ۰/۰۰۰۱$).

بررسی رابطه رنگ بر وزن کشتار، لاشه و درصد لاشه (داده های کرمان):

آزمایش بر روی ۶۷۵ پرنده با ۴ رنگ وحشی، سفید، ابلق و سیاه انجام گرفت. پرنده های سویه وحشی، دارای رنگ وحشی، بلدرچین های سفید، دارای رنگ سفید، F1 های حاصل از آنها دارای رنگ ابلق و F2 دارای ۴ رنگ وحشی، ابلق، سفید و رنگ جدید سیاه بودند. داده ها در ۸ هیچ مختلف جمع آوری و در مدل آماری فوق بجای اثر نژاد، اثر رنگ آورده شد.

(الف) وزن کشتار

اثر رنگ بر وزن کشتار در سطح معنی دار بود ($p < ۰/۰۱$) و همچنین بلدرچین های ابلق و وحشی دارای وزن بیشتری نسبت به سفید و سیاه بودند، که با توجه به اینکه ابلق ها بیشتر F1 بوده و رنگ وحشی مربوط به نژاد وحشی می باشد و وزن این دو بیشتر از دیگر گروه ها بود این نتیجه منطقی به نظر می رسد.

(ب) وزن لاشه

بر روی این صفت اثر رنگ معنی دار بود ($p < ۰/۰۰۰۱$)، همچنین مشابه وزن کشتار، وزن لاشه بلدرچین های ابلق و وحشی بیشتر از سفید و سیاه بود.

ج) درصد لاشه

در درصد لاشه اثر رنگ معنی دار نبود.

منابع

۱. امامی میبدی، م. ع.، سمیع، ع.، مرادی شهر بابک، م. و دهقانپور ع. ا. ۱۳۸۰. ترکیب پذیری صفات وزن زنده و لاشه در سویه های بلدرچین وارداتی. اولین سمینار اصلاح نژاد کشور. صفحه ۲۸۹ تا ۲۹۲.
۲. نجفی ق.، ادریس، م. ع.، پوررضا، ج.، و علیوردی نسب، ر. ۱۳۷۷. برآورد فراسنج های ژنتیکی رشد و خصوصیات لاشه در سویه های مختلف بلدرچین. پژوهش سازندگی. شماره ۴۱ و ۴۲. صفحه ۱۱۸ تا ۱۲۳.
3. Cain, J. R. and W. O. Cawely. 1979. Japanese quail (*Coturnix*).
4. Caron, N. and F. Minville. 1990. Mass selections for 45-day body weight in Japanese quail: Selection response carcass composition, cooking properties, and sensory characteristics. Poultry science. 69: 1037-1045
5. Minville, F., E. Hirigoyen and M. Boulay. 1999. Associated effects of roux plumage color mutation on growth, carcass trait, egg production and reproduction of Japanese quail. Poultry science. 78: 1479-1484.
6. Strong, C. F., K. E. Nestor and W. L. Bacon. 1978. Inheritance of egg production, egg weight, body weight and certain plasma constituents in coturnix. Poultry science. 57: 1-9.

Effect of genotypic group on carcass traits in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*)

Charati Hadi^{1*}, Esmailzadeh Ali², Jabbari roghayeh¹

¹ MSc Student, Animal Genetics and Breeding, Shahid Bahonar University of Kerman

² Department of Animal Science, Agricultural College, Shahid Bahonar University of Kerman

Hadicharati@yahoo.com

Abstract

Genotypic group on carcass traits in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*) were examined in this study. Weekly live weights in all of the birds from three generations (parents, F1 and F2) were measured. Traits measured on carcass included weight before slaughter, carcass weight and carcass percent. The statistical model included the fixed effects of the genetic group, sex, age, site and hatch within site. The genotypic group on the slaughter weight, carcass weight and carcass percentage was significant ($p < 0.01$). F1 progeny had the highest slaughter weight and carcass weight but the carcass percentage of F1 birds was lower than that of F2 birds. F1 birds performed better than the average of the parental strains showing heterosis rates of +10.09 and +8.56% for slaughter weight and carcass weight, respectively. The Effect of sex on slaughter weight and carcass percent was significant ($p < 0.01$). Slaughter weight was higher in females than males. Slaughter weight and carcass weight at the age of 48 days compared with 35 days was higher ($p < 0.01$).

Key words: Japanese quail - genetic group - heterosis - carcass weight

مطالعه اثر گروه ژنتیکی بر وزن بدن در بلدرچین ژاپنی (۲)

رقیه جباری*^۱ - علی اسماعیلی زاده^۲ - هادی چراتی^۱

۳ - دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دانشگاه شهید باهنر کرمان ۲ - عضو هیئت علمی دانشگاه شهید باهنر کرمان

* رقیه جباری - دانشگاه شهید باهنر کرمان - دانشکده کشاورزی - بخش علوم دامی

Jabbariroqayeh@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق اثر گروه های مختلف بر روی وزن بدن مورد بررسی قرار گرفت. ابتدا پرنده های نر و ماده از دو سویه ی سفید خالص (P1) و وحشی خالص (P2) به عنوان نسل والدین انتخاب شدند و تلاقی دو طرفه ی بین آنها انجام گرفت. سپس نتاج حاصل (F1) بطور تصادفی با همدیگر آمیزش داده شدند تا نسل دوم (F2) ایجاد شود. صفات مورد بررسی وزن های مختلف تولد و ۱ تا ۵ هفتگی بودند. تجزیه و تحلیل داده ها با نرم افزار های SAS انجام شد. برای مقایسه ی میانگین ها از روش چند دامنه ای دانکن استفاده شد. اثر گروه ژنتیکی در تمام صفات مختلف وزن معنی دار بود ($P < 0.001$). به طور متوسط در بین گروه های ژنتیکی، سویه های وحشی خالص (P2) نسبت به ۳ گروه دیگر وزن بیشتری داشتند. بعد از P2 ها میانگین وزن F1 ها بیشتر بود اما این تفاوت در هیچ یک از اوزان مختلف معنی دار نبود. پس از آن به ترتیب میانگین وزن های مختلف سویه های F2 و میانگین سویه های سفید خالص (P1) بیشتر بود. البته تفاوت میانگین های P1 ها و F2 ها تا ۳ هفتگی معنی دار بود و این تفاوت در ۳ وزن آخر معنی دار نبود.

واژه های کلیدی: اثر گروه ژنتیکی - بلدرچین ژاپنی - وزن بدن

مقدمه

پرورش بلدرچین در ژاپن در حدود قرن یازدهم شروع شد، که به صورت اهلی از کشور چین وارد شده بود. بلدرچین ژاپنی بومی منطقه آسیا است (۳). در سال ۱۹۶۰ بلدرچین به عنوان حیوان آزمایشگاهی مورد توجه قرار گرفت (۴). در حدود دو دهه ی قبل با وارد کردن تعدادی تخم بلدرچین از کشور ژاپن به ایران پرورش این پرنده به صورت تجاری شروع شد (۲). همگام با افزایش جمعیت جهان نیاز به تولید مواد پروتئینی حیوانی افزایش یافته است. این امر سبب شده تا این حیوان برای پرورش صنعتی استفاده شود. تامین پروتئین حیوانی مورد نیاز از طریق افزایش تعداد و افزایش بهره وری حیوانات با اجرای برنامه های اصلاح نژاد میسر می باشد (۴). مطالعات موجود در کشور نشان می دهد که افزایش تولید با استفاده از روش های اصلاح نژاد و انتخاب ژنتیکی ممکن می باشد (۲). آنچه که اهمیت بلدرچین را دو چندان می کند رشد سریع و بلوغ جنسی در حدود سن ۶ هفتگی می باشد. وزن بدن بلدرچین بالغ به طور متوسط در این سن در حدود ۲۰۰ گرم خواهد بود، در حالی که ماده ها سنگین تر بوده و وزن آن ها به ۲۲۰ تا ۲۵۰ گرم می رسد، البته در نژاد های مختلف متفاوت است (۱). به علت مقاومت بیشتر بلدرچین به بیماری ها در مقایسه با مرغ، واکسیناسیون کمتری نیاز دارد (۳). با توجه اینکه سویه های مختلف بلدرچین از لحاظ رشد متفاوت می باشند بنابراین هدف از این تحقیق بررسی اثر گروه ژنتیکی بر وزن بدن در نتاج حاصل از تلاقی سویه ی وحشی و سویه ی سفید بود.

مواد و روش ها

در این تحقیق به دلیل عدم اطمینان از بارور بودن نرها از یک نر برای آمیزش برای یک ماده در والدین استفاده شد. در این روش در صورت بارور نبودن جنس نر، فقط اطلاعات مربوط به یک حیوان حذف می شود. ولی در نسل اول از یک نر برای آمیزش با سه ماده به دلیل تولید تعداد نتاج بیشتری از یک نر، استفاده شد. از دو لاین وحشی و سفید به طور تصادفی از هر کدام ۱۰ نر و ۱۰ ماده انتخاب شد. سپس تلاقی دو طرفه ی بین دو لاین به این صورت که ۱۰ پرنده ی نر وحشی با ۱۰ پرنده ی ماده ی سفید و ۱۰ پرنده ی ماده ی وحشی با ۱۰ پرنده ی نر سفید، انجام گرفت. آزمایش بر روی ۱۳۲۲ بلدرچین ژاپنی در دو سویه ی سفید (P1) و وحشی (P2) که به عنوان نسل والدین در نظر گرفته شده بودند و نسل F1 و F2 آن ها در ۸ هج مختلف انجام شد. نسل F1 (تعداد ۱۶۷ پرنده) دارای رنگ های ابلق و نسل F2 (تعداد ۸۲۵ پرنده) دارای ۴ رنگ سفید، وحشی، ابلق و رنگ جدید سیاه بودند. صفات مورد بررسی وزن های مختلف تولد و ۱ تا ۵ هفتگی بودند. از مدل زیر برای تجزیه ی آماری داده ها استفاده شد.

$$Y_{ijkl} = \mu + s_i + v_j + h_k + e_{ijkl}$$

در این مدل، Y_{ijkl} هر مشاهده، μ میانگین صفت مورد مطالعه، s اثر جنس، v اثر گروه ژنتیکی، h اثر هج، e اثر خطای آزمایشی است. تجزیه و تحلیل داده ها با نرم افزار های SAS انجام شد. برای مقایسه ی میانگین ها از روش چند دامنه ای دانکن استفاده شد. نتایج و بحث

میانگین کلی وزن یک روزگی (W_0) ۷/۴۵ گرم بود که بر آن اثر گروه ژنتیکی و گروه ژنتیکی داخل هج معنی دار بود ($P < 0/0001$). اثر جنس برای این صفت معنی دار نبود. P1 ها کمترین وزن (۶/۷۷ گرم) و F2 ها بیشترین وزن تولید (۷/۵۱ گرم) را داشتند. در این گروه وزن P1 ها با بقیه ی گروه های ژنتیکی معنی دار بود. میانگین کلی وزن یک هفتگی (W_1) ۲۶/۷ گرم بود. اثرات گروه ژنتیکی و گروه ژنتیکی داخل هج معنی دار بود ($P < 0/0001$) و اثر جنس معنی دار نبود. در این گروه فقط F1 ها و P2 ها تفاوت معنی داری نداشتند. میانگین کلی وزن دو هفتگی (W_2) ۶۰/۱ گرم بود. اثرات گروه ژنتیکی و گروه ژنتیکی داخل هج معنی دار بود ($P < 0/0001$) و اثر جنس معنی دار نبود و فقط F1 ها و P2 ها تفاوت معنی داری نداشتند (جدول ۱). میانگین کلی وزن سه هفتگی (W_3) ۹۹/۵ گرم بود. اثرات گروه ژنتیکی و گروه ژنتیکی داخل هج معنی دار بود ($P < 0/0001$) و اثر جنس معنی دار نبود. میانگین کلی وزن چهار هفتگی (W_4) ۱۳۸/۱ گرم بود. اثرات گروه ژنتیکی و گروه ژنتیکی داخل هج معنی دار بود ($P < 0/0001$) و اثر جنس معنی دار نبود. میانگین کلی وزن پنج هفتگی (W_5) ۱۷۱ گرم بود. در این گروه به ترتیب گروه های ژنتیکی P2، F1، F2 و P1 بیشترین میانگین وزن را داشتند. هر سه اثر گروه ژنتیکی، جنس و گروه ژنتیکی داخل هج معنی دار شد ($P < 0/0001$) (جدول ۲).

اثر گروه ژنتیکی در تمام صفات مختلف وزن معنی دار بود ($P < 0/0001$). به طور متوسط در بین گروه های ژنتیکی، سویه های وحشی خالص (P2 ها) نسبت به ۳ گروه دیگر وزن بیشتری داشتند. بعد از P2 ها میانگین وزن F1 ها بیشتر بود اما این تفاوت در هیچ یک از اوزان مختلف معنی دار نبود. پس از آن به ترتیب میانگین وزن های مختلف سویه های F2 و میانگین سویه های سفید خالص (P1) بیشتر بود. البته تفاوت میانگین های P1 ها و F2 ها تا ۳ هفتگی معنی دار بود و این تفاوت در ۳ وزن آخر معنی دار نبود. قابل ذکر است که میانگین وزن های تولد در F2 ها نسبت به گروه های ژنتیکی دیگر بیشتر بود و این تفاوت فقط در P1 ها معنی دار بود.

جدول ۱- میانگین حداقل مربعات و خطای استاندارد وزن یک روزگی، یک هفتگی و دو هفتگی در گروه های ژنتیکی مختلف.

صفات	رتبه	تعداد	LSM±SE	***	W _۱	LSM±SE	***	W _۲	LSM±SE	***
F _۱	۱۶۷	۷/۴۹±۰/۱۰ b	۳۰/۸±۰/۶۲ a	۷۰/۲±۱/۳۱ a						
F _۲	۹۸۰	۷/۵۱±۰/۰۴ b	۲۴±۰/۲۷ c	۵۴/۸±۰/۵۸ c						
P _۱	۱۵۱	۶/۷۷±۰/۰۹ a	۲۵/۸±۰/۵۷ b	۵۹/۴±۱/۲۴ b						
P _۲	۱۸۸	۷/۲۵±۰/۰۷ b	۳۰/۶±۰/۴۸ a	۷۰/۲±۱/۰۳ a						

*** اثر گروه ژنتیکی بر صفت مورد بررسی معنی دار است ($P < 0.001$).

میانگین هایی که در هر صفت حداقل یک حرف مشابه دارند اختلاف معنی داری ندارند.

جدول ۲- میانگین حداقل مربعات و خطای استاندارد وزن سه هفتگی، چهار هفتگی و پنج هفتگی در گروه های ژنتیکی مختلف.

صفات	W۳	W۴	W۵
رتبه	تعداد	LSM±SE	LSM±SE
F۱	۱۶۷	۱۱۳/۶±۱/۹۶ a	۱۵۱/۶±۲/۳۶ a
F۲	۹۸۰	۹۳/۲±۰/۸۶ c	۱۳۱/۹±۱/۲۳ c
P۱	۱۵۱	۹۶±۱/۸۲ bc	۱۳۲/۳±۲/۲۰ bc
P۲	۱۸۸	۱۱۵/۷±۱/۵۴ a	۱۵۷/۲±۱/۸۸ a

*** اثر گروه ژنتیکی بر صفت مورد بررسی معنی دار است ($P < 0.001$).

میانگین هایی که در هر صفت حداقل یک حرف مشابه دارند اختلاف معنی داری ندارند.

منابع

۱. اوحدی نیا ح. ۱۳۷۸. پرورش و بیماری های بلدرچین. چاپ اول. انتشارات علم و قلم.
۲. شکوهمند م. ۱۳۸۲. بررسی خصوصیات تولیدی و ژنتیکی سه لاین بلدرچین ژاپنی. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه تهران.
3. Pani, P.K. 1978. Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). In animal research. Poultry guide. Pp: 61-67.
4. Wilson, W.O., U.K. Abbott and H. Abplanalp. 1961. Evaluation of coturnix (Japanese quail) as a pilot animal for poultry. Poultry Science. 40: 651-657.

Study of effect of genetic group on body weight in Japanese quail (2)
Jabbari Roghayeh^{1*}, Esmailizadeh Ali², Charati Hadi¹

¹ MSc Student, Animal Genetics and Breeding, Shahid Bahonar University of Kerman

² Department of Animal Science, Agricultural College, Shahid Bahonar University of Kerman

Jabbariroqayeh@yahoo.com

Abstract

The effect of genetic group on body weight was studied. First, male and female birds of two strains including pure white (P1) and pure wild (P2) were chosen as the parents generation and were mated reciprocally to create the F1 progeny. The F1 birds were mated randomly to produce the F2 progeny. Traits were weekly live weights at one to five weeks of age. Genetic group effect was significant on live weights at different ages ($P < 0.0001$). Genetic groups of P2, F1, F2 and P1, had the highest weight, respectively ($P < 0.0001$).

Key words: Body weight – genetic group effect - Japanese quail

مقایسه وزن بدن در چهار تیپ بلدرچین ژاپنی

رقیه جباری*^۱ - علی اسماعیلی زاده^۲ - هادی چراتی^۱

۴ - دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دانشگاه شهید باهنر کرمان ۲ - عضو هیئت علمی دانشگاه شهید باهنر کرمان

* رقیه جباری - دانشگاه شهید باهنر کرمان - دانشکده کشاورزی - بخش علوم دامی

Jabbariroqayeh@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق از دو نژاد وحشی و سفید استفاده شده است. نژاد سفید (P1) دارای رنگ سفید، نژاد وحشی (P2) دارای رنگ وحشی، نسل F1 دارای رنگ ابلق و نسل F2 دارای ۴ رنگ سفید، وحشی، ابلق و رنگ جدید سیاه بودند. هدف از این تحقیق مقایسه وزن بدن در چهار تیپ بلدرچین ژاپنی بود. صفات مورد بررسی شامل وزن های یک روزگی و هفته ی اول تا پنجم اندازه گیری شده روی پرندگان F2 بودند. برای تجزیه و تحلیل داده ها از نرم افزار SAS و برای مقایسه میانگین ها از آزمون چند دامنه ای دانکن استفاده شد. به لحاظ رنگ بدن تیپ ابلق در اوزان مختلف میانگین بیشتری را داشت. پس از آن به ترتیب پرندگان دارای تیپ رنگ وحشی، سیاه و سفید میانگین های بیشتری را به خود اختصاص دادند. تفاوت میانگین ها بین تیپ های ابلق و وحشی معنی دار نبود. اختلافات بین رنگ های سیاه و سفید هم معنی دار نبود. در سن یک هفتگی میانگین وزن ها بین تیپ های ابلق و سیاه در سطح معنی دار بود (۰/۰۵). در سن دو، چهار و پنج هفتگی تفاوت بین پرندگان سفید با پرندگان ابلق و وحشی معنی دار بود. بنابراین تیپ ابلق به لحاظ دارا بودن میانگین بالاتر در اوزان مختلف می تواند در برنامه های اصلاح نژادی و صنعت پرورش بلدرچین ژاپنی مورد توجه قرار گیرد.

واژه های کلیدی: بلدرچین ژاپنی - رنگ بدن - وزن بدن

مقدمه

در چند دهه ی گذشته نژاد خاصی از بلدرچین که در آن زمان از معروفیت خاصی برخوردار نبود، به نام بلدرچین ژاپنی به عنوان یک راه چاره جهت تخفیف شدت کمبود پروتئین، بویژه در کشور های در حال توسعه، معرفی گردید که با توجه به ویژگی های منحصر به فرد خود توانست خیلی زود چه در بخش تولید و چه در بحث مصرف به جایگاهی مهم دست یابد، به گونه ای که هم اکنون پرورش بلدرچین به عنوان صنعتی سود آور در سراسر جهان شناخته شده است. پس از توسعه پرورش بلدرچین در اوایل دهه ی ۱۹۶۰ میلادی، از این پرنده به دلیل داشتن خصوصیات نظیر هزینه ی کم نگهداری، فاصله ی نسلی کوتاه، بلوغ جنسی سریع و تولید مثل خوب و جثه کوچک به عنوان نمونه ی مناسب برای مطالعات اصلاح نژاد طیور استفاده شد (۴). بلدرچین به عنوان یک گونه ی کشاورزی برای تولید تخم و گوشت با طعم منحصر به فرد دارای اهمیت اقتصادی می باشد (۲). تولید تخم بیشتر در ژاپن و کره جنوبی و تولید گوشت در اروپا محصول اصلی می باشد (۳). در این تحقیق از دو نژاد وحشی و سفید برای تولید نسل F2 استفاده شده است. نژاد وحشی بیشترین جمعیت را در جهان دارد و تقریباً در سراسر دنیا گسترش یافته و اهلی شده است. هرچند کلمه اهلی برای این بلدرچین به کار می رود ولی همچنان خصوصیات وحشی بودن را در خلق و خوی آنها می توان مشاهده کرد. برنامه های اصلاح نژادی برای تولید لاین های گوشتی و تخمگذار در این نژاد موفقیت آمیز بوده است (۱). در این نژاد لکه های تیره قهوه ای، زرد مایل به قرمز و کرم در پشت، زیر شکم، سینه و پهلوی ها در هر دو جنس وجود دارد. نژاد سفید کاملاً به رنگ سفید می باشد. با توجه با اینکه در برنامه های اصلاح نژادی دام و طیور هدف اینست که حیوانات دارای

ظرفیت ژنتیکی بالاتر از میانگین جامعه شناسایی و انتخاب شده و از آنها به عنوان والدین نسل بعد استفاده شود. بنابراین شناسایی تیپی از بلدرچین که دارای ظرفیت ژنتیکی بالاتر از لحاظ رشد می باشد ضروری است. تا بتوان از این تیپ در برنامه های اصلاح نژادی و صنعت پرورش بلدرچین ژاپنی استفاده نمود. بنابراین هدف از این تحقیق مقایسه وزن بدن در چهار تیپ پرنده های F2 حاصل از تلاقی نژاد وحشی و نژاد سفید بلدرچین ژاپنی می باشد.

مواد و روش ها

از دو لاین وحشی و سفید به طور تصادفی از هر کدام ۱۰ نر و ۱۰ ماده به عنوان والدین انتخاب شد. سپس تلاقی دو طرفه بین دو لاین به این صورت که ۱۰ پرنده ی نر وحشی با ۱۰ پرنده ی ماده ی سفید و ۱۰ پرنده ی ماده ی وحشی با ۱۰ پرنده ی نر سفید، انجام گرفت. بعد از جوجه کشی و پرورش، در سه هیچ مختلف جمعیت F1 تشکیل گردید. با تلاقی نر و ماده های F1 با یکدیگر در ۱۹ هیچ مختلف تعداد ۹۹۰ بلدرچین F2 تولید و پرورش داده شد. و نسل F2 برای بررسی ارتباط رنگ بدن و وزن مورد مطالعه قرار گرفتند. نژاد سفید (P1) دارای رنگ سفید، نژاد وحشی (P2) دارای رنگ وحشی، نسل F1 دارای رنگ ابلق و نسل F2 دارای ۴ رنگ سفید، وحشی، ابلق و رنگ جدید سیاه بودند (شکل ۱). صفات مورد بررسی وزن های یک روزگی و هفته ی اول تا پنجم بودند.

از مدل زیر برای تجزیه ی آماری داده ها استفاده شد.

$$Y_{ijklmn} = \mu + s_i + g_j + t_k + c_l + h_m + e_{ijklmn}$$

در این مدل، Y_{ijkl} هر مشاهده، μ میانگین صفت مورد مطالعه، s اثر جنس، g اثر ژنوتیپ، t اثر رنگ، c اثر مکان، h اثر هیچ داخل مکان و e اثر خطای آزمایشی است. تجزیه و تحلیل داده ها با نرم افزار های SAS انجام شد. برای مقایسه ی میانگین ها از روش چند دامنه ای دانکن استفاده شد.

نتایج و بحث

میانگین کلی وزن یک روزگی ($W0$) ۷/۶۸ گرم بود، و اثرات مکان و هیچ داخل مکان معنی دار بود ($P < 0.001$). اما اثر جنس و رنگ بدن معنی دار نبود. میانگین کلی وزن یک هفتگی ($W1$) ۲۲/۱ گرم بود. در این گروه اثرات رنگ بدن، مکان و هیچ داخل مکان معنی دار بودند ($P < 0.001$) اما اثر جنس معنی دار نبود. میانگین کلی وزن دو هفتگی ($W2$) ۴۸/۱ گرم بود اثرات به طور کلی مانند گروه قبل ($W1$) بود. میانگین کلی وزن سه هفتگی ($W3$) ۸۱/۱ گرم بود. اثرات رنگ بدن، مکان و هیچ داخل مکان معنی دار بودند ($P < 0.001$). اما اثر جنس معنی دار نبود. میانگین کلی وزن چهار هفتگی ($W4$) ۱۰۹/۲ گرم مشاهده شد. اثرات رنگ بدن، جنس، مکان و هیچ داخل مکان معنی دار بودند ($P < 0.001$). میانگین کلی وزن پنج هفتگی ($W5$) ۱۴۶/۳ گرم بود. اثرات جنس، رنگ، مکان و هیچ داخل مکان معنی دار بودند ($P < 0.001$). به لحاظ رنگ بدن تیپ سیاه سفید (ابلق) در اوزان مختلف میانگین بیشتری را داشت. پس از آن به ترتیب پرندگان دارای تیپ رنگ وحشی، سیاه و بعد از آن تیپ سفید میانگین های بیشتری را به خود اختصاص دادند. تفاوت میانگین ها بین تیپ های ابلق و وحشی معنی دار نبود. اختلافات بین رنگ های سیاه و سفید هم معنی دار نبود. در سن یک هفتگی میانگین وزن ها بین تیپ های ابلق و سیاه معنی دار بود ($P < 0.05$). در سن دو، چهار و پنج هفتگی تفاوت بین پرندگان سفید با پرندگان ابلق و وحشی معنی دار بود (جدول ۱).



شکل ۱- رنگ بدن مشاهده شده در والدین، نسل F1 و نسل F2.

جدول ۱- میانگین حداقل مربعات و خطای استاندارد صفات وزن در رنگ های مختلف بدن.

صفت	W _۰	W _۱	W _۲
	***	*	***
رنگ	تعداد	LSM±SE	LSM±SE
سیاه	۹۰	۷/۲۳±۰/۱۰ a	۲۴/۴±۰/۶۴ ac
ابلق	۲۲۵	۷/۴۸±۰/۰۶ a	۲۶/۳±۰/۴۱ b
سفید	۳۲۰	۷/۲۸±۰/۰۵ a	۲۵/۱±۰/۳۶ abc
وحشی	۴۷۴	۷/۳۹±۰/۰۵	۲۵/۹±۰/۳۱ bc

صفت	W _۳	W _۴	W _۵
	***	**	***
رنگ	تعداد	LSM±SE	LSM±SE
سیاه	۹۰	۹/۴۲±۲/۰۲ a	۱۲۵/۸±۲/۶۸ ab
ابلق	۲۲۵	۱۰۰/۷±۱/۳۱ c	۱۳۹/۵±۱/۷۲ bc
سفید	۳۲۰	۹۵±۱/۱۵ ab	۱۳۲/۱±۱/۵۲ a
وحشی	۴۷۴	۱۰۰/۱±۱۰/۱۰ c	۱۴۰±۱/۳۳ c

* اثر رنگ بر صفت مورد بررسی معنی دار است ($P < 0.05$).

** اثر رنگ بر صفت مورد بررسی معنی دار است ($P < 0.01$).

*** اثر رنگ بر صفت مورد بررسی معنی دار است ($P < 0.001$).

میانگین هایی که در هر صفت حداقل یک حرف مشابه دارند اختلاف معنی داری ندارند.

منابع

۱. شکوهمند، م. ۱۳۸۲. بررسی خصوصیات تولیدی و ژنتیکی سه لاین بلدرچین ژاپنی. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه تهران.

2. Minvielle, F., E. Hirigoyen and M. bouulay. 1999. Associated effect of the oux plumage color mutation on growth, carcass trait, egg production and reproduction of Japanese quail. Poultry Science. 78: 1479-1484.

3. Mitchell, M. A., D. A. Sandercock and R. R. Hunter. 2000. Carcass characteristics of a heavy Japanese quail line under introgression with the roux gene. British Poultry Science. 41: 41-45.

4. Wilson, W.O., U.K. Abbott and H. Abplanalp. 1961. Evaluation of coturnix (Japanese quail) as a pilot animal for poultry. Poultry Science. 40: 651-657.

Comparison of body weight in four types of Japanese quail

Jabbari Roghayeh^{1*}, Esmailzadeh Ali², Charati Hadi¹

¹ MSc Student, Animal Genetics and Breeding, Shahid Bahonar University of Kerman

² Department of Animal Science, Agricultural College, Shahid Bahonar University of Kerman

Jabbariroqayeh@yahoo.com

Abstract

In this study, two strains of Japanese quail including wild and white were used. The birds from F1 generation had piebald color and those of F2 generation had four colors, white, wild, piebald and black. Traits were hatching weight and weekly live weights at one to five weeks of age. Piebald type birds were heavier than others. The white birds had lower weights than others. Mean difference between piebald and wild types was not significant. There were no significant differences between black and white. Mean weight at one week of age between piebald and black type was significant (0.05). Live weight differences at two, four and five weeks of age between white birds with birds wild and piebald were significant.

Key words: Body weight - feather color - Japanese quail

روابط فیلوژنتیکی مرغان بومی ایران بر مبنای توالی ناحیه D-loop ژنوم میتوکندریایی
کسری احمدیان^{*}، قدرت رحیمی، هادی سیاح زاده، حمید دلدار، نرگس نظیفی
آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

* Email: kasraahmadian@yahoo.com

چکیده

در مطالعه حاضر به منظور برآورد روابط فیلوژنتیکی مرغان بومی ایران از ۳۹ قطعه مرغ بومی مراکز اصلاح نژاد مرغ بومی کشور (اصفهان، مازندران، یزد، فارس، آذربایجان غربی و خراسان) به طور تصادفی خون گیری به عمل آمد. DNA کلیه نمونه ها با استفاده از روش شستشوی نمکی استخراج شده و به عنوان الگو برای تکثیر و تعیین توالی ناحیه D-loop ژنوم میتوکندری به کار برده شدند. با آنالیز توالی قطعه ۲-۱۲۳۱ جفت بازی ناحیه D-loop ژنوم میتوکندری در نمونه های فوق ۱۶ هاپلوتاایپ به همراه ۱۴ جایگاه متغیر مشخص شد. تنوع نوکلئوتیدی و هاپلوتیدی جمعیت ها به ترتیب در دامنه ای بین 0.00036 ± 0.00027 تا 0.0008 ± 0.00184 و 0.00033 ± 0.000215 تا 0.000181 ± 0.000714 قرار داشتند. هاپلوتاایپ های بدست آمده از ۳۹ توالی مرغ بومی ایران در هاپلوگروه A که شامل مرغان بومی جنوب شرق آسیا می باشد قرار گرفتند. وجود مرغان بومی ایران در هاپلو گروه A که از مناطق آسیای جنوب شرقی منشا شده اند نشان می دهد که احتمالاً مرغ بومی ایران نیز از آسیای جنوب شرقی منتج شده و از طریق مسیرهای باستانی که از ایران به سمت غرب امتداد داشتند به دنیای غرب معرفی شدند.

واژه های کلیدی: مرغ بومی - DNA میتوکندریایی - فیلوژنتیک - توالی یابی

مقدمه

نظرات مختلفی که بین جانورشناسان، متخصصین علوم طبیعی، علم ژنتیک و دیگر متخصصین وجود دارد، سبب شده تا علاقه زیادی در شناسایی هر چه بیشتر بیولوژی گونه مرغ جنگلی و منشاء مرغ اهلی به وجود آید. مقایسه ۴ گونه جنس گالوس و نژاد های مرغ نشان می دهد که گالوس گالوس (مرغ جنگلی قرمز) در بیشتر صفات به مرغ شبیه است که این ممکن است مدرکی برای منشاء مونوفیلیتیک مرغ باشد. گروه دیگری از پژوهشگران که به تئوری پلی فیلیتیک معتقدند به این واقعیت اشاره دارند که بیشتر ویژگی های شناخته شده در مرغ ها در گالوس گالوس وجود ندارد اما در سایر گونه های وحشی و یا اجداد منقرض شده وجود دارد (5). برخی از پژوهشگران هم نظریه ای را معتقدند که بین نظریه های مونو فیلیتیک و پلی فیلیتیک می باشد. طوری که گالوس گالوس را جد اصلی اما سهم کوچکی از سایر گونه ها را نیز در اهلی شدن مرغ ها دخیل می دانند (5). منشاء مرغان اهلی تقریباً به ۸۰۰۰-۶۰۰۰ سال قبل از میلاد مسیح می رسد. مرغ ممکن است حدود ۲۵۰۰-۲۰۰۰ سال قبل از میلاد مسیح به طور جداگانه ای در روستای اینداس^{۹۳} (پاکستان امروزی) اهلی و در سراسر آسیای جنوب شرقی پراکنده شده باشد (۵). توالی DLoop ناحیه ژنوم میتوکندری به عنوان ابزاری قدرتمند برای مطالعه منشاء و نحوه تفرق انواع گونه های حیوانی مورد استفاده قرار گرفته است (۴، ۸) با استفاده از خصوصیت این توالی، مطالعات متعدد روابط فیلوژنتیک و ساختار ژنتیکی نژادهای مختلف مرغ بومی جهان را مورد بررسی قرار دادند (۱۳، ۱۴) که نتایج این مطالعات وجود هاپلو گروه ها و شاخه های مختلف را در مرغ های امروزی نشان می دهد که از آسیای جنوب شرقی منشاء شده اند (۶، ۱۱) علیرغم وجود جمعیت های مختلف مرغ بومی در ایران مطالعه جهت مشخص نمودن روابط فیلوژنتیک، منشاء و نحوه تکامل ژنتیکی مرغ های بومی ایران ضروری به نظر می

رسد و در این مطالعه با بهره گیری از اطلاعات زئوم میتوکندری و توانمندی های بیوتکنولوژی، چگونگی روابط و شکل گیری مرغ های بومی کشور بررسی شد.

مواد و روش ها

حجت انجام پژوهش حاضر، نمونه های خون تعداد ۳۹ قطعه مرغ از جمعیت های مرغ بومی ایران موجود در ۶ ایستگاه تحقیقاتی اصلاح نژاد مرغ (اصفهان ۸ نمونه، یزد ۶ نمونه، آذربایجان غربی ۶ نمونه، خراسان ۶ نمونه، مازندران ۷ نمونه، فارس ۶ نمونه) جمع آوری شده و کل محتوی DNA هر نمونه با استفاده از روش استخراج نمکی (۱۰) استحصال شد. ناحیه متغیر Dloop ژنوم میتوکندری با استفاده از DNA هر نمونه و توالی پرایمر اختصاصی (۱۲) تکثیر شد. تمامی محصولات PCR بدست آمده، با استفاده از کیت QIAGEN خالص سازی شدند. تمامی توالی های بدست آمده با استفاده از نرم افزار BioEdit (۷) و توالی مرجع (accession number: AP003317) ویرایش شده و قطعات به طول ۱۲۳۱-۲ جفت باز بدست آمدند. با بهره گیری از نرم افزار CLUSTALW (۱۵)، توالی ها زیر هم چینی و جایگاه حذف و اضافه و دیگر جهش های موجود مشخص شدند. توالی های مشابه به عنوان یک هاپلوتایپ در نظر گرفته شدند. مقادیر تنوع هاپلوتایپی (h) و نوکلئوتیدی (π) با استفاده از نرم افزار DNASP5.10 (۹) محاسبه شدند. ترسیم درخت فیلوژنی با استفاده از نرم افزار NETWORK 4.6.0.0 (۳) انجام شد.

نتایج و بحث

با بررسی قطعه ۱۲۳۱-۲ جفت بازی ناحیه D-Loop ژنوم میتوکندری مرغ بومی ایران ۱۴ جایگاه متغیر و ۱۶ هاپلوتایپ بدست آمد. که از میان ۱۴ جایگاه متغیر، در ۱۳ جایگاه جانشینی از نوع transition بوده به طوری که سیتوزین به تیمین و گوانین به آدنین و بالعکس تبدیل شده و فراوانی آن ۰/۸ و در یک جایگاه اضافه شدن یک نوکلئوتید سیتوزین با فراوانی ۰/۲ رخ داده بود. اکا و همکاران (۲۰۰۷) قطعه ۱۲۳۱-۲ جفت بازی ناحیه D-Loop ژنوم میتوکندری ۲۰ نژاد بومی ژاپن و همچنین لگهورن سفید و ردآیلندرد و مرغان بومی اندونزیایی را بررسی کردند که ۴۲ هاپلو تایپ از ۴۵ جایگاه پلی مورفیسم را تشخیص دادند. که از بین ۴۵ جایگاه متغیر در ۴۴ جایگاه جانشینی و در یک جایگاه جایگزینی اتفاق افتاده بود. که این جانشینی و جایگزینی با پژوهش حاضر در نوکلئوتید شماره ۱۹۹، ۲۴۶، ۲۴۹، ۲۶۱، ۳۱۰، ۳۵۵، ۳۹۱، ۶۸۶ و ۸۵۹ مطابقت دارد، به طوری که در همه شماره ها به جز ۸۵۹ جانشینی نوکلئوتیدی و در شماره ۸۵۹ جایگزینی اتفاق افتاده بود. مقادیر تنوع هاپلوتایپی دارای دامنه ای بین $0.215 \pm$ تا $0.333 \pm$ و $0.181 \pm$ تا $0.714 \pm$ بود. مقادیر تنوع نوکلئوتیدی دارای دامنه ای بین $0.00036 \pm$ تا $0.00027 \pm$ و $0.0008 \pm$ تا $0.00184 \pm$ بوده است. هر یک از هاپلوتایپ های بدست آمده در این مطالعه با هفت هاپلوگروه (A-G) و ۴۲ هاپلوتایپ که توسط اکا و همکاران (۲۰۰۷) در مرغان بومی ژاپن گزارش شده بود مورد بررسی قرار گرفتند. تمام ۱۶ هاپلوتایپ به دست آمده برای مرغان بومی ایران در هاپلوگروه A اکا و همکاران (۲۰۰۷) قرار گرفتند. هاپلوگروه A شامل مرغ لگهورن، ردآیلندرد، مرغان بومی ژاپن و مرغ اندونزیایی می باشد. اکا و همکاران (۲۰۰۷)، استدلال نمودند که همه هاپلوتایپ های هاپلوگروه A از مرغان آسیای جنوب شرقی منشأ گرفته، به طوری که ابتدا در شبه جزیره هند تشکیل و سپس به دیگر مناطق جهان گسترش یافتند. نتایج به دست آمده در این تحقیق موید این مطلب است که احتمالاً خط مادری مرغان بومی ایران یکی بوده و شباهت زیادی بین این جمعیت ها با مرغان آسیای جنوب شرقی وجود دارد.

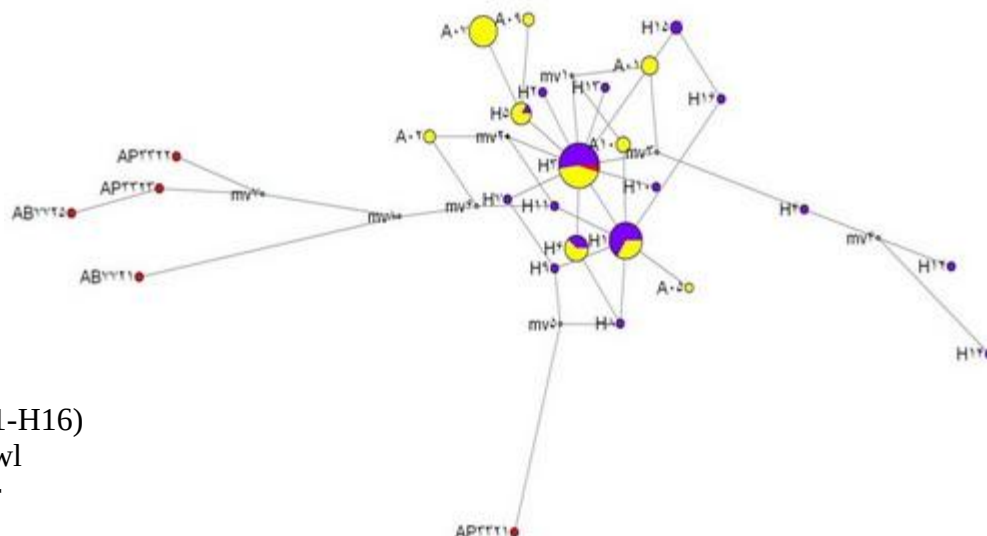
جدول ۱- تنوع هاپلوتایپی، تنوع نوکلئوتیدی، تعداد هاپلوتایپ و تعداد نمونه در هریک از هاپلوتایپ ها در جمعیت های مختلف

مرغ بومی ایران

جمعیت	منطقه جغرافیایی	n	هاپلو تیپ (تعداد نمونه)	تنوع هاپلو تایپی	تنوع نوکلئوتیدی
اصفهان	اصفهان، کهگیلویه و بویر احمد	۸	H1، (۱) H3، (۱) H6، (۳) H7، (۱) H8، (۱) H9 (۱)	$\pm 0/00044$ $0/00081$	$\pm 0/123$ $0/714$
یزد	یزد	۶	H3، (۵) H1 (۱)	$\pm 0/00036$ $0/00027$	$0/333 \pm 0/215$
آذربایجان غربی	آذربایجان غربی، شرقی	۶	H1، (۲) H2، (۱) H3، (۲) H11 (۱)	$\pm 0/0005$ $0/00054$	$0/6 \pm 0/215$
خراسان	خراسان رضوی، شمالی، جنوبی	۶	H1، (۲) H3، (۲) H4، (۱) H12 (۱)	$\pm 0/0008$ $0/00184$	$0/6 \pm 0/125$
مازندران	مازندران، گلستان، سمنان	۷	H1، (۱) H5، (۴) H13، (۱) H14 (۱)	$\pm 0/00074$ $0/00116$	$0/714 \pm 0/181$
فارس	فارس	۶	H1، (۱) H3، (۲) H15، (۲) H16 (۱)	$\pm 0/0005$ $0/00097$	$0/6 \pm 0/129$

n اندازه نمونه

- oka etal(2007)
- Haplotype (H1-H16)
- Red jungle fowl
- Median vector



نگاره ۱- درخت فیلوژنی هاپلو تایپ های مشخص شده در مرغ بومی ایران

در خصوص چگونگی گسترش جمعیت مرغ در جهان، شواهد باستان شناسی و سنگ واره های به دست آمده از نواحی آسیای جنوب شرقی، این ناحیه را به عنوان نخستین مکان اهلی شدن مرغ اهلی بیان می کنند. این در حالی است که اطلاعات ژنتیکی به دست آمده از تحقیقات مختلف در دیگر کشورها از جمله داده های حاصل از پژوهش حاضر نیز موید این فرضیه هم می باشد. بنا براین می توان نتیجه گیری نمود که مرغان اهلی امروزی از جمعیت مرغان اجدادی خود واقع در ناحیه آسیای جنوب شرقی

منشا گرفته و از این نقطه به دیگر نقاط جهان از جمله ایران پراکنده شدند. در ادامه از آن جایی که ایران نیز در مسیر های باستانی قرار گرفته بود (جاده ابریشم)، نقش عمده ای را در پراکنده شدن آن به دیگر نقاط جهان از جمله غرب، بر عهده داشته است.

منابع

1. Adebambo, A.O., G. Bjørnstad, W. Bulimo, H. Jianlin, G. Kierstein, L. Mazhan, and B. Podisi. 2009. Mitochondrial DNA D-loop analysis of south western nigerian chicken. *Archivos de zootechnia*, 58: 637- 643.
2. Amills, M. O., A. Ramirez., B. Thomas, J. Badaoui, J. Marmi, J. Acosta, A Sanchez and J. Capote. 2008. Mitochondrial DNA diversity and origins of South and Central American goats *Animal Genetics*, 40:315-322
3. Bandelt, H. J., P Forster and A. Rohl. 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16: 37-48.
4. Cai, D.W., Lu Han, X. L. Zhang, H. Zhou and H. Zhu. 2007. DNA analysis of archaeological sheep remains from China. *Journal of Archaeological Science*, 34:1347-1355
5. Cockett, N.E. and C. Kole. 2009. *Genome mapping and genomics in domestic animals*. springer-verlag Berlin Heidelberg, Pp 75-87.
6. CucKimThi, N., H. Simianer, L.F. Groeneveld and S. Weigend. 2011. Multiple maternal lineages of Vietnamese local chickens inferred by mitochondrial DNA D-loop sequences. *Animal Science*, 24(2): 155 – 16.
7. Hall T.A. 1999. BioEdit a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98NT. *nucleic Acids Symposium Series*, 4:95-98.
8. Larson G., U. Albarella, K. Dobney, P. Rowley-Conwy, J. Schibler, A. Tresset, J.D. Vigne, C. J. Edwards, A. Schlumbaum, A. Dinu , A. Bălăşescu, G. Dolman, A. Tagliacozzo, N. Manaseryan, P. Miracle, L. V. Wijngaarden-Bakker, M. Masseti, D. G. Bradley and A. Cooper. 2007. Ancient DNA, pig domestication, and the spread of the Neolithic into Europe. *Proceedings of the national Academy of Sciences of the United States of America*, 104 15276
9. Librado, P. and J. Rozas. 2009. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25: 1451-1452
10. Miller, S A, D. D. Dykes, and H. F. Polesky. 1988. A Simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *nucleic acids research*, 16: 1215
11. Mtileni, B. J., F. C Muchadeyi, A. Maiwashe, M. Chimonyo, E. Groeneveld, S. Weigend and K. Dzama. 2011. Diversity and origin of South African chickens. *Poultry Science*, 90:2189-2194
12. Nishibori, M., T. Hayashi, M. Tsudzuki, Y. Yamamoto and H. Yasue. 2001. Complete sequence of the Japanese quail (*Coturnix Japonica*) mitochondrial genome and its genetic relationship with related species. *Animal Genetics*, 32: 380-385.
13. Oka, T., Y. Ino, K. Nomura, S. Kawashima, T. Kuwayama, H. Hanada, T. Amano, M. Takada, N. Takahata, Y. Hayashi and F. Akishinonmiya. 2007. Analysis of mtDNA sequences shows Japanese native chickens have multiple origins. *Animal Genetics*, 38: 287-293.
14. Sulandari, S., M.A. Zein and T. Sartika. 2008. Molecular characterization of Indonesian indigenous chickens based on Mitochondrial DNA displacement (D)-loop Sequences. *Hayati Journal of Biosciences*, 15(4):145-154.

15. Thompson, H.D., D.G. Higgins and T.J.Gibson. 1994. CLUSTAL W: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22:4673-4680.

Phylogenetic Relationship of Iranian Native Chickens Based on Mitochondrial D-Loop Sequences

*Kasra Ahmadian, Ghodrat Rahimi, Hadi sayahzadeh, Hamid Deldar, Narges Nazifi
Email: kasraahmadian@yahoo.com *

Abstract

In order to understand phylogenetic relationships between Iranian native fowls thirty nine blood samples were randomly collected from native fowls breeding stations of west Azarbayjan, Khorasan, Fars, Mazandaran, Yazd and Esfahan provinces. Total DNA of the samples was extracted by salting out procedure and applied as template for amplification and sequencing of the D-loop region of mtDNA. Sequence analysis of the 1231-2 bp D-loop region in all samples revealed a total of 16 haplotype with 14 polymorphic sites. Population's nucleotide and haplotype diversity were in the range of 0.00036 ± 0.00027 to 0.0008 ± 0.0018 and 0.215 ± 0.233 to 0.714 ± 0.181 , respectively. The results showed that Iranian native fowls are located in the clade 'A' which includes Southeast Asia fowls chicken. It was reported that the haplotype 'A' originated from India and Southeast Asia. The result obtained in the present study confirms that the Iranian native fowls may probably originated from Southeast Asia and Indian subcontinent then from this way introduced to the western country.

Keyword: Native chicken -Mitochondrial DNA- Phylogenic -Sequencing

ارزیابی تنوع ژنتیکی در جمعیت مرغان بومی ایران بر مبنای توالی یابی ناحیه D-loop ژنوم میتوکندریایی

کسری احمدیان^{*}، قدرت رحیمی، هادی سیاح زاده، حمید دلدار، نرگس نظیفی

آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

* [Email: kasraahmadian@yahoo.com](mailto:kasraahmadian@yahoo.com)

چکیده

در مطالعه حاضر به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی مرغان بومی از ۳۹ قطعه مرغ بومی مراکز اصلاح نژاد مرغ بومی کشور (اصفهان، مازندران، یزد، فارس، آذربایجان غربی و خراسان) به طور تصادفی خون گیری به عمل آمد. پس از استخراج دی-ان-ای به روش نمکی بهینه یافته، ناحیه D-loop ژنوم میتوکندری به طول ۱۲۳۱-۲ جفت باز توسط یک جفت پرایمر اختصاصی تکثیر و سپس همه نمونه ها تعیین توالی شدند. آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA) به روش Kimura-2-Parameter با استفاده از نرم افزار Arlequin برآورد شد. میزان واریانس درون و بین جمعیت های مورد مطالعه به ترتیب برابر با ۸۱/۰۵ و ۱۸/۹۵ درصد برآورد شد. فاصله ژنتیکی بین جمعیت اصفهان با همه جمعیت های مورد مطالعه از نظر آماری معنی دار بود ($p < 0/05$). جمعیت آذربایجان با جمعیت های فارس، خراسان، مازندران و یزد و همچنین جمعیت فارس و مازندران و جمعیت خراسان با مازندران و یزد و نیز جمعیت مازندران و یزد از نظر ژنتیکی تفاوت معنی داری را نشان ندادند ($P > 0/05$).

واژه های کلیدی: تنوع ژنتیکی - مرغ بومی - DNA میتوکندریایی - توالی یابی

مقدمه

حیوانات و گیاهان بومی به عنوان سرمایه های ملی و ذخایر استراتژیک هر کشور محسوب میشوند و حفظ و تکثیر آن ها از ارزش و اهمیت بسیاری برخوردار است. این موجودات پس از هزاران سال انتخاب طبیعی و مصنوعی و نیز گذر از موانع بسیار و با غلبه بر تمامی شرایط نامساعد محیطی همچنان به حیات خویش ادامه داده و به تکثیر و ازدیاد پرداخته اند همچنین نسبت به بسیاری از محدودیت های محیطی سازگاری پیدا کردند (۲). مرغ های بومی ایران مواد ژنتیکی پایه برای برنامه های اصلاح نژاد در زیستگاه خویش محسوب می شوند و شناخت دقیق این ذخایر ژنتیکی می تواند مبنای دقیق تری برای برنامه های اصلاح نژادی در آینده و نتیجه دهی آن ها در زمان کوتاه تر و استفاده بهینه از منابع موجود در جهت افزایش تولید گردد (۲). وجود تنوع ژنتیکی لازمه انجام برنامه اصلاح نژادی و بهره گیری از توان تولیدی حیوانات و گیاهان در هر منطقه است. لذا حفظ تنوع ژنتیکی گونه ها در دستور کار موسسات اصلاح نژادی منطقه ای و سازمان های مربوطه قرار دارد (۶). پایه و اساس تنوع ژنتیکی در یک گونه، تغییرات جهشی است که با ایجاد آلل های مختلف، اشکال فنوتیپی و ژنوتیپی متفاوت را بوجود آورده است (۱۲). تنوع ژنتیکی در یک گونه، با حداکثر نمودن هتروزیگوتی اولیه، اندازه جمعیت (N)، نسبت اندازه موثر جمعیت (Ne) به اندازه جمعیت (Ne/N) و حداقل نمودن تعداد نسل افزایش می یابد (۴). نژادهای بومی به دلیل شدت انتخاب پایین، تعداد پرورش دهندگان و محدودیت استفاده از تلقیح مصنوعی و سایر فن آوری های تولید مثلی از تنوع ژنتیکی بالایی برخوردارند. از طرفی با گذشت زمان و کسب آگاهی بیشتر نسبت به اهمیت صفات مختلف، نیاز های جدیدی مطرح می شود که متخصصین اصلاح نژاد را بر آن می دارد که از ژن های بومی استفاده نمایند. این مسئله به خصوص با افزایش تولید محصولات دامی و تولید محصولات پیش بینی نشده در آینده، لزوم حفظ تنوع ژنتیکی در دام های بومی را الزامی ساخته است (۶). امروزه جهت بر آورد تنوع ژنتیکی و تعیین فواصل ژنتیکی بین جمعیت ها، از تکنیک های پیشرفته مولکولی بر اساس تفاوت های موجود در سطح مولکول DNA استفاده می

گردد (۱۷). یکی از این روش های استفاده از تکنیک های مولکولی، استفاده از ژنوم میتوکندریایی (mtDNA) است. ژنوم میتوکندری مولکول حلقوی دو رشته ای است که معمولاً اندازه آن از ۱۴۰۰۰ تا ۲۶۰۰۰ جفت باز متغیر است (۱۴). سه ویژگی مهم mtDNA آنرا به مارکر ژنتیکی کارآمدی برای بررسی سیستماتیک مولکولی، ژنتیک جمعیت و بررسی روابط شجره ای گونه های خویشاوند نزدیک مبدل کرده است که عبارتند از اینکه mtDNA از مادر بدون توجه به جنسیت به فرزند به ارث می رسد (۳) و در mtDNA نو ترکیبی رخ نمی دهد از این رو می توان شجره مادری را به طور واضحی بررسی و تعیین نمود (۸). همچنین سرعت متوسط تعویض و جایگزینی نوکلئوتیدهای mtDNA در مهره داران عالی تقریباً ۵-۱۰ برابر سرعت ژنوم هسته ای است (۸ و ۹). هدف پژوهش حاضر مطالعه تنوع ژنتیکی در داخل و بین شش جمعیت مرغ بومی کشور با استفاده از توالیابی ناحیه D-loop از DNA میتوکندریایی است.

مواد و روش ها

از هر یک از جمعیت های مرغ بومی موجود در ۶ ایستگاه تحقیقاتی اصلاح نژاد مرغ (اصفهان ۸ نمونه، یزد ۶ نمونه، آذربایجان غربی ۶ نمونه، خراسان ۶ نمونه، مازندران ۷ نمونه، فارس ۶ نمونه) تعداد ۳۹ نمونه به صورت تصادفی انتخاب و نمونه خون تهیه شد. استخراج DNA با روش نمکی بهینه یافته برای تکثیر یک قطعه ۱۳۲۵ جفت بازی ناحیه D-loop از DNA میتوکندری از یک جفت پرایمر اختصاصی استفاده شد (۱۱). واکنش زنجیره ای پلی مرز در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ترکیبات با غلظت های ۱۷/۱ میکرولیتر آب استریل دو بار تقطیر، ۲/۵ میکرولیتر بافر، ۱/۲ میکرولیتر MgCl₂، ۰/۵ میکرولیتر dNTP، ۰/۲ میکرولیتر از آغازگرها، ۰/۲ میکرولیتر آنزیم Taq پلی مرز، ۱/۵ میکرولیتر DNA انجام گرفت. پروتکل حرارتی شامل ۳ دقیقه واسرشت سازی اولیه در ۹۴ درجه سانتی گراد، ۳۰ سیکل شامل واسرشت سازی در ۹۵ درجه برای ۳۰ ثانیه، اتصال پرایمرها در ۶۲ به مدت ۴۵ ثانیه، بسط در ۷۲ درجه به مدت ۹۰ ثانیه و بسط نهایی به مدت ۱۰ دقیقه در ۷۲ درجه سانتیگراد انجام گرفت.

بعد از تکثیر از الکتروفورز ژل آگارز ۱/۵ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بر مایه برای رویت سازی باندها استفاده شد. تمامی محصولات PCR بدست آمده با استفاده از کیت QIAGEN خالص سازی شدند. نمونه های DNA تلخیص شده جهت تعیین توالی به شرکت فزپژوه ارسال شدند. تمامی توالی های بدست آمده با استفاده از نرم افزار BioEdit (۷) و توالی مرجع (accession number: AP003317) ویرایش شده و قطعات به طول ۲-۱۲۳۱ جفت باز بدست آمدند. با بهره گیری از نرم افزار CLUSTALW (۱۶)، توالی ها زیر هم چینی و جایگاه حذف و اضافه و دیگر جهش های موجود مشخص شدند. توالی های مشابه به عنوان یک هاپلوتاایپ در نظر گرفته شدند. مقادیر فواصل ژنتیکی با استفاده از نرم افزار Arlequin (۵) و روش کیمورا-۲ پارامتر محاسبه شد.

نتایج و بحث

آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA) به روش Kimura-2-Parameter محاسبه شد بیشترین مقدار واریانس برآورد شده به واریانس درون جمعیت های مورد مطالعه (۸۱/۰۵) تعلق داشت (جدول ۱). آنالیز واریانس تفاوت معنی داری (۱۸/۹۵ درصد) را برای واریانس بین جمعیت های مورد بررسی نشان داد. ($\Phi ST = ۰/۱۸۹۵۲$ و $P = 0/000000$) که نشان دهنده وجود تفاوت بین همه یا تعدادی از این جمعیت ها بوده است. سری سولانداری و همکاران (۲۰۰۸) با مطالعه مرغان بومی اندونزی مقدار واریانس ژنتیکی را در بین جمعیت ۳۲/۱۵ درصد و در داخل جمعیت ۶۷/۸۵ درصد گزارش دادند. متیلنی و همکاران (۲۰۱۱) به بررسی تنوع ژنتیکی و منشا مادری مرغان بومی آفریقا مقدار واریانس ژنتیکی را در درون جمعیت ۸۷/۶۶ درصد و در بین

جمعیت ۱۲/۳۴ درصد برآورد نمودند. شهبازی و همکاران (۲۰۰۷) تنوع ژنتیکی ۱۵۰ قطعه از مرغان بومی ۵ ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی ایران و آذربایجان، مازندران، اصفهان، یزد، فارس را با استفاده از ۵ نشانگر ریزماهواره برآورد نمودند. این محققین واریانس ژنتیکی در بین جمعیت را ۸ درصد و در داخل جمعیت را ۹۲ درصد برآورد نمودند. نتایج بدست آمده توسط این محققین مطابق با پژوهش حاضر بوده به طوری که مقدار واریانس داخل جمعیت بیشتر از واریانس بین جمعیت برآورد شده است. شاخص تثبیت (ΦST) بین جفت جمعیت‌های مورد مطالعه با استفاده از روش Kimura-2 parameter برآورد شد (جدول ۲). مقادیر ΦST با استفاده از این روش در دامنه‌ای بین $-۰/۰۱۵۷۰$ تا $۰/۳۷۷۶۳$ متغیر بوده است. فاصله ژنتیکی بین جمعیت اصفهان با همه جمعیت‌های مورد مطالعه از نظر آماری معنی دار بود ($P < 0/05$). نتایج بدست آمده در این تحقیق با نتایج پژوهش انجام شده توسط شهبازی و همکاران (۲۰۰۷) همخوانی دارد. به طوری که این محققین نیز از نظر ژنتیکی تفاوت معنی داری را برای جمعیت اصفهان نسبت به چهار جمعیت (مازندران، یزد و فارس) گزارش کردند. فارس و خراسان و همچنین فارس و یزد با یکدیگر از نظر ژنتیکی متفاوت بوده و این تفاوت از نظر آماری معنی دار می باشد ($P < 0/۰۰۵$). شهبازی و همکاران (۲۰۰۷) کمترین فاصله ژنتیکی را بین جمعیت‌های یزد و مازندران برابر با $۰/۰۹۷$ و بیشترین فاصله ژنتیکی را بین جمعیت‌های فارس و اصفهان برابر با $۰/۶۹۶$ برآورد کردند. در پژوهش ما کمترین فاصله ژنتیکی بین دو جمعیت یزد و مازندران $-۰/۰۱۵۷$ و بیشترین فاصله ژنتیکی بین دو جمعیت فارس و اصفهان $۰/۳۷۷۶۳$ برآورد شد. دهقان زاده و همکاران (۱۳۸۳) ۱۵۰ مرغ از پنج جمعیت مرغ بومی استان‌های مازندران، فارس، یزد، آذربایجان غربی و اصفهان را با استفاده از نشانگر RAPD مورد مطالعه قرار دادند. در مطالعه این محققین جمعیت‌های فارس و مازندران به ترتیب برابر با $۰/۱۸۱۹$ و $۰/۱۰۴۲$ که بیشترین فاصله ژنتیکی و جمعیت‌های استان فارس و اصفهان به ترتیب برابر با $۰/۰۶۶$ و $۰/۰۳۹۱$ که کمترین فاصله ژنتیکی را نشان دادند که با نتایج بدست آمده با پژوهش ما مطابقت ندارد. در پژوهش حاضر جمعیت آذربایجان با جمعیت‌های فارس، خراسان، مازندران و یزد و همچنین جمعیت فارس و مازندران و جمعیت خراسان با مازندران و یزد و نیز جمعیت مازندران و یزد از نظر ژنتیکی تفاوت معنی داری را نشان ندادند ($P > 0/05$). پایین بودن تعداد جمعیت اولیه و نیز به کارگیری استراتژی یکسان انتخاب در این ایستگاه‌ها احتمالاً موجب افزایش تشابه ژنتیکی درون جمعیتی شده است. بنابراین در صورتی که جمعیت‌های موجود در این ایستگاه‌ها تنها نمونه‌هایی باشند که از این جمعیت‌ها باقی مانده باشند باید با دقت هر چه بیشتر و دقیقتر دائماً مورد ارزیابی ژنتیکی جمعیتی قرار گرفته تا حتی الامکان تنوع ژنتیک موجود در این جمعیت‌ها در حد قابل قبولی حفظ شود.

جدول ۱- واریانس ژنتیکی بین و درون جمعیت‌های مورد مطالعه با استفاده از آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA) به

روش Kimura-2 parameter

آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA) جمعیت‌ها		منبع واریانس
درون جمعیت‌ها	بین جمعیت‌ها	
۳۳	۵	درجه آزادی
۸۱/۰۵	۱۸/۹۵	درصد واریانس

جدول ۲- مقادیر فاصله ژنتیکی جفت جمعیت‌های مورد بررسی بین توالی‌های میتوکندریایی جمعیت‌های مورد مطالعه با استفاده از روش Kimura-2 parameter.

جمعیت	آذربایجان غربی	اصفهان	فارس	خراسان	مازندران
اصفهان	۰/۲۱۹۷۸ ^a				
فارس	۰/۳۰۰۹۰	۰/۳۷۷۶۳ ^b			
خراسان	۰/۰۹۰۷۴	۰/۲۴۰۱۲ ^c	۰/۲۵۹۱۰ ^f		
مازندران	-۰/۰۰۹۰۳	۰/۱۷۵۲۸ ^d	۰/۲۳۱۶۱	-۰/۰۱۴۵۲	
یزد	۰/۰۰۰۲۴	۰/۲۴۵۲۶ ^e	۰/۳۴۳۴۹ ^g	۰/۱۳۴۵۹	-۰/۰۱۵۷۰

^aP-value = ۰/۰۴۱۹۹, ^bP-value = ۰/۰۰۱۹۵, ^cP-value = ۰/۰۱۲۷۰, ^dP-value = ۰/۰۳۸۰۹, ^eP-value = ۰/۰۴۱۹۹, ^fP-value = ۰/۰۴۱۰۲, ^gP-value = ۰/۰۴۰۰۴

فهرست منابع

- دهقان‌زاده ه. میرحسینی، س. ض. شادپرور، ع. ۱۳۸۳. بررسی تنوع ژنتیکی مرغان بومی ایران با استفاده از نشانگرهای RAPD. پژوهش و سازندگی. ۹-۶۲:۲.
- میر حسینی س. ض. ۱۳۷۷. بررسی تنوع ژنتیکی کرم ابریشم ایران با استفاده از نشانگرهای پروتئینی و دی ان آ. رساله دکتری، دانشگاه تربیت مدرس.
- Awise, J. C., and R. C., Vrijenhock. 1987. Mode of inheritance and variation of mitochondrial DNA in hybridogenetic fishes of the genus poeciliopsis . Molecular Biology and Evolution, 4:514-525
- Barker, J.S.F. 1994. A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds. Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. University of Guelph, Guelph Canada, 21: 501 - 508.
- Excoffier, L., G. Laval, and S. Schneider. 2006. ARLEQUIN: An integrated Software package for Population Genetic (Version 3.1). Computational and Molecular Population Genetics Lab (CMPG), Institute of Zoology, University of Berne, Baltzerstrasse, Switzerland.
- Frankhan, R. 1994. Conservation of genetic diversity for animal improvement 5th world congress on Genetic Applied to livestock production. University of Guelph, Ontario, Canada, 27:385- 392
- Hall T.A. 1999. BioEdit a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98NT. nucleic Acids Symposium Series, 4:95-98.
- Hallerman, E. M. 2006. Population genetics: principles and applications for fisheries scientists, Vol:1, Naghshemehr Publishers, Tehran, p.448.
- Moritz, C., T.E. Dowling and W. M. Brown. 1987. Evolution of animal mitochondrial DNA :relevance for population biology and systematic. Annual Review of Ecology and systematic, 18:269-292.
- Mtileni B. J., F.C. Muchadeyi, A. Maiwashe, M. Chimonyo, E. Groeneveld, S. Weigend and K. Dzama. 2011. Diversity and origin of South African chickens. Poultry Science, 90:2189-2194

11. Nishibori, M., T. Hayashi, M.Tsudzuki, Y.Yamamoto and H.Yasue. 2001. Complete sequence of the Japanese quail (*Coturnix Japonica*) mitochondrial genome and its genetic relationship with related species. *Animal Genetics*, 32: 380-385.
12. Notter, D. R. 1998. The importance of diversity in livestock populations of the future. *Journal of Animal Science*, 77: 61-69.
13. Shahbazi S., S.Z. Mirhosseini and M.N. Romanov. 2007. Genetic diversity in five Iranian native chicken populations estimated by microsatellite markers, *Biochemical Genetics*, 45: 1-2.
14. Snyder, M., A. R.fraser, J.Laroche, K. E. Gartner-kepkayand E. Zouros. 1987. Atypical mitochondrial DNA from the deep-sea scallop *placopectenmagellanicus* .*Proceeding of the National Academy of Science of the USA*, 84:7595-7599.
15. Sulandari S., M.A.Zein and T.Sartika. 2008. Molecular characterization of Indonesian indigenous chickens based on Mitochondrial DNA displacement (D)-loop Sequences. *HayatiJournal of Biosciences*, 15(4):145-154
16. Thompson H.D., D.G. Higgins and T.J.Gibson. 1994. CLUSTAL W: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22:4673-4680.
17. Waugh, R. and W.Powell. 1992. Using RAPD markers for crop improvement, *Tibtech*. 10: 186-191.

Analysis of Genetic Diversity in Iranian Native Chicken Populations based on Mitochondrial D-Loop Sequences

*Kasra Ahmadian, Ghodrat Rahimi, Hadi sayahzadeh, Hamid Deldar, Narges Nazifi

Email: kasraahmadian@yahoo.com*

Abstract

The aim of this study was to evaluate genetic variability within and between Iranian native fowls. Thirty nine blood samples were randomly collected from native fowls breeding stations of west Azarbayjan, Khorasan, Fars, Mazandaran, Yazd and Esfahan provinces. Total DNA of the samples was extracted by salting out procedure and applied as template for amplification and sequencing of the D-loop region of mtDNA. AMOVA analysis based on sequence data of a fragment with 1231-2 bp from D-loop region by Kimura Distance Indices revealed that the variation within population was greater than among population (81.05 vs. 8.95, respectively). The genetic distance was statistically significant ($P < 0.05$) between Esfahan and all other populations. There was a significant genetic difference between Fars-Khorasan and Fars-Yazd population ($P < 0.05$). No any genetically differences were found between Azarbayjan population with Fars, Khorasan, Mazandaran and Yazd population. The differences between Fars and Mazandaran, Khorasan with Mazandaran and Yazd and also between Mazandaran and Yazd were not statistically significant ($P > 0.05$)

Keywords: Genetic diversity- Native chicken -Mitochondrial DNA - Sequencing

بررسی برخی عوامل محیطی بر میزان دوقلو زایی بز کرکی راینی

محمدحسین ملایی*^۱ مسعود اسدی فوزی^۲ محمدرضا محمدآبادی^۲ زهراملایی^۳

^۱ دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد بخش مهندسی علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان

^۲ عضو هیئت علمی بخش مهندسی علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان

^۳ کارشناس ارشد فیزیولوژی بخش مهندسی علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم تحقیقات تهران

نویسنده مسئول: محمدحسین ملایی mh.molaei@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق به منظور بررسی اثر برخی عوامل محیطی بر میزان دوقلو زایی بز کرکی راینی از ۱۰۹۸۶ رکورد نوع تولد (یک قلو و دوقلو) مربوط به ۵۴۹۸ بز ماده استفاده گردید. این بزهای ماده فرزندان ۳۰۷ پدر و ۲۰۱۷ مادر می باشند. اثر عوامل محیطی در قالب یک مدل حیوانی یک متغیره در حضور اثر تصادفی حیوان وبا استفاده از نرم افزار ASReml مورد بررسی قرار گرفت. نتایج این تحقیق نشان می دهد اثرات گله، سال زایش مادر و سن مادر (شکم زایش) اثر معنی داری بر روی میزان دوقلو زایی دارند اما نوع تولد مادر و همچنین فصل زایش مادر اثر معنی داری بر روی میزان دوقلو زایی بز کرکی راینی ندارند. بنابراین در نظر گرفتن این اثرات در مدیریت گله می تواند موجب بهبود میزان دو قلو زایی در این نژاد گردد. همچنین لحاظ نمودن اثرات گله، سن مادر و سال زایش مادر در مدل آنالیز ژنتیکی این صفت در بز کرکی راینی ضروری می باشد. کلمات کلیدی: بز کرکی راینی - عوامل محیطی - دوقلو زایی - آنالیز ژنتیکی

مقدمه

بزهای کرکی عمدتاً در مناطق کوهستانی و ارتفاعات بلند آسیا که از قسمت آسیای مرکزی تا هیمالیا و مغولستان پراکنده بوده و پرورش داده می شوند. مهمترین بز کرکی ایران نژاد راینی با حدود ۲ میلیون جمعیت می باشد که عمدتاً در استان کرمان و استانهای همجوار پراکنده می باشد (۳). این حیوان به منظور تولید شیر، گوشت و کرک نگهداری می شود. درصد دوقلو زایی در این نژاد حدود ۳٪ است. برای بزهای کرکی ایرانی، گزارشات کمی در خصوص صفات تولید مثلی در منابع وجود دارد (۴). بز کرکی راینی به دلیل تولید گوشت و کرک نقش اقتصادی مهمی برای پرورش دهندگان در این مناطق دارد. صفت دوقلو زایی یکی از راههای مناسب برای افزایش بهره وری در این نژاد است. بنابراین تحقیق در زمینه افزایش باروری و دوقلو زایی ضروری به نظر می رسد. هدف از انجام این تحقیق بررسی عوامل محیطی موثر بر میزان دوقلو زایی در بز کرکی راینی می باشد.

مواد و روشها

در این تحقیق به منظور فراهم نمودن اطلاعات مورد نیاز برای بررسی تأثیر عوامل محیطی بر نوع تولد در بز کرکی راینی از داده های مربوط به ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد بز کرکی راینی استفاده شد. این ایستگاه در شهرستان بافت از استان کرمان واقع است. رکوردهای انفرادی تولیدی و تولید مثلی و همچنین اطلاعات شجره ای جمع آوری و ثبت می شوند. این رکوردها در مدت ۲۰ سال از سال ۷۰ تا ۸۹ جمع آوری گردیدند. در مجموع تعداد ۱۰۹۸۶ رکورد مربوط به نوع تولد از ۵۴۹۸ حیوان مورد استفاده

قرار گرفت این رکوردها مربوط به ۳۰۷ پدر و ۲۰۱۷ مادر می باشد. در این تحقیق علاوه بر داده های ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد بز کرکی راینی از داده های گله های مردمی تحت پوشش طرح محوری معاونت بهبود تولیدات دامی جهاد کشاورزی نیز استفاده شد. عوامل محیطی مورد بررسی در این تحقیق عبارت اند از گله، سال زایش مادر، سن مادر (شکم زایش)، فصل زایش مادر و نوع تولد مادر. به منظور بررسی اثر هر کدام از عوامل محیطی موثر بر نوع تولد از مدل حیوانی یک متغیره استفاده گردید. در این مدل کلیه عوامل محیطی مورد بررسی بعنوان اثرات ثابت در نظر گرفته شدند همچنین اثرات ژنتیکی حیوان نیز بعنوان اثر تصادفی در نظر گرفته شد. چون همانگونه که اثرات ثابت بر روی برآورد اثرات تصادفی اثر می گذارند، اثرات تصادفی نیز روی برآورد اثرات ثابت موثرند (11). این مدل توسط نرم افزار ASReml اجرا گردید. مدل مورد استفاده بصورت زیر تعریف گردیده است.

$$Y = Xb + Z_1u + Z_2Pe + e$$

در این مدل Y بردار مشاهدات، b اثرات ثابت مورد بررسی شامل اثر گله، سال زایش مادر، سن مادر (شکم زایش)، نوع تولد مادر و فصل زایش مادر، u اثرات ژنتیکی حیوان، pe بردار اثرات محیطی دائمی X ماتریس طرح برای اثرات ثابت و Z_1 و Z_2 ماتریس ارتباط دهنده اثرات ژنتیکی حیوان و اثرات محیطی دائمی حیوان با بردار مشاهدات می باشد. همچنین e اثرات باقی مانده می باشد.

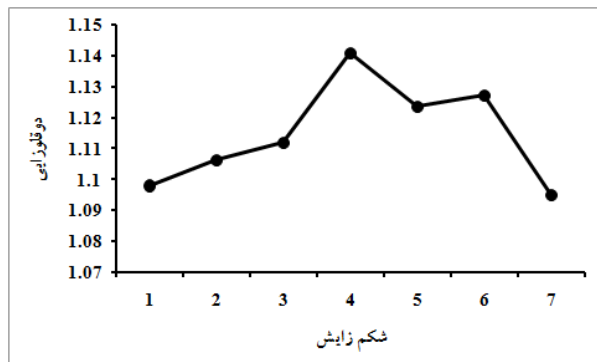
نتایج و بحث

گله اثر معنی داری ($p < 0/001$) بر میزان دوقلو زایی بز کرکی راینی نشان داد به طوری که گله ایستگاه اصلاح نژاد بز کرکی راینی واقع در شهرستان بافت میزان دو قلو زایی بیشتری نسبت به بقیه گله ها دارد. که این عامل می تواند به دلیل شرایط بهتر (مدیریت مبارزه با بیماری ها، تامین جیره تکمیلی برای بزها در زمان نیاز، مصرف داروهای ضد کرم) ایستگاه باشد. سال زایش مادر اثر معنی داری ($p < 0/001$) بر روی میزان دو قلو زایی در بز کرکی راینی دارد به طوری که میزان دوقلو زایی طی سالهای ۷۲ تا ۸۹ عموماً روند صعودی را نشان می دهد (نمودار ۱). که می تواند به دلیل بهبود شرایط محیطی گله طی این سالها باشد. این نتایج با نتایج (6) در بز نژاد بوور و (9) مطابقت دارد.

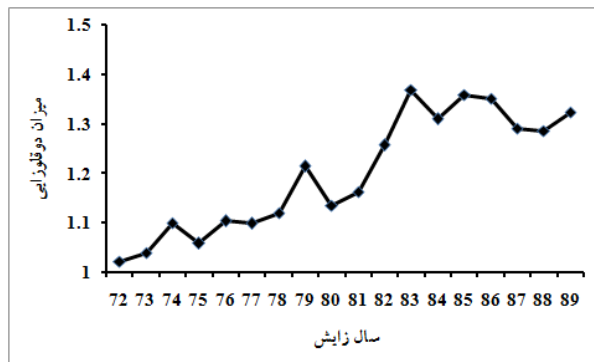
سن مادر (شکم زایش) دارای اثر معنی داری بر روی میزان دو قلو زایی است بطوری که حیوانات در شکم زایش چهارم دارای بالاترین میزان دوقلو زایی هستند که این عامل می تواند به دلیل جثه بزرگتر حیوان در سنین بالاتر و در نتیجه شرایط مناسب رحم باشد اما در شکم زایش های بالا به دلیل افزایش سن میزان دوقلو زایی در این نژاد کاهش می یابد (نمودار ۲).

نوع تولد مادر اثر معنی داری بر روی دو قلو زایی نژاد بز کرکی راینی ندارد. فصل زایش مادر اثر معنی داری بر میزان دوقلو زایی ندارد. این نتایج با نتایج (6) در بز نژاد بوور و (10) در بز نژاد مرواری این اثر را معنی دار گزارش کرده اند.

نتایج این تحقیق نشان می دهد جهت آنالیز ژنتیکی دوقلو زایی در بز کرکی راینی لحاظ نمودن اثرات گله، سال زایش مادر، سال تولد مادر، سن مادر (شکم زایش) و فصل زایش در مدل آنالیز ژنتیکی دوقلو زایی در بز کرکی راینی ضروری می باشد.



نمودار ۲- میزان دوقلو زایی در شکم های مختلف



نمودار ۱- میزان دوقلو زایی در سال های زایش مختلف

Reference

- ۱ - اسدی فوزی م، امام جمعه ن و پوستی ا، ۱۳۷۴. بررسی عوامل مؤثر بر صفات فولیکولهای پوست بز کرکی رائینی. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس. تهران.
- 2- Ansari-Renania H.R., Muellerb J.P, Rischkowskyc B , SeyedMomend S.M , Alipoure O., Ehsanid M. Moradif, S ,g (2011). Cashmere quality of Raeini goats kept by nomads in Iran
- 3-Madad, M, (1999).National Atlas of Iran.Animal Husbandry Section, vol. 10. National Cartographic Center, Plan and Budget Organization, Iran.
- 4- Maghsoudi A., VaezTorshizi R. , Safi Jahanshahi A (2009). Estimates of (co)variance components for productive and compositereproductive traits in Iranian Cashmere goats
- 5-Gilmour A. R., Gogel B. J., Cullis, B. R., Welham S. J. & Thompson R. (2002). ASReml User Guide Release 1.0. VSN International Ltd., Hemel Hempstead, HP1 1ES, U
- 6- Chunyan Zhang, Ligu Yang ,ZhongShen (2007) Variance components and genetic parameters for weight and size at birth in the Boer goat.
- 7-Watkins P., Buxton A.,(1992). Luxury Fibres The Economist Intelligence Unit Special Report No. 2633. Business International, London.
- 8- FAO, 2009.www.faostat.com
- 9-Tomar, S.S., Singh, R.B. and Arun Kumar (1999). Indian J. Anim. Res., 33 : 104-110.
- 10-Arun Kumar, A.K.S. Tomar, Abhay Kumar and B.S. Mehta (2001). factors affecting multiple birth, abnormal kidding, litter size and sex ratio in marwarigoats
- 11- Mrode RA and Thompson R, 2005. Linear model for the prediction of animal breeding values. CABI publishing.

Effect of Environmental Factors on Litter Size in Raeini Cashmere Goat

M.H. Molaei¹, M.Asadi², M.R. Mohammadabadi², z.molaei³

Msc of Animal science, faculty of Agriculture, university of Shahid Bahonar, Kerman, Iran
Department of Animal science, faculty of Agriculture, university of Shahid Bahonar, Kerman, Iran

Msc of Animal science, faculty of Agriculture, Islamic Azad University, Tehran, Iran

Abstract

In this study to assess the effect of environmental factors on litter size 10986 records of twin and multiple born Raeini cashmere goats were used. The records were measured on 5498 female goats originated from 307 sires and 2017 dams. A univariate repeated animal model was used for the analyses. The results show Herd, animal birth year and dam age have significant effect on the litter size ($p < 0.01$). The effects of dam birth type and the animal birth season were not significant. Then these environmental effects could be considered for the Raeini cashmere goat flock management and for the genetic analysis of the litter size

Keywords: Cashmere goat Raeini – environmental factors- litter size- genetic analysis

برآورد پارامترهای ژنتیکی و ارزیابی اثرات همخوانی بر وزن تولد و میزان مرگ و میر در گوسفند زندی

ابراهیم میرزامحمدی*^۱، امیر رشیدی^۲

۱-۲ به ترتیب دانش آموخته کارشناسی ارشد و دانشیار دانشگاه کردستان

* نویسنده مسئول: ن ابراهیم میرزامحمدی

emirzamohamadi@chmail.ir

چکیده

در این پژوهش به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و ارزیابی اثرات همخوانی بر وزن تولد و میزان مرگ و میر گوسفند نژاد زندی از ۵۶۳۳ رکورد که طی سال‌های ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۹ توسط ایستگاه اصلاح نژاد خجیر تهران جمع‌آوری شده بود استفاده شد. پارامترهای ژنتیکی با ۱۶ مدل مختلف در قالب مدل دام، آستانه‌ای و پدیری با روش (REML) و با استفاده از نرم افزار ASReml, v3 برآورد شدند. مدل مناسب برای وزن تولد شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی مادری، ژنتیکی افزایشی مادری و محیط مشترک بود، ولی مدل دام مناسب برای آنالیز میزان مرگ و میر بره‌ها شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، محیط مشترک و کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری بود. همچنین مدل آستانه‌ای مناسب شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و محیط مشترک بود، اما مدل پدیری مناسب فقط شامل اثرات ژنتیکی افزایش مستقیم بود. وراثت پذیری مستقیم و مادری وزن تولد به ترتیب ۰/۱۱ و ۰/۰۸ بود. همچنین وراثت پذیری مرگ و میر بره از تولد تا شیرگیری با مدل آستانه ۰/۱۴ و با مدل دام و پدیری تصحیح شده به ترتیب ۰/۲۰ و ۰/۱۸ بود. همبستگی ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین وزن تولد و میزان مرگ و میر به ترتیب ۰/۲۷، -۰/۲۳ و -۰/۲۸ - برآورد شد ($P < 0/05$). ۲۷ درصد کل جمعیت همخون بودند. میانگین ضریب همخوانی کل جمعیت و حیوانات همخون به ترتیب ۰/۹ و ۳/۵ درصد بود. با افزایش هر یک درصد همخوانی در گله وزن تولد ۳/۵ گرم کاهش و میزان مرگ و میر ۰/۱ درصد افزایش یافته بود ($P < 0/05$).

واژگان کلیدی: مدل آستانه-مدل دام-مدل پدیری-محیط مشترک-همبستگی ژنتیکی

مقدمه

مرگ و میر در گله از نظر اقتصادی یک عامل نامطلوب می‌باشد، و کنترل آن در پرورش حیوانات اهلی، بویژه حیواناتی که به منظور تولید گوشت، شیر، پوست، پشم و... نگهداری می‌شوند، سبب افزایش بهره‌وری می‌شود. میزان مرگ و میر از زمان تولد تا شیرگیری در هر نژاد به دلایلی نظیر بهداشت، ناهنجاریهای ژنتیکی، نوع سیستم پرورش، مدیریت و... تا حدی اجتناب ناپذیر است (۴). با توجه به اینکه عمده پژوهشگران گزارش کرده‌اند بخشی از تنوع موجود در میزان مرگ و میر منشأ ژنتیکی دارد (۳ و ۵)، کاهش آن از طریق اصلاح نژاد امکان پذیر می‌باشد. لذا استفاده از تکنیک‌هایی نظیر پاسخ همبسته (انتخاب حیوانات بر اساس صفاتی که با این صفت همبستگی دارند)، انتخاب پدرهای آزمون نتاج شده و... تا حدودی می‌تواند میزان مرگ و میر را کاهش دهد (۴). بنابراین ضرورت دارد صفاتی که با میزان مرگ و میر در گله دارای همبستگی هستند شناسایی شوند. علاوه بر این اغلب پژوهشگران گزارش کرده‌اند همخوانی یک عامل منفی برای اغلب صفات اقتصادی محسوب می‌شود (۴). بنابراین هدف از این پژوهش برآورد اثر همخوانی و وزن تولد بر میزان مرگ و میر در گوسفند زندی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش از ۵۶۳۳ رکورد گوسفند نژاد زندی به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی، ارزیابی اثر همخوانی و وزن تولد بر میزان مرگ و میر استفاده شد. همچنین فایل شجره شامل ۸۷۳۵ حیوان بود، که این جمعیت از ۲۲۱ دام نر و ۱۵۰۷ دام ماده بوجود آمده بودند. رکوردهای مورد استفاده توسط ایستگاه خجیر تهران طی سالهای ۱۳۷۳ تا ۸۹ جمع‌آوری شده بود. رکورد حیواناتی که وزن تولد آنها کمتر از ۲/۲۰ و بیشتر از ۶/۱۰ کیلوگرم بود از فایل داده‌ها حذف شد. همچنین بره‌هایی که به سن شیرگیری رسیده بودند زنده تلقی شدند و با کد صفر، وبره‌هایی که به سن شیرگیری نرسیده بودند مرده تلقی شدند و با کد ۱ مشخص شدند. در این پژوهش جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی وزن تولد و مرگ و میر با مدل دام از مدل‌های ۱ تا ۱۲ استفاده شد. همچنین علاوه بر مدل‌های فوق برای برآورد ضریب وراثت پذیری مرگ و میر از مدل‌های آستانه و پدری (مدل ۱۳ تا ۱۶) نیز استفاده شد. پس از تعیین مدل مناسب برای هر صفت همبستگی بین این صفات نیز از طریق آنالیز دو صفت برآورد شد.

$y = Xb + Z_a a + e$		مدل ۱
$y = Xb + Z_a a + Z_c c + e$		مدل ۲
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$	$Cov(a, m) = 0$	مدل ۳
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$	مدل ۴
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_{cc} c + e$	$Cov(a, m) = 0$	مدل ۵
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$	مدل ۶
$y = Xb + Z_a a + Z_l l + e$		مدل ۷
$y = Xb + Z_a a + Z_c c + Z_l l + e$		مدل ۸
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e$	$Cov(a, m) = 0$	مدل ۹
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_l l + e$	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$	مدل ۱۰
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_l l + e$	$Cov(a, m) = 0$	مدل ۱۱
$y = Xb + Z_a a + Z_m m + Z_c c + Z_l l + e$	$Cov(a, m) = A\sigma_{am}$	مدل ۱۲
$y = Xb + Z_s s + e$		مدل ۱۳
$y = Xb + Z_s s + Z_c c + e$		مدل ۱۴
$y = Xb + Z_s s + Z_l l + e$		مدل ۱۵
$y = Xb + Z_s s + Z_c c + Z_l l + e$		مدل ۱۶

در این مدل‌ها y بردار مشاهدات، b بردار اثرات عوامل ثابت (سال، جنس، سن مادر و تیپ تولد)، a بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، m بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، c بردار اثرات محیطی دائمی مادری (ناتنی‌ها در طی سال‌ها)، l بردار اثرات محیط مشترک (تنی‌ها در داخل سال)، s بردار ژنتیک افزایشی پدران و e بردار اثرات باقیمانده است. همچنین A ماتریس رابطه خویشاوندی و X, Z_a, Z_c, Z_m, Z_l و Z_s ماتریس‌های طرح هستند، که ارتباط اثرات ثابت، ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات محیطی دائمی مادری، اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، اثرات محیط مشترک و اثرات ژنتیکی افزایشی پدران را با بردار مشاهدات برقرار می‌کنند. همچنین σ_{am} کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی افزایشی مادری را نشان می‌دهد. تجزیه و تحلیل داده‌ها با استفاده از نرم افزار ASreml, V3 انجام گرفت (۳). همچنین جهت تعیین مناسب ترین مدل از رابطه زیر استفاده شد.

$$AIC_i = -2 \log L_i + 2 p_i$$

در این رابطه: AIC_i = معیار آکایک، $\log L_i$ = نسبت لگاریتم درستنمایی و p_i = تعداد پارامترهای موجود در مدل است. در نهایت مدل با کمترین مقدار آکایک به عنوان مناسب‌ترین مدل در نظر گرفته شد. میزان وراثت پذیری حاصل از مدل دام و پدری با استفاده از رابطه زیر تصحیح شد (۶). در این رابطه $h^2_{underlying}$ = وراثت پذیری تصحیح شده، $h^2_{observed}$ = وراثت پذیری مشاهده شده، p = نسبت مرگ و میر و i = شدت انتخاب برای نسبت مرگ و میر است.

$$h^2_{underlying} = \frac{h^2_{observed}(1-p)}{i^2p}$$

جهت برآورد اثر همخوانی بر این صفات با استفاده از نرم افزار CFC 1.0 ضریب همخوانی هر حیوان برآورد شد و در مدل‌های فوق به عنوان متغیر کمکی منظور شد.

نتایج

تعیین مدل مناسب

مدل مناسب جهت آنالیز وزن تولد شامل اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم، محیطی دائمی مادری، ژنتیکی افزایشی مادری و محیط مشترک بود (مدل ۱۱). درحالی‌که مدل دام مناسب برای آنالیز مرگ و میر شامل اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، محیط مشترک و کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری بود (مدل ۱۰). همچنین مدل آستانه‌ای مناسب برای مرگ و میر شامل اثر ژنتیک افزایشی مستقیم و محیط مشترک بود (مدل ۱۵)، اما مدل پدری مناسب فقط شامل اثر ژنتیکی افزایشی پدران بود (مدل ۱۳).

پارامترهای ژنتیکی

پارامترهای ژنتیکی برآورد شده برای صفات وزن تولد و مرگ و میر در جدول ۲ نشان داده شده است. وراثت پذیری مستقیم وزن تولد ۰/۱۱ برآورد شد (مدل ۱۱)، و وراثت پذیری مستقیم مرگ و میر با استفاده از مدل دام (مدل ۱۱) و مدل پدری (مدل ۱۳) به ترتیب ۰/۰۹ و ۰/۰۸ برآورد شد، که پس از تصحیح آن به ۰/۲۰ و ۰/۱۸ افزایش یافت. همچنین مقدار آن با استفاده از مدل آستانه (مدل ۱۵) معادل ۰/۱۴ و در حد کم برآورد شد. این نتایج با گزارشات ساوالها و همکاران (۲۰۰۷)، برای صفت زنده ماندن پس از تولد در گوسفندان نژاد بلک فیس اسکاتلند (۰/۱۸ تا ۰/۳۵) و میرزامحمدی و همکاران (۱۳۹۱)، برای زنده ماندن گوسفند بلوچی (۰/۱۸ و ۰/۱۹) مطابقت دارد. بنابراین چنانچه ضریب وراثت پذیری میزان مرگ و میر برای روابط مقیاس (Scale Relationships) با استفاده از فرمول ذکر شده تصحیح شود، نتایج حاصل از مدل‌های دام و پدری تفاوت چندانی با نتایج حاصل از مدل آستانه‌ای نخواهد داشت. اگر چه مقدار وراثت پذیری تصحیح شده با مدل پدری تا حدودی کمتر از مدل دام بود. اما با توجه به اینکه نرهای مولد نسبت به مولدین ماده تعداد نتاج بیشتری داشته و مهمترین نقش را در تغییر فراوانی ژن در جمعیت دارند، استفاده از مدل‌های پدری برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت مرگ و میر (Mortality) اهمیت بیشتری دارد. همبستگی‌های ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین وزن تولد و میزان مرگ و میر به ترتیب ۰/۲۷، ۰/۲۳ و ۰/۲۸ - برآورد شد ($P < 0/05$). بنابراین با افزایش وزن تولد میزان مرگ و میر در گله کاهش می‌یابد. این نتایج با گزارشات رشیدی و همکاران (۲۰۱۱) برای بزهای مرخز ایران (۰/۳۵-) مطابقت دارد. همچنین میرزامحمدی و همکاران (۱۳۹۱) همبستگی ژنتیکی وزن تولد با زنده ماندن را برای گوسفند بلوچی مثبت و معنی‌دار (۰/۱۲) گزارش کردند. بنابراین از طریق انتخاب بره‌های سنگین‌تر می‌توان میزان مرگ و میر را در گله کاهش داد، البته باید به سایر تبعات ناشی از انتخاب بره‌های سنگین‌تر نظیر سخت زایی توجه نمود.

جدول ۲: پارامترهای ژنتیکی برآورد شده با مناسب‌ترین مدل

پارامتر*	مدل دام		مدل پدری	آستانه
	مرگ و میر	وزن تولد	مرگ و میر	مرگ و میر
$S.E \pm h_a^2$	0.09 ± 0.02	0.11 ± 0.02	-	-
$h_s^2 \pm S.E$	-	-	0.08 ± 0.01	-
$h_m^2 \pm S.E$	0.03 ± 0.01	0.08 ± 0.02	-	-
$S.E \pm pe^2$	-	0.06 ± 0.02	-	-
$S.E \pm l^2$	0.02 ± 0.01	0.02 ± 0.02	-	0.02 ± 0.01
$S.E \pm r_{a,m}$	-0.90	-	-	-
σ_p^2	0.112 ± 0.01	0.358 ± 0.01	0.112 ± 0.03	3.49 ± 0.09
h_{logit}^2	-	-	-	0.14 ± 0.03
$h_{underlying}^2$	0.20	-	0.18	-

*: h_a^2 = وراثت پذیری مستقیم، h_s^2 = وراثت پذیری پدری، h_m^2 = وراثت پذیری مادری، pe^2 = محیط دائمی مادری، l^2 = محیط مشترک، $r_{a,m}$ = کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری، σ_p^2 = واریانس فنوتیپی، h_{logit}^2 = وراثت پذیری با مدل آستانه، $h_{underlying}^2$ = وراثت پذیری تصحیح شده.

اثر همخوانی

از کل جمعیت مورد مطالعه ۲۲۰۵ حیوان همخون بود، که تقریباً ۲۷ درصد کل جمعیت را شامل می‌شود. میانگین ضریب همخوانی کل جمعیت و جمعیت حیوانات همخون به ترتیب ۰/۹ و ۳/۵ درصد بود. نتایج حاصل با نتایج گزارش شده برای برخی نژادها مطابقت دارد (۴ و ۵).

میزان پسروری ناشی از همخوانی برای افزایش یک درصد ضریب همخوانی در گله به ترتیب ۳/۵- گرم برای وزن تولد و ۰/۱ درصد برای میزان مرگ و میر برآورد شد ($p < 0.05$). درستکار و همکاران (۲۰۱۲) افت ناشی از همخوانی به ازای افزایش یک درصد همخوانی در گله را برای گوسفند نژاد مغانی ۷ گرم گزارش کردند. ماندال و همکاران (۲۰۰۴) نیز گزارش کردند با افزایش هر یک درصد ضریب همخوانی در جمعیت گوسفندان مازفرنگری میزان زنده‌مانی بره‌ها تقریباً از ۰/۳۳ تا ۰/۴۹ درصد در سنین مختلف کاهش می‌یابد. علت افت ناشی از همخوانی را می‌توان به افزایش احتمال جفت شدن ژن‌های نامطلوب مغلوب با افزایش میزان همخوانی نسبت داد. بنابراین جهت کاهش میزان مرگ و میر در گله ضرورت دارد میزان همخوانی گله کنترل شود.

منابع

۱. میرزاحمدی، ا.، رشیدی و م.، رزم‌کبیر. ۱۳۹۱. برآورد پارامترهای ژنتیکی وزن تولد و زنده مانگی گوسفند بلوچی دوازدهمین کنگره ژنتیک ایران. دانشگاه شهید بهشتی تهران.
2. Dorostkar, M., H. Faraji Arough, J. Shodja, S. A. Rafat, M. Rokouei, and H. Esfandyari. 2012. Inbreeding and inbreeding depression in Iranian Moghani sheep breed. J. Agr. Sci. Tech. 14: 549-556.
3. Gilmour, A.R., Gogel, B.J., Cullis, B.R., Thompson, R., 2009. ASReml User Guide Release 3.0 VSN International Ltd, Hempstead, HP1 1ES, UK.

4. Mandal, A., K. P. Pant, P. K. Rout and R. Roy. 2004. Effects of Inbreeding on lamb survival in a flock of Muzaffarnagari sheep. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 17(5) : 594-597.
5. Rashidi, A., S.C. Bishop, and O. Matika. 2011. Genetic parameter estimates for pre-weaning performance and reproduction traits in Markhoz goats. *Small Rumin. Res.* 100: 100-106.
6. Riggio, V., R. Finocchiario and S.C. Bishop. 2008. Genetic parameters for early lamb survival and growth in Scottish Blackface sheep. *J. Anim. Sci.* 86: 1758-1764.
7. Sawalha, R. M., J. Conington, S. Brotherstone and B. Villanueva. 2007. Analyses of lamb survival of Scottish Blackface sheep. *The Anim. Cons.* 1: 151-157.
8. Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. & Colleau, J. J. 2006. CFC: A tool for monitoring genetic diversity, In: *Proceedings of 8th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production* 13-18 Aug., Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, pp.27-28.
9. SAS Institute Inc. 2003. SAS 9.1.3 Help and documentation, Cary, NC: SAS Institute Inc.
10. Vatankhah, M. and M.A. Talebi. 2009. Genetic and non-genetic factors affecting mortality in Lori-Bakhtiari lambs. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 22 (4): 459 – 464.

Estimation of genetic parameters and evaluation of inbreeding effects on birth weight and mortality in Zandi sheep

Ebrahim Mirzamohammadi^{1*}, Amir Rashidi²

1,2 postgraduate and assoc proof of Kurdistan university

* Corresponding E-mail address: Ebrahim Mirzamohammadi
emirzamohamadi@chmail.ir

Abstract

In this research 5633 records, which collected by Khojir Sheep Breeding Station of Tehran, during the 1994 to 2011 were used for genetic parameters estimate and evaluation of inbreeding effects on birth weight (BW) and pre weaning mortality (PMW) in Zandi sheep. Genetic parameters estimated with 16 different models, based on animal, threshold and sire models with using of REML procedures and Asreml Software. The most suitable animal model for BW included direct additive genetic, maternal additive genetic, maternal permanent environmental and common litter effects, and suitable model for PMW were included direct additive genetic, maternal additive genetic and common litter effects. Also suitable threshold model was including sire additive genetic effects and litter effects, but the most appropriate sire model only including sire additive genetic effect. Direct and maternal heritability for BW was 0.11 and 0.08, respectively. Also, logit heritability and **underlying** heritability obtained from threshold, animal and sire models were 0.14, 0.20 and 0.18, respectively. Genetic, environmental and phenotypic correlation between BW and PMW was -0.27, -0.23 and -0.28, respectively ($p < 0.05$). The 27 percent of all population was inbred. The mean of inbreeding coefficients in population and inbred animals were 3.5 and 31.2, respectively. The estimates of inbreeding depression were -3.7 g for BW and 0.1 percent for mortality, respectively ($p < 0.05$).

Key words: Threshold model, animal model, sire model, common litter, genetic correlation,

ارزیابی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط برای مقدار شیر در گاوهای هلشتاین ایران

ابراهیم میرزامحمدی*^۱، امیر رشیدی^۲، محمد رزم کبیر^۲

۱- دانش آموخته کارشناسی ارشد دانشگاه کردستان ، ۲- دانشیار و استادیار دانشگاه کردستان

* نویسنده مسئول: ابراهیم میرزامحمدی

emirzamohamadi@chmail.ir

چکیده

جهت ارزیابی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط، کشور ایران به چهار اقلیم سرد، نیمه سرد، معتدل و گرم تقسیم بندی شد. بدین منظور از ۳۹۵۷۰ رکورد مقدار شیر جهت آزمون نتاج ۳۵ گاو نر که در هر اقلیم حداقل دارای ۵۰ دختر بودند استفاده شد. رکوردهای مورد استفاده طی سالهای ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۸ توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور از ۷۷۵ گله جمع آوری شده بودند. ارزش اصلاحی حیوانات برای مقدار شیر با استفاده از مدل حیوانی دارای خاصیت BLUP پیش بینی شدند. میانگین ارزش اصلاحی پیش بینی شده پدران در اقلیمهای سرد، نیمه سرد، معتدل و گرم برای مقدار شیر به ترتیب ۷۵/۵۳، ۳۷۷/۷۴، ۱۶۷/۰۸ و ۸۱/۴۹ کیلوگرم برآورد شد. همچنین همبستگی رتبه‌ای پدران برای اقلیمهای سرد- نیمه سرد، سرد- معتدل، سرد-گرم، نیمه سرد - معتدل، نیمه سرد- گرم و معتدل-گرم به ترتیب ۰/۶۳، ۰/۶۱، ۰/۴۵، ۰/۸۷، ۰/۵۴ و ۰/۴۸ برآورد شد. بنابراین با توجه به همبستگی رتبه‌ای برآورد شده رتبه‌بندی پدرها در مناطق مختلف متفاوت بوده است. لذا اثر متقابل ژنوتیپ و محیط برای مقدار شیردر مناطق مختلف ایران وجود دارد. کلمات کلیدی: اقلیم- ارزش اصلاحی- همبستگی رتبه‌ای

مقدمه

محیط مساعد برای عملکرد مناسب گاوهای هلشتاین دارای یک محدوده مشخص از درجه حرارت و رطوبت بوده و شرایط آب و هوایی نامساعد محیط پرورش، عملکرد گاوهای هلشتاین را به شدت تحت تأثیر قرار می‌دهد(۹). بنابراین با توجه به تنوع اقلیمی موجود در جهان، نتایج متفاوتی برای عملکرد گاوهای هلشتاین در نقاط مختلف دنیا گزارش شده است(۷ و ۱۳). هامامی و همکاران(۲۰۰۷) حساسیت‌های محیطی را برای گاوهای هلشتاین تونسی و لوگزامبورگ مورد مطالعه قرار داده و گزارش کردند، ظرفیت ژنتیکی دختران گاوهای نر ممتاز لوگزامبورگ در محیط تونس نسبت به محیط لوگزامبورگ کمتر بوده است. در پژوهش دیگری که ۱۳۴ گله گاو هلشتاین در گرجستان مورد مطالعه قرار گرفته بود، نتایج نشان داد با افزایش شاخص حرارتی رطوبتی از حد آستانه (۷۲درجه)، مقدار شیر ۰/۲۰ و مقدار پروتئین روزانه ۰/۰۰۹ کیلوگرم کاهش یافته است. همچنین نتایج این پژوهشگران نشان داد که در بررسی عوامل محیطی مؤثر بر عملکرد گاو هلشتاین زمانی که رطوبت وارد مدل نشود، ضریب تعیین مدل کمترین مقدار را خواهد داشت، این نتیجه بیانگر اهمیت پارامترهای اقلیمی بر عملکرد گاوهای هلشتاین می‌باشد(۹). همچنین اغلب پژوهشگران گزارش کرده‌اند، چنانچه همبستگی رتبه‌ای حیوانات که در مناطق مختلف دارای رکورد نتاج می‌باشند، کمتر از ۰/۹ باشد بیانگر وجود اثر متقابل ژنوتیپ و محیط می‌باشد(۶ و ۱۳). نتایج یک پژوهش با استفاده از روش تابعیت تصادفی توأم با شاخص حرارتی رطوبتی در برخی مناطق مختلف ایالت متحده نشان داد، همبستگی ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده برای گاوهای مولد نر بدون در نظر گرفتن تنش حرارتی ۰/۸۵ تا ۰/۸۷ بوده است، ولی این میزان با منظور کردن تنش حرارتی

به شکل معنی‌داری کاهش یافت. این نتایج بیانگر این نکته است که رتبه بندی پدرها در مناطق مختلفی که دخترانشان دارای رکورد بوده است، بدلیل اثر متقابل ژنوتیپ و محیط تغییر کرده است (۵). در ایران نیز مطالعاتی در خصوص مقایسه اسپرم‌های داخلی و خارجی صورت گرفته است که نشان داده است، عملکرد اسپرم‌های خارجی و داخلی در مناطق مختلف متفاوت بوده است (۱). همچنین نتایج مطالعات اخیر نشان داده است تفاوت روندهای ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین در مناطق مختلف معنی‌دار است (۳). بنابراین باتوجه به تنوع اقلیمی ایران و پراکندگی مزارع پرورش گاو هلشتاین در سطح کشور عملکردهای متفاوتی مورد انتظار می‌باشد (۲). لذا ضرورت دارد عملکرد پدرانی که در اقلیم‌های مختلف دارای نتایج هستند مورد ارزیابی قرار گیرد، تا در صورت معنی‌دار بودن اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در ایران پیشنهاد کاربردی در خصوص استفاده از اسپرم مناسب، مطالعه بیشتر در خصوص طراحی برنامه اصلاح نژاد مطابق با هر منطقه و ... ارائه نمود. بنابراین هدف از این پژوهش برآورد اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از آزمون عملکرد پدرانی است، که نتایج آنها در مناطق مختلف دارای رکورد می‌باشند.

مواد و روش‌ها

به منظور ارزیابی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط با استفاده از آزمون پدرانی که نتایج آنها در اقلیم‌ها مختلف ایران دارای رکورد می‌باشند، با استناد به پژوهش انجام شده توسط مسعودیان و زینالی (۱۳۸۹) کل ایران به چهار اقلیم سرد، نیمه سرد، معتدل و گرم به ترتیب با میانگین درجه حرارت سالانه ۱۱/۵، ۱۳/۵، ۱۶/۱ و بیشتر از ۱۹/۵، تقسیم بندی شد. بدین منظور از ۳۹۵۷۰ رکورد مقدار شیر مربوط به دختران ۳۵ گاو نر، که در هر اقلیم حداقل ۵۰ دختر داشتند، استفاده شد. رکوردهای مورد استفاده طی سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۸ توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور از ۷۷۵ گله جمع آوری شده بودند. خلاصه آماری داده‌های مورد استفاده در این پژوهش در جدول ۱ نشان داده شده است.

جدول ۱- خلاصه آماری صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران به تفکیک اقلیم

اقلیم	تعداد	حداقل	حداکثر	میانگین	انحراف معیار	ضریب تغییرات
سرد	۸۳۱۵	۱۲۱۹/۹۵	۱۳۳۴۵/۹۱	۶۴۵۵/۴۶	۱۶۲۰/۸۸	۲۵/۱۰
نیمه سرد	۱۶۰۹۵	۱۱۳۸/۴۶	۱۳۴۹۷/۰۸	۷۰۶۶/۹۹	۱۴۲۶/۵۳	۲۰/۱۸
معتدل	۱۲۶۰۵	۱۲۳۶/۰۶	۱۲۹۸۳/۲۶	۶۹۹۳/۱۶	۱۵۵۷/۶۷	۲۲/۲۷
گرم	۲۵۵۵	۱۴۰۳/۶۹	۱۳۲۵۰/۲۱	۶۵۹۵/۹۴	۱۵۴۹/۴۲	۲۳/۴۹

رکوردهای مربوط به صفات مورد مطالعه در مرکز اصلاح نژاد برای ۳۰۵ روز در سال، دو بار دوشش در روز و سن بلوغ تصحیح شده بودند. جهت ویرایش و تنظیم داده‌ها از نرم افزار Microsoft visual FoxPro 9.0 با محدودیت‌های زیراستفاده شد. مقدار شیر کمتر از ۱۰۰۰ و بیشتر از ۱۵۰۰۰ کیلوگرم در طول دوره ۳۰۵ روز، سن در زمان اولین زایش کمتر از ۱۸ ماه و بیشتر از ۳۲ ماه، همچنین گروه‌های هم‌دوره‌ایی که (گله-سال-فصل) کمتر از چهار رکورد داشتند، از فایل داده‌ها حذف گردیدند. ارزش اصلاحی حیوانات با نرم افزار WOMBAT 1.0 در هر اقلیم بصورت جداگانه پیش‌بینی شد. همبستگی رتبه‌ایی ارزش‌اصلاحی پدران در اقلیم‌های مختلف، تجزیه و تحلیل آماری و برازش مدل مناسب با استفاده از نرم افزار SAS 9.1 صورت گرفت،

همچنین آماده سازی فایل شجره نیز با نرم افزار CFC 1.0 انجام شد. جهت پیش بینی ارزش های اصلاحی حیوانات مدل آماری زیر مورد استفاده قرار گرفت.

$$y_{ijko} = \mu + HYS_i + a_j + age_k + e_{ijko}$$

در این مدل y_{ijko} = هر یک از مشاهدات، μ = میانگین کل، HYS_i = اثر نژاد، a_j = اثر فصل تولد، age_k = اثر سن حیوان، e_{ijko} = اثر خطا می باشد.

نتایج و بحث

همبستگی رتبه‌ای پدران در مناطق مختلف

میانگین ارزش اصلاحی پدران در اقلیم سرد، نیمه سرد، معتدل و گرم به ترتیب ۷۵/۵۳، ۳۷۷/۷۴، ۱۶۷/۰۸ و ۸۱/۴۹ برآورد شد. همبستگی رتبه‌ای ارزش‌های اصلاحی پدران بین اقلیم سرد - نیمه سرد، سرد - معتدل، سرد - گرم، نیمه سرد - معتدل، نیمه سرد - گرم و معتدل - گرم به ترتیب ۰/۶۳، ۰/۶۱، ۰/۴۵، ۰/۸۷، ۰/۵۴ و ۰/۴۸ برآورد شد این نتایج نشان می‌دهد، رتبه بندی پدران مورد مطالعه برای مقدار شیر در مناطق مختلف، متفاوت بوده است ($p < 0.01$)، بنابراین در ایران اثر متقابل ژنوتیپ و محیط برای مقدار شیر وجود دارد. در پژوهش مشابهی بوهمانوا و همکاران (۲۰۰۸) اثر متقابل ژنوتیپ و محیط گاوهای ایالت متحده را مورد پژوهش قرار داده و گزارش کردند رتبه‌بندی پدرانی که در مناطق مختلف این کشور دارای نتاج بوده‌اند، متفاوت است. همچنین این پژوهشگران گزارش کردند همبستگی رتبه‌ای مقدار شیر در مناطق مختلف ایالت متحده در محدوده ۰/۵۷ تا ۰/۹۷ است. در پژوهش دیگری گزارش شده است، در مناطق مختلف نیوزلند نیز اثر متقابل ژنوتیپ و محیط وجود دارد و همبستگی رتبه‌ای پدرانی که در مناطق مختلف این کشور دارای رکورد نتاج بوده‌اند تقریباً ۰/۸۸ می‌باشد (۱۲). احتمالاً یکی از مهمترین دلایل تفاوت رتبه بندی پدران در مناطق مختلف ایران تنوع آب و هوایی موجود در کشور می‌باشد، زیرا برخی پژوهشگران گزارش کرده‌اند تنش حرارتی موجود در محیط پرورش نقش مهمی در ایجاد اثر متقابل ژنوتیپ و محیط دارد (۵).

نتایج این پژوهش نشان داد پدران مورد مطالعه در دو اقلیم نیمه سرد و معتدل نسبت به سایر اقلیم‌ها رفتار مشابهی نشان داده‌اند و شدت اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در این دو محیط نسبت به سایر مناطق کمتر بوده است. همچنین بیشترین تفاوت در رتبه بندی پدران بین اقلیم گرم با سایر اقلیم‌ها بوده است، که احتمالاً به دلیل تنش حرارتی موجود در اقلیم گرم بوده است. بنابراین با توجه به نتایج این پژوهش توصیه می‌شود قبل از توزیع یک اسپرم خاص در سطح کشور، ابتدا از طریق آزمون نتاج، پدرانی که در شرایط آب و هوایی هر منطقه عملکرد مناسب‌تری دارند، شناسایی و در تولید مثل مورد استفاده قرار گیرند.

References

۱. اقبال سعید، ش.، مرادی شهرابک، م. و س. ر. میرایی آشتیانی. ۱۳۸۸. مقایسه عملکرد تولیدی نتاج گاو نر هلشتاین داخلی و خارجی در شرایط مختلف اقلیمی ایران. مجله پژوهش در علوم کشاورزی، جلد پنجم. شماره اول. صفحه: ۱۲۱-۱۱۳.
۲. مسعودیان، س. ا.، و ح. زینالی. ۱۳۸۹. نواحی دمایی ایران. فصلنامه تحقیقات جغرافیایی، شمار ۸۹، صفحه: ۱۴۹۳۴-۱۴۹۴۹.
۳. میرزامحمدی. ا. ۱۳۹۰. مقایسه روندهای ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین در مناطق مختلف اقلیمی ایران. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشگاه کردستان. ۴۸ صفحه.

4. Bryant, J. R., Lo'pez-Villalobos, N., Pryce, J. E., Holmes, C. W., Johnson, D. L. and Garrick, D. J. 2007. Environmental sensitivity in New Zealand dairy cattle. J. Dairy Sci. 90:1538-1547.

5. Bohmanova, j., I. Misztal, S. Tsuruta, H. D. Norman, and T. J. Lawlor. 2008. Genotype by environment interaction due to heat stress. *J. Dairy Sci.* 91:840–846.
6. Costa C. N., R.W. Blake, E. J. Pollak, P. A. Oltenacu, R. L. Quaas and S. R. Searle. 2000. Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and the United States. *J. Dairy Sci.*, 83:2963-2974.
7. Hammami. H., Rekik, B. and Gengler, N. 2009. Genotype by environment interaction in dairy cattle. *Biot. Agron. Soc. Envi.* 13: 1, 155-164.
8. Meyer, K. 2007. WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML.
9. Ravagnolo, O. and Misztal, I. 2000. Genetic component of heat stress in dairy cattle, parameter estimation. *J. Dairy Sci.* 83:2126–2130.
10. Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. and Colleau, J. J. 2006. CFC: A tool for monitoring genetic diversity, In: *Proceedings of 8th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production* 13-11 Aug., BeloHorizonte, Minas Gerais, Brazil, pp.27-28.
11. SAS Institute Inc. 2003. SAS 9.1.3 Help and Documentation, Cary, NC: SAS Institute Inc.
12. Weigel, K. A., R. Rekaya, N. R. Zwald, and W. F. Fikse. 2001. International genetic evaluation of dairy sires using a multiple-trait model with individual animal performance records. *J. Dairy Sci.* 84: 2789–2795.
13. Zwald, N. R., K. A. Weigel, W. F. Fikse, and R. Rekaya. 2003. Identification of factors that cause genotype by environment interaction between herds of Holstein cattle in seventeen countries. *J. Dairy Sci.* 86:1009–1018.

Evolution of Genotype by environment interaction for milk yield in Iranian Holstein cows

Ebrahim Mirzamohammadi^{1*}, Amir Rashidi², mohammad razmkabir²

1- postgraduate of Kurdistan university, 2-assoc and assist proof of Kurdistan university

* Corresponding E-mail address: Ebrahim Mirzamohammadi

emirzamohamadi@chmail.ir

Abstract

To evaluation of interaction effects between genotype and environment, Iran country was divided into cold (C), middle cold (MC), temperate (T) and hot (H) climate regions. For this purpose 39570 milk records was used to progeny test of 35 sires, which each sire had at least 50 daughters in each climate. The data were collected by the Centre of Breeding and Improvement of Livestock Production from 775 herds, during 1991 to 2009. The breeding values of milk yield for each animal were predicted by using best linear unbiased prediction (BLUP) under animal model. The means of estimated breeding value for each sire in cold, middle cold, temperate and hot climate was 75.53, 377.74, 167.08 and 81.49 kg, respectively. The paternal spearman correlation for C-MC, C-T, C-H, MC-T, MC-H and T-H was 0.63, 0.61, 0.45, 0.87, 0.54 and 0.48, respectively. Therefore spearman correlation estimated as deviated from unity and ranking of sires was different at climates. Thus, results show which strong interaction exist between genotype and environment in Iran.

Key word: breeding value- climate - spearman correlation.

برآورد همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولید شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین در گاوهای هلشتاین ایران

خدیجه نصیری^{۱*}، احد یوسفی^۲، عبدالرضا صالحی^۳، مهدی امین افشار^۴، محمد باقر صیادنژاد^۵ و ابوالفضل اکبری.
۱. دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام (ژنتیک مولکولی) دانشگاه فردوسی مشهد. ۲ و ۳. به ترتیب دانشجوی کارشناسی دانشگاه ارشد و دانشیار ژنتیک و اصلاح دام، گروه علوم دامی پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران. ۴. استادیار ژنتیک و اصلاح دام گروه علوم دامی. ۵. کارشناس مرکز اصلاح نژاد دام آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات تهران، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی - کشور. ۶. کارشناسی ارشد فیزیولوژی دانشکده دامپزشکی دانشگاه شیراز.

* نویسنده مسئول: خدیجه نصیری

khadijeh_nasiri@yahoo.com آدرس الکترونیکی:

چکیده

هدف از این تحقیق برآورد همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولید شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین در گاوهای هلشتاین ایران بود. بدین منظور از اطلاعات موجود در مرکز اصلاح نژاد دام کشور، مربوط به گاوهای هلشتاین زایش اول بین سالهای ۱۳۷۲-۱۳۸۸ استفاده شد. همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدود شده و الگوریتم میانگین اطلاعات در قالب مدل حیوانی دوصفتی توسط نرم افزار ASREML برآورد شدند. همبستگی های ژنتیکی صفات تولید شیر و چربی ۰/۸۱، تولید شیر و پروتئین ۰/۹۴، تولید شیر و درصد چربی ۰/۷۷-، تولید شیر و درصد پروتئین ۰/۶۲-، مقدار چربی و پروتئین ۰/۹۳، مقدار چربی و درصد چربی ۰/۲۶-، مقدار چربی و درصد پروتئین ۰/۸۷-، مقدار پروتئین و درصد چربی ۰/۶۵-، مقدار پروتئین و درصد پروتئین ۰/۲۳-، درصد چربی و درصد پروتئین ۰/۷ و همبستگی های فنوتیپی مقدار چربی و تولید شیر ۰/۷۴، مقدار پروتئین و تولید شیر ۰/۹۷، مقدار پروتئین و چربی ۰/۸۳، درصد چربی و تولید شیر ۰/۵۶-، درصد چربی و مقدار چربی ۰/۱۶، درصد چربی و مقدار پروتئین ۰/۴۲-، درصد پروتئین و تولید شیر ۰/۴۵-، درصد پروتئین و مقدار چربی ۰/۱۳-، درصد پروتئین و مقدار پروتئین ۱/۰- و درصد پروتئین و درصد چربی ۰/۴۷ برآورد شدند.

واژگان کلیدی: همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی- گاوهای هلشتاین ایران.

مقدمه

در دهه اخیر مهم ترین هدف در تولیدات دامی افزایش عملکرد حیوان از طریق برنامه های اصلاح نژادی بوده است. امروزه ارزش گاوهای ماده به وسیله تولید شیر، درصد چربی و پروتئین مشخص می شود و با توجه به تأثیر آنها در قیمت گذاری شیر منظور کردن آنها در برنامه انتخاب ضروری است (۳). لازمه اصلاح نژاد حیوانات از طریق انتخاب، برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش بینی ارزش ژنتیکی حیوانات برای صفات مورد نظر است (۶).

مواد و روش ها

در این تحقیق از اطلاعات صفات تولیدی جمعیت گاوهای هلشتاین ایران مربوط به سالهای ۱۳۷۲-۱۳۸۸ موجود در مرکز اصلاح نژاد دام کشور استفاده شد. اطلاعات شامل شماره ثبت حیوان، شماره ثبت پدر و مادر، تاریخ تولد، زایش و



خشکی، نوبت زایش، شماره گله، تعداد روز شیردهی و داده‌های مربوط به تولید شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین بود. ویرایش و آماده سازی اطلاعات با استفاده از نرم‌افزارهای Visual faxpro نسخه ۹ و Excel انجام شد. در این تحقیق از اطلاعات زایش اول که برای ۳۰۵ روز شیردهی و دو نوبت دوشش در روز تصحیح شده بودند، استفاده شد. حیوانات فاقد رکورد برای تولید حذف و از داده‌های گاوهایی که تعداد روز شیردهی برای آنها بیشتر از ۹۰ روز بود استفاده گردید. سن زایش اول حداقل ۱۸ ماه و حداکثر ۳۸ ماه در نظر گرفته شد و گاوهایی که سن زایش اول آنها خارج از این محدوده بوده حذف شدند. پس از ویرایش های انجام شده به منظور نرمال نمودن داده‌ها مقادیر خارج از محدوده $\mu \pm 3\delta$ از فایل داده‌ها حذف شدند. برای تهیه فایل شجره نهایی، فایل شجره اصلی مرکز اصلاح نژاد دام کشور مورد مطالعه و استفاده قرار گرفت، بدین منظور برای تمامی حیواناتی که دارای رکورد بودند با تعقیب حیوانات تا حد امکان فایل شجره تشکیل گردید و در نهایت با استفاده از نرم افزار CFC^{۹۴}، شماره حیوان، پدر و مادر به نحوی تغییر داده شد که شماره حیوان از شماره پدر و مادر بزرگ‌تر باشد. در نهایت فایل اطلاعات شامل ۲۳۹۰۱۹ رکورد و فایل شجره شامل ۳۶۲۰۴۴ حیوان تشکیل گردید. برای مشخص نمودن عوامل مؤثر بر تغییرات صفات مورد مطالعه و در نهایت استخراج مدل مناسب برای ارزیابی ژنتیکی از نرم افزار SAS 9.1 و رویه GLM استفاده شد. برای هر کدام از صفات کمی مورد مطالعه مانند سن در اولین زایش به عنوان عامل کمکی^{۹۵} و ترکیب گله - سال - فصل زایش^{۹۶} به عنوان اثر ثابت در مدل منظور شدند. پس از تعیین مدل برای هر صفت، برآورد همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات مورد نظر از روش حداکثر درستنمایی محدود شده بر پایه الگوریتم میانگین اطلاعات AIAREML^{۹۷} و با استفاده از نرم‌افزار ASREML نسخه ۳ محاسبه گردید. مدل آماری مورد استفاده در این تحقیق به شرح زیر است:

$$Y_{ij} = \mu + HYS_j + b1(Age_i - Age) + A_i + e_{ij}$$

Y_{ij} = صفت مورد مطالعه (مقدار شیر، مقدار پروتئین، مقدار چربی، درصد چربی و درصد پروتئین) حیوان i ، μ = میانگین جمعیت، HYS_j = اثر j امین گله - سال - فصل زایش، $b1$ = عامل کمکی سن اولین زایش در حیوان i ، A_i = اثر ژنتیکی افزایشی حیوان i و e_{ij} = اثر باقیمانده حیوان i در j امین HYS

1- Contribution(C)، Inbreeding (F)، Conccstry(C) ، Software

2 - Covariate

3 - Herd-Year-Season (HYS)

4 - Average Information Restricted Maximum Likelihood

نتایج و بحث

توصیف اطلاعات آماری مربوط به صفات مورد مطالعه در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱: توصیف اطلاعات آماری صفات تولید شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین گاوهای هلستاین ایران در شیردهی اول

صفه	تعداد	حداقل	حداکثر	میانگین	انحراف معیار	ضریب تغییرات
شیر (کیلوگرم)	۲۳۹۰۱۹	۲۰۷۴	۱۱۳۱۲/۱۸	۶۷۸۶/۳۰	۱۴۹۸/۴۹	۲۲/۰۸
چربی (کیلوگرم)	۲۱۶۴۱۵	۴۷/۹	۵۴۵/۳	۲۱۴/۷۸	۵۴/۲۴	۲۵/۲۵
پروتئین (کیلوگرم)	۱۱۶۹۸۹	۵۰/۸۳	۴۳۵/۸۲	۲۲۲/۹۳	۴۱/۷۱	۱۸/۷۱
درصد چربی	۲۱۶۲۰۸	۱/۶۶	۶/۰۶	۳/۲	۰/۵	۱۵/۸
درصد پروتئین	۱۱۶۹۶۸	۱/۵۲	۵/۳	۳/۱	۰/۲۶	۸/۶۸

برآورد همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی صفات مورد مطالعه گاوهای هلستاین ایران با استفاده از آنالیز دو صفی در جدول ۲ ارائه شده است. قوی ترین همبستگی بین صفه تولید شیر و مقدار پروتئین (۰/۹۴) و ضعیف ترین همبستگی بین صفه تولید شیر و درصد چربی (۰/۷۷-) برآورد گردید. تولید شیر با صفات مقدار چربی و پروتئین رابطه مثبت و قوی داشت در حالیکه با صفات درصد چربی و درصد پروتئین دارای همبستگی منفی بود.

جدول ۲: همبستگی های ژنتیکی (بالای قطر) و فنوتیپی (پایین قطر) صفات تولید شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین در گاوهای هلستاین ایران و خطای استاندارد آن ها با استفاده از آنالیز دو صفی.

شیر	شیر	چربی	پروتئین	درصد چربی	درصد پروتئین
شیر	---	۰/۸۱	۰/۹۴	-۰/۷۷	-۰/۶۲
		±۰/۰۰	±۰/۰۰	±۰/۰۰	±۰/۰۰

چربی	۰/۷۴	---	۰/۹۳	-۰/۲۶	-۰/۰۸۷
	±۰/۰۰		±۰/۰۰	±۰/۰۲	±۰/۰۲
پروتئین	۰/۹۷	۰/۸۳	---	-۰/۶۵	-۰/۲۳
	±۰/۰۰	±۰/۰۰		±۰/۰۱	±۰/۰۲
درصد چربی	-۰/۵۶	۰/۱۶	-۰/۴۲	---	۰/۷
	±۰/۰۰	±۰/۰۰	±۰/۰۰		±۰/۰۱
درصد پروتئین	-۰/۴۵	-۰/۱۳	-۰/۱	۰/۴۷	---
	±۰/۰۰	±۰/۰۰	±۰/۰۰	±۰/۰۰	

در تحقیقات رزم کبیر و همکاران همبستگی ژنتیکی شیر و چربی ۰/۶۷، شیر و پروتئین ۰/۹۰، چربی و پروتئین ۰/۷۷ و همبستگی فنوتیپی شیر و چربی ۰/۷۳، شیر و پروتئین ۰/۹۲ و چربی و پروتئین ۰/۷۵ برآورد شدند (۱). Abdallah و همکاران (۴) همبستگی ژنتیکی مقدار شیر تصحیح شده و مقدار چربی گاوهای ایالت کارولینای شمالی را ۰/۹۷ گزارش کردند. رستمی انگاسی و همکاران (۱۳۸۹) از ۱۴۰۰ رکورد تولید شیر، تولید چربی و درصد چربی شیر مربوط به دو گله گاو هلشتاین موجود در شهرستان ساری که در سال ۱۳۸۰ جمع آوری شد، به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و ضرایب همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی استفاده کردند و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولید شیر و درصد چربی، تولید شیر و مقدار چربی، درصد چربی و مقدار چربی را به ترتیب -۰/۳۴، ۰/۶۹، ۰/۱۹ و -۰/۴۶، -۰/۶۴، ۰/۳ گزارش کردند (۲). Kadarmideen و همکاران (۵) همبستگی ژنتیکی بین تولید شیر و تولید چربی را ۰/۶۹ گزارش کردند. به علت همبستگی ژنتیکی مثبت بین تولید شیر و مقدار چربی و پروتئین در نتیجه انتخاب برای تولید شیر غالباً پاسخ‌های همبسته مثبتی در مقدار چربی و پروتئین بدست می‌آید. به دلیل بالا بودن همبستگی ژنتیکی بین تولید شیر و مقدار چربی، می‌توان انتظار داشت که با انتخاب تولید شیر پاسخ همبسته مثبت و قابل قبولی در مقدار چربی شیر بوجود آید. چنین رابطه‌ای بین تولید شیر و مقدار پروتئین نیز دیده می‌شود. همبستگی فنوتیپی تولید شیر با صفات مقدار چربی و پروتئین مثبت و بالا و با درصد چربی و درصد پروتئین متوسط و منفی برآورد گردید. این برآوردها نشان می‌دهد عواملی که سبب افزایش تولید شیر می‌شود همزمان سبب افزایش مقدار چربی و پروتئین می‌شود.

منابع :

1. رزم کبیر، م.، نجاتی جورامی، ا.، مرادی شهربابک، م.، رشیدی، ا.، صیادنژاد، م.ب. ۱۳۸۸. برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران. دوره ۴۰، شماره ۱، ۷-۱۱.
2. رستمی انگاسی، م. ۱۳۸۹. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی در جمعیت گاوهای هلشتاین ساری. فصلنامه تخصصی علوم دامی، جلد ۳ شماره ۳، صفحه های ۳۵-۴۱.

3. شادپرور. ع. ۱۳۷۶. تعیین مناسب‌ترین هدف اصلاح نژاد گاو هلستاین ایران. پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشکده

کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس.

4. Abdallah. J. M. & McDaniel B.T. 2000. Genetic parameters and trends of milk, fat, days open, and body weight after calving in North Carolina experimental herds. *Journal of Dairy Science*. 83:1364-1370.

5. Kadarmideen, H. N., Thompson, R. and Simm, G. (2000). Linear and threshold model genetic parameters for disease, fertility and milk production in dairy cattle. *Journal of animal science*. 71: 411-419.

6. Lasley, J. F. 1987. *Genetics of Livestock Improvement* (3rd Ed) New Jersey USA. 462 p. Estimation of genotypic and phenotypic correlations milk yield, fat yield, protein yield, fat and protein percent in Iranian Holstein cattle

Nasiri^{*1} K., Yusefi² A. Salehi³ A., Aminafshar⁴ M , Sayaadnezhad⁵ M.B and A.Akbari.

1. Dept. Of Animal Sci, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad-Iran 2, 3- Dept. Of Anim. & Poultry Sci. University of Tehran, Aburaihan Campus. 4- Dept. of Anim. Sci. Azad University, Tehran-Iran. 5 - Animal Breeding centre, Karaj-Iran. 6- Dep. of Physiology, School of Veterinary Medicine Shiraz -Iran.

Corresponding E-mail address: khadijeh_nasiri@yahoo.com.

ABSTRACT

This study was carried out in order to estimate genetic and phonotype correlation for milk yield, fat yield, protein yield, fat percent and protein percent in Iranian Holstein cattle. The data related to first lactation during years 1994 - 2008 were obtained from Animal breeding centre of Iran. Genetic and phonotype correlation were estimated by Average Information Restriction Maximum likelihood procedure using bivariate animal model of ASREML Software. Genetic correlations between production traits were 0.81 for milk and fat yields, 0.94 for milk and protein yields, -0.77 for milk yield and fat percent, -0.62 for milk yield and protein percent, -0.26 for fat and protein yields, -0.087 for fat yield and protein percent, -0.23 for protein yield and protein percent, -0.65 for protein yield and fat percent, 0.93 for fat and protein yields, 0.7 for protein and fat percent and Phonotype correlation between production traits were 0.74 for milk and fat yields, 0.97 for milk and protein yields, 0.83 for fat and protein yields, -0.56 for fat percent and milk yield, 0.16 for fat percent and fat yield, -0.42 for fat percent and protein yield, -0.45 for protein percent and milk yield, -0.13 for protein and fat yield, -0.10 for protein percent and protein yield and 0.47 for protein and fat percent.

Keywords: Genetic and phonotype correlation- Iranian Holstein cattle.

ارزیابی کمی پوست و چرم بزهای ماده لری

شراره نگهداری^۱، مهناز صالحی^۲، فرخیه عیسی‌زاده^۱، دانیال زینعلی^۳^۱ دانش‌آموختگان دانشکده کشاورزی دانشگاه آزاد کرج، ^۲عضو هیئت علمی موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، ^۳کارشناس

معاونت امور دام استان فارس

شراره نگهداری، سنندج، سه راه سعدی، شهرک کشاورز، خیابان گل یاس، کوچه پنجم، پلاک ۲۵. Negahdari_sh@yahoo.com

چکیده:

هدف از این بررسی تعیین اثر سن بر خصوصیات کمی پوست و چرم بزهای بومی لری بود. بدین منظور وزن، مساحت، ابعاد و ضخامت نواحی مختلف (شانه، پشت، کپل، پهلوی و شکم) پوست و چرم حاصل از ۶۰ راس بز ماده در سه مقطع سنی (بزغاله، زیر ۱/۵ سال و بالاتر از آن) اندازه‌گیری شد. اثر سن دام بر روی تمام صفات به‌جز ضخامت چرم معنی‌دار بود. بطورکلی پوست و چرم بزغاله‌ها نسبت به بزهای بالغ دارای وزن، مساحت، ابعاد و ضخامت کم‌تری بودند ($P < 0.0001$). ضخامت پوست و چرم نواحی مختلف به‌جز ضخامت شانه با پشت با یکدیگر تفاوت معنی‌دار داشتند. کپل، پشت، شانه، پهلوی و شکم پوست و چرم به‌ترتیب ضخیم‌ترین نواحی بودند. نتایج این تحقیق نشان داد که خصوصیات کمی و کیفی پوست و چرم بزهای لری متفاوت است، لذا توجه به اختلاف کیفیت پوست سنین مختلف بز در ساخت بهتر کالاهای چرمی مهم است.

کلمات کلیدی: وزن، مساحت، ضخامت، ابعاد

مقدمه

پرورش بز در سرتاسر جهان به منظور تولید فرآورده‌های مفید تجربه شده است. تعداد بزهای جهان، به‌رغم تغییرات اساسی در بخش کشاورزی ناشی از تلفیق صنایع، جهانی شدن و پیشرفت‌های تکنولوژیکی روبه افزایش است. با وجود آن که سطح مصرف گوشت بز در دنیا کمتر از سایر انواع گوشت است، رشد جمعیت آن نسبت به سایر دام‌ها طی سال‌های اخیر بسیار زیاده‌تر اعلام شده است (۱۰)، کشورهای چین، هند، پاکستان، بنگلادش و سودان و ایران جزء شش کشور برتر در زمینه پرورش بز و تولید پوست بز در دنیا محسوب می‌شوند. گرچه در ایران هدف اصلی از پرورش بز مصرف شیر و گوشت و سپس الیاف آن بالاختص در بعضی از نواحی است ولی صادرات چرم بز اهمیت بسزائی در درآمد ارزی حاصل از صادرات پوست کشور دارد.

در استان لرستان بیش از ۱/۶ میلیون رأس بز وجود دارد و با توجه به سابقه دامپروری در آن، وضعیت توپوگرافی و آب و هوایی، نگهداری و پرورش بز به صورت خالص و مخلوط با گله‌های گوسفند در استان رایج است (۸). طبق بررسی‌های اولیه بز بومی لرستان از بزهای گوشتی- موئی بوده و مقادیری نیز کرک دارد و از نظر سازگاری، قدرت زنده‌مانی و مقاومت در مقابل شرایط سخت طبیعی دارای قابلیت‌های منحصر به فردی هستند لذا به عنوان یک دام با مزیت نسبی، لازم است جهت شناسایی هر چه بیشتر خصوصیات آن اقدامات لازم صورت گیرد. یکی از موارد شناسایی خصوصیات این دام تعیین و ارزیابی ویژگی‌های پوست و چرم و درجه‌بندی آن‌ها است تا در برنامه‌ریزی‌های افزایش تولید، با علم بیش‌تری بتوان بزها را ارزیابی کرد. بنابراین هدف این مقاله ارائه اندازه صفات کمی پوست و چرم توده نسبتاً پرجمعیتی از بزهای بومی و تعیین اثر سن بر این خصوصیات است.

مواد و روش‌ها

برای دستیابی به پوست موردنظر با مراجعه به کشتارگاه شهرستان خرم‌آباد، تعداد ۶۰ بز به تعداد مساوی در سه گروه سنی بزغاله، زیر ۱/۵ سال و بالاتر از ۱/۵ سال پس از شناسائی سنی انتخاب و کشتار شدند. پوست‌های وزن‌کشی و ضخامت آن‌ها در نواحی شانه، پشت، کپل، پهلوی و شکم اندازه‌گیری شد. سطح پوست توسط قالب چوبی که به خانه‌های یکنواختی تقسیم شده بود اندازه‌گیری شد. پوست‌ها سپس به کارخانه چرم ارسال و عمل دباغی و مراحل فرآوری تا ساخت کراست^{۹۸} (چرم نیمه ساخته) ادامه یافت و اندازه چرم با دستگاه مخصوص تعیین فوت‌اژ چرم اندازه‌گیری شد و بعد ضخامت نواحی مختلف کراست با ضخامت‌سنج دستی مخصوص چرم تعیین شد.

مدل محاسباتی یک طرفه در بسته نرم‌افزاری SAS برای تعیین اثر سن بر صفات بکار رفت و برای مقایسه ضخامت پوست و چرم نواحی مختلف از آزمون t استفاده شد.

نتایج و بحث

مقادیر حاصله مربوط به وزن (۵۶۰ تا ۱۵۵۰ گرم)، مساحت (۳ تا ۷/۵ فوت‌مربع)، درازا (۶۰ تا ۱۱۳ سانتی‌متر) و پهنا (۵۳ تا ۸۶ سانتی‌متر) پوست بزهای بررسی شده در مقایسه با استاندارد درجه‌بندی پوست خام بز ایران مشخص می‌کند (۲) که پوست این بزها در رده پوست‌های متوسط قرار دارد.

همانطور که جدول ۱ نشان می‌دهد، سن دام بر روی وزن، مساحت، ابعاد پوست و چرم و میانگین ضخامت پوست تاثیر داشت. بزغاله‌ها دارای وزن، مساحت و ضخامت پوست و چرم کم‌تری ($P < 0.001$) بودند. با مسن‌تر شدن بزهای ماده از زیر ۱/۵ سال به بالاتر، تمام صفات به‌جز ضخامت زیادتر شده بود، ولی این افزایش معنی‌دار نبود. در مطالعاتی که بر روی بزهای برزیلی صورت گرفت، معلوم شد که افزایش وزن توأم با افزایش سن موجب افزایش وزن پوست می‌شود (۱۱). داهی و همکاران (۱۳۵۹) گزارش کردند که هرچه حیوان جوان‌تر باشد، پوست آن نازک‌تر، کوچک‌تر، نرم‌تر، نقش رخ آن ریزتر، احتمال زخم و خراش برداشتن و آسیب‌های ناشی از حمله انواع حشرات و آفات به آن کم‌تر می‌باشد (۴). در مقایسه برخی از خصوصیات پوست گوسفندان خالص و آمیخته خارجی با گوسفندان بومی سن گوسفندان بر وزن و سطح پوست اثر داشت ولی روی ضخامت پوست نقاط مختلف تاثیر نگذاشته بود (۶). خجسته‌کی و کلانتر (۱۳۸۷) در مطالعه برخی عوامل محیطی موثر بر صفات پوست در بره‌های نژاد زندی اثر سن میش و جنس بره‌ها را بر هیچ‌یک از صفات مورد نظر معنی‌دار بدست نیاوردند (۳).

ضخامت نواحی مختلف (شانه، پشت، کپل، پهلوی و شکم) پوست و چرم به جز بین شانه با پشت در بقیه موارد تفاوت ($P < 0.001$) وجود داشت (جدول ۲). میانگین کلی ضخامت نواحی مختلف بدن پوست و چرم بزهای لری در مقایسه با متوسط ضخامت پوست بره (۱/۷ میلی‌متر) و دامنه ۱/۱ تا ۲/۱ میلی‌متر به نسبت کم‌تر تعیین شد (۵).

آزمایش‌های کاربردی نشان داده است نواحی مختلف بدن از ضخامت متفاوتی برخوردارند (۷). پوست سگ در نواحی سر و گردن قطورترین بخش پوست را تشکیل می‌دهد. در اسب ضخیم‌ترین نواحی مربوط به ناحیه خلفی دم و یال می‌باشد (۹). ضخامت پوست گاو نر از طرف شانه به کپل در ناحیه پشتی بین ۵ تا ۶ میلی‌متر و نزدیک به پهلوی ۵ میلی‌متر و در پوست شکم ۳

میلی متر است، در حالی که این اندازه‌ها در گاو ماده بترتیب ۳ تا ۴، ۲/۵ تا ۳ و ۲ میلی متر و در پوست گاو میش نیز بترتیب فوق ۴ تا ۷، ۴ تا ۵ و ۵ تا ۶ میلی متر می باشد (۱).

جدول ۱: میانگین و اشتباه معیار اثر سن بر خصوصیات کمی پوست و چرم بزهای ماده لری

صفات	وزن (گرم)		مساحت (فوت مربع)		ابعاد چرم (سانتی متر)		میانگین ضخامت (میلی متر)	
	پوست	چرم	پوست	چرم	درازا	پهنا	پوست	چرم
گروه سنی	۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۰۱	۰/۰۵	NS
بزغاله	۸۰۳/۲±۳۹/۹ ^b	۲۸۹/۵±۲۰/۶ ^b	۴/۱±۰/۲ ^b	۵/۶±۰/۲ ^b	۷۷/۲۶±۲/۲ ^b	۶۰/۷±۱/۶ ^b	۱/۲±۰/۰۳ ^b	۰/۹±۰/۰۳ ^b
زیر ۱/۵ سال	۱۱۲۹/۰±۳۸/۹ ^a	۴۳۶/۷±۲۰/۶ ^a	۵/۷±۰/۲ ^{ab}	۷/۹±۰/۲ ^a	۹۲/۹±۲/۰۲ ^a	۷۵/۷±۱/۶ ^a	۱/۴±۰/۰۳ ^a	۱/۰±۰/۰۳ ^a
بالا تر از ۱/۵ سال	۱۱۶۲/۵±۳۸/۹ ^a	۴۵۱/۵±۲۰/۶ ^a	۶/۲±۰/۲ ^a	۷/۹±۰/۲ ^a	۹۵/۷±۲/۱ ^a	۷۳/۲±۱/۷ ^{ab}	۱/۴±۰/۰۳ ^a	۱/۰±۰/۰۳ ^a
میانگین	۱۰۳۱/۶±۳۰/۵	۳۹۲/۶±۱۵/۱	۵/۳±۰/۱	۷/۲±۰/۲	۸۹/۰±۱/۶	۷۰/۱±۱/۳	۱/۳±۰/۰۱	۰/۹۷±۰/۰۱
ضریب تغییرات (%)	۲۳	۲۹/۸	۲۰/۵	۲۱/۴	۰۱۳	۱۳/۰	۱۱/۵	۱۴/۹
حداقل - حداکثر	۵۶۰-۱۵۵۰	۱۶۰-۶۷۵	۳-۷/۵	۴-۱۰/۵	۶۰-۱۱۳	۵۳-۸۶	۱-۱/۶	۰/۷-۱/۳

جدول ۲: مقایسه ضخامت پوست و چرم نواحی مختلف بزهای ماده لری (میلی متر)

صفات	پوست*	چرم
شانه	۱/۴±۰/۰۲ ^b	۱/۰±۰/۰۲ ^b
پشت	۱/۴±۰/۰۲ ^b	۱/۰±۰/۰۱ ^b
کپل	۱/۵±۰/۰۲ ^a	۱/۲±۰/۰۲ ^a
پهلوی	۱/۲±۰/۰۱ ^c	۰/۹±۰/۰۱ ^c
شکم	۱/۱±۰/۰۲ ^d	۰/۸±۰/۰۱ ^d

*حروف متفاوت نشان دهنده تفاوت میانگین‌ها ($P < ۰/۰۰۰۱$) در هرستون است.

نتیجه گیری

بطورکل مشخص شد که وزن، مساحت، ابعاد و ضخامت پوست بزهای لری در ردیف مطلوب استاندارد قرار دارد. با توجه به تفاوت صفات کمی که بین پوست و چرم بزغاله‌ها و حتی در بزهای سنین بالاتر با یکدیگر مشاهده شد، عرصه جداگانه پوست برحسب سن و یا دسته‌بندی پوست‌ها از این جهت در قبل از فرآوری لازم بوده و باعث کاهش هزینه فرآوری می‌شود.

منابع:

۱. احمدی، س. ۱۳۶۹. تکنولوژی پوست و چرم. موسسه استاندارد و تحقیقات صنعتی ایران. تهران.
۲. بی‌نام. ۱۳۸۱. پوست. پوستهای خام بزی. راهنمای درجه بندی بر اساس وزن و سطح. استاندارد شماره ۲-۶۹۶۹. موسسه استاندارد و تحقیقات صنعتی ایران.
۳. خجسته کی، م. و مجید کلانتر نیستانکی. ۱۳۸۷. مطالعه برخی عوامل محیطی موثر بر صفات پوست در بره های نژاد زندی.. دومین سمینار پوست، چرم و الیاف دامی ایران. موسسه تحقیقات علوم دامی کشور.
۴. داهی، ع. ب. علالدینی، ح. حمیدی، م. کاردان، ع. نوبری و ش. مدی. ۱۳۵۹. از پوست تا چرم. مرکز تحقیقات و کارآموزی کفش ملی. گروه صنعتی ملی. تهران. ۵، ۶ و ۲۵ تا ۳۵.
۵. صالحی، م. ع. مهدوی، م. زاهدی، ح. غلامی، و م. سیدمومن. ۱۳۸۷. اثر مصرف سطوح مختلف پوسته پسته (برونبر) خشک شده بر کیفیت پوست بره‌های نر افشاری.. دومین سمینار پوست، چرم و الیاف دامی ایران. موسسه تحقیقات علوم دامی کشور.
۶. صالحی، م. ب. لطف.. نیا و ن. پایی. ۱۳۸۷. مقایسه برخی از خصوصیات پوست در گوسفندان خالص خارجی و آمیخته آنها با گوسفندان بومی. دومین سمینار پوست، چرم و الیاف دامی ایران. موسسه تحقیقات علوم دامی کشور.
۷. یوسف‌زاده، ع. ۱۳۸۳. اثرالاستیسیت بر مقاومت چرم. پنجمین کنفرانس ملی مهندسی نساجی. دانشکده نساجی. دانشگاه صنعتی امیرکبیر. تهران.

8. Anon. 2012. Lorestan Province. Retrieved July 10, 2011, from Wikipedia, <http://lorestan.online.fr/>.
9. Bal, H.S. 1978. The skin (in Orkin, M and R.M. Schwartzman in chapter 38 from Water balance and excretion). Academic Press. New York. 493-503.
10. Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2010. World statistical compendium for hides, skins, leather and leather footwear. Tropical and Horticultural Products Service, Commodities and Trade Division (ESC). FAO Viale delle Terme di Caracalla 00100 Rome, Italy
11. Stosic, P. 1994. Biological Factors Influencing the Nature of Goat Skins and Leather, A thesis submitted for the degree of Master of Philosophy University of Leicester.

Evaluation of skin and leather quantity performance of Lori female goats

S. Negahdari, M. Salehi, F. Isazadeh, D. Zinali

negahdari_sh@yahoo.com

Abstract:

The aim of this study was to investigate the effect of age on skin quantity and leather characterizes of Lori native goats. In these order weight, size, dimension and thickness of different body points (shoulder, back, rump, flank and belt) of 60 female goats from three aged groups (kids, >1.5 year) were measured. The age had significant effect on all of traits except

in leather thickness. The weight, size, dimension and thickness of skin and leather in kids were smaller than adults ($p < 0.0001$). There was a significant difference between the thickness of various parts of goat skin and leather, but there was not a significant difference between the shoulder and back regions. Therefore, the thickest parts were found in hip, back, shoulder, ribs and belly respectively. The results of this study indicated that there are differences between quantitative and qualitative skin and leather of different goats. To achieve a better quality of goat products, attention should be paid to differences of skin quality of different sexes and ages of goats.

Key words: Weight – Size – Thickness - Dimension

تعیین اثر سن دام بر خصوصیات الیاف بزهای ماده استان فارس

شراره نگهداری^۱، مهناز صالحی^۲، زهرا عبادی^۲

^۱ دانش آموخته دانشکده کشاورزی دانشگاه آزاد کرج، ^۲اعضاء هیئت علمی موسسه تحقیقات علوم دامی کشور

شراره نگهداری، سنندج، سه راه سعدی، شهرک کشاورز، خیابان گل یاس، کوچه پنجم، پلاک ۲۵. Negahdari_sh@yahoo.com

چکیده

برای ارزیابی خصوصیات الیاف بزهای بومی استان فارس تعداد ۸۰ رأس بز ماده یک تا سه ساله انتخاب شد. میانگین وزن بیده تولیدی (12.7 ± 2.99 گرم)، قطر الیاف موئی (1.8 ± 0.77 میکرون)، طول دسته الیاف (4.0 ± 0.83 سانتی متر)، طول تک لیف (3.0 ± 0.58 سانتی متر)، بازدهی (6.2 ± 0.74 درصد)، بارپارگی (4.7 ± 0.7 کیلو گرم نیرو) و استحکام الیاف مو (3.9 ± 0.6 گرم نیرو/تکس) تعیین شد. قطر مو، طول الیاف و طول دسته الیاف با افزایش سن بیش تر شده بود و در بزهای سه ساله بیش از بزهای دو و یک ساله بود، در حالی که وزن بیده بزهای دو ساله بیش از سه ساله بدست آمد. نتایج این تحقیق نشان دهنده استحکام، قطر و طول مناسب الیاف حاصله بزهای موئی استان فارس است و آن ها را در ردیف بزهای تولیدکننده مو با کیفیت مطلوب قرار می دهد.

کلمات کلیدی: استحکام - طول - قطر - وزن بیده

مقدمه

معمولا در بزها به غیر از بزهای آنقوره دو نوع پوشش اصلی وجود دارد (۳). یکی پوشش رویی با الیاف موئی بلند و خشن که محافظت مکانیکی از لایه پوشش داخلی و نیز پوست را به عهده دارد و دیگری پوشش زیرین کرکی است که دارای تارهای ظریف و کوتاه تر بوده و حافظ گرمای بدن حیوان می باشد. میزان تولید کرک و مو و نسبت آن ها به ساختار ژنتیکی حیوان و عوامل محیطی از جمله روش پرورش، درجه حرارت محل زندگی، ارتفاع از سطح دریا و عوامل محیطی داخلی یا سن و جنس دام بستگی دارد، به نحوی که بزهای مناطق گرمسیری به لحاظ تطابق با شرایط آب و هوایی اکثرا موئی و مقدار کرک روی بدنشان ناچیز است (۱۰).

متوسط موی تولیدی در حدود ۲-۱/۵ کیلوگرم است که تحت شرایط خوب مدیریت حتی به ۳ کیلوگرم در ماده ها و ۵ کیلوگرم در نرها می رسد. این الیاف به صورت بلند، ضخیم و موئی در اطراف بدن حیوان آویزان می باشد (۱۱).

هدف از اجرای این پژوهش شناخت ویژگی های الیاف تولیدی بزهای ماده بومی استان فارس برای ارزیابی ارزش تولیدی بخشی از فرآورده های حاصل از بزهای بومی و بررسی تاثیر اثر سن بر خصوصیات این الیاف می باشد.

مواد و روش ها

در این تحقیق تعداد ۸۰ رأس بز موئی ماده یک تا سه ساله مربوط به استان فارس انتخاب شدند. نمونه هایی در حد ۲۰ گرم از توده لیفی هریک از بیده ها برای انجام آزمایش های الیاف تهیه شد. طول ۵ دسته الیاف موبا خط کش در آزمایشگاه اندازه گیری شد

و میانگین آن‌ها ثبت گردید. همچنین طول ۵۰ تک لیف بطور جدا از هر دسته الیاف با قرار دادن هر تار روی صفحه شیشه‌ای مدرج اندازه‌گیری و میانگین آن‌ها به‌عنوان طول تک لیف هر نمونه در نظر گرفته شد. الیاف در آب ۴۵ درجه حاوی ماده شوینده شسته شده و در هوای آزمایشگاه خشک گردیدند. اندازه‌گیری قطر مو و استحکام به روش استاندارد انجام گرفت. تجزیه و تحلیل داده‌های به روش مدل یک‌طرفه در نرم‌افزار SAS انجام شد.

نتایج و بحث

براساس جدول (۱) وزن بیده بزها، حدود ۳۰۰ گرم بدست آمد که دارای دامنه زیاد بین ۶۵ تا ۱۳۵۴ گرم بود. وزن بیده بزهای موئی مورد مطالعه در این تحقیق نشان داد که مقدار تولید آن‌ها در حد سایر نژادهای بز بومی ایران و همین‌طور بزهای موئی سوری و اردنی است (۱، ۵ و ۹). وزن بیده بزهای دوساله بیش از دو گروه سنی دیگر بود که شاید یکی از دلایل آن گذر از سن بزغاله‌گی و نرسیدن به سنی است که معمولاً ضعف حاصل از شرایط فیزیولوژیکی بارداری و شیرواری در دام مشاهده می‌شود، باشد. در بزهای سیستان و بلوچستان نیز سن بر مقدار بیده تولید شده بزها تأثیر معنی‌داری داشت (۵). در گزارش دیگری گرچه بزهای مسن‌تر وزن بیده بیشتری داشتند، ولی این اثر بر روی وزن بیده معنی‌دار بدست نی‌آورد (۱۲).

قطر الیاف موئی بزهای فارس دارای میانگین $77/5 \pm 1/8$ (بین ۵۴ تا ۱۷۱) میکرون بود که کمتر از قطر الیاف موئی بزهای لری (۸۲/۹۶ میکرون) ولی درحد قطر الیاف مو در بزهای بومی عراق $76/9$ میکرون و قطر الیاف موی بزهای اردن ۴۰ تا ۵۵ میکرون قرار دارد. (۹). بنابراین از لحاظ قطر الیاف موئی بزهای فارس، مطلوب می‌باشد (۸). ضخیم‌ترین الیاف به بیده الیاف بزهای سه‌ساله و سپس دو و یک‌ساله تعلق داشت. چنین نتایجی در سایر تحقیقات نیز گزارش شده است (۶ و ۷). در حالی‌که برخلاف موارد بالا، سن بر قطر بیده بزهای موئی لرستان و بزهای Boer تأثیر نداشت (۴ و ۱۲).

طول الیاف بیده بزهای مورد بررسی در رده متوسط از لحاظ تجاری قرار داشتند (۸) ولی نسبت به سایر بزهای بومی (بطور متوسط ۶ تا ۹ سانتی‌متر) و بزهای خارجی (۱۲/۶ تا ۲۳/۵ سانتی‌متر) طول موی کوتاه‌تری داشتند (۱ و ۹). چگنی و همکاران (۱۳۸۶)، در شناسایی صفات ظاهری و تولیدی بزهای بومی لرستان اثر سن را بر طول مو غیرمعنی‌دار گزارش کردند. در تحقیقات به‌عمل آمده بر روی بزهای موئی و آنقوره سنین بالاتر طول بلندتری داشتند که با داده‌های تحقیق حاضر تطابقت دارد (۶ و ۷). در بزهای بیرجندی نیز اثر سن بر وزن بیده، درصد کرک و طول و قطر کرک معنی‌دار بود (۲). از نظر طول و قطر در بررسی خصوصیات بیده بزهای موئی لرستان مو در سنین متفاوت اختلاف معنی‌داری نداشتند (۱).

در تحقیق کنونی دامنه قابل‌توجه‌ای از استحکام الیاف موئی بین ۵ تا ۱۳ گرم‌نیرو برتکس بدست آمد (جدول ۲) که نشان‌دهنده استحکام بسیار خوب و بالاتر از حد خیلی قوی نسبت به الیاف پشم است. الیاف بزهای مسن‌تر استحکام بالاتری داشتند ولی این تفاوت معنی‌داری نبود ولی طبق گزارش بزهای آنقوره سن بالا دارای طول بلندتری بودند (۶).

جدول ۱- اثر سن بر میانگین وزن بیده، قطر و طول الیاف موئی بزهای ماده استان فارس

صفت	وزن بیده	قطر	طول (سانتی‌متر)
(گرم)	میانگین (میکرون)	ضریب	دسته الیاف
			تک لیف

تغییرات (درصد)					
یک ساله	$261/2 \pm 19/8^b$	$71/5 \pm 2/9^b$	$21/3 \pm 1/0$	$6/5 \pm 0/7^b$	$4/5 \pm 0/5^b$
دو ساله	$344/0 \pm 19/2^a$	$75/9 \pm 2/9^b$	$19/5 \pm 1/0$	$7/7 \pm 0/7^b$	$5/7 \pm 0/5^b$
سه ساله	$283/0 \pm 28/7^b$	$84/8 \pm 2/9^a$	$21/7 \pm 1/0$	$10/05/7^a$	$7/1 \pm 0/5^a$
میانگین	$299/8 \pm 12/7$	$77/5 \pm 1/8$	$20/8 \pm 0/5$	$8/3 \pm 0/4$	$5/8 \pm 0/3$
حداقل - حداکثر	۶۵ تا ۱۳۵۴	۱۷۱ تا ۵۳/۷	۱۳/۴ تا ۳۷/۸	۲/۸ تا ۲۱/۳	۲/۳ تا ۱۴/۷

^a و ^b نشان دهنده معنی دار بودن تفاوت میانگین ها در سطوح ۰/۰۵ است.

جدول ۲- اثر سن بر میانگین استحکام و بازدهی الیاف موئی بزهای ماده استان فارس

صفت	بارپارگی (کیلو گرم نیرو)	مقاومت (گرم نیرو/تکس)	بازدهی (درصد)	کاهش پس از شستشو (درصد)
یک ساله	$7/4 \pm 0/6$	$8/9 \pm 0/7$	$76/1 \pm 1/1$	$23/9 \pm 1/1$
دو ساله	$7/7 \pm 0/5$	$9/6 \pm 0/5$	$74/0 \pm 1/1$	$26/0 \pm 1/1$
سه ساله	$8/1 \pm 0/6$	$10/1 \pm 0/6$	$72/6 \pm 1/1$	$27/4 \pm 1/1$
میانگین	$7/7 \pm 3/4$	$9/6 \pm 0/3$	$74/2 \pm 0/6$	$25/8 \pm 0/6$
حداقل - حداکثر	۳/۶ تا ۱۱/۶	۵ تا ۱۳	۶۰ تا ۹۵	۵ تا ۴۰

نتیجه گیری

نتیجه کلی حاصل از داده های کسب شده براساس این مطالعه مشخص می کند که الیاف موئی بزهای استان فارس از لحاظ خصوصیات مانند وزن موی تولیدی، قطر مو، طول و بخصوص مقاومت درحد بسیار مطلوبی در تهیه نخ ها و منسوجات ضخیم موئی قرار دارند و می توان کاربردهای مناسبی را برای آنها در تهیه بافت های ضخیم و بادوام بدست آورد. به علاوه مشخص شد که سن بزها بر کیفیت الیاف تولیدی بخصوص قطر و طول الیاف موثر است و جوربندی الیاف موئی در زمان عرضه و ارسال برای صدور می تواند بر افزایش قیمت فروش تاحدی تاثیر بگذارد.

منابع:

۱. چگنی، ع. ب. یار احمدی، م. کیانزاد و ا. جعفری. ۱۳۸۶. شناسایی صفات ظاهری و تولیدی بز بومی لرستان. دومین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور. کرج. موسسه تحقیقات علوم دامی کشور.
۲. رثوفی فرد، م. ن. امام جمعه کاشان، م. حجازی کناری و ح. انصاری رنانی. ۱۳۸۰. بررسی خصوصیات تولیدی بز کرکی جنوب خراسان. پایان نامه کارشناسی ارشد. مرکز آموزش عالی امام خمینی. تهران. صفحات ۵۰ تا ۵۴.
۳. صالحی، م. ن. طاهرپور و م. بهشتی. ۱۳۷۹. بررسی اثر عوامل محیطی و نوع پرورش بز خصوصیات کرک بزهای رائینی. پژوهش و سازندگی. جلد ۱۳ (۲). پی آیند ۴۷. صفحه ۹۰.

۴. عیسی‌زاده، ف. ا. لواف و م. صالحی. ۱۳۸۸. ارزیابی خصوصیات پوست و الیاف بزهای بومی لرستان. پایان‌نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی. دانشگاه آزاد اسلامی کرج.
۵. هزاره مقدم، ر و م. صالحی. ۱۳۸۸. شناسایی الیاف بزهای بومی استان سیستان و بلوچستان. مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور. سازمان تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی. وزارت جهاد کشاورزی.

1. Bilgen, A., Akman, N. Erol, H. Ankaralı, B. Aytaç, M., 2008. Some mohair characteristics and live weights after shearing of Angora Goats reared at Lalahan Livestock Research Institute. Journal of Lalahan Livestock Research Institute v. 48(1). Turkey. AGRIS 2011 - FAO of the United Nations
2. Deger Oral Toply, H., Altinel, A., 2008. Some production traits of indigenous hair goats bred under extensive conditions in Turkey. Pages 498-506 in Proc. 1st communication, reproduction. Arch. Tierz. Dummerstorf.
3. Devendra, C. and M. Burns. 1970. Goat production in the tropics common wealth Agricultural Bureaux. England. 183 pp: 120- 122.
4. Iñiguez, L. 2005. Characterization of small ruminant breeds in West Asia and North Africa. International Center for Agriculture Reaserch in Dry Area (ICARDA).
5. Jansen, C., K.V.D. Burg. 1991. Goat keeping in the tropics. 6 -7.
6. Payen, W.Y.A and R. Trevor Wilson. 1999. An introduction to animal husbandry in the tropics. Fifth ed. Blackwell Science. 25 – 26..
7. Van Niekerk, W.A., Keva, S., Roets, M., Coertze, R.J., 2004. The influence of age and reproductive status on quality and quantity of cashmere produced by Boer goats under South African conditions. South African Journal of Animal Science. 34 or 8th International Conference on Goats. South African Society for Animal Science. 145 -6. Evaluation of fiber characteristics in different ages female goats from Fars province

S. negahdari¹, m. salehi², zahra ebadi²

negahdari_sh@yahoo.com

Abstract

To study the fleece characteristics of native hair goats in Fars province, 80 females between 1 to three years old were selected. Mean fleece weight (299.8 ± 12.7 gr), hair diameter (77.5 ± 1.5 microns), staple length (8.3 ± 0.4 cm), hair length (5.8 ± 0.3 cm), washing yield (74 ± 0.6 %), breaking load (7.7 ± 3.4 kgf) and hair tenacity (9.6 ± 0.3 grf/tex) were determined. Hair diameter, staple length and hair length increased as goat ages increased and in three years old does was more than two and yearling goats, although two years goats have heavier fleece weight. The results have shown a suitable tenacity, staple length and hair length of Fars hairy goats which introduce them for quality hair fibers goat producer.

Keywords: Fleece weight – Diameter – length – Hair tenacity

مقایسه روش های مختلف مکان یابی ژن ها (QTL) با استفاده از داده های شبیه سازی شده

غلامرضا داشاب

استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

* نویسنده مسئول: غلامرضا داشاب، زابل - دانشگاه زابل - دانشکده کشاورزی - گروه علوم دامی dashab5@yahoo.co.in

چکیده

علی رغم موفقیت های زیاد در مطالعات ژنومیکس (GWAS) هنوز هم چالش هایی در شناسایی QTL وجود دارد، به ویژه برای داده هایی که سطوح مختلف ارتباطات ژنتیکی مختلف در بین مارکرها و حیوانات مورد مطالعه وجود دارد. در مطالعه اخیر، سه روش مختلف مطالعات ژنومیکس بر داده های شبیه سازی شده مورد بررسی قرار گرفت (۱) مدل تک مارکری (۲) مدل هاپلوتیپ تصادفی و (۳) مدل بیز. داده های شبیه سازی شده شامل ۲۰۰۰ حیوان حاصل از ۲۰ فامیل ناتنی پدری و داده های ژنوتیپی شامل ۹۹۹۰ SNP بر روی ۵ کروموزوم می باشد. طول هر کروموزوم ۱۰۰ cM در نظر گرفته شد و مارکرها در فواصل یکسانی از هم قرار دارند. هشت QTL بر روی کروموزوم های ۱ تا ۵ شبیه سازی شد. سه مدل مورد استفاده شامل تک مارکری، هاپلوتیپ تصادفی و بیز به ترتیب ۶، ۶ و ۷ تا ۸ QTL شبیه سازی شده را شناسایی نمود. از بین روش های فوق مدل بیز بالاترین قدرت در تشخیص QTL را دارا است اما دارای یک خطا نیز در تعیین QTL بود (False negative). استفاده از مدل های مختلف مطالعات ژنومیکس، می تواند موجب اطمینان بیشتر در شناسایی QTL گردد.

واژگان کلیدی: هاپلوتیپ تصادفی، روش بیز، مدل تک مارکری، ژنومیکس و مکان یابی ژن ها

مقدمه

علی رغم موفقیت های بسیار زیاد در مطالعات ژنومیکس (GWAS) هنوز هم چالش های زیادی در روش ها و مدل های آماری تعیین QTL وجود دارد، به ویژه در جمعیت هایی که سطوح مختلف روابط خویشاوندی در بین حیوانات وجود دارد. براین اساس در مطالعه اخیر دقت سه روش مطالعات ژنومیکس در شناسایی جایگاه های QTL شامل (۱) مدل تک مارکری^{۹۹} (SMM) (۲) مدل هاپلوتیپ تصادفی^{۱۰۰} (RHM) و (۳) مدل بیز^{۱۰۱} (BVS) مورد ارزیابی قرار می گیرد. مطالعات نشان داده است که مدل هاپلوتیپ تصادفی با توجه به این که از تمام ظرفیت عدم تعادل پیوستگی^{۱۰۲} (LD) در جمعیت استفاده می نماید قدرتمند تر مدل تک مارکری در شناسایی QTL های کنترل کننده صفات کمی است (۱ و ۴).

مواد و روش ها

جمعیت شبیه سازی شده: یک جمعیت غیر همخون با استفاده از نرم افزار LDSO (۶) شبیه سازی گردید. داده های در دسترس برای مکان یابی نهایی QTL از آمیزش تصادفی ۱۰۰۰ فرد در طی ۱۰۰۰ نسل در مرحله اول و در ادامه ۱۵۰ فرد در طی ۳۰ نسل

⁹⁹ Single Marker Model

¹⁰⁰ Random Haplotype Model

¹⁰¹ Bayesian Variable Selection

¹⁰² Linkage Disequilibrium

آمیزش تصادفی بدست آمد. جمعیت نهایی مربوط به آخرین نسل در ساختار شجره شامل ۲۰ فامیل نتاج ناتنی پدری است که هر یک از والد های نر با تعداد ۱۰ والد ماده آمیزش داده شده و از هر والد ماده ۱۵ نتاج حاصل گردیده است که تنها ۱۰ تا از نتاج آنها دارای رکورد فنوتیپی هستند و در مجموع ۲۰۰۰ رکورد فنوتیپی در اختیار می باشد.

داده های ژنوتیپی مربوط به ۵ کروموزوم و ۱۹۹۹ مارکر SNP هستند که در فواصل یکسان از هم قرار دارند (۰/۰۵cM). طول هر کروموزوم ۱۰۰ سانتی مورگان و بر روی هر کروموزوم ۲۰۰۰ مارکر SNP قرار دارد. تعداد مکان های ژنی (QTL) شبیه سازی شده شامل یک QTL با اثر بزرگ در موقعیت ۲/۸۵ سانتی مورگان، دو QTL به هم پیوسته در موقعیت های ۸۱/۹ و ۹۳/۷۵ سانتی مورگان، دو QTL پیوسته ولی با اثرات مخالف هم در موقعیت های ۵ و ۱۵ سانتی مورگان، یک QTL در موقعیت ۳۲/۲ سانتی مورگان و دو QTL با اثرات اپیستاتیک در موقعیت های ۳۶/۳ و ۹۹/۲ سانتی مورگان به ترتیب بر روی کروموزوم های ۱ تا ۵ بود.

روش های آماری

مدل تک مارکری (Single Marker Model)، در این روش ارتباط بین هر مارکر SNP و فنوتیپ با آنالیز مدل های مختلط مورد بررسی قرار می گیرد (۷)، که مدل آماری طرح فوق عبارتست از:

$$y = 1\mu + Xg_i + Zu + e$$

که در معادله فوق Y بردار مشاهدات فنوتیپی صفت، μ میانگین جمعیت، g_i اثر ژنتیک افزایشی مارکر SNP و X بردار ضرایب ژنوتیپی (۰، ۱) است که هر رکورد را با اثر مارکر مرتبط می سازد. U ماتریس اثرات پلی ژنیک حیوان با توزیع نرمال $N(0, A\sigma_u^2)$ که A ماتریس روابط ژنتیکی افزایشی بین حیوانات و σ_u^2 واریانس ژنتیکی افزایشی حیوان و Z ماتریس ضرایب مرتبط کننده اثرات پلی ژنیک به هر یک از فنوتیپ ها است و e بردار اثرات تصادفی محیطی با توزیع نرمال $N(0, I\sigma_e^2)$ است. برای تعیین مارکر های معنی دار در مقابل فرض اولیه که اثر مارکر برابر با صفر است از تست Wald استفاده شد و برای تعیین سطح معنی داری از روش Bonferroni در سطح ژنوم استفاده شد. تجزیه مدل فوق با نرم افزار DMU (۳) استفاده گردید. مدل رگرسیون هاپلوتیپ تصادفی مارکرها بر روی فنوتیپ (RHM^{13}). در روش رگرسیون مبتنی بر هاپلوتیپ های تصادفی آلل های جایگاه ها ی مجاور هم تشکیل یک هاپلوتیپ را می دهند و در بررسی ارتباط فنوتیپ با هاپلوتیپ های منتقل شده از پدر و مادر به نتاج در هر مرحله یک آلل به جلو رانده شده تا به انتهای کروموزوم برسد. مدل آماری طرح فوق عبارتست از:

$$y_i = \mu + u_i + q_{hm_i} + q_{hp_i} + e_i$$

در معادله فوق، y_i فنوتیپ حیوان i ، μ میانگین جمعیت، u_i اثرات پلی ژنیک حیوان، q_{hm_i} و q_{hp_i} اثرات تصادفی هاپلوتیپ پدری و مادری منتقل شده به حیوان i و e_i اثرات تصادفی باقیمانده است. برای اثرات پلی ژنیک حیوان فرض می گردد که دارای توزیع نرمال ($N(0, A\sigma_g^2)$) است که σ_g^2 واریانس ژنتیکی افزایشی و A ماتریس روابط ژنتیکی افزایشی حیوانات می باشد و همچنین فرض می گردد که دو عامل تصادفی دیگر یعنی هاپلوتیپ (q) و خطای باقیمانده (e) نیز دارای توزیع نرمال با میانگین صفر و واریانس های $I\sigma_h^2$ و $I\sigma_e^2$ هستند که I ماتریس واحد است. نسبت حداکثر درستنمایی دو مدل با اثرات تصادفی هاپلوتیپ و بدون اثر هاپلوتیپ بیانگر اثرات جایگزینی هاپلوتیپ ها می باشد و در نقطه ای که بالاترین نسبت

درست‌نمایی را دارند مکان QTL را نشان می‌دهند. در مطالعه اخیر طول هاپلوتیپ‌ها ۴ مارکر SNP در نظر گرفته شد و فرض می‌گردد که مکان QTL در وسط هاپلوتیپ است. آنالیز مدل هاپلوتیپ با نرم افزار DMU (۳) انجام گرفت. روش بیز (Bayesian Variable Selection). مدل فوق براساس تعریف ترکیبی از توزیع‌های مختلف اثرات مارکرهای SNP است هنگامی که در آنالیز تمام مارکرهای به طور همزمان مورد استفاده قرار می‌گیرد. در مدل فوق فرض می‌گردد که اکثر مارکرها دارای اثرات خیلی کوچک روی صفت هستند (۹۸٪) و تنها بخش اندکی از مارکرها (۲٪) دارای اثرات بزرگ می‌باشند. آنالیز مدل فوق با نرم افزار BAYZ (۲) انجام و اجزاء واریانس دو ترکیب فوق برآورد گردید. مارکرهای SNP که دارای فاکتور بیز (Bayes Factor) بالاتر از ۵/۵ هستند به عنوان مکان QTL معرفی گردید.

نتایج

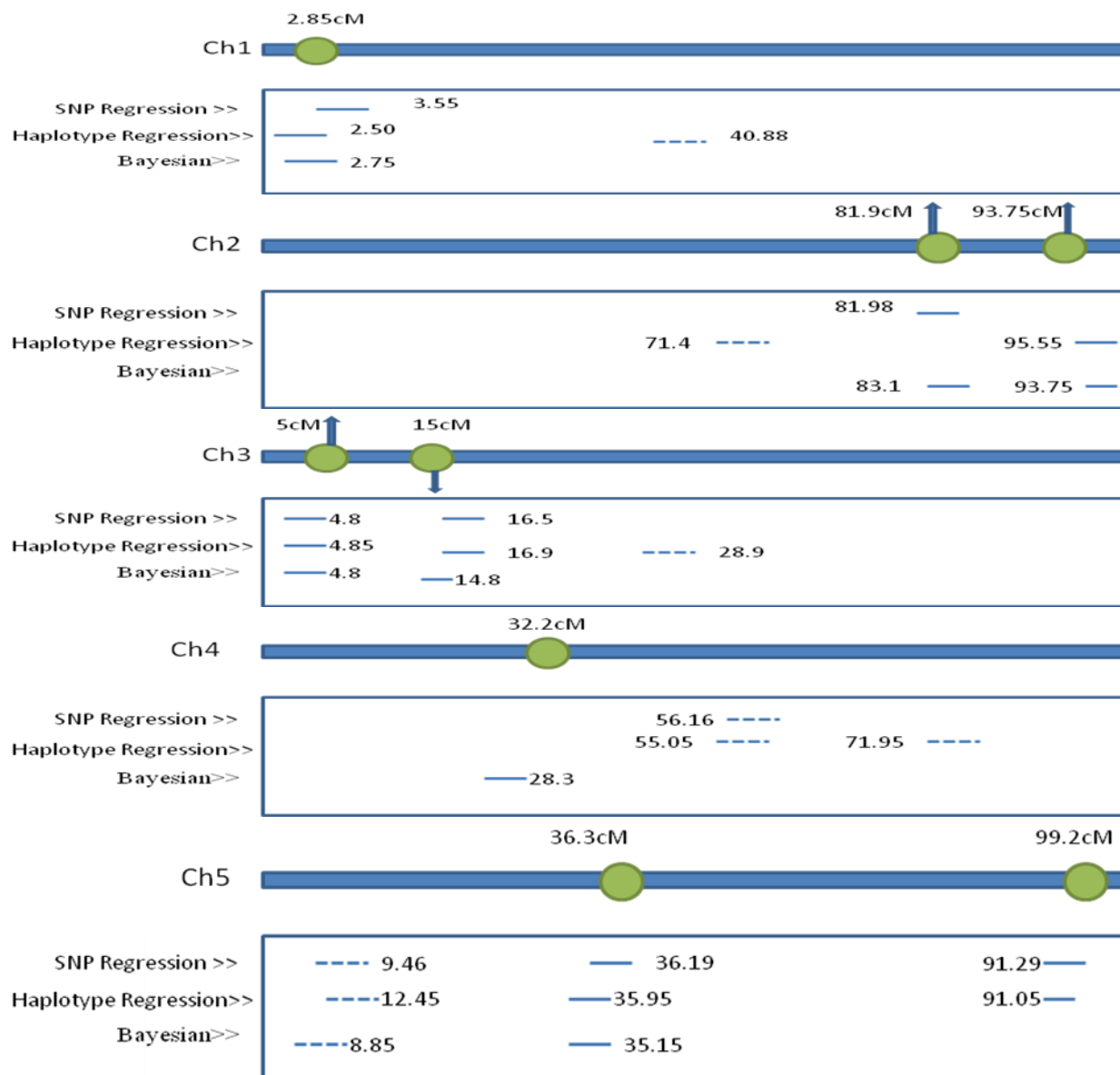
نتایج بررسی سه مدل مختلف تجزیه QTL بر روی کروموزوم‌های ۱ تا ۵ در شکل ۱ خلاصه شده است. تمام QTL‌هایی که در دامنه ۱۰ سانتی مورگان انحراف از محل اصلی شبیه سازی شده قرار داشتند به عنوان مکان صحیح شناسایی شده تلقی گردید. از ۸ QTL شبیه سازی شده بر روی کروموزوم‌های مختلف، ۷ تا از آنها شناسایی گردید تنها خطا در تشخیص مربوط به کروموزوم‌هایی است که بر روی آنها دو QTL با اثرات متقابل شبیه سازی شده اند. تعداد جایگاه‌هایی که به خطا تشخیص داده شد در روش‌های مختلف متفاوت بود و در مدل‌های تک مارکری، هاپلوتیپ تصادفی و بیز به ترتیب ۲، ۶ و ۱ مورد بود که مقایسه روش‌های فوق در تشخیص مکان دقیق QTL‌ها و تعداد خطا، مدل بیز مفید تر می‌باشد، اما ترکیبی از مدل‌های مختلف می‌تواند قدرت اطمینان را افزایش دهد.

بحث

در مطالعه اخیر از مدل‌های افزایشی بدون در نظر گرفتن ساختار ژنتیکی QTL‌های شبیه سازی شده استفاده گردید و مدل‌های فوق توانستند به خوبی اکثر جایگاه‌ها را شناسایی نمایند، اما از بین روش‌های فوق مدل بیز مؤثر تر بود و توانست ۷ تا از ۸ جایگاه را تشخیص دهد هر چند که با یک خطا هم همراه بود (False positive). بر روی کروموزوم ۵ که دو QTL با اثرات اپیستاتیک شبیه سازی شده بود با توجه به این که در مدل بیز اولین جایگاه بیشترین واریانس را به خود اختصاص داده است لذا شانس جایگاه دوم کاهش یافت. مدل‌های تک مارکری و هاپلوتیپ تصادفی در تشخیص اکثر QTL‌ها موفق بود و تنها جایگاهی را که نتوانست تشخیص دهد QTL شبیه سازی شده بر روی کروموزوم ۴ بود که یک imprintQTL است و با توجه میزان عدم تعادل پیوستگی ضعیف جایگاه فوق با مارکرها شانس شناسایی آن را کاهش داد و فقط با روش بیز تشخیص داده شد. مدل هاپلوتیپ با بیشترین تعداد خطا (False positive) همراه بود که احتمالاً با خاطر فراوانی پایین بعضی از هاپلوتیپ‌ها است و اگر نقاط خطا به عنوان اثر ثابت به مدل اضافه گردد، دقت مدل در شناسایی QTL افزایش می‌یابد (۵).

نتیجه گیری

استفاده از روش‌های مختلف ژنومیکس (GWAS) می‌تواند موجب افزایش دقت تشخیص جایگاه‌های QTL گردد. با توجه به وجود روابط پیچیده در بین مارکرها و بین جایگاه‌های QTL ضرورت دارد تا همزمان از روش‌های مختلفی در شناسایی QTL‌ها استفاده گردد.



شکل ۱- مکان های ژنی (QTL) شناسایی شده با مدل های مختلف در مقایسه با محل اصلی شبیه سازی شده بر روی کروموزوم های ۱ تا ۵.

References

1. Akey, J., L. Jin, M. Xiong. 2001. Haplotypes vs. single marker linkage disequilibrium tests, what do we gain? *Eur. J. Hum. Genet.*, 9,291-300.
2. Janss L: BAYZ Manual version 2.02. Janss Biostatistics, Leiden, Netherlands, 2011.
3. Madsen, P., and J. Jensen, DMU: A user's guide, A package for analysing multivariate mixed models. Version 6, DJF, Foulum, Denmark (2011) release 5.
4. Morris, R.W., N.L. Kaplan. 2002. On the advantage of haplotype analysis in the presence of multiple disease susceptibility alleles. *Genet. Epidemiol.*, 23, 221-233.
5. Sahana G, B. Guldbrandtsen, L. Janss, M.S. Lund. 2010b. Comparison of association mapping methods in a complex pedigreed population. *Genet Epidemiol.* 34(5):455-62.

6. Ytounel F. PhD thesis. AgroParisTech; 2008. Linkage disequilibrium and QTL fine mapping in a selected population.
7. Yu, J., G. Pressoir, W.H. Briggs, I.V. Bi, M. Yamasaki. 2006. A unified mixed-model method for association mapping that accounts for multiple levels of relatedness. Nat. Genet. 38:203-208.

Comparison of different methods for QTL detection in simulated dataset

Gholam Reza Dashab

Assistant Professor of Animal Science

* Corresponding E-mail address: dashab5@yahoo.co.in

Abstract

Despite many success stories of Genome wide association studies (GWAS), challenges exist in QTL detection especially in datasets with many levels of relatedness. In this study we compared three methods of GWA on a simulated dataset. 1) Single marker model; 2) Random haplotype model (RHM) and 3) Bayesian variable selection. The data consisted of phenotypes of 2000 animals from 20 sire families and were genotyped with 9990 SNPs on five chromosomes. Out of total eight simulated QTL, these three methods MMA, RHM and BVS identified 6, 6 and 7 QTL respectively. BVS had highest power to detect QTL however it also produced 1 false positive. Use of several methods for GWAS gives confidence in the detected QTL.

Key words: Random Haplotype, Bayesian methods, Single marker model, Genomic, QTL mapping

بررسی بیان ژن مادری فیلیا (Filia) در تخمدان، تخمک و رویان آزمایشگاهی گاو

آزاده زحمتکش^{۱*}، سعید انصاری مهیاری^۱، مرتضی دلیری جوپاری^۲، عباس شیرازی^۳، حمیدرضا رحمانی^۱

^۱ گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان، اصفهان، ایران، ^۲ گروه بیوتکنولوژی دام و آبزیان، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری، تهران، ایران، ^۳ گروه بیوتکنولوژی تولیدمثل، پژوهشگاه فناوری های نوین علوم زیستی ابن سینا،

جهاد دانشگاهی دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ایران

a.zahmatkesh@ag.iut.ac.ir*نویسنده مسئول: آزاده زحمتکش

چکیده

برای بررسی بیان ژن مادری فیلیا در گاو، دو جفت آغازگر، یکی بر اساس کل توالی پیش‌بینی‌شده‌ی mRNA فیلیای گاو در NCBI (XM_868481.4) و دیگری بر اساس همولوژی بخشی از آن با فیلیای انسان، با نرم‌افزار OLIGO5 طراحی شد. تخمک‌ها به محیط بلوغ، منتقل شدند و پس از ۲۴ ساعت تخمک‌های بالغ برای استخراج RNA استفاده شدند. تعدادی از تخمک‌های بالغ وارد محیط لقاح شدند و پس از ۲۲ ساعت تخمک‌های بارور بعد از جدا کردن کومولوس‌ها به محیط SOF منتقل شدند و رویان‌های دوسلولی پس از ۲۴ ساعت، برای استخراج RNA استفاده شدند. استخراج RNA از بافت تخمدان نیز صورت گرفت. پس از سنتز cDNA، ژن فیلیا و ژن شاخص Histone-H2a وارد واکنش زنجیره‌ای پلیمرز شدند. واکنش با آغازگرهای اول، تکثیری از ژن فیلیا به همراه نداشت. ممکن است mRNA پیش‌بینی‌شده کاملاً مطابق با mRNA حقیقی فیلیا پیش‌بینی نشده باشد و یا توالی ۸۴۶ بازی دارای توالی های غنی از GC باشد و تکثیر آن با شرایط ذکر شده ممکن نباشد. واکنش دوم منجر به تکثیر ژن فیلیا (۱۶۴ bp) و شاخص (۲۴۰ bp) در تخمدان، تخمک بالغ و رویان دوسلولی گاو شد. این نشان می‌دهد که ژن فیلیا در تخمدان، تخمک و رویان گاو بیان می‌شود. بیان این ژن نشانه‌ی نقش احتمالی آن در تکامل رویان پیش از لانه‌گزینی در گاو است.

واژه‌های کلیدی: ژن فیلیا، تکامل پیش از لانه‌گزینی، تخمک بالغ، رویان دوسلولی.

مقدمه

هنگامی که تخمک وارد مرحله‌ی رشد و بلوغ می‌شود، پروتئین‌های مادری درون آن تجمع می‌کنند (۹). عوامل مادری، تکامل رویان اولیه پیش از فعال شدن ژنوم رویان، مراحل کلیواژ بعدی و ایجاد اجداد سلولی را کنترل می‌کنند (۱، ۲، ۳). بررسی ژنتیکی در موش منجر به شناسایی چندین ژن با آثار مادری شد که از آن‌ها می‌توان به فیلیا اشاره کرد. mRNA فیلیا توسط یک ژن تک کپی با سه اگزون در کروموزوم ۹ موش کد می‌شود. پروتئین آن دارای ده تکرار از یک توالی ۲۳ اسیدآمینوای است که در نزدیکی انتهای کربوکسیل آن قرار دارد که در ژنوم موش اختصاصی است (۴). بیان این ژن منحصراً در تخمک در حال رشد حیوانات بالغ شناسایی شده است. ژن خاموش‌شده‌ی فیلیا در موش منجر به کاهش تعداد فرزندان به یک‌دوم حالت طبیعی یا هتروزیگوت می‌شود. عدم حضور فیلیا باعث تأخیر در روند چرخه‌ی سلولی و اختلال در تکامل پیش از لانه‌گزینی می‌شود. از آن‌جا که پروتئین فیلیا در موش با این پروتئین در موش صحرائی (۶۷٪) و انسان (۴۱٪) همولوژی دارد (NCBI)، این فکر ایجاد شده است که پروتئین فیلیا در تخمک گاو نیز حضور و نقش مهمی داشته باشد. در این تحقیق وجود آن مورد بررسی قرار گرفته است.

مواد و روش‌ها

طراحی آغازگر- بر اساس توالی کل ژنوم گاو (۱۱) و تکامل گونه‌ای خانواده‌ی ژنی KHDC1/DPPA5/FILIA/OOEP در رحم‌داران (۷)، توالی mRNA فیلیا گاو در پایگاه داده‌های NCBI در کروموزوم ۹ آن پیش‌بینی شده است. برای بررسی بیان این ژن، آغازگرهایی بر اساس این توالی پیش‌بینی شده به کمک نرم‌افزار OLIGO5 طراحی شد. نخستین طراحی بر اساس توالی پیش‌بینی شده‌ی mRNA فیلیا گاو با کد دسترسی XM_868481.4 صورت گرفت و انتظار می‌رفت که قطعه‌ای به طول ۸۴۶ bp را تکثیر کند. توالی آغازگرها در جدول ۱ آمده است. بخش ابتدایی توالی پیش‌بینی شده‌ی mRNA فیلیا گاو به عنوان اگزون فرضی یک با mRNA فیلیا انسان در پایگاه داده‌ی NCBI بلاست گذاشته شد و پس از مشاهده‌ی ۸۰٪ یکسانی نوکلئوتیدی، از این بخش نیز طراحی آغازگر صورت گرفت که توالی آن‌ها نیز در جدول ۱ آمده است. هر دو جفت آغازگر برای بررسی عدم یکسانی با سایر نقاط ژنومی گاو با در پایگاه داده‌ی NCBI با کل ژنوم گاو بلاست گذاشته شد.

استخراج RNA- تخمدان‌ها از کشتارگاه راک واقع در کرج جمع‌آوری و به آزمایشگاه منتقل شدند. سپس فولیکول‌های ۲-۶ میلی‌متری آسپیره شدند و تخمک‌های دارای سیتوپلاسم یکپارچه به کمک پیپت در زیر میکروسکوپ جداسازی و به محیط کشت شامل TCM199، ۱۰۰ نانوگرم در میلی‌لیتر EGF و ۱۰٪ FBS که به صورت قطره‌های ۱۰۰ میکرولیتری تهیه شده بود، منتقل شدند و در انکوباتور با شرایط ۵٪ CO₂ و دمای ۳۸/۵°C به مدت ۲۴ ساعت نگهداری شد. تخمک‌های بالغ برحسب گسترش کومولوس‌ها جدا شدند و پس از جدا کردن کومولوس‌ها برای استخراج RNA مورد استفاده قرار گرفتند. برای به دست آوردن رویان دوسلولی، گروه‌های ده تایی از تخمک‌های بالغ پس از شستشو وارد قطره‌های ۵۰ میکرولیتری لقاح شدند و با ۵ میکرولیتر از اسپرم با غلظت ۱۰×۱۰^۶ در میلی‌لیتر، برای ایجاد غلظت نهایی ۱×۱۰^۶ در میلی‌لیتر تلقیح شدند. سپس به مدت ۲۲ ساعت درون انکوباتور با شرایط ۵٪ CO₂ و دمای ۳۸/۵°C نگهداری شدند. تخمک‌های بارور شده‌ی احتمالی پس از جدا کردن کومولوس‌ها به محیط SOF (مایع اویداکت سنتزی) شامل ۵٪ FBS منتقل شدند و پس از ۲۴ ساعت کشت در دمای ۳۸/۵°C در انکوباتور با شرایط ۵٪ CO₂، رویان‌های دوسلولی برای استخراج RNA مورد استفاده قرار گرفتند. کلیه‌ی استخراج‌ها به کمک کیت Qiagen RNeasy® Plus Micro انجام شد. استخراج RNA از بافت تخمدان نیز به روش استخراج دستی با Trizol انجام گرفت.

RT-PCR -RNAهای استخراج شده در واکنش رونویسی معکوس به کمک پرایمرهای رندوم هگزامر (Fermentas) و آنزیم رونوشت‌بردار معکوس (Fermentas) به مدت یک ساعت در دمای ۴۲°C تبدیل به cDNA شدند. سپس cDNA ژن مورد نظر و ژن شاخص Histone H2a (۸) با شرایط مطابق با جدول ۲ وارد واکنش زنجیره‌ای پلیمرز شد. آغازگرهای پیش‌رو و معکوس برای ژن فیلیا و ژن شاخص در جدول ۱ آمده است. محصولات واکنش در ژل آگارز ۱/۲٪ الکتروفورز شدند و پس از بررسی UV، نتایج به صورت عکس ثبت شدند.

جدول ۱- آغازگرهای پیش‌رو و معکوس

معکوس	پیش‌رو	
۳'-ctaacacccagctgtaacagt-۵'	۳'-cctctcccaagcgggtttcc-۵'	آغازگرهای اول ژن فیلیا
۳'-gcgggatgatacgggtctt-۵'	۳'-ctggacgtggcaacaagg-۵'	آغازگرهای دوم ژن فیلیا

آغازگرهای ژن شاخص	۳'-ctggacgtggcaacaagg-۵'	۳'-gcgggatgatacgggtctt-۵'

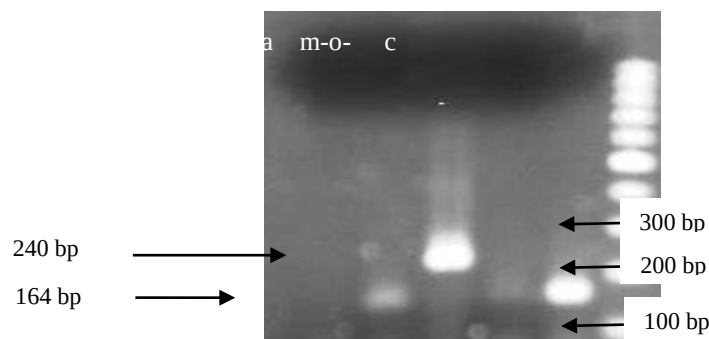
جدول ۲- شرایط PCR

آغازگرهای اول	آغازگرهای دوم	شرایط
۵ دقیقه، ۹۵ °C	۵ دقیقه، ۹۵ °C	واسرشت سازی اولیه
۴۵ ثانیه، ۹۵ °C	۲۰ ثانیه، ۹۵ °C	واسرشت سازی
۴۰ ثانیه، ۵۸ °C	۲۰ ثانیه، ۵۸ °C	اتصال آغازگر
۱ دقیقه، ۷۲ °C	۲۰ ثانیه، ۷۲ °C	تکثیر
۱۰ دقیقه، ۷۲ °C	۵ دقیقه، ۷۲ °C	تکثیر نهایی

نتایج و بحث

واکنشی که با آغازگرهای اول صورت گرفت، هیچ گونه تکثیری از ژن فیلپا با طول پیش‌بینی شده به همراه نداشت و از آنجا که توالی مربوط به ژن شاخص با طول ۲۴۰ bp تکثیر شد، اشکال در استخراج RNA و سنتز cDNA نبود. پس می‌توان احتمال داد که mRNA پیش‌بینی شده در پایگاه داده‌ها کاملاً مطابق با mRNA حقیقی فیلپا پیش‌بینی نشده است. ممکن است در اتصال اگزون‌های mRNA حقیقی تفاوت‌هایی با آنچه پیش‌بینی شده (XM_868481.4)، وجود داشته باشد. همچنین ممکن است توالی ۸۴۶ بازی دارای توالی های غنی از GC باشد (همان گونه در توالی پیش‌بینی شده، درصد بالایی از GC وجود دارد) و تکثیر آن با شرایط ذکر شده ممکن نباشد.

واکنشی که به کمک آغازگرهای دوم صورت گرفت منجر به تکثیر هر دو ژن فیلپا (با طول قطعه‌ی ۱۶۴ bp) و شاخص (با طول قطعه‌ی ۲۴۰ bp) در تخمدان، تخمک بالغ و نیز رویان دوسلولی گاو شد (شکل ۱) و این نشان‌دهنده‌ی این است که ژن فیلپا در تخمدان، تخمک و رویان گاو بیان می‌شود. عدم فعالیت ژن فیلپا در موش باعث تأخیر در روند چرخه‌ی سلولی و اختلال در تکامل پیش از لانه‌گزینی می‌شود (۱۰). با توجه به این یافته‌ها احتمالاً این ژن نقش مهمی نیز در تکامل رویان اولیه‌ی گاو دارد. پیش‌تر بیان ژن‌های مادری دیگری مانند ZAR1، MATER و نیز ژن‌های BMP15 و GDF9 به روش RT-PCR در تخمک گاو شناسایی شده بود (۶). بیان ژن فیلپا در موش محدود به تخمک در حال رشد و بخش کوچکی از بافت سوماتیک اطراف آن است (۴).



شکل ۱- M : DNA ladder bp ۱۰۰ ، 2-c : رویان دوسلولی، ov : بافت تخمدان، H2a : ژن شاخص Histone H2a ، m-
o: تخمک بالغ، c- : کنترل منفی شامل آب بدون cDNA. بیان ژن فیلیا در رویان دوسلولی، بافت تخمدان و تخمک بالغ
مشخص شده است. بیان ژن شاخص و عدم تکثیر کنترل منفی نیز صحت آزمایش را نشان می‌دهد.

کاهش mRNA فیلیا در موش منجر به نقص در تکامل رویان پیش از لانه‌گزینی و بروز بالای انیوپلوئیدی ناشی از تجمع غیر
طبیعی دوک‌ها و عدم ترتیب کروموزوم‌ها می‌شود. فیلیا باعث تخصیص مناسب عوامل تنظیم‌کننده‌ی کلیدی تجمع دوک‌ها (مانند
γ-tubulin, PLK1, AURKA) به مرکز سازمان‌دهی میکروتوبول‌ها از طریق مسیر ارسال سیگنال RhoA می‌شود (۹). بیان
این ژن در تخمک و رویان گاو نشانه‌ی نقش احتمالی آن در تفکیک کروموزوم‌ها در رویان پیش از لانه‌گزینی است. ژن خاموش-
شده‌ی فیلیا در موش باعث کاهش درصد رویان‌هایی می‌شود که به مراحل تکاملی مورولا و بلاستوسیست می‌رسند. تخم‌های
دارای فیلیا خاموش‌شده بارور می‌شوند ولی پیشرفت چرخه‌ی سلولی طی مراحل کلیواژ، ۸-۶ ساعت به تأخیر می‌افتد (۳).
جهش‌هایی در ژن فیلیای انسانی شناسایی شده است که بر سقط جنین پی در پی مؤثر است (۵). بنابراین تغییرات در بیان این ژن
در گاو نیز ممکن است در میزان باروری ماده گاو‌ها مؤثر باشد. این فرضیات می‌توانند در آینده مورد بررسی قرار گیرند.

منابع

1. Latham, K. E. 1999. Mechanisms and control of embryonic activation in mammalian embryos. *International Review of Cytology*. 193: 71-124.
2. Latham, K. E. and R. M. Schultz. 2001. Embryonic genome activation. *Frontiers in Bioscience*. 6: 748-759.
3. Li, L., P. Zheng and J. Dean. 2010. Maternal control of early mouse development. *Development*. 137: 859-870.
4. Ohsugi, M., Z. Ping, B. Boris, L. Li and J. Dean. 2008. Maternally derived Filia-MATER complex localizes asymmetrically in cleavage-stage mouse embryos. *Development*. 135: 259-269.
5. Parry, D. A, C. V. Logan, B. E. Hayward, M. Shires, H. Landolsi, C. Diggle, I. Carr, C. Rittore, I. Touitou, L. Philibert, R. A. Fisher, M. Fallahian, J. D. Huntriss, H. M. Picton, S. Malik, G. R. Taylor, C. A. Johnson, D. T. Bonthron and E. G. Sheridan. 2011. Mutations causing Familial Biparental Hydatidiform Mole implicate C6orf221 as a possible regulator of genomic imprinting in the human oocyte. *American Journal of Human Genetics*. 89: 451-458.
6. Penner, S., S. Uzbekova, C. Perreau, P. Papillier, P. Mermillod and R. Dalbie `s-Tran. 2004. Spatio-Temporal Expression of the Germ Cell Marker Genes MATER, ZAR1, GDF9, BMP15, and VASA in Adult Bovine Tissues, Oocytes, and Preimplantation Embryos. *Biology of Reproduction*. 71: 1359-1366.
7. Pierre, A., M. Gautier, I. Callebaut, M. Bontoux, E. Jeanpierre, P. Pontarotti and P. Monget. 2007. Atypical structure and phylogenomic evolution of the new eutherian oocyte and embryo-expressed KHDC1/DPPA5/ECAT1/OOEP gene family. *Genomics*. 90: 583-594.
8. Robert, C., S. McGraw, L. Massiocotte, M. Pravetoni, F. Gandolfi and M. A. Sirard. 2002. Quantification of housekeeping transcript levels during the development of bovine preimplantation embryos. *Biology of Reproduction*. 67: 1465-1472.
9. Schultz, R.M. 1993. Regulation of zygotic gene activation in the mouse. *Bioessay*. 8: 531-538.

10. Zheng, P. and J. Dean. 2009. Role of Filia, a maternal effect gene, in maintaining euploidy during cleavage-stage mouse embryogenesis. *Proceeding of National Academic Sciences. USA.* 106(18): 7473-7478.
11. Zimin, A. V., A. L. Delcher, L. Florea, D. R. Kelley, M. C. Schatz, D. Puiu, F. Hanrahan, G. Pertea C. P. Van Tassell, T. S. Sonstegard, G. Marçais, M. Roberts, P. Subramanian, J. A. Yorke and S. L. Salzberg. 2009. A whole-genome assembly of the domestic cow, *Bos Taurus*. *Genome Biology.* 10: R42.

Tracking of the maternal effect gene "Filia" in bovine ovary, oocyte and invitro embryos
Azadeh Zahmatkesh^{1*}, Saeid Ansari Mahyari¹, Morteza Daliri Joupari², Abbas Shirazi³,
Hamidreza Rahmani¹

¹Department of Animal Sciences, College of agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran, ²Department of Animal and Marine Biotechnology, National Institute of Genetic Engineering and Biotechnology (NIGEB), Tehran, Iran, ³Department of Reproductive Biotechnology, Research Center, Avicenna Research Institute, ACECR, Shahid Beheshti University, Tehran, Iran

* Corresponding E-mail address: a.zahmatkesh@ag.iut.ac.ir

Abstract

To find the expression of maternal effect gene Filia, two pairs of primers were designed with OLIGO5 software, one according to the whole bovine Filia mRNA sequence predicted in NCBI (access no: XM_868481.4), and the other according to its partial homology with human Filia. Oocytes were transferred to the maturation media and after 24h, matured oocytes were used for RNA extraction. Numbers of mature oocytes were inseminated and after 22h, fertilized oocytes were transferred to SOF media after cumulus cell removal. After 24h, 2-cell embryos were used for RNA extraction. Also total RNA were extracted from bovine ovaries. After cDNA synthesis, Filia and the housekeeping gene (Histone-H2a) were amplified in PCR. The reaction with first primers did not work, maybe because the predicted mRNA is not predicted in accordance with the real one. In the second reaction, Filia (164 bp) and the house keeping (240 bp) genes were amplified in the bovine ovary, oocyte and embryo. This indicates the possible role for Filia in bovine pre-implantation development.

Keywords: Filia gene, pre-implantation development, mature oocyte, 2-cell embryo.

تجزیه جایگاه های ژنی (QTL) با مدل هاپلوتیپ تصادفی و تاثیر طول هاپلوتیپ در تشخیص مکانهای ژنی صحیح

غلامرضا داشاب و محمد رکوعی

استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

* نویسنده مسئول: غلامرضا داشاب، زابل - جاده بنجار-پردیس جدید دانشگاه زابل-گروه علوم

دامی dashab5@yahoo.co.in

چکیده

تحقیق حاضر به منظور تجزیه مکان های ژنی (QTL) با مدل هاپلوتیپ تصادفی در یک جمعیت شبیه سازی شده انجام گرفت. جمعیت شبیه سازی شده در آخرین نسل شامل ۲۰۰۰ حیوان حاصل از ۲۰ فامیل ناتنی پدری بود که هر کدام از والد های نر با ۱۵ والد ماده آمیزش داده شده و از فامیل تنی ۱۵ نتاج حاصل شده است منتهی فقط ۱۰ نتاج آنها دارای رکورد فنوتیپی هستند. داده های ژنوتیپی شامل ۹۹۹۰ SNP توزیع شده بر روی ۵ کروموزوم که هر کروموزوم دارای طول ۱۰۰ سانتی مورگان می باشد و مارکر به فاصله یکسانی از هم قرار دارند. در ژنوم ۸ QTL شبیه سازی شد که به ترتیب ۱، ۲، ۲، ۱ و ۲ بر روی کروموزوم های ۱ تا ۵ است. مدل هاپلوتیپ تصادفی با طول ها مختلف شامل ۲، ۳، ۴، ۵، ۶، ۷، ۸ و ۱۲ نوکلئوتید بر روی داده های فوق اجرا گردید. مدل هاپلوتیپ تصادفی در تشخیص صحیح جایگاه های QTL شبیه سازی شده قوی بود و توانست ۷ تا از ۸ QTL شبیه سازی شده را با دقت بالا و در دامنه کمتر از ۲ سانتی مورگان از محل اصلی شناسایی نماید. مدل هاپلوتیپ با ۵ نوکلئوتید بیشترین دقت در شناسایی دقیق QTL اصلی و کمترین تعداد خطا را دارا بود.

واژگان کلیدی: هاپلوتیپ تصادفی، مکان یابی ژنی، صفات کمی، چند شکلی تک نوکلئوتید

مقدمه

اکثر صفات اقتصادی در حیوانات اهلی، صفات کمی و دارای توزیع پیوسته و نرمال هستند. برای توجیه تنوع چنین صفاتی دو مدل پیشنهاد گردیده است، مدل نامحدود ژنی^{۱۰۴} و مدل محدود ژنی^{۱۰۵}. با توجه به محدود بودن ژنوم (حدود ۲۰۰۰۰ ژن) در کل ژنوم حیوانات بدین معنی است که تعداد محدودی جایگاه مسئول تنوع در صفات کمی هستند. کاوش برای یافتن جایگاه هایی که اصطلاحاً QTL^{۱۰۶} نامیده می شود و استفاده از اطلاعات فوق برای افزایش دقت حیواناتی که از نظر ژنتیکی برتر هستند، انگیزه بیشتر تحقیقات دو دهه گذشته را تشکیل داده است. برای مکان یابی QTL دو روش عمده مورد استفاده قرار گرفته است، روش ژن های کاندید (Candidate gene) و روش های مکان یابی ژنی (QTL mapping). روش مکان یابی QTL فرض بر این است که مکان ژن های واقعی کنترل کننده صفت کمی ناشناخته است. معمولاً در این روش از مارکر های DNA استفاده می گردد و ارتباط بین تنوع آلی در هر مارکر و تنوع موجود در صفات کمی موجب شناسایی مکان های ژنی کنترل کننده صفت کمی می گردد. تا قبل از سال های اخیر، تعداد جایگاه های شناسایی شده بسیار محدود بود و مکان یابی ژنی

¹⁰⁴ Infinitesimal model

¹⁰⁵ Finite Loci model

¹⁰⁶ Quantitative Trait Loci

با استفاده از نقشه های پیوستگی انجام می گرفت، اما توسعه تکنولوژی های تعیین ژنوتیپ SNP^{۱۰۷} و تراکم مارکرها موجب گردید تا از میزان عدم تعادل پیوستگی (LD^{۱۰۸}) برای مکان یابی ژنی بهره گرفته شود.

با بهره گیری عدم تعادل پیوستگی بین مارکر ها، استراتژی های مختلفی برای مکان یابی QTL پیشنهاد گردیده از جمله روش های آماری مبتنی بر رگرسیون تک مارکری و استفاده از رگرسیون هاپلوتیپ های تصادفی و روش های آماری بیز که دقت هر کدام از روش ها فوق در مکان یابی ژن ها متفاوت است. لذا هدف از مطالعه اخیر مکان یابی QTL ها با روش هاپلوتیپ تصادفی (RHM) و تعیین بهترین طول مناسب در تشخیص دقیق تر مکان ژن ها است.

مواد و روش ها

جمعیت شبیه سازی شده

یک جمعیت غیر همخون با استفاده از نرم افزار LDSO (۵) شبیه سازی گردید. داده های در دسترس برای مکان یابی نهایی QTL از آمیزش تصادفی ۱۰۰۰ فرد در طی ۱۰۰۰ نسل در مرحله اول و در ادامه ۱۵۰ فرد در طی ۳۰ نسل آمیزش تصادفی بدست آمد. جمعیت نهایی مربوط به آخرین نسل در ساختار شجره شامل ۲۰ فامیل نتاج ناتنی پدری است که هر یک از والد های نر با تعداد ۱۰ والد ماده آمیزش داده شده و از هر والد ماده ۱۵ نتاج حاصل گردیده است که تنها ۱۰ تا از نتاج آنها دارای رکورد فنوتیپی هستند و در مجموع ۲۰۰۰ رکورد فنوتیپی در اختیار می باشد.

داده های ژنوتیپی مربوط به ۵ کروموزوم و ۹۹۹۰ مارکر SNP هستند که در فواصل یکسان از هم قرار دارند (۰/۰۵cM). طول هر کروموزوم ۱۰۰ سانتی مورگان و بر روی هر کروموزوم ۲۰۰۰ مارکر SNP قرار دارند. تعداد مکان های ژنی (QTL) شبیه سازی شده شامل یک QTL با اثر بزرگ در موقعیت ۲/۸۵ سانتی مورگان، دو QTL به هم پیوسته در موقعیت های ۸۱/۹ و ۹۳/۷۵ سانتی مورگان، دو QTL پیوسته ولی با اثرات مخالف هم در موقعیت های ۵ و ۱۵ سانتی مورگان، یک QTL در موقعیت ۳۲/۲ سانتی مورگان و دو QTL با اثرات اپیستاتیک در موقعیت های ۳۶/۳ و ۹۹/۲ سانتی مورگان به ترتیب بر روی کروموزوم های ۱ تا ۵ بود.

مدل رگرسیون هاپلوتیپ تصادفی مارکرها بر روی فنوتیپ (HRM^{۱۰۹})

در روش رگرسیون مبتنی بر هاپلوتیپ های تصادفی آلل های جایگاه های مجاور هم تشکیل یک هاپلوتیپ را می دهند و در بررسی ارتباط فنوتیپ با هاپلوتیپ های منتقل شده از پدر و مادر به نتاج در هر مرحله یک آلل به جلو رانده شده تا به انتهای کروموزوم برسد. مدل آماری طرح فوق عبارتست از:

$$y_i = \mu + u_i + q_{hm_i} + q_{hp_i} + e_i$$

در معادله فوق، y_i فنوتیپ حیوان i ، μ میانگین جمعیت، u_i اثرات پلی ژنیک حیوان، q_{hm_i} و q_{hp_i} اثرات تصادفی هاپلوتیپ پدری و مادری منتقل شده به حیوان i و e_i اثرات تصادفی باقیمانده است. برای اثرات پلی ژنیک حیوان فرض می گردد که دارای توزیع نرمال ($N(0, A\sigma_g^2)$) است که σ_g^2 واریانس ژنتیکی افزایشی و A ماتریس روابط ژنتیکی افزایشی حیوانات می باشد و همچنین فرض می گردد که دو عامل تصادفی دیگر یعنی هاپلوتیپ (q) و خطای باقیمانده (e) نیز دارای توزیع نرمال با میانگین صفر و واریانس های $I\sigma_h^2$ و $I\sigma_e^2$ هستند که I ماتریس واحد است. نسبت حداکثر در دستنمایی دو مدل

¹⁰⁷ Single Nucleotide Polymorphism

¹⁰⁸ Linkage disequilibrium

¹⁰⁹ Haplotype Random Model

با اثرات تصادفی هاپلوتیپ و بدون اثر هاپلوتیپ بیانگر اثرات جایگزینی هاپلوتیپ ها می باشد و در نقطه ای که بالاترین نسبت درستنمایی را دارند مکان QTL را نشان می دهند. در مطالعه اخیر طول هاپلوتیپ ها ۲، ۳، ۴، ۵، ۶، ۷، ۸ و ۱۲ جایگاه SNP در نظر گرفته شد و فرض می گردد که مکان QTL در وسط هاپلوتیپ است. آنالیز مدل هاپلوتیپ با نرم افزار DMU (۳) انجام گرفت.

نتایج

نتایج تجزیه مدل هاپلوتیپ با طول های متفاوت از SNP بر روی کروموزوم های ۱ تا ۵ در جدول ۱ خلاصه شده است. QTL های شناسایی شده در دامنه ۵ سانتی مورگان انحراف از مکان اصلی شبیه سازی شده نیز به عنوان QTL صحیح در نظر گرفته شد. مدل هاپلوتیپ تصادفی (RHM) از ۸ جایگاه شبیه سازی شده، توانست ۷ QTL منطبق بر مکان دقیق آن یا در فاصله نزدیک از مکان اصلی را شناسایی نماید، فقط مکان شبیه سازی شده بر روی کروموزوم ۴ که یک imprint QTL بود را نتوانست تشخیص دهد لذا مدل هاپلوتیپ تصادفی در شناسایی مکان های ژنی کنترل کننده صفات کمی یک روش نیرومند محسوب می گردد. مدل هاپلوتیپ تصادفی با توجه به این که از حداکثر ظرفیت عدم تعادل پیوستگی استفاده می نماید کارآمد تر از مدل تک مارکری است (۱). یکی از مشکلات مدل هاپلوتیپ تصادفی در تعداد QTL های خطا است شامل False negative و False positive که مرتبط با طول هاپلوتیپ است. تجزیه مدل دو نوکلئوتیدی همانند آنالیز تک جایگاهی تعداد False negative را افزایش داد. همچنین با افزایش طول هاپلوتیپ بیش از ۵bp مجدداً تعداد QTL های خطا نیز بیشتر شد. لذا بهینه ترین شرایط در آنالیز هاپلوتیپ تصادفی استفاده از ۴ تا ۵ SNP طول هاپلوتیپ می باشد که QTL در قسمت میانی آنها قرار دارد.

بحث

در مطالعه اخیر، از مدل های افزایشی بدون در نظر گرفتن ساختار ژنتیکی QTL های شبیه سازی شده استفاده گردید. هر چند مدل فوق در شناسایی مکان های ژنی شبیه سازی شده خیلی خوب عمل کرد و از ۸ مکان ژنی شبیه سازی شده توانست ۷ تا آنها را مکان یابی کند، اما یکی از مشکلات روش هاپلوتیپی تشخیص QTL های خطا است (False positive). از ۸ مدل هاپلوتیپ تصادفی استفاده شده، مدل با ۵ SNP طول هاپلوتیپ بهتر از سایر مدل ها در شناسایی مکان های QTL بود که با ۷ خطا (False positive) در ۵ کروموزوم همراه بود که ممکن است با تغییر سطح معنی داری تعداد آنها تغییر نماید. افزایش تعداد QTL های خطا (False positive) در مدل هاپلوتیپ تصادفی ممکن است مربوط به فراوانی پایین بعضی از هاپلوتیپ ها باشد که موجب کاهش دقت برآورد ها و منجر به خطا در مکان یابی ژن می شود (۲ و ۴).

نتیجه گیری

استفاده از تجزیه مدل هاپلوتیپ تصادفی در شناسایی جایگاه QTL های شبیه سازی شده بسیار کارآمد بود. بهترین نتیجه از آنالیز با ۵ bp حاصل شد. در استفاده از مدل هاپلوتیپ تصادفی می بایست به فراوانی هاپلوتیپ ها و روابط بین QTL توجه گردد تا بهترین نتیجه حاصل گردد.

جدول ۱- موقعیت QTL های شناسایی شده با روش RHM و طول های متفاوت هاپلوتیپ

طول هاپلوتیپ (bp)									کروموزوم
۱۲	۸	۷	۶	۵	۴	۳	۲	موقعیت اصلی	
cM									
۲/۷۲	۲/۷۲	۲/۸۸	۲/۸۸	۲/۸۸	۲/۹۶	۳/۲۸	۳/۶	۲/۸۵	۱
۷۸/۱۶	۷۸/۲۴	۷۸/۶۴	۷۸/۱۶	۷۸/۶۴	۷۸/۶۴	۷۸/۶۴	۷۸/۴۸	۸۱/۹۰	۲
۹۱/۱۲	۹۲/۱۶	۹۲/۱۶	۹۲/۳۲	۹۲/۳۲	۹۲/۳۲	۹۲/۲۴	۹۱/۹۲	۹۳/۷۵	۲
۲/۷۲	۳/۴۴	۳/۴۴	۳/۶۰	۳/۶۰	۳/۶۸	۳/۶۸	۳/۶۰	۵/۰۰	۳
۱۱/۱۲	۱۰/۷۲	۱۲/۳۲	۱۰/۸۸	۱۰/۹۶	۱۲/۵۶	۱۲/۶۴	۱۲/۹۶	۱۵/۰۰	۳
*	*	*	*	*	*	*	*	۳۲/۲۰	۴
۳۵/۷۸	۳۵/۷۸	۳۵/۷۸	۳۶/۰۵	۳۵/۹۵	۳۶/۰۴	۳۶/۰۴	۳۶/۲۹	۳۶/۳۰	۵
۹۰/۱۸	۹۰/۱۸	۹۰/۳۵	۹۰/۲۷	۹۰/۲۷	۹۰/۲۷	۹۰/۲۷	۹۰/۴۴	۹۹/۲۰	۵
۱۳	۱۳	۱۳	۱۷	۷	۱۰	۱۴	۱۸	False positive	

* False negative

References

1. Akey J, L. Jin, M. Xiong: Haplotypes vs single marker linkage disequilibrium tests: what do we gain? European Journal of Human Genetics 2001, 9:291-300. 9th
2. Hayes B.J., M.E. Goddard. 2001. The distribution of the effects of genes affecting quantitative traits in livestock. Genet. Sel. Evol., 33,209-229.
3. Madsen, P. and J. Jensen: DMU-A user's guide, A package for analyzing multivariate mixed models. Version 6, DJF, Foulum, Denmark 2011. Release 5.
4. Sahana, G., B. Guldbrandtsen, L. Janss, M.S. Lund. 2010b. Comparison of association mapping methods in a complex pedigreed population. Genet Epidemiol. 34(5):455-62.
5. Ytournal F. PhD thesis. AgroParisTech; 2008. Linkage disequilibrium and QTL fine mapping in a selected population.

Analysis of QTL mapping with Random Haplotype model and the effects of haplotype length on the correct position of QTL

Gholam Reza Dashab and Mohammad Rokouei

Assistant Professor of Animal science, College of Agriculture, University of Zabol, Iran

* Corresponding E-mail address: Gholam Reza Dashab Dashab5@yahoo.co.in

Abstracts

In the recent research, the analysis of QTL mapping was carried out with Random Haplotype model in the simulated dataset. The latest generation of the simulated population composed of 2000 progeny with records which was produced from 20 paternal half-sib families. Each sire mated with 15 dams and each dam produced 15 progenies that full sibs are available only 10 records. SNP data was include 9990 that distributed on five chromosome. Length of each chromosome was considered 100 cM and marker interval are the same. In the five chromosomes simulated 8 QTL totally. The number of QTL on chromosome 1 to 5 was 1, 2, 2, 1 and 2 respectively. The model of Random Haplotype was running on dataset with different length include 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8 and 12bp nucleotides. Out of 8 simulated QTL, this model detected 7 QTL in the correct position with minimum error in distance from real QTL, therefore Random Haplotype model could be use as the powerful method for detection of simulated QTL. Finally, the Haplotype model with 5 SNP lengths was the more powerful in detection of QTL with minimum false positive.

Key words: Random haplotype, QTL mapping, Quantitative trait, Single nucleotide polymorphism

بررسی QTL برای صفت وزن بدن در سنین مختلف در بلدرچین ژاپنی

الهام رضوان نژاد^{۱*}، عباس پاکدل^۲، سید رضا میرایی آشتیانی^۳

۱: گروه بیوتکنولوژی، مرکز بین المللی علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، کرمان، ۲: گروه علوم دامی، پردیس کشاورزی و

منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج

*نویسنده مسئول: الهام رضوان نژاد، مرکز بین المللی علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، گروه بیوتکنولوژی

Rezvannejad2002@yahoo.com

چکیده:

وزن بدن از جمله صفات مهم اقتصادی و در عین حال پیچیده در طیور است که انتخاب به کمک نشانگر^{۱۱۰} (MAS) می تواند در بهبود آن نقش قابل توجهی داشته باشد. هدف از مطالعه حاضر تعیین جایگاههای صفات کمی مرتبط با وزن بدن در سنین مختلف با استفاده از طرح ناتنی^{۱۱۱} بود. ۲۲۰ بلدرچین ژاپنی برای ۶ نشانگر ریز ماهواره^{۱۱۲} بر روی کروموزومهای شماره ۲ و ۹ تعیین ژنوتیپ شده و به روش نقشه یابی فاصله ای^{۱۱۳} برای تعیین^{۱۱۴} QTL های موثر بر وزن بدن در سنین مختلف شامل وزن تولد، ۱، ۲، ۳ و ۴ هفتگی استفاده شدند. برای وزن بدن در زمان تولد و نیز وزن بدن در سن ۱ هفتگی، QTL های موثری ($P < 0.01$) بر روی کروموزوم شماره ۲ شناسایی شد. برای وزن بدن در سنین ۳ ($P < 0.05$) و ۴ ($P < 0.01$) هفتگی نیز QTL های موثری روی کروموزوم شماره ۱ شناسایی شد. علاوه بر این برای وزن بدن در سن ۴ هفتگی دو QTL بر روی کروموزومهای ۲ و ۹ پیشنهاد شد ($P < 0.10$). QTL شناسایی شده برای وزن تولد ۱/۲۵٪، QTL شناسایی شده برای وزن ۱ هفتگی ۱/۶۳٪، QTL شناسایی شده برای وزن در سن ۳ هفتگی ۱/۱۸٪ و QTL شناسایی شده وزن در سن ۴ هفتگی ۱/۱۳٪ از واریانس فنوتیپی را شرح می دهند. QTL های شناسایی شده برای وزن بدن در سنین مختلف در این تحقیق می توانند در بررسی ژنهای کاندیدا و نیز انجام انتخاب به کمک نشانگر برای صفت وزن بدن در بلدرچین ژاپنی مفید و سودمند باشند. واژه های کلیدی: QTL- وزن بدن- نشانگرهای ریز ماهواره- طرح ناتنی- بلدرچین ژاپنی

مقدمه:

علی رغم اینکه تنوع زیادی در صفات مختلفی که در بلدرچین ژاپنی مورد مطالعه قرار گرفته اند، وجود دارد اما مطالعات اندکی در خصوص شناسایی گروههای پیوستگی^{۱۱۵} در بلدرچین ژاپنی انجام شده است و به همین دلیل تعداد اندکی ژن کنترل کننده صفات مهم اقتصادی در این گونه نقشه یابی شده است (۱۳).

در بلدرچین ژاپنی گزارشات محدودی در خصوص شناسایی QTL با استفاده از نشانگرهای DNA ارائه شده است. Beaumont و همکاران (۲۰۰۵) با استفاده از نشانگرهای AFLP که قبلاً توسط Roussot و همکاران (۲۰۰۳) شناسایی شده بود به بررسی QTL های موثر بر وزن بدن و ۱۱ صفت مربوط به شایستگی پرداختند. Minvielle و همکاران (۲۰۰۵) با استفاده از نشانگرهای ریز ماهواره که توسط Kayang و همکاران (۲۰۰۴) شناسایی شده بود به تجزیه و تحلیل QTL ها برای برخی صفات اقتصادی پرداختند. از آنجایی که طبق بررسی های به عمل آمده بجز برای وزن بدن در سن ۳۵ روزگی، مطالعه

¹¹⁰ Marker assist selection

¹¹¹ Half sib design

¹¹² Microsatellite

¹¹³ Interval mapping

¹¹⁴ Quantitative trait loci

¹¹⁵ Linkage groups

دیگری برای شناسایی QTL های مرتبط با وزن بدن در سایر سنین در بلدرچین ژاپنی انجام نشده است، تحقیق حاضر اولین مطالعه جهت بررسی وجود QTL های موثر بر صفات وزن بدن از تولد تا سن ۴ هفتگی در این گونه می باشد. مواد و روشها:

جمعیت F_2 مورد استفاده از تلاقی بین دو لاین H (انتخاب شده برای افزایش وزن ۴ هفتگی) و لاین L (انتخاب شده برای کاهش وزن ۴ هفتگی) حاصل شده بود. دو لاین والدینی H و L، اختلاف معنی داری در وزن بدن در سن ۲۸ روزگی با یکدیگر داشتند ($P < 0.01$). برای این منظور ۱۰ نر از لاین سنگین وزن (H) با ۱۲ ماده از لاین سبک وزن (L) و همچنین ۱۰ نر از لاین سبک وزن با ۱۲ ماده از لاین سنگین وزن جهت تولید بلدرچینهای نسل F_1 مورد استفاده قرار گرفتند ($H \times L$, $L \times H$). نرهای F_1 حاصل، هر کدام با ۲ یا ۳ ماده از گروه شاهد که رابطه خویشاوندی با یکدیگر نداشتند آمیزش داده شده و نسل F_2 را بوجود آوردند. ۴ خانواده ناتنی بزرگ (خانواده های مورد استفاده تعداد ۴۹، ۵۲، ۵۴ و ۶۵ بلدرچین حاصل از ۲ هج را شامل می شدند) از بین خانواده های ناتنی تولید شده برای آنالیز QTL مورد استفاده قرار گرفتند. پرندگان F_2 در داخل قفس و بر روی بستری که دسترسی آنها به غذا شامل ۲۶٪ پروتئین خام و ۲۹۰۰ کیلوکالری بر کیلوگرم انرژی قابل متابولیسم و آب به صورت آزاد بود پرورش داده شدند. وزن تولد، ۱، ۲، ۳ و ۴ هفتگی اندازه گیری شد

در این تحقیق از ۶ نشانگر ریزماهواره موجود بر روی ۳ کروموزوم ۱، ۲ و ۹ با قدرت اطلاع دهندگی بالا استفاده گردید. بر اساس تنها مطالعه انجام شده، QTL های معنی داری برای صفت وزن بدن در سن ۵ هفتگی با استفاده از این نشانگرها شناسایی شده اند (۸). خونگیری بعد از کشتار و از طریق ورید گردنی پرندگان مورد آزمایش انجام شد. DNA ژنومی حاصل از نمونه های خون بدست آمده، به روش نمکی (۳) استخراج گردید. محصولات PCR با استفاده از ژل ۶٪ پلی اکریل آمید الکتروفورز شدند. اندازه باندها با استفاده از نرم افزار TOTAL Lab (<http://www.totallab.com>) تعیین گردید. به طور کلی ۴ پرنده از نسل F_1 (۴ پدر) و نیز فرزندان آنها در نسل F_2 (۲۲۰ پرنده) تعیین ژنوتیپ شدند. از نرم افزار QTL express (<http://qtl.cap.ed.ac.uk>) و مدل ناتنی برای تجزیه و تحلیل QTL استفاده شد. اثرات جنس و هج بعنوان اثرات ثابت در مدل منظور گردید. درصد اختلاف مجموع مربعات باقیمانده بین دو مدل کامل و کاهش یافته به عنوان درصدی از واریانس فنوتیپی که توسط QTL مورد نظر توجیه می شود، در نظر گرفته شد. سطح معنی داری با استفاده از آزمون جایگشت^{۱۱۶} (۲) محاسبه شد.

نتایج و بحث:

QTL های شناسایی شده برای صفات وزن بدن در سنین تولد (هج) تا ۴ هفتگی با استفاده از آنالیز مدل ناتنی در جدول ارائه شده است.

¹¹⁶ Permutation test

جدول ۱: بررسی QTL های موثر بر صفات وزن بدن در سنین مختلف با استفاده از مدل ناتنی بر روی کروموزومهای شماره ۱، ۲ و ۹

صفت	کروموزوم	محدوده مارکری	جایگاه (cM)	F _{ratio} *	†% واریانس QTL
BW ₀	۲	CUJ0027, CUJ0063	۶۰	۷/۵۱**	۱/۲۵
BW ₁	۲	CUJ0027, CUJ0063	۶۰	۸/۳۵**	۱/۶۳
BW ₃	۱	CUJ0055, CUJ0052	۱۱	۴/۶۸*	۱/۱۸
BW ₄	۱	CUJ0055, CUJ0052	۱۳	۶/۲۰**	۱/۱۳
BW ₄	۲	CUJ0027, CUJ0063	۶۰	۲/۸۲†	۱/۰۵
BW ₄	۹	CUJ0071, CUJ0074	۴	۲/۳۳†	۱/۰۶

*: † در حد پیشنهادی در سطح ۰/۱۰، * معنی دار در سطح ۰/۰۵ در سطح کروموزوم، ** معنی دار در سطح ۰/۰۱ در سطح کروموزوم †: درصد کل واریانس توجیه شده توسط QTL

در بررسی QTL ها، مدل تلاقی لاینها نسبت به مدل ناتنی، مشروط به اینکه آلهای در لاینهای مورد بررسی تثبیت شده باشند، از قدرت بالاتری برخوردار است (۱۶). در تحقیق حاضر لاینهای مورد استفاده، برای وزن بدن در سن ۴ هفتگی به صورت کوتاه مدت مورد انتخاب قرار گرفته بودند و بنابراین احتمال اینکه آلهای QTL در این لاینها تثبیت شده باشند بعید بنظر می رسد، لذا در این تحقیق استفاده از مدل ناتنی نسبت به مدل تلاقی لاینها ترجیح داده شد.

وجود QTL معنی دار برای صفات وزن بدن در مرغ در گزارشات مختلفی بر روی کروموزوم شماره ۱ گزارش شده است (۴، ۶، ۱۱، ۱۲ و ۱۴). در بلدرچین نیز، Minvielle و همکاران (۲۰۰۵) برای صفات وزن بدن در سن ۵ هفتگی و میزان غذای مصرفی در سن پنج هفتگی به ترتیب QTL های معنی داری بر روی کروموزوم شماره ۱ شناسایی و گزارش نموده اند. از آنجایی که در تحقیق حاضر نیز برای صفات وزن بدن در سنین ۳ و ۴ هفتگی QTL های معنی داری بر روی کروموزوم شماره ۱ ملاحظه شد، لذا می توان اینطور نتیجه گیری نمود که بزرگترین کروموزوم (کروموزوم شماره ۱) در بلدرچین و مرغ می تواند حاوی QTL های مهم با جایگاههای یکسان برای صفات مرتبط با رشد باشد. البته این نتیجه باید به طور گسترده تری مورد بررسی قرار گرفته و بین گونه های دیگری از طیور نیز مورد تجزیه و تحلیل قرار گیرد.

QTL های شناسایی شده برای صفات رشد در این تحقیق تنها ۱/۰۵-۱/۶۳٪ از واریانس فنوتیپی را شرح می دهد. یکی از دلایلی که می توان برای این امر ذکر نمود این است که صفات رشد صفات ترکیبی و پیچیده ای هستند که تحت تاثیر تعداد زیادی جایگاه ژنی قرار دارند و عوامل محیطی و مدیریتی نظیر میزان غذای مصرفی، نوع جیره غذایی، ترکیبات بدن، فعالیت فیزیکی و شرایط جایگاه و غیره بر آن ها موثر می باشند (۹).

از آنجایی که این تحقیق، گام در شناسایی QTL های موثر بر وزن بدن در بلدرچین می باشد، لذا توصیه می شود که در تحقیقات بعدی و با استفاده از نشانگرهای بیشتری نظیر نشانگرهای SNP (Single Nucleotide Polymorphism Markers) بر روی نواحی خاصی از کروموزومهای مورد بررسی که QTL های شناسایی شده در آن نواحی قرار گرفته اند، تمرکز صورت گیرد. همچنین شناسایی ژنهای جدید در نواحی مورد بررسی از ژنوم بلدرچین و نیز تعیین ژنهای کاندیدا برای صفات رشد در بلدرچین می تواند از اقدامات بعدی در این زمینه باشد. همچنین در مطالعات انجام شده بر روی ژنوم مرغ،

مشخص شده است که ژن فاکتور رشد شبه انسولین که بر روی کروموزوم شماره ۱ قرار گرفته است با صفات رشد مرتبط می باشد (۱۵). به این ترتیب بررسی اثر این ژن بعنوان ژن کاندیدا برای صفات مرتبط با وزن در سنین کشتار می تواند از اهمیت خاصی برخوردار باشد.

منابع:

- 1- Beaumont, C., O. Roussot, K. Fève, F. Plisson-Petit, Leroux, S., Pitel, F., Faure, J.M., Mills, A.D., Guémené, D., Leterrier, C., Sellier, N., Mignon-Grasteau, S., Sellier, N., Le Roy, P., Perez-Enciso, M. & Vignal, A. 2005. Genetic analysis of tonic immobility in Japanese quail with AFLP markers. *Anim Genet.* 36:000-000.
- 2- Churchill, G.A., & R.W. Doerge. 1994. Empirical threshold values for quantitative trait mapping. *Genet.* 138:963-971.
- 3- Helms, C.1990. Salting out procedure for human DNA extraction. In the doniskeller lab-manual home page (online). [http://hdkkklab.Wustl.edu/lab manual/dna/dna2.html](http://hdkkklab.Wustl.edu/lab%20manual/dna/dna2.html).
- 4- Jennen, D.G.J., A.L.J. Vereijken, H. Bovenhuis, R.M.P.A. Crooijmans, J.J. van der Poel, & M.A.M. Groenen. 2005. Confirmation of quantitative trait loci affecting fatness in chicken. *Genet. Sel. Evol.* 37:215-228.
- 5- Kayang, B. B., A. Vignal, M. Inoue-Murayama, M. Miwa, J.L. Monvoisin, S. Ito, & F. Minvielle. 2004. A first generation micro satellite linkage map of the japeanas quail. *Anim. Genet.* 35: 195-200.
- 6- Kerje, S., Ö. Carlborg, L. Jacobsson, K. Schütz, C. Hartmann, P. Jensen, & L. Andersson. 2003. The twofold difference in adult size between the red jungle fowl and White Leghorn chickens is largely explained by a limited number of QTLs. *Anim. Genet.* 34:264-274.
- 7- Minvielle, F. 2004. The future of Japanese quail for research and production. *World's Poult. Sci.* 60:500-507.
- 8- Minvielle, F., B. B. Kayang, M. Inoue-Murayama, M. Miwa, A. Vignal, D. Gourichon, A. Neau, J. L. Monvoisin, & S. Ito. 2005. Microsatellite mapping of QTL affecting growth, feed consumption, egg production, tonic immobility and body temperature of Japanese quail. *BMC Gene.* 6:87-96.
- 9- Park, H., L. Jacobsson, P. Wahlberg, P. B. Siegel & L. Andersson. 2006. QTL analysis of body composition and metabolic traits in a intercross between chicken lines divergently selected for growth. *Physiol. Genom.* 25:216-223.
- 10- Roussot, O., K. Fève, F. Plisson-Petit, F. Pitel, JM. Faure, C. Beaumont & A. Vignal. 2003. AFLP linkage map of the Japanese quail *Coturnix japonica*. *Gen. Sel. Evol.* 35:559-572
- 11- Sewalem, A., D.M. Morrice, A. Law, D. Windsor, C.S. Haley, C.O. Ikeobi, D.W. Burt, & P.M. Hocking. 2002. Mapping of quantitative trait loci for body weight at three, six, and nine weeks of age in a broiler layer cross. *Poult. Sci.* 81:1775-1781.
- 12- Tatsuda, K., & K. Fujinaka,. 2001. Genetic mapping of the QTL affecting body weight in chickens using a F2 family. *Br. Poult. Sci.* 42:333-337.
- 13- Tsudzuki, M. 2008. Mutations of Japanese quail (*coturnix japonica*) and recent advances of molecular genetics for this species. *Jour. Poult. Sci.* 45:159-179.
- 14- Van Kaam, J.B., M. Groenen, H. Bovenhuis, A.Veenendaal, A.L. Vereijken, & J.A. van Arendonk. 1999. Whole genome scan in chickens for quantitative trait loci affecting growth and feed efficiency. *Poult. Sci.* 78:15-23.

- 15- Vasilatos-Younken, R., Y. Zhou, X. Wang, J.P. McMurtry, R.W. Rosebrough, E. Decuypere, N. Buys, V.M. Darras, S. der Geyten, & F. Tomas. 2000. Altered chicken thyroid hormone metabolism with chronic growth hormone (GH) enhancement in vivo: consequences for skeletal muscle growth. *Jour. Endo.* 166:609-620.
- 16- Weller, J. I. 2001. Quantitative trait loci analysis in animals. CABI Publishing, London.

QTL analysis for body weight trait at different ages in Japanese quail

Elham Rezvannejad^{1*}, Abbas Pakdel², Seyed Reza Miraei Ashtiani²

1:Dept. of Biotechnology, International Center for Science, High Technology & Environmental Science, Kerman, 2:Dept. of Animal Science, Faculty of Agriculture & Natural Resources, University of Tehran, Karaj

*Corresponding Email Address: Rezvannejad2002@yahoo.com

Abstract:

Body weight (BW) is a complex and important economic trait that MAS can improve it. The objective of current study was to identify QTLs that associate with BW at different ages in half-sib cross of Japanese quails that selected for BW at 4 wk of age. The body weights at different ages were measured in the F₂ population. A total 220 F₂ individuals were genotyped by 6 informative microsatellite markers on chromosomes 1, 2 and 9. The interval mapping was conducted to identify putative QTL. A QTL for BW at hatch and a QTL for BW at 1 wk of age were detected on chromosome 2 ($P < 0.01$), so that the significant QTLs explained 1.25% and 1.63% of the phenotypic variance. A QTL for BW at 3 wk of age was identified on chromosome 1 ($P < 0.05$). For BW at 4 wk of age, three QTL were identified on chromosomes 1 ($P < 0.01$), 2 and 9 at suggestive level ($P < 0.10$), the significant QTL explained 1.13% of the phenotypic variance. The results of current study identified chromosome regions harboring significant QTL that can affect BW traits. The results provide a useful reference for further candidate gene research and marker assisted selection for body weight.

Key words: body weight- MAS -half sib model- Japanese quail- QTL

آنالیز ژنتیکی جایگاه ژنی پروتئین Mx در مرغ های تجاری گوشتی و تخم گذار

صدیقه ملک شاهدهی^{۱*}، سید حسن حافظیان^۱، قدرت رحیمی میانجی^۱، زربخت انصاری پیرسرائی^۱، بهنام کامجو^۱، نورالدین مرادی^۱ و کسری احمدیان^۱

۱-آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام، گروه علوم دامی، دانشکده علوم دام و آبزیان، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

صدیقه ملک شاهدهی، s.malekshahdehi@gmail.com

چکیده

تایید شده است که یک جابه جایی آمینواسیدی در انتهای کربوکسیلی جایگاه پروتئین Mx، عامل تعیین کننده در فعالیت آنتی ویروسی در طیور می باشد. جایگزینی آمینواسید سرین (آل A) با آمینواسید آسپاراژین (آل G) در جایگاه ۶۳۱ پروتئین Mx، فعالیت آنتی ویروسی متفاوتی را نشان می دهد. آل (A) و آل (G) به ترتیب موجب فعالیت آنتی ویروسی مثبت و منفی در جوجه ها می شود. در این مطالعه، به منظور شناسایی چند شکلی آللی و برآورد فراوانی ژنوتیپ هادر این جایگاه ژنی، ۱۰۰ قطعه مرغ به طور تصادفی از یکی از گله های مرغ گوشتی و تخم گذار (به ازای هر جمعیت ۵۰ قطعه) انتخاب و استخراج دی ان ایه روش نمکی بهینه یافته انجام گرفت. با استفاده از یک جفت پرایمر اختصاصی قطعاتی به طول ۲۹۹ جفت باز از اگزون ۱۳ ژن Mx تکثیر و برای شناسایی SNP از روش PCR-RFLP و آنزیم Hpy8I استفاده شد. فراوانی آل مقاوم A در مرغ تخمگذار (۰/۸۶) و در مرغ گوشتی (۰/۴۶) و فراوانی آل مستعد G در مرغ گوشتی (۰/۵۴) و در مرغ تخم گذار (۰/۱۴) برآورد شد. در جمعیت مرغ گوشتی سه ژنوتیپ AA، AG و GG به ترتیب با فراوانی هر یک ۰/۳۲، ۰/۲۸ و ۰/۴۰ و در جمعیت مرغ تخم گذار نیز دو ژنوتیپ AA و AG به ترتیب با فراوانی هر یک ۰/۷۲ و ۰/۲۸ برآورد شد. مقایسه فراوانی آللی و ژنوتیپی بین دو لاین به ترتیب با استفاده از آزمون فیشر و کای اسکور نشان داد که فراوانی آللی و ژنوتیپی مشاهده شده بین دو لاین از نظر آماری معنی دار است.

واژگان کلیدی: مرغ گوشتی، مرغ تخم گذار، ژن Mx، PCR-RFLP

مقدمه

تنوع و تفاوت هایی که به واسطه اختلاف در یک جایگاه نوکلئوتیدی (به علت جایگزینی، حذف یا اضافه) رخ می دهند، به عنوان تفاوت تک نوکلئوتیدی (SNP) شناخته می شوند. وجود یک SNP در جایگاه نوکلئوتیدی ۲۰۳۲ (جا به جایی آدنین به گوانین) در لوکوس Mx باعث تغییر نوکلئوتید A به G و تغییر اسید آمینه سرین به آسپاراژین در جایگاه ۶۳۱ پروتئین Mx می شود. در ژن Mx، نوع آمینواسید موجود در جایگاه ۶۳۱ می تواند تعیین کننده فعالیت آنتی ویروسی نسبت به ویروس های آنفولانزا و VSV باشد (Ko و همکاران، ۲۰۰۲). پروتئین های Mx که در جایگاه ۶۳۱ خود دارای اسید آمینه آسپاراژین می باشند فعالیت آنتی ویروسی بیشتری را نسبت به اسید آمینه سرین نشان می دهند. پروتئین Mx مرغ از نوع سیتوپلاسمی و با جرم مولکولی حدود ۷۰۰۰۰ تا ۸۰۰۰۰ دالتون که دارای میل ترکیب پذیری پائینی با GTP دارند (Staheli و همکاران، ۱۹۹۳). ژن Mx روی کروموزوم شماره ۱ قرار دارد و شامل ۱۴ اگزون می باشد. یک اگزون شامل ناحیه 5'-UTR می باشد و پروتئین ها توسط ۱۳ اگزون کد می شوند (Sironi و همکاران، ۲۰۰۸). طبق مطالعات قبلی پروتئین های Mx دارای ۷۰۵ آمینواسید می باشد (Ko و Jin، ۲۰۰۲). ایتترفرون ها پروتئین های کد شده به وسیله ی میزبان هستند که روند همانند سازی ویروس ها را مهار کرده و

توسط حیوانات یا سلول های کشت شده سالم در پاسخ به عفونت ویروسی یا عوامل القا کننده دیگر تولید می شوند. این ترکیبات رده نخست دفاع بدن علیه عفونت ویروسی هستند. به این ترتیب، سیستم اینترفرون با شرکت در محدود کردن گسترش ویروسی از راه فعال سازی سلول های B و T موجب ایمنی می شود. عفونت های ویروسی یکی از عوامل قوی تولید اینترفرون هستند. ویروس های RNA در مقایسه با ویروس های DNA از عوامل القاء کننده قویتر برای تولید اینترفرون می باشند. سلول ها به سرعت در به پاسخ به عفونت آنفلوانزا با تولید اینترفرون ها در داخل سلول عفونی سبب تحریک بیان ژن Mx می شوند. طبق گزارش های قبلی با وجود آسپاراژین در جایگاه ۶۳۱ جوجه ها دارای فعالیت آنتی ویروسی و با وجود سرین فاقد فعالیت آنتی ویروسی بودند. محققین چند شکلی Mx1 ۶۳۱ رادر جوجه های دو لاین تجاری گوشتی را ارزیابی نموده و نشان دادند که جوجه های هموزیگوت برای آلل آسپاراژین ۶۳۱ نسبت به هموزیگوت سرین ۶۳۱ مقاومت بیشتری را در مواجهه با بیماری نشان دادند (Ewald و همکاران، ۲۰۱۰). در بیشتر مطالعات، فروانی آلل مستعد به بیماری آنفلوانزا در لاین های تیپ گوشتی بسیار بیشتر از لاین های تخم گذار گزارش شده است. هدف از انجام این پژوهش شناسایی فرم های مختلف آللی در جایگاه ژن Mx در لاین های مرغ های گوشتی و تخم گذار تجاری بوده است.

مواد و روش ها

در این پژوهش ۱۰۰ قطعه مرغ از ایستگاه های تجاری مرغ گوشتی و مرغ تخم گذار در یکی از گله های استان مازندران انتخاب و خون گیری از سیاهرگ زیر بال انجام گرفت. نمونه ها بلافاصله با حفظ شرایط زنجیره سرد به آزمایشگاه منتقل و تا زمان استخراج DNA در دمای ۲۰- درجه سانتی گراد نگه داری شدند. استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته انجام و جهت تکثیر قطعه مورد نظر از یک جفت پرایمر اختصاصی استفاده شد (جدول ۱). پس از تکثیر از الکتروفورز ژل آگارز ۱/۵ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید برای رویت سازی باندها استفاده شد. برای شنایابی چند شکلیهای موجود، محصولات PCR تحت تیمار هضم آنزیمی HPY8I با ترکیباتی شامل ۰/۰۷۵، میکرو لیتر آنزیم، ۰/۳۵، میکرو لیتر بافر، ۷۵/۲ میکرو لیتر آب مقطر دو بار تقطیر و ۲ میکرو لیتر محصول PCR در دمای ۳۷ درجه به مدت ۱۲ ساعت قرار گرفتند. نمونه ها پس از تیمار آنزیمی، الکتروفورز عمودی روی ژل اکریل آمید در ولتاژ ۲۵۰ و به مدت ۳ ساعت بار گیری و سپس با رنگ آمیزی نترات نقره رویت سازی و تعیین ژنوتیپ شدند. بعد از تیمار آنزیمی، وجود یک قطعه ۲۹۹ جفت بازی به دلیل عدم برش آنزیم ژنوتیپ هموزیگوت AA، وجود دو قطعه ۲۰۰ و ۹۹ جفت بازی ژنوتیپ هموزیگوت GG و برای ژنوتیپ هتروزیگوت AG سه قطعه ۲۹۹، ۲۰۰ و ۹۹ جفت بازی شناسایی شد.

جدول ۱: توالی آغازگرهای اختصاصی مورد استفاده برای تکثیر

اندازه قطعه	توالی آغازگر	ژن
۲۹۹bp	F: 5'-GCACTGTCACCTCTTAATAGA-3' R: 5'-GTATTGGTAGGCTTTGTTGA-3'	Mx

نتایج و بحث

در این پژوهش یک قطعه ۲۹۹ جفت بازی از ژن Mx توسط یک جفت پرایمر اختصاصی تکثیر شد. محصول PCR با استفاده از تیمار آنزیمی Hpy8I مورد بررسی قرار گرفت. به دنبال هضم با آنزیم، یک قطعه ۲۹۹ جفت بازی برای ژنوتیپ هموزیگوت AA، دو قطعه ۲۰۰ و ۹۹ جفت بازی برای ژنوتیپ هموزیگوت GG و سه قطعه ۲۹۹، ۲۰۰ و ۹۹ جفت بازی برای ژنوتیپ هتروزیگوت AG شناسایی شد (نگاره ۱). در جمعیت مرغ گوشتی دو الگوی باندهای مشاهده شد که در این جمعیت، فراوانی آلل های A و G به ترتیب ۶۶ و ۵۴ درصد و فراوانی ژنوتیپ های AA، AG و GG به ترتیب ۳۲، ۲۸ و ۴۰ درصد برآورد شد. نگاره ۱- الکتروفورز محصولات حاصل از هضم توسط آنزیم Hpy8I در مرغ گوشتی. M: خط کش مولکولی SM۰۳۳۱



در جمعیت مرغ گوشتی بالاترین فراوانی مربوط به آلل حساس G و ژنوتیپ GG بوده است که با تحقیق بالکسیون و همکاران که در سال ۲۰۰۷ انجام گرفت مطابقت داشته است. با این تفاوت که در گزارش این محققین ژنوتیپ GG فیکس شده بود به طوری که فراوانی آلل G در این جمعیت یک بود. اما در جمعیت ما فراوانی آلل G حدود ۵۴ درصد محاسبه شد که نشان می دهد در جمعیت مرغ گوشتی در مطالعه حاضر آلل حساس فیکس نشده است. همچنین در مرغ اجداد گوشتی در تحقیق بالکسیون فراوانی آلل A بسیار پایین گزارش شده بود. آن ها نشان دادند که فراوانی آلل مستعد به بیماری آنفلوآنزا در لاین های تیپ گوشتی بسیار بیشتر از لاین های تخم گذار و مرغ اجداد تخم گذار است که با نتایج ما در تحقیق حاضر مطابقت دارد. یکی از دلایل پایین بودن فراوانی آلل مقاوم را می توان احتمالاً به همبستگی منفی بین صفات تولیدی و صفات مربوط به مقاومت به بیماری ها نسبت داد. در جمعیت لاین مرغ تخم گذار دو ژنوتیپ AA و AG مشاهده شد. فراوانی آلل A و G به ترتیب ۸۶ و ۱۴ درصد برآورد شد که نشان می دهد جمعیت مرغ تخم گذار در مقایسه با دیگر جمعیت ها از مقاومت بالاتری برخوردار است که با نتایج بالکسیون و همکاران (۲۰۰۷) مطابقت دارد. در پژوهش بالکسیون و همکاران نیز دو ژنوتیپ AA و AG مشاهده شد و فراوانی آلل مقاوم A ۹۵ درصد بوده است. اما در پژوهش ایکسیانگیون و همکاران برخلاف نتایج ما در جمعیت مرغ تخم گذار سه ژنوتیپ مشاهده شده بود که ژنوتیپ حساس GG بالاترین فراوانی را در بین ژنوتیپ های دیگر به خود اختصاص داده بود. علت تفاوت در نتایج به دست آمده ممکن است به دلیل تفاوت در شدت انتخاب در هر یک از لاین های مورد استفاده در این پژوهش ها دانست.

نگاره ۲- الکتروفورز محصولات حاصل از هضم توسط آنزیم Hpy8I در مرغ تخم گذار. M: خط کش مولکولی SM۰۳۳۱



برای مقایسه فراوانی آللی و ژنوتیپی بین دو لاین به ترتیب از آزمون فیشر و کای اسکور استفاده شد. در این مطالعه در مقایسه آلل ها، اختلاف معنی داری بین دو لاین مشاهده شد (جدول شماره ۱).

جدول شماره ۱- فراوانی آللی و ژنوتیپی جمعیت های مورد مطالعه

سطح احتمال		فراوانی			
تخم گذار	گوشتی	آلل G	آلل A	تعداد	جمعیت
۰/۰۲		۵۴	۴۶	۵۰	گوشتی
.....	۰/۰۲	۱۴	۸۶	۵۰	تخم گذار
تخم گذار	گوشتی	GG	AG	AA	نژاد
۰/۰۰۰۱		۴۰	۲۸	۳۲	گوشتی
.....	۰/۰۰۰۱	۰	۲۸	۷۲	تخم گذار

منابع

1. Balkissoon, D., K. Staines., M.J. Cauley., J. Wood., J. Young., J. Kaufman and Butter, C. 2007. Low frequency of the Mx allele for viral resistance predates recent intensive selection in domestic chickens. *Immunogenetics*, 59: 687-691
2. Ewald, S.J., D.R. Kapczynski., E.J. Livant., D.L. Snarez., J. Ralph., S. Mcleod., Miller, C. 2010. Association of Mx1 Asn631 variant alleles with reductions in morbidity, early mortality, viral shedding, and cytokine responses in chickens infected with a highly pathogenic avian influenza virus. *Immunogenetics*, 63: 363-375.
3. Ko, J.H., A Takada., T Mitsuhashi., T. Agui and Watanabe, T, 2004. Native antiviral specificity of chicken Mx protein depends on amino acid variation at position 631. *Animal Genetics*, 35: 119-122.
4. Ko, J.H., Jin, H.K. 2002. Polymorphisms and the differential antiviral activity of the chicken Mx gene. *Genome Res.* 12(4): 595-601.
5. Staeheli, P., F. Pitossi., Pavlovic, J. 1993. Mx proteins: GTPases with antiviral activity *Trends Cell Biol.* 3:268-272
6. Sironi L, J.L. Williams., A.M. Moreno-Martin., P. Ramelli., A. Stella., H. Jianlin., S. Weigend., G. Lombardi., P. Cordioli and Mariani, P. 2008. Susceptibility of diferent chicken lines to H7 N1 highly pathogenic avian influenza virus and the role of Mx gene polymorphism coding amino acid position . *Virology*, 380: 152-156.
7. Xiangun, Ye., Z. Ten., Y. Zhang and Li, K. 2010. Single nucleotide polymorphisms in the chicken Mx gene at position 2032 by real-time PCR and melting-curve analysis. *Journal of Poultry Science*, 47: 133-138.

Genetic Analysis of Mx Protein Gene in Commercial Broiler and Layer Chickens

S. Malekshahdehi, H. Hafezian, G. Rahimi, Z. Ansari, B. Kamjo, N. Moradi, K. Ahmadian
Laboratory for Molecular Genetics and Animal Biotechnology, Sari Agricultural Sciences
and Natural Resources University, Sari, Iran

Abstract

It has been confirmed that the antiviral specificity of chicken Mx protein is determined by an amino acid substitution at the carboxy terminus. The differential antiviral activity of Mx protein is related to substitutions of Serine (allele A) with asparagine amino acid (allele G) at position 631 of Mx protein. The A allele is related to the positively antiviral activity (resistant allele) and G allele related to the negatively antiviral responses (susceptible allele) in chicken. In the present study we have determined the allele and genotype frequency of Mx gene in commercial broiler and layer chickens. A total of 100 samples from male and female chickens of commercial broiler and layer lines (50 samples per line) were selected randomly from a local breeding flocks. Genomic DNA was extracted from whole blood by modified salting out method. PCR-RFLP method was used to detect the G/A SNP at 13th exon of coding sequence of the Mx gene using Hpy8I restriction enzyme. The frequency of the resistance allele (A allele) in layer chickens was higher (0.86) compared with broiler chickens (0.46). In contrast, the frequency of susceptible allele (G allele) in broiler lines was higher (0.54) than layer chickens (0.14). Three genotypes of AA (0.32), AG (0.28), GG (0.40) and two genotypes of AA (0.72) and AG (0.28), were found in broiler and layer lines, respectively. The statistical analysis of alleles and genotypes frequencies between lines was carried out using Fisher exact and Chi-squared tests, respectively. In the present study, a significant differences were observed for resistant and susceptible allele frequency between broiler and layer chickens.

Key words: Broiler, Layer, Mx gene, PCR-RFLP

بررسی تاثیر همخونی بر روی برخی از صفات گاوهای هلشتاین ایران
مریم صفدری شاهرودی^۱، زهرا عزیزی^۱، آرش جوانمرد^۲ و سعیده الهیان^۱

^۱ دانشجوی دکتری، کارشناسی ارشد و کارشناسی ارشد دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی کرج، دانشگاه تهران، ^۲ دانشجوی

دکتری دانشگاه پوترای مالزی

* safdari_m2002@yahoo.com

چکیده

هدف این مطالعه، بررسی اثر همخونی بر روی صفات تولید شیر، چربی، پروتئین و صفات تیپ و تعداد سلول های بدنی بر اساس رکوردهای دو دوره ی شیردهی گاو های هلشتاین ایران بود. برای محاسبه ی همخونی با استفاده از نرم افزار Pedigree از اطلاعات مربوط به هفت نسل شجره استفاده شد. میانگین ضریب همخونی کل جمعیت مورد تحت مطالعه ۰/۰۱۷ درصد، با حداقل ضریب همخونی صفر و حداکثر ضریب همخونی ۰/۲۷ درصد بود. برآورد ارزش های اصلاحی حیوانات برای صفات مورد مطالعه با استفاده از نرم افزار ASREML انجام شد و برای آنالیز نهایی داده ها از رویه GLM برنامه آماری SAS استفاده شد. نتایج حاصل از این مطالعه نشان داد که هم خونی اثر معنی داری روی صفات تولید پروتئین ($p < 0/05$) زاویه داری ($p < 0/01$)، استقرار سر پستانک ها جلو و عقب ($p < 0/01$) داشت.

واژه های کلیدی: ضریب همخونی- صفات تولیدی- صفات تیپ پستان- هلشتاین ایران

مقدمه

استفاده از اسپرم گاوهای نر ممتاز، اگرچه پیشرفت های ژنتیکی قابل ملاحظه ای در صفات اقتصادی داشته، اما باعث افزایش خویشاوندی بین حیوانات و ضریب همخونی آن ها شده است (۸). همخونی دارای اثرات زیانباری بر اکثر صفات تولیدی و تولید مثل، سلامت پستان، گوساله زایی، باروری و بقا است (۴ و ۶). کاسل (۱۹۹۹) گزارش کرد که به ازای یک درصد افزایش در ضریب همخونی، تولید شیر و چربی دوره شیردهی اول گاوهای هلشتاین به ترتیب، ۳۷ و ۱ کیلوگرم کاهش داشت (۲). حیوانات همخون، نمره ی سلول های بدنی (SCS) بالاتری نسبت به حیوانات غیر همخون دارند که نشان دهنده ی این است که حیوانات همخون نسبت به حیوانات غیر همخون به ورم پستان حساس تر هستند. تخمین اثرات همخونی در ارزیابی صفات تیپ در هر یک درصد افزایش همخونی، کم بوده و صفات تیپی که به شدت تحت تأثیر قرار گرفتند شامل عرض قفسه سینه و عقب پا بودند (۳). حیوانات همخون همچنین بلندتر، لاغرتر و دارای بدن زاویه دارتری هستند. طول نوک پستان از صفات وابسته به پستان بوده که گزارش شده است توسط همخونی تحت تأثیر قرار می گیرد. سطح پایین همخونی سبب کاهش در پروتئین شیر می شود در حالی که سطح بالاتر همخونی ($> 18\%$) سبب افزایش در غلظت پروتئین می شود (۶). حیوانات با ضریب هم خونی بزرگتر از ۱۰ درصد خطر حذف بیشتری نسبت به حیوانات دارای ضریب همخونی کمتر از ۵ درصد دارند (۱).

هدف از این مطالعه، بررسی اثر همخونی بر صفات تولید شیر، چربی، پروتئین و صفات تیپ و تعداد سلول های بدنی در تعدادی از گاوهای هلشتاین ایران است.

مواد و روش ها

در این مطالعه از داده های جمع آوری شده در مرکز اصلاح نژاد دام کشور استفاده شد. داده ها شامل فایل شجره، رکوردهای استاندارد شده برای تولید تصحیح شده برای ۳۰۵ روز، تیپ و رکوردهای تعداد سلول های بدنی (SCC) بود. صفات مورد

بررسی شامل صفت تولید شیر تصحیح شده برای دو بار دوشش، پروتئین و چربی، تعداد سلول های بدنی که به صورت اندازه گیری های ماهیانه بود و براساس رابطه جونز و همکاران (۱۹۸۴) به سنجه کل دوره شیردهی با تصحیح برای تولید شیر ماهیانه (LSCS) تبدیل شد (۵) و صفات تیپ شامل زاویه داری، اتصال پستان جلو، ارتفاع پستان عقب، عرض پستان عقب، نگهدارنده ی میانی، عمق پستان، استقرار سرپستانک های جلو، استقرار سر پستانک های عقب و طول سر پستانک ها بود. در این مطالعه در ایجاد شجره، حیوانات تا نسل پایه ردیابی شدند. تعداد داده های مورد استفاده برای برآورد ارزش های اصلاحی ۱۶۳۸۴ بود. مراحل آماده سازی داده ها توسط نرم افزار Fox pro 2.6 انجام شد. برای محاسبه همخوانی از نرم افزار Pedigree مورد استفاده قرار گرفت و از دام هایی استفاده شد که دارای شاخص کامل بودن شجره ی نسبتا مناسبی بودند. به منظور برآورد ارزش اصلاحی از نرم افزار ASREML استفاده شد و در نهایت برای آنالیز داده ها از برنامه آماری SAS استفاده شد. اثر همخوانی بر صفات مورد مطالعه از طریق مدل های زیر و با در نظر گرفتن ضریب همخوانی در مدل به عنوان کواریت با استفاده از Proc GLM در نرم افزار SAS بررسی شد.

۱-مدل به کار رفته برای صفات تولیدی و LSCS:

$$Y_{ijklmn} = \mu + HYS_i + S_j + A_k + L_n + b(F_m - \bar{F}) + e_{ijklmn}$$

Y_{ijkl} : رکورد مربوط به صفت تولیدی یا LSCS

μ : میانگین صفت

HYS_i : اثر ثابت i مین گله - سال - فصل زایش

S_j : اثر ثابت سن در زمان زایش (متغیر کلاسه بندی برحسب ماه و با فواصل دو ماه)

A_k : اثر ژنتیک افزایشی مربوط به حیوان k ام

e_{ijkl} : اثر تصادفی باقی مانده

b : ضریب تابعیت صفت تولیدی از ضریب همخوانی

F : ضریب همخوانی حیوان m ام $\bar{F}$: میانگین ضریب همخوانی

L_k : اثر ثابت دوره شیردهی

۲- مدل به کار رفته برای صفات تیپ

$$Y_{ijklm} = \mu + HYD_i + CODE_j + L_k + S_l + A_m + b(F_n - \bar{F}) + e_{ijklm}$$

که در این مدل:

Y_{ijklm} : امتیاز مربوط به صفت تیپ پستان HYD_i : اثر ثابت گله - سال - تاریخ ارزیابی $CODE_j$: اثر ثابت کد ارزیاب

S_l : اثر ثابت سن در زمان ارزیابی

نتیجه و بحث

میانگین ضریب همخوانی کل جمعیت مورد تحت مطالعه ۰/۰۱۷ درصد، با حداقل ضریب همخوانی صفر و حداکثر ضریب همخوانی ۰/۲۷ درصد بود، که به طور کلی برآورد ضرایب همخوانی مطالعه حاضر از برآوردهای گزارش شده Parland و

همکاران (۲۰۰۷) و Miglior و Burnside (۱۹۹۵) برای گاوهای هلشتاین کانادا و آمریکا پایین تر بودند (۶ و ۷). کامل نبودن شجره می تواند باعث کمتر از حد برآورد شدن میزان همخونی شده باشد. از طرفی در بسیاری از گاوداری ها از اسپرم گاوهای نر خارجی استفاده می شود که در تشکیل شجره و محاسبه همخونی، روابط ممکن بین این گاوهای نر در نظر گرفته نمی شود، در حالیکه ممکن است این گاوها خویشاوندی نزدیکی با یکدیگر داشته باشند، بدیهی است که این امر منجر به افزایش همخونی جمعیت می شود. نتایج حاصل از این تحقیق نشان می دهد که همخونی اثر معنی داری روی صفات تولید پروتئین ($p < 0/05$) زاویه داری ($p < 0/01$)، ارتفاع و استقرار سر پستانک ها جلو و عقب ($p < 0/01$) داشت. نتایج حاصل از آنالیز واریانس صفات و وراثت پذیری حاصل از مدل های مورد استفاده در در جداول ۱ و ۲ آورده شده است.

جدول ۱- برآورد وراثت پذیری صفات

صفت مورد بررسی	وراثت پذیری	خطای استاندارد برآورد
تولید شیر	۰/۲۲	۰/۰۲
تولید چربی	۰/۱۷	۰/۰۲
درصد چربی	۰/۳	۰/۰۳
تولید پروتئین	۰/۱۹	۰/۰۲
درصد پروتئین	۰/۳۲	۰/۰۳
FU*	۰/۱۶	۰/۰۱
RUH	۰/۲	۰/۰۲
RUW	۰/۲۸	۰/۰۲
SL	۰/۲۱	۰/۰۲
UDD	۰/۲۳	۰/۰۲
FTP	۰/۱۷	۰/۰۲
RTP	۰/۲	۰/۰۲
TL	۰/۲۷	۰/۰۲
ANG	۰/۱۲	۰/۰۳
LSCS	۰/۰۷	۰/۰۲

*FU: اتصال پستان جلو، RUH: ارتفاع پستان عقبی، RUW: عرض پستان عقب، SL: استحکام رباط نگهدارنده ی پستان، UDD: عمق پستان، FTP: استقرار سرپستانک های جلو، RTP: استقرار سرپستانک های عقب، ANG: زاویه داری و LSCS: میانگین دوره ی شیردهی امتیاز سلول های بدنی)

جدول ۲- آنالیز واریانس صفات مورد بررسی

Pr> F	میانگین مربعات	صفت	Pr> F	میانگین مربعات	صفت
۰/۹۸	۰	FU ^۴	۰/۱۰	۱۱۳۱۵۵۳	تولید شیر
۰/۰۷	۳/۳۳	SL ^۵	۰/۶۹	۷۸/۶۳	تولید چربی
۰/۸	۰/۱۱	LSCS ^۶	۰/۰۶	۰/۱۴	درصد چربی
۰/۱۲	۱/۱	UDD ^۷	*۰/۰۴	۱۵۸۴	تولید پروتئین
**۰/۰۰۳	۴/۳	FTP ^۸	۰/۵۷	۰	درصد پروتئین
**۰/۰۰۱	۸/۰۶	RTP ^۹	**۰/۰۰۰۱	۵/۳۴	ANG ^۱
۰/۶۰	۱۰/۰۴	TL ^{۱۰}	۰/۱۱	۵/۹۲	RUH ^۲
		-	۰/۱۶	۲/۷۱	RUW ^۳

۱-زاویه داری، ۲- ارتفاع پستان عقبی، ۳- عرض پستان عقب، ۴- اتصال پستان جلو، ۵- استحکام رباط نگهدارنده‌ی پستان، ۶- میانگین دوره‌ی شیردهی امتیاز سلول‌های بدنی، ۷- عمق پستان، ۸- استقرار سر پستانک‌های جلو، ۹- استقرار سر پستانک‌های (معنی دار بودند. $P < 0/01$ در سطح (**)) معنی دار بود. $P < 0/05$ جلو، ۱۰- طول سر پستانک‌ها. * در سطح)

منابع

- 1-Caraviello, D. Z., K. A. Weigel., D. Gianola. 2003. Analysis of the Relationship Between Type Traits, Inbreeding, and Functional Survival in Jersey Cattle Using a Weibull Proportional Hazards Model. J. Dairy Sci. 86:2984-2989
- 2-Cassel, B. G. 1999. Effect of inbreeding on cow performance and mate selection in dairy cows. Western Dairy Management Conference. April 8-10. Las Vegas, Nevada.
- 3-Croquet, C., P. Mayeres., A. Gillon., S. Vanderick and N. Gengler. 2006. Inbreeding Depression for Global and Partial Economic Indexes, Production, Type, and Functional Traits. J. Dairy Sci. 89:2257-2267
- 4-Falconer, D. S. 1989. Introduction to quantitative genetics. John Wiley and Sons, Ins., New York, NY.
- 5-Jones, G. M., R. E. Pearson., G. A. Clabaugh and C. W. Heald. 1984. Relationships between somatic cell counts and milk production. J. Dairy. Sci. 67:1823-1831.
- 6- Parland, S., J. F. Kearney, M. Rath and D. P. Berry. 2007. Inbreeding effects on milk production, calving performance, fertility and conformation in Irish Holstein-Friesians. J. Dairy. Sci. 90: 4411-4419.
- 7-Miglior, F., and E. B. Burnside. 1995. Inbreeding of Canadian Holstein cattle. J. Dairy. Sci. 78: 1163-1167.
- 8- Miglior, F. 2000. Impact of inbreeding-managing a declining Holstein gene pool. Proceedings from 10th world Holstein-Friesian federation meeting. Sydney, NSW. Australia, 1-3 May.

Study of inbreeding effect on several traits in iranian holstein cattle

Maryam Safdari Shahrudi¹, Zahra Azizi²

1,2 University of Agriculture and Natural Resource, University of Tehran, Karaj

*safdari_m2002@yahoo.com

Abstract:

The goal of the current study was to survey the effect of inbreeding on several production and conformation traits on the basis of the two lactation records in the Iranian Holstein cattle. For the calculation of inbreeding coefficients information of seven generations calculated by Pedigree software was used. The mean, least value and the maximum value of inbreeding coefficient were 0/017, 0 and 0/27 respectively. Estimation of breeding values was done with ASREML software. For the determination of inbreeding effect on these traits we used SAS software. The results showed the significance effect of inbreeding on the protein yield ($p>0/01$), angularity ($p>0/01$) and fore and rear teat placement ($p>0/01$).

Keywords: inbreeding coefficient- conformation traits- production traits- Iranian holstein cattle

تجزیه و تحلیل‌های شجره در گله بز مرخز ایستگاه دامپروری سنندج
ایاز نادری‌چوپلو^۱، سیده شادی قریشی^{۲*}، محمد رکوعی^۳، معروف منصوری^۴
۱. دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه رازی

۲ و ۳. به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد و عضو هیئت علمی دانشگاه زابل

۴. دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه آزاد واحد سنندج

* نویسنده مسئول: سیده شادی قریشی Email: sh_ghoraishy66@yahoo.com

چکیده

این مطالعه جهت تعیین میزان تنوع در توده‌های بسته بز مرخز با استفاده از روش تجزیه و تحلیل شجره انجام شد. رکوردها در طی سال‌های ۱۳۶۹ تا ۱۳۹۰ ثبت شده و دربرگیرنده شجره‌ای با ۵۱۱۷ رکورد می‌باشد که جهت برآورد میزان همخونی و فاصله نسل، مورد استفاده قرار گرفت. اندازه مؤثر جامعه و پارامترهای منتج شده برای بزغاله‌های متولد شده با دو والد شناخته شده (جامعه مبنا) محاسبه شد. میانگین فاصله نسل جامعه در مسیرهای بز ماده - نتاج، بیشتر از مسیرهای بز نر - نتاج بود. میانگین فاصله نسل در مدت زمان مورد مطالعه ۴/۱۱ سال بود. میزان همخونی این جمعیت ۰/۶۵ درصد و نرخ افزایش میزان همخونی ۰/۹۵ درصد برآورد شد. درصد خویشاوندی جامعه ۰/۷۲ بود. میانگین ضریب خویشاوندی میان بزهای نر و بزهای ماده و بین بزهای نر و ماده در حیوانات فعال جهت پیش بینی سطوح آینده همخونی اندازه گیری شد. تعداد حیوانات جمعیت نسل مبنا، اندازه مؤثر بنیان‌گذار (Base population)، و جمعیت پایه (Founder) به ترتیب ۱۱۹۶، ۹۲۲ و ۱۲۱۳ بود. اندازه مؤثر جمعیت پایه ۲۰۶/۳۳ حیوان بود و اندازه مؤثر جامعه طی سال‌های مورد بررسی دارای سیر نزولی بود. نتایج این تحقیق بیان می‌کند که جمعیت تحت مطالعه دارای تنوع ژنتیکی مناسبی است.
لغات کلیدی: همخونی، اندازه مؤثر جمعیت، فاصله نسل

مقدمه

بزهای موجود در دنیا بر حسب پوشش بدن به دو دسته دو پوششی و تک پوششی تقسیم می‌شوند، دو پوششی‌ها شامل بز موئی و کشمیراست و تنها بز تک پوششی موجود که تقریباً تمام الیاف بدن آن از نوعی موهر می‌باشد بزمرخز (آنقوره) است. بز مرخز حیوانی چابک و زرنگ با بدنی جمع و جور و جثه‌ای تقریباً کوچک است که به طور کلی دارای سازگاری کاملی با محیط کوهستانی است (۱ و ۲). این بز در استان کردستان برای تولید الیاف، گوشت و شیر پرورش داده می‌شود (۱). جمعیت بز مرخز در استان‌های غربی کشور بالغ بر ۲۴ هزار رأس می‌باشد؛ متوسط طول دوره شیرواری این حیوان ۱۹۵ روز (۱۵۰ لیتر شیر در دوره) بوده و دوقلو زایی آن در حدود ۳۳ درصد است (۳).

در سال ۱۳۷۶، ایستگاه اصلاح نژاد بز مرخز جهاد کشاورزی استان، کار خود را در سنندج آغاز نمود. حیوانات براساس وزن اصلاح شده با توجه به معیار ترکیبی وزن و نرخ دوقلو زایی، انتخاب می‌شوند. استفاده بیش از حد از تعداد اندکی از حیوانات در این برنامه انتخابی، می‌تواند منجر به افزایش همخونی شده و سبب کاهش تفاوت‌های ژنتیکی درون جمعیت گردد. در مطالعات انجام شده بر روی بز مرخز، هیچ ارزیابی ژنتیکی بر اساس شجره حیوانات صورت نگرفته است. هدف این مطالعه تجزیه و تحلیل اطلاعات شجره جمعیت‌های بسته بز مرخز است که در رکوردهای ثبت شده آن‌ها برای تعیین کیفیت ژنتیکی و

تنوع جمعیتی آن‌ها وجود دارد و در این راستا به مطالعه میزان همخونی، اندازه موثر جمعیت، و برآورد میانگین فاصله نسل و سهم اجداد در جمعیت کنونی، پرداختیم.

مواد و روش‌ها:

اطلاعات شجره ای موجود در رابطه با گله بز مرخز مورد پرورش در ایستگاه اصلاح نژاد جهاد کشاورزی سنندج، از سال ۱۳۶۹ تا سال ۱۳۸۸، مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. برای هر راس بز، فایل اطلاعاتی دربرگیرنده کد شناسایی هر حیوان، جنس، کد شناسایی پدر و مادر آن دام، و تاریخ تولد حیوان است. داده‌ها شامل رکورد ۵۱۷۱ (۱۶۲۷ بز نر و ۳۴۹۰ بز ماده) حیوان ثبت‌شده بود.

تمام پارامترها با استفاده از نرم افزار ENDOG v 4.6 (۸) اندازه گیری شد البته به جز ضریب خویشاوندی میان حیوانات که با استفاده از نرم‌افزار CFC (۱۲) محاسبه گردید.

فاصله نسل را به صورت میانگین سن والدین در زمان تولد بزغاله به دنیا آمده برای توارث نسل، محاسبه شد (۹). این پارامتر در چهار مسیر محاسبه گردید: بز نر-بزغاله نر (l_{mm})، بز نر-بزغاله ماده (l_{mf})، بز ماده-بزغاله نر (l_{fm}) و بز ماده-بزغاله ماده (l_{ff}). میانگین فاصله نسل به صورت میانگین این چهار مسیر، تعیین شد.

شجره ها بر اساس جمعیت مبنا در نظر گرفته شد، اجداد فاقد والد شناخته شده به عنوان اعضای بدون همخونی و فاقد رابطه خویشاوندی، در نظر گرفته شدند. میزان سهم ژنتیکی مورد انتظار هر دام بنیان‌گذار نسبت به جمعیت مبنا، به صورت احتمال انتقال تصادفی ژن از جد بنیان‌گذار به درون جمعیت مبنا تعیین شد؛ از این رو اندازه موثر افراد (f_e)، محاسبه شد. این تعداد به صورت تعداد افراد بنیان‌گذاری در نظر گرفته شد که انتظار می‌رفت تنوع ژنتیکی مشابهی را در جمعیت مورد مطالعه ایجاد کنند (۱۰). اندازه‌گیری این پارامتر امکان محاسبه تعادل سهم ژنتیکی در میان افراد را فراهم می‌کند. تعداد موثر افراد از طریق رابطه زیر محاسبه شد:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$

در معادله فوق، f ، بیانگر تعداد افراد مبنا بوده و q_k ، سهم ژنتیکی k امین فرد مبنا نسبت به جمعیت مبنا است (۸). در رابطه با کل تعداد افراد مبنا، بالاترین میزان سهم ژنتیکی مورد انتظار بالانس شده آنها، می‌تواند برابر حد بالای تعداد موثر افراد مبنا باشد. ضریب همخونی هر فرد (F)، احتمال وجود دو آلل والدی با جد مشترک است. F تمام حیوانات موجود در فایل با استفاده از روش Meuwissen و Luo (۱۱)، محاسبه شد. ارزیابی میانگین ضریب همخونی بر اساس تولدها در هر سال، طی سال‌های ۱۳۶۹ تا ۱۳۸۸ صورت گرفت و میزان پیشرفت سالیانه همخونی به وسیله رگرسیون خطی در طی زمان برآورد شد. میانگین ضریب افزایشی خویشاوندی بین بزهای نر، بزهای ماده، و میان بزهای نر و ماده در حیوانات فعال به عنوان ضریب خویشاوندی میان حیوانات در گله، با استفاده از برنامه CFC محاسبه شد.

اندازه موثر جمعیت (N_e) برابر تعداد حیوانات خویشاوندی است که در صورت شرکت در تولید نسل بعدی، می‌توانند منجر

$$N_e = \frac{1}{\Delta F} \quad \text{به افزایش میزان همخونی شوند (۷) و برابر است با:}$$

نتایج و بحث

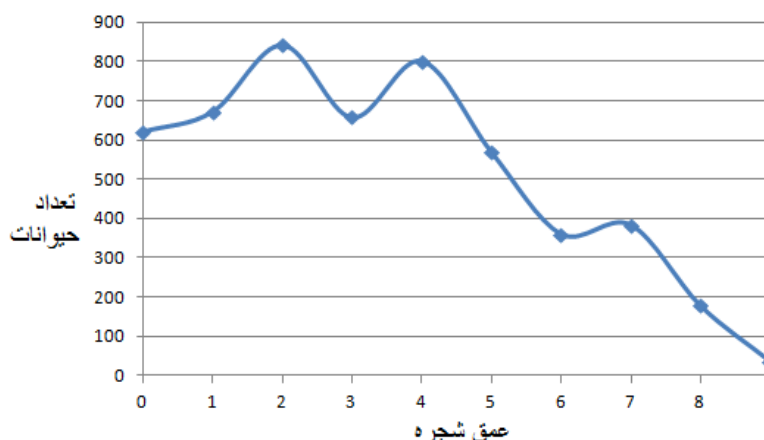
خلاصه‌ای از ساختار داده‌های مورد مطالعه در جدول شماره ۱ آورده شده است.

جدول شماره ۱- خصوصیات جمعیت مورد مطالعه

تعداد کل حیوانات	تعداد کل بزه‌های	*تعداد کل بزه‌های ماده	تعداد حیوانات بنیانگذار	افراد دارای والدین معلوم	دام‌های بدون نتاج	متوسط ضریب همخوانی
۵۱۱۷	۲۶۲	۱۵۱۰	۶۲۱	۳۳۴۶	۳۳۴۵	۰/۰۰۶۵

*تعداد کل بزه‌های نر و ماده شامل دام‌هایی است که به عنوان والد نقش داشته‌اند و به ترتیب دارای ۳۳۹۸ و ۴۴۴۴ نتاج بوده‌اند؛ به طور کلی ۱۷۷۲ حیوان دارای نتاج و ۳۳۴۵ حیوان بدون نتاج بوده‌اند.

با توجه به جدول شماره ۱، تعداد کل حیوانات مورد بررسی ۵۱۱۷ دام بود که از این تعداد ۵۴۸ حیوان همخون بودند. همچنین باید توجه داشت که تعداد حیوانات بنیان‌گذار این جمعیت ۶۲۱ حیوان بود. در طول سال‌های مورد مطالعه، تنوع میان تعداد حیوانات قابل توجه است و با توجه به نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل‌های صورت گرفته برای برآورد اندازه مؤثر جمعیت براساس سال‌های مورد مطالعه، مشاهده شد که اندازه مؤثر جمعیت از ۱۳۶۹ تا سال ۱۳۷۶ دارای سیر نزولی بود و این درحالی بود که در طی سال‌های بعد دارای نظم خاصی نبود اما به طور کلی در چند سال پایانی مورد مطالعه اندازه مؤثر جمعیت کاهش یافت. ماکزیمم جمعیت در سال ۱۳۷۶ (۱۶۴/۱۴۵) مشاهده شد و این شاخص در سال ۱۳۸۶ به یک هفتم (۲۳/۱۵۷) سال ماکزیمم رسید. میزان کامل بودن شجره را در نمودار زیر می‌توان مشاهده نمود.



جدول شماره ۲- متوسط فاصله نسل جمعیت در مورد مطالعه

مسیر برآورد فاصله نسل	تعداد حیوان	متوسط ارزش‌ها	انحراف معیار	خطای معیار
متوسط پدر - بزغاله نر	۹۲۴	۳/۹۲۸۸	۲/۹۹۴۲	۰/۰۹۸۵
متوسط پدر - بزغاله ماده	۲۲۰۲	۳/۹۵۷۳	۲/۹۲۷۴	۰/۰۶۲۴

متوسط مادر - بزغاله نر	۱۲۶۰	۳/۹۳۱۱	۲/۳۴۵۴	۰/۰۶۶۱
متوسط مادر - بزغاله ماده	۲۸۲۱	۴/۳۵۷۱	۲/۹۴۸	۰/۰۵۵۵
متوسط - کل	۷۲۰۷	۴/۱۰۵۵	۲/۸۵۸۱	۰/۰۳۳۷

میانگین فاصله نسل ۴/۱۱ سال بود. فاصله نسل با توجه به روش های نسبی انتخاب I_{mf} , I_{mm} , I_{ff} و I_{fm} به ترتیب ۳/۹۳، ۳/۹۶ و ۳/۹۳ و ۴/۳۶ سال بود. به طور نسبی، فاصله نسل در مسیرهای نتاج بز نر، کوتاه تر از فاصله نسل در مسیرهای نتاج بز ماده، بود که برخی از این تفاوت ها می تواند به دلیل تفاوت موجود در بین قوانین جایگزینی نرها و ماده ها باشد.

فاکتورهای تعیین کننده میزان سطح کامل بودن شجره، یعنی نسبت حیوانات دارای والدین شناخته شده به کل حیوانات، ۶۵ درصد بود تمامیت شجره در سال های اولیه پایه ای کم بود که به صورت نسبت بزرگی از والدین ناشناخته در شجره وجود داشت در حالی که شجره با گذشت زمان کامل شد که آخرین گروه از بزغاله های مورد مطالعه دارای شجره ای با ۹ نسل عمق بودند.

در این مطالعه تعداد جمعیت پایه با یک یا دو والد ناشناخته، ۱۷۷۱ حیوان و تعداد جمعیت پایه تنها با یک والد ناشناخته ۱۱۹۶ حیوان برآورد شد. تعداد جمعیت بنیان گذار ۹۲۲ حیوان و اندازه مؤثر آن ۲۰۶/۳۳ حیوان بود و این در حالی بود که تعداد حیوانات در جمعیت مبنا ۱۲۱۳ رأس بدست آمد.

ارزیابی میزان میانگین همخونی و میانگین افزایش همخونی دام ها در طی سال های مورد مطالعه، نشان داد که سطح پایین یا صفر F در طی سال های ابتدایی مورد مطالعه، مشاهده شد و دلیل اصلی آن نبود اطلاعات کامل شجره ای است. میزان همخونی محاسبه شده در این جمعیت ۰/۶۵ درصد بود و میزان افزایش همخونی با کامل شدن نسل ها به طور متوسط ۰/۹۵ درصد بدست آمد. متوسط خویشاوندی این جمعیت ۰/۷۲ درصد بدست آمد. متوسط ضریب همخونی حیوانات در جمعیت مبنا ۰/۲۴ درصد بود. بالاترین میزان آمیزش های خویشاوندی بین حیوانات تنی ۳ (۰/۰۶٪ آمیزش ها)، میان حیوانات ناتنی ۱۰۹ (۲/۱۳٪ آمیزش ها) و میان والدین یا نتاجشان ۲۰ (۰/۳۹٪ آمیزش ها) آمیزش برآورد شد. متوسط ضریب همخونی حیوانات در این گله را می توان کمتر از سطح بحرانی (۱ درصد در هر نسل) گزارش شده توسط FAO (۴ و ۶) دانست و باید توجه داشت که نرخ همخونی بسیار بیشتر از سطح برآورد شده همخونی در مدیریت ژنتیکی جمعیت، دارای اهمیت است (۵).

مطالعه حاضر اطلاعات مفیدی در رابطه با ساختار جمعیتی و وضعیت تنوع ژنتیکی موجود در گله های بسته بز مرخزا نشان داد. به طور خلاصه با توجه به متوسط رابطه خویشاوندی و F حیوانات، جهت تغییرات متوسط ضریب خویشاوندی در طی سال های اخیر، و پارامترهای بدست آمده از احتمال اشتراک خاستگاه های ژنی، می توان نتیجه گرفت که آمیزش های موجود فاقد اثرات منفی جدی بر روی تنوع ژنتیکی این جمعیت است.

منابع

۱. رشیدی ا. ۱۳۷۸. ارزیابی ژنتیکی صفات اقتصادی در بزهای مرخز. پایان نامه دکتری. دانشگاه تربیت مدرس.
۲. زندی باغچه مریم م ب، مرادی شهر بابک م، میرایی آشتیانی ر، رشیدی ا و کاووسی م. ۱۳۸۸. مقایسه بهره وری کل عوامل تولید گله های بز مرخز در استان کردستان. نشریه علوم دامی (پژوهش و سازندگی).
۳. وطن خواه م و مبارکی ع. معرفی نژادهای بز در ایران. امور دام خراسان شمالی.

4. Bijma, P., 2000. Long-term genetic contributions: predictions of rates of inbreeding and genetic gain in selected populations. PhD Thesis. Wageningen Univ. Press, Veenendaal, the Netherlands.
5. Falconer, D.S., Mackay, F.C., 1996. Introduction to Quantitative Genetics. Longman Group Ltd., England. Food
6. Agriculture Organization, 1998. Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. Page 63 in Management of Small Populations at Risk. Food Agric. Org. United Nations, Rome, Italy.
7. Gutiérrez, J.P., Altarriba, J., Diaz, C., Quintanilla, R., Canon, J., Piedrafita, J., 2003. Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. Genet. Sel. Evol. 35, 43–64.
8. Gutiérrez, J.P., Altarriba, J., Diaz, C., Quintanilla, R., Canon, J., Piedrafita, J., 2003. Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. Genet. Sel. Evol. 35, 43–64. Gutiérrez, J.P., Goyache, F., 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. J. Anim. Breed. Genet. 122, 172–176.
9. James, J.W., 1977. A note on selection differentials and generation length when generations overlap. Anim. Prod. 24, 109–112.
10. Lacy, R.C., 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. Zoo Biol. 8, 111–123.
11. Meuwissen, T.I., Luo, Z., 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. Genet. Sel. Evol. 24, 305–313.
12. Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., Colleau, J.J., 2006. CFC: a tool for monitoring genetic diversity. In: Proc. 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., CD-ROM Communication 27–28, Belo Horizonte, Brazil, Aug. 13–18.

Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Markhoz goats

A. NADERY CHOPLOO¹, SH. GHORAISHY^{2*}, M. ROKOUEI², M. MANSOORI³

¹Department of Animal Science, University of Razi, Kermanshah, Iran

²Department of Animal Science, University of Zabol, Zabol, Iran

³Department of Animal Science, Azad University of Sannandaj, Sannandaj, Iran

Corresponding E-mail address: Sh_ghoraisy66@yahoo.com

Abstract

This study was conducted to characterize genetic diversity in the closed nucleus of Markhoz goats using pedigree analysis. Flock book information collected between 1990 and 2008, including pedigree records on 5117 animals, was used to compute inbreeding and average generation intervals. Effective population size and parameters derived from probability of gene origin were computed for new born goats with both parents known (reference population). The generation interval in the ram-progeny pathways was shorter than in ewe-progeny pathways. The mean generation interval was 4.11 years in the studied period. The rate of inbreeding and increase in inbreeding was 0.65% and 0.95% per year, respectively. The rate of relatedness was 0.72%. The mean relationship coefficients among rams, among ewes and between rams and ewes in active animals were calculated to predict the future level of inbreeding. The number of base reference population, founders, and base population were 1196, 922, and 1213 respectively. Effective number of founders was 206.33, and effective population size of this flock decreased during the period of research. The results of this study indicated that the population under study has good genetic variability.

Keywords: Inbreeding-Effective Population Size-Generation Interval.

بررسی عوامل غیر ژنتیکی مؤثر بر زنده مانی بره های قره گل از تولد تا سن یکسالگی با استفاده از مدل های خطی و غیر خطی

فاطمه بحری بیناباج^{۱*}، مجتبی طهمورث پور^۱، علی اصغر اسلمی نژاد^۱، محمود وطن خواه^۲

^۱ گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد

^۲ مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی شهرکرد

* نویسنده مسئول: فاطمه بحری بیناباج، Fatemebahri_b@yahoo.com

چکیده

در این پژوهش از رکوردهای طول عمر و زنده مانی ۵۸۷۶ رأس بره، متولد شده بین سال های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۷ در گله ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند قره گل واقع در سرخس استفاده گردید. داده ها با استفاده از مدل های خطی و نسبت خطر با تابع ویبال تجزیه شدند. مدل ها شامل اثر عوامل غیر ژنتیکی ماه، سال و نوع تولد بره، جنس بره، سن میش و متغیر کمکی وزن تولد بره به صورت خطی و درجه دوم بودند. میانگین کل طول عمر و میزان زنده مانی تجمعی بره ها از تولد تا سن یکسالگی به ترتیب ۲۷۷/۶۱ روز و ۸۶٪ بود. اثر عوامل ماه، سال و نوع تولد بره، جنس بره و وزن تولد بره به صورت خطی و درجه دوم بر زنده مانی معنی دار ($P < 0.05$) و سن میش فاقد اثر معنی دار آماری بود ($P > 0.05$). میزان زنده مانی از اولین تا سومین ماه زایش روند نزولی داشت. بره های نر میزان زنده مانی کمتر و نسبت خطر بیشتری نسبت به بره های ماده داشتند. بره های دارای وزن تولد متوسط، زنده مانی بیشتر و نسبت خطر کمتری داشتند. بره های دوقلو زندمانی کمتر و نسبت خطر بیشتری از بره های تک قلو داشتند. اثر عوامل غیر ژنتیکی بر زنده مانی بره ها تا سن یکسالگی حاصل از مدل های خطی و غیر خطی یکسان بوده و برای افزایش زنده مانی از طریق بهبود عوامل غیر ژنتیکی می توان از نتایج حاصل از مدل های خطی یا غیر خطی استفاده نمود. واژگان کلیدی: زنده مانی - طول عمر - مدل خطی - تابع ویبال - گوسفند قره گل

مقدمه

زنده مانی بره ها یکی از مهمترین فاکتورهای مؤثر بر سودآوری گله های گوسفند می باشد (۹). مرگ و میر بره ها واقعه پیچیده ای است که عوامل محیطی مانند شرایط آب و هوایی، تغذیه، مدیریت، بیماری ها و عوامل عفونت زا، عوامل غیر ژنتیکی از جمله سال تولد، سن و وضعیت بدنی میش در زمان بره زایی، نوع تولد، جنس بره، وزن تولد بره و بالاخره ژنتیک خود بره، بر آن تأثیر دارند (۶، ۷). دامنه میزان مرگ و میر بره های نژادهای مختلف گوسفند در شرایط آب و هوایی متفاوت از تولد تا سن یکسالگی از ۵ تا ۵۹ درصد گزارش شده است که عمدتاً در اوایل زندگی بره ها بوقوع پیوسته است. زنده مانی بره ها تا سنی خاص را می توان به صورت صفتی گسسته یا پیوسته آنالیز نمود. در حالت گسسته زنده مانی به عنوان یک صفت دوتائی مورد تجزیه قرار می گیرد (کد صفر، مرده و کد ۱، زنده). در این روش به علت در نظر نگرفتن رکوردهای سانسور شده (رکورد دامی که در زمان ارزیابی هنوز حذف نشده) تعداد قابل توجهی از داده های مربوط به سن حیوان در زمان مرگ در نظر گرفته نمی شود. اگر چه در روش های تجزیه خطی، از ماهیت ناپیوسته زنده مانی چشم پوشی می گردد، ولی اغلب این صفت با روش های خطی مورد ارزیابی قرار گرفته است (۱). اندازه های پیوسته زمان، مانند تعداد روزهای بین تولد و مرگ یا حذف (طول عمر) نیز در ارزیابی زنده مانی مورد استفاده قرار می گیرند. در این صورت نقصان اطلاعات از داده های سانسور شده با اندازه گیری طول عمر افراد سانسور نشده (دامی که قبل از تاریخ ارزیابی از گله حذف شده)، برطرف گردیده و همه حیوانات برای

ارزیابی طول عمر در نظر گرفته می شوند. روش آماری تجزیه زنده مانی با مدل های نسبت خطر^{۱۱۷} (HR)، اطلاعات حاصل از دام های سانسور نشده و سانسور شده را با یکدیگر ترکیب نموده و تحلیل آماری داده های سانسور شده را امکان پذیر ساخته ، ویژگی غیر نرمال بودن داده های طول عمر و تغییرات عوامل محیطی مؤثر بر طول عمر در طی زندگی حیوان را نیز مورد توجه قرار می دهد (۸۰۲).

مواد و روش ها

در این پژوهش از رکوردهای زنده مانی و مرگ و میر تعداد ۵۸۷۶ رأس بره، که طی سال های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۷ در گله ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند قره گل سرخس جمع آوری شده بودند، استفاده گردید. پرورش گله با توجه به اهداف ایستگاه به صورت نیمه متحرک و روستایی (چرای نیمه آزاد) صورت می گیرد. زایش گله از اوایل دی ماه شروع و تا اواخر اسفند ادامه می یابد. اطلاعات مربوط به زایش شامل جنس بره، نوع تولد (تک قلو یا چند قلو)، و همچنین تاریخ تلفات یا حذف برها به همراه کد نوع حذف بطور انفرادی ثبت می شود.

صفات مورد بررسی شامل میزان زنده مانی بره ها از زمان تولد تا سنین ۱، ۳، ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی بود. در این مطالعه علاوه بر سن بره برای زنده مانی در هر مقطع مورد نظر، یک کد سانسور (صفر یا ۱) به هر بره داده شد. سن بره (روز) در زمان حذف با کم کردن تاریخ تولد از تاریخ حذف محاسبه گردید. در صورتی که قبل از ماه مورد نظر (مثلاً یک ماهگی) بره تلف شده بود، کد سانسور ۱ و در صورتی که تا آخر این ماه مورد نظر زنده بود و یا به هر دلیلی غیر از مرگ از گله حذف شده بود کد سانسور صفر داده شد حتی اگر طول عمر بره در حین حذف کوچک تر از ماه مورد نظر بود (۱).

الف) تجزیه با استفاده از مدل خطی: به منظور شناسایی اثر عوامل غیر ژنتیکی مؤثر بر صفات، سن بره ها در حین حذف به روز و میزان زنده مانی در مقاطع سنی مورد نظر از روش GLM برنامه آماری SAS (۲۰۰۰) بر اساس مدل آماری (۱) استفاده شد.

ب) تجزیه با استفاده از مدل تجزیه زنده مانی: به منظور شناسایی اثر عوامل غیر ژنتیکی مؤثر بر صفت میزان زنده مانی در مقاطع سنی مورد نظر، از روش Lifereg برنامه آماری SAS (۲۰۰۰) بر اساس مدل آماری (۲) استفاده شد.

$$y_{ijklmn} = \mu + A_i + B_j + T_k + S_l + M_m + b_1(W_{ijklmn} - \bar{W}) + b_2(W_{ijklmn} - \bar{W})^2 + e_{ijklmn} \quad \text{مدل ۱}$$

$$(y \times s)_{ijklmn} = \mu + A_i + B_j + T_k + S_l + M_m + b_1(W_{ijklmn} - \bar{W}) + b_2(W_{ijklmn} - \bar{W})^2 + e_{ijklmn} \quad \text{مدل ۲}$$

که در مدل (۱) y_{ijklmn} هر یک از مشاهدات برای صفات مورد بررسی (طول عمر بره در زمان حذف به روز و میزان زنده مانی)، و در مدل (۲) y_{ijklmn} سن هر بره در زمان حذف به روز، s_{ijklmn} کد سانسور سن هر مشاهده، μ میانگین کل، A_i اثر i امین سن مادر (۸ تا ۲۰)، B_j اثر j امین سال زایش میش (۸۷ تا ۷۰)، T_k اثر k امین نوع تولد (تک قلو و دو قلو)، S_l اثر l امین جنس بره (نر و ماده)، M_m اثر m امین ماه تولد بره (دی، بهمن و اسفند)، b_1 و b_2 ضرایب تابعیت خطی و درجه دوم وزن تولد بره، W_{ijklmn} وزن تولد بره و e_{ijklmn} اثر باقی مانده.

نسبت خطر سطوح مختلف اثرات ثابت برآورد شده توسط توزیع ویبال به صورت زیر برآورد گردید:

¹¹⁷ Hazard ratio

$$HR = e^{\frac{-\beta}{\rho}}$$

β : پارامتر برآورد شده بر اساس مقیاس لگاریتم طبیعی

ρ : پارامتر شکل توزیع ویبال

نتایج و بحث

میانگین کل طول عمر و میزان زنده مانی تجمعی بره‌ها از تولد تا سن یکسالگی به ترتیب ۲۷۷/۶۱ روز و ۸۶ درصد بود. نتایج حاصل از تجزیه طول عمر بره‌ها به روز و میزان زنده مانی با استفاده از مدل خطی تعمیم یافته (GLM) و تجزیه زنده مانی ترکیب طول عمر بره‌ها و کد سانسور با استفاده از تابع ویبال نشان دادند که اثر عوامل غیر ژنتیکی ماه، سال و نوع تولد بره، جنس بره و وزن تولد بره به صورت خطی و درجه دوم بر زنده مانی معنی دار ($P \leq 0/05$) و عامل سن میش فاقد اثر معنی دار آماری بود ($P > 0/05$).

ماه تولد: در این گله زایش‌ها در سه ماه دی، بهمن و اسفند صورت می‌گیرد. میانگین حداقل مربعات طول عمر و زنده مانی بره‌های متولد شده از ماه اول زایش تا ماه آخر آن روند نزولی نشان داد. اختلاف بین مقادیر طول عمر و همچنین زنده مانی بره‌ها در این سه ماه برای تمامی مقاطع سنی مورد بررسی معنی دار بود ($P > 0/05$). برآورد نسبت خطر حاصل از تابع ویبال برای ماه‌های مختلف تولد در مقاطع سنی مورد بررسی نشان داد که با فاصله گرفتن از ماه ابتدایی فصل زایش نسبت خطر مرگ و میر افزایش یافته است. دلیل این روند را می‌توان به ضعف مدیریت در ماه آخر فصل زایمان میش‌ها، یا این حقیقت که میش‌ها با وضعیت بدنی نامطلوب در انتهای فصل قوچ اندازی آبستن شده و بنابراین در ماه آخر فصل زایمان نیز بره‌هایی به دنیا می‌آورند که قادر به تیمار آنها به نحو مطلوب نبوده و میزان تلفات در آنها بیشتر می‌شود، نسبت داد.

جنس بره: میانگین حداقل مربعات طول عمر و زنده مانی بره‌های ماده برای همه مقاطع سنی تحت مطالعه بیشتر از طول عمر بره‌های نر بود؛ گرچه اختلاف بین آن‌ها برای طول عمر و زنده مانی بترتیب تنها در مقطع ۳ و ۱ ماهگی معنی دار بود ($P \leq 0/05$). برآورد نسبت خطر در تمامی مقاطع سنی در نرها بیشتر از ماده بدست آمد. سایر پژوهشگران در مطالعه روی نژادهای مختلف گوسفند همانند نتایج حاصل برای طول عمر بره‌ها به عنوان یک متغیر پیوسته در این پژوهش، گزارش کرده‌اند که میزان مرگ و میر در بره‌های نر بیشتر از بره‌های ماده بوده است (۸ و ۹). شاید بتوان بالاتر بودن میزان تلفات در بره‌های نر در مقایسه با بره‌های ماده را به وجود ژن‌های وابسته به جنس مؤثر بر مرگ و میر بره‌ها نسبت داد که هنوز به درستی شناسایی نشده‌اند (۴). نوع تولد: میانگین حداقل مربعات طول عمر و میزان زنده مانی با استفاده از مدل خطی تعمیم یافته در همه مقاطع سنی مورد بررسی در بره‌های دوقلو به نحو معنی داری کمتر از بره‌های تک‌قلو بود ($P > 0/05$). همچنین نسبت خطر مرگ حاصل از تجزیه با استفاده از تابع ویبال در بره‌های دو قلو بیشتر از بره‌های تک‌قلو برآورد شد ($P > 0/05$). نتایج سایر تحقیق‌ها حاکی از آن است که بره‌های حاصل از زایش‌های چند قلو در مقایسه با بره‌های تک‌قلو از میزان مرگ و میر بالاتری تا شیرگیری برخوردار هستند (۹ و ۳) زیرا بطور طبیعی بره‌های متولد شده در زایش‌های چند قلو، دارای وزن تولد پایین تری هستند و توان مقابله آنها با بیماری‌ها کم است (۸ و ۵).

وزن تولد: متغیر کمکی وزن بره‌ها بصورت خطی و درجه دوم بر طول عمر و زنده مانی آنها در تمام مقاطع سنی مورد بررسی تأثیر معنی دار آماری داشت ($P > 0/05$). ضرایب تابعیت خطی برای طول عمر و میزان زنده مانی بره‌ها در همه سنین

مثبت و ضرایب تابعیت درجه دوم آن ها منفی بدست آمد. این ضرایب نشان می دهند که در وزن تولد پایین و بالا بره ها طول عمر و زنده ماننی کمتری دارند ولی وزن تولد در حد میانگین مطلوب می باشد. ضرایب تابعیت خطی و درجه دوم نسبت خطر از وزن تولد بره ها حاصل از تابع ویبال نیز برآورد شد. ضرایب خطی در همه سنین کمتر از ۱ و بین ۰/۰۶ تا ۰/۴۱ ولی ضرایب درجه دوم بزرگتر از ۱ و بین ۱/۰۱۱ تا ۱/۱۹ بود. ضرایب بزرگ تر از ۱ نشان می دهند که نسبت خطر مرگ برای بره های دارای ضرایب بزرگ تر از ۱، افزایش می یابد. این روند تغییرات میزان تلفات با تغییرات وزن تولد بره ها و مطلوب بودن وزن های حد واسط، در برخی از نژاد ها نیز گزارش شده است (۸۵). بر این اساس یکی از راه های بهبود طول عمر و زنده ماننی بره های این نژاد، انتخاب برای وزن تولد حد واسط می باشد.

سن میش: میانگین حداقل مربعات طول عمر و زنده ماننی برآورد شده با استفاده از روش های مختلف تجزیه نشان داد که مرگ و میر بره در میش های خیلی جوان و خیلی پیر بالاتر است اگرچه اثر آن معنی دار نیست و بره های متولد شده از میش های ۲ و ۷ ساله به ترتیب کمترین و بیشترین طول عمر و زنده ماننی را داشتند. نتایج تحقیقات حاکی از این است که بره های متولد شده از میش های جوان تر (یک ساله) دارای وزن تولد کمتر، توان کمتر و مرگ و میر بالاتری هستند (۱۰). در برخی از مطالعات روی نژادهای مختلف مشاهده شد که زنده ماننی بره ها با افزایش سن میش، بهبود یافته است (۶۸ و ۹).

نتایج حاصل از این مطالعه نشان داد که برآورد اثر عوامل غیر ژنتیکی با استفاده از مدل های خطی و تجزیه زنده ماننی تقریباً یکسان بودند. به عبارتی دیگر مقایسه اثرات غیر ژنتیکی با استفاده از مدل خطی و تجزیه زنده ماننی نتایج یکسان و توصیه های مشابهی را در پی خواهد داشت.

منابع

1. Borg, R. C. 2007. Phenotypic and genetic evaluation of fitness characteristics in sheep under a range environment. PhD thesis, Virginia University.
2. Caraviello, D. Z., K. A. Weigel and D. Gianola. 2004. Comparison between a weibull proportional hazards model and a linear model for predicting the genetic merit of US Jersey sires for daughter longevity. *Journal of Dairy Science*, 87:1469-1476.
3. Hatcher, S., K. D. Atkins and S. Safari. 2009. Phenotypic aspects of lamb survival in Australian Merino sheep. *Journal of Animal Science*, 87:2781-2790.
4. Mandal, A., H. Prasad., A. Kumar., R. Roy and N. Sharma. 2007. Factors associated with lamb mortalities in Muzaffarnagari sheep. *Small Ruminant Research*, 71:273-279.
5. Morris, C. A., S. M. Hickey and J. N. Clarke. 2000. Genetic and environmental factors affecting lamb survival at birth and through to weaning. *New Zealand Journal of Agricultural Research*, 43:515-524.
6. Riggio, V., R. Finocchiario and S. C. Bishop. 2008. Genetic parameters for early lamb survival and growth in Scottish Blackface sheep. *Journal of Animal Science*, 86:1758-1764.
7. SAS, 2000. Release 8. 02, SAS Institute Inc., Cary, North Carolia, USA.
8. Sawalha, R. M., J. Conington, S. Brotherstone and B. Villanueva. 2007. Analysis of lamb survival of Scottish Blackface sheep. *Animal*, 1:151-157.
9. Southey, B. R., S. L. Rodriguez-Zas and K. A. Leymaster. 2001. Survival analysis of lamb mortality in a terminal sire composite population. *Journal of Animal Science*, 79:2298-2306.
- 10- Smith, G. M. 1977. Factors affecting birth weight, dystocia and pre-weaning survival in sheep. *Journal of Animal Science*, 44:745-753.

Study of Non-Genetic Factors Affecting Survival of Karakul Lambs from Birth to Yearling Age Using Linear and Non-linear Models

F. Bahri Binabaj^{1*}, M. Tahmoorespor¹, A.A. Aslaminejad¹, M. Vatankhah²

¹ Ferdowsi university of Mashhad, Faculty of Agriculture, Department of animal science.

² Agriculture and Natural Resources Research Center, Shahrekord.

* Corresponding E-mail address: fatemebahri_b@yahoo.com

Abstract

Data set used in this study were 5876 length of life and survival rate records of lambs born in years 1991 to 2008 in Karakul flock at breeding station in Sarakhs. The data were analyzed using linear and hazard ratio models with Weibull function. Models included non-genetic factors such as year, month and type of birth, sex of lamb, age of dam and lambs birth weight as linear and quadratic covariate. Overall mean of lamb's life length and cumulative survival rate up to yearling were 277.61 days and 86% respectively. The effect of year, month and type of birth, sex of lamb and lamb's birth weight as linear and quadratic covariate were significant ($P < 0.05$), but the effect of age of dam was not significant ($P > 0.05$). The survival rate of lambs from first to third month of birth showed a decreasing trend. The male lambs had lower survival rate and higher hazard ratio comparing to female lambs. Lambs with medium birth weight had higher survival rate and lower hazard ratio than lambs with low and high birth weight. Twin lambs had lower survival rate and higher hazard ratio than single lambs. According to the results the effect of non-genetic factors on lamb's survival rate to yearling age achieved from linear and non-linear models were the same and to increase survival rate by improving non-genetic factors, one could use the results obtained from linear or non-linear models.

Keywords: survival, length of life, linear model, Weibull function, Karakul sheep.

مطالعه بیان ژن GATA6 به عنوان یکی از ژنهای کاندید مرتبط با بروز آسیب در جوجه‌های گوشتی

افروز کمالی سنگانی^۱، علی اکبر مسعودی^{۲*}، سیدعبدالله حسینی^۳

به ترتیب، ^۱دانشجو، ^۲استادیار (نویسنده مسئول: E-mail: masoudia@modares.ac.ir) دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس

و ^۳عضو هیئت علمی مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور

چکیده

در این مطالعه، بیان ژن GATA6 در بافت قلب و ریه جوجه‌های گوشتی آسیتی و سالم سویه آرین مورد بررسی قرار گرفت. آزمایش در قالب طرح کاملاً تصادفی با ۲ تیمار، ۴ تکرار و ۳۰ قطعه جوجه در هر تکرار انجام گرفت. شاخص‌های مورد مطالعه شامل نسبت وزن بطن راست به کل بطن‌ها و علائم ظاهری لاشه مثل آب آوردگی شکم، رنگ و بافت ریه جوجه‌ها بود. به منظور بررسی بیان ژن GATA6 ابتدا کل RNA از ۴ تکرار بافت قلب و ریه جوجه‌های دو تیمار استخراج شد و بعد از ساخت cDNA نمونه‌ها، بیان ژن به روش Semi-Quantitative RT-PCR بررسی شد. اطلاعات بیان ژن و وزن بطن جوجه‌ها با استفاده از روش T-Test نرم افزار آماری SPSS16 مورد تجزیه قرار گرفت. در این بررسی نسبت وزن بطن راست به وزن کل بطن‌ها در جوجه‌های مبتلا به آسیب در مقایسه با شاهد افزایش معنی داری ($P < 0.05$) نشان می‌دهد. همچنین نتایج حاصله نشان می‌دهد بیان GATA6 در بافت قلب جوجه‌های آسیتی در مقایسه با جوجه‌های سالم کاهش ($P < 0.05$) و در بافت ریه افزایش ($P < 0.05$) می‌یابد. با توجه به نقش GATA6 به عنوان یکی از مهمترین فاکتورهای تنظیم رونوشت برداری بسیاری از ژنهای موثر در عملکرد قلب و ریه، تغییر بیان GATA6 در بافت قلب و ریه جوجه‌های آسیتی نسبت به گروه شاهد ممکن است با اثر بر ژنهای تحت کنترل خود فعالیت قلب و ریه را تحت تاثیر قرار دهد و نهایتاً جوجه‌ها را مستعد ابتلا به آسیب گرداند.

واژه‌های کلیدی: بیان ژن - GATA6 - آسیب - جوجه‌های گوشتی

مقدمه

طی ۵۰ سال اخیر اصلاح ژنتیکی جوجه‌های گوشتی به منظور افزایش نرخ رشد بدون توجه به ظرفیت قلب و ریه آنها زمینه ساز بروز عوارض زیادی از جمله آسیب در جوجه‌های گوشتی شده است و سالانه بخش قابل توجهی از خسارات اقتصادی مراکز پرورش طیور را به خود اختصاص می‌دهد (۱). بروز عارضه آسیب ممکن است به علت تغییر ساختار یا تغییر بیان یک یا چند ژن موثر به وجود آید. به نظر می‌رسد راه حل مناسب به منظور کاهش شیوع عارضه آسیب در جوجه‌های گوشتی، بررسی مسیرهای ژنتیکی آسیب دیده و مشخص کردن ژن‌های موثر که با شناسایی آنها می‌توان با بهبود ظرفیت قلبی-عروقی و همچنین ششها، سویه‌های مقاوم به آسیب بوجود آورد. در بررسی نواحی کروموزومی موثر در حساسیت جوجه‌ها به فشار خون ریه و افزایش نسبت وزن بطن راست به وزن کل بطن‌ها، چندین ناحیه بر روی کروموزوم‌های ۲، ۴، ۵، ۶، ۸، ۱۰، ۱۷ و ۲۸ به عنوان نواحی کنترل کننده این صفات پیشنهاد شد و ژن‌های زیادی از جمله GATA6 که در رشد و نمو قلب، ریه و سیستم قلبی-عروقی موثر است به عنوان ژن‌های کاندید مرتبط با حساسیت جوجه‌ها به فشار خون ریه معرفی شد (۴).

GATA6 دارای فعالیت‌هایی از قبیل اتصال به پروتئین‌ها و توالی خاص DNA همچنین تعامل با سایر فاکتورهای رونویسی موثر در رشد و تمایز قلب و عروق از قبیل Wnt و GATA4 می‌باشد (۲ و ۶). با توجه به اینکه افزایش فشار خون ریه، هیپرتروفی بطن راست و

افزایش نسبت وزن بطن راست به وزن کل بطن‌ها از علائم بروز آسیب در جوجه‌های گوشتی می‌باشند و اهمیت ژن GATA6 در مسیرهای بیولوژیکی از جمله تمایز سلولی عضلات صاف عروق قلبی و پاسخ سلولی به هیپوکسی (۶ و ۸)، در این تحقیق بیان ژن GATA6 به عنوان ژن کاندید مرتبط با بروز آسیب در بافت قلب و ریه جوجه‌های مبتلا به آسیب در مقایسه با گروه سالم بررسی شده است. نتایج حاصله می‌تواند دیدگاه مناسبی از مسیرهای بیولوژیکی فعالیت GATA6 را برای محققان علوم زیستی مشخص نموده و به درک بهتر مکانیسم ابتلا به آسیب کمک شایانی کند.

مواد و روش‌ها

این آزمایش در قالب طرح کاملاً تصادفی با ۲ تیمار، ۴ تکرار و ۳۰ قطعه جوجه در هر تکرار انجام گرفت. در این آزمایش جیره غلیظ به منظور تسهیل بروز آسیب مورد استفاده قرار گرفت. جیره با سطح بالای انرژی قابل متابولیسم از طریق افزایش فعالیت متابولیسمی باعث افزایش نیاز اکسیژن، نرخ رشد و در نتیجه حساسیت جوجه‌ها به آسیب می‌شود (۵). جیره‌های آزمایشی مطابق جدول ۱ بود.

جدول ۱: ترکیب شیمیایی جیره‌های آزمایشی

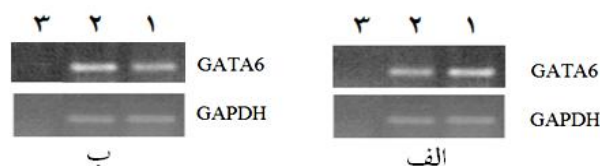
ترکیب شیمیایی جیره	جیره ۱-۲۱ روزگی		جیره ۲۱-۴۲ روزگی	
	رقیق	غلیظ	رقیق	غلیظ
انرژی قابل متابولیسم (kcal)	۲۸۵	۳۰۵۰	۲۹۱۰	۳۱۰۰
پروتئین %	۲۲	۲۳/۵	۲۰	۲۱/۰۷
ترئونین %	۰/۸۵	۰/۹۲	۰/۷۶	۰/۸۱
متیونین + سیستین %	۰/۹۹	۱	۰/۹	۰/۹۱
لازین %	۱/۲۷	۱/۳۷	۱/۱۳	۱/۲۰
فسفر قابل دسترس %	۰/۵	۰/۵	۰/۴۵	۰/۴۵
کلسیم %	۱	۱	۰/۹	۰/۹
سدیم %	۰/۱۷	۰/۱۸	۰/۱۷	۰/۱۷
تعادل آنیون - کاتیون	۲۴۱	۲۴۳	۲۳۰	۲۳۰

شاخص‌های مورد مطالعه شامل نسبت وزن بطن راست به کل بطن‌ها و علائم ظاهری لاشه مثل آب آوردگی شکم و رنگ بافت ریه جوجه‌ها بود. به منظور بررسی بیان ژن GATA6 ابتدا کل RNA از ۴ تکرار بافت قلب و ریه جوجه‌های دو تیمار استخراج شد. cDNA نمونه‌ها، با استفاده از آنزیم Reverse Transcriptase و پرایمر (dT) oligo، طی فرایند RT-PCR، با استفاده از کیت ساخت cDNA فرمتاز ساخته شد. برای اطمینان از نرمال بودن نمونه‌ها ابتدا cDNA ساخته شده با پرایمر GAPDH (پرایمر پیش-برنده: TGAAGGGTGCTAAGCGTG و پرایمر معکوس: GGATGATGTTCTGGGCAGCAC) طراحی شده بر اساس توالی مرجع ژن مذکور در طيور (NM_204305.1)، بررسی شدند. به منظور بررسی بیان ژن GATA6 جهت تکثیر توالی این ژن دو جفت پرایمر (پرایمر پیش‌برنده: CCCTTCGAGAACTCCGTGCTG و پرایمر معکوس: TAATTCCCGGTGCCGTCCCTC) با استفاده از نرم‌افزار Oligo بر اساس توالی مرجع ژن مذکور در طيور

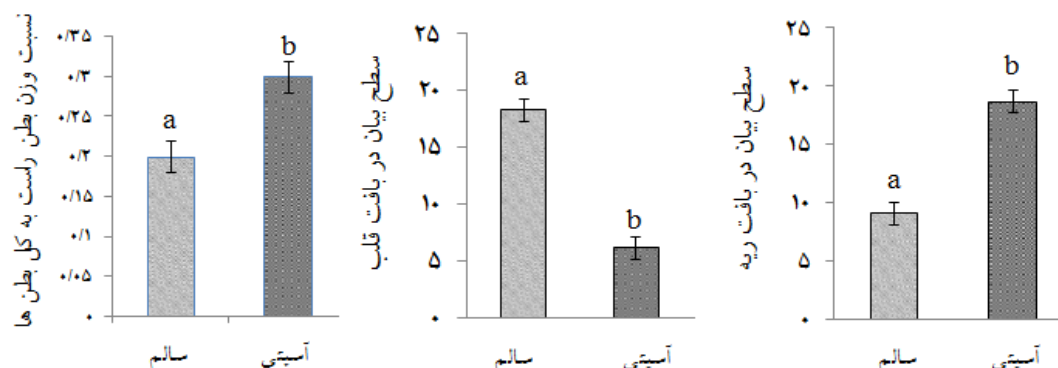
(NM_205420.1)، طراحی و ساخته شد. بیان ژن فوق با استفاده از روش Semi-Quantitative RT-PCR بررسی شد. نتایج حاصله به روش T-Test نرم افزار آماری SPSS16 مورد تجزیه قرار گرفت.

نتایج و بحث

در این تحقیق بیان ژن GATA6 در بافت قلب و ریه جوجه‌های مبتلا به آسیب و گروه شاهد به روش Semi-Quantitative RT-PCR مورد بررسی قرار گرفت. نسبت وزن بطن راست به وزن کل بطن‌ها افزایش معنی‌داری ($P < 0.05$) در جوجه‌های مبتلا به آسیب در مقایسه با گروه سالم نشان داد (نمودار ۱). همان‌طوریکه شکل و نمودار ۱ نشان می‌دهد بیان ژن GATA6 در بافت قلب جوجه‌های مبتلا به آسیب در مقایسه با جوجه‌های سالم کاهش و در بافت ریه جوجه‌های آسیبی در مقایسه با گروه شاهد افزایش یافته است ($P < 0.05$).



شکل ۱: محصولات RT-PCR حاصل از ژن GAPDH و ژن GATA6. به ترتیب در الف) بافت قلب و ب) بافت ریه می‌باشد که نمونه‌های آزمایش شامل ۱. جیره رقیق (سالم)، ۲. جیره غلیظ (آسیبی)، ۳. کنترل منفی PCR



نمودار ۱: نتایج آنالیز بیان در بافت قلب و ریه و نسبت وزن بطن راست به وزن کل بطن‌ها در جوجه‌های مبتلا به آسیب و سالم

تغذیه جوجه‌های گوشتی با استعداد بالای رشد و نمو توسط جیره غلیظ، منجر به افزایش برون‌ده قلب و فشار خون سرخرگی شده که متعاقباً بطن راست برای سازش با شرایط موجود در مقایسه با حالت معمول بزرگ شده و در نتیجه این تغییرات باعث افزایش نسبت وزن بطن راست به کل بطن‌ها می‌شود. این اختلالات پرنده را مستعد ابتلا به عوارض زیادی از جمله آسیب می‌گرداند. بیان GATA6 در بافت قلب و ریه جوجه‌های آسیبی در مقایسه با گروه شاهد بیان متفاوتی نشان می‌دهد و از طرفی قلب و ریه اولین بافت‌هایی هستند که در جوجه‌های مبتلا به آسیب، آسیب می‌بینند. GATA6 دارای توالی حفاظت شده‌ای است که اختصاصاً به نواحی A/T GATA A/G توالی DNA اتصال یافته و از این طریق بیان بسیاری از ژن‌ها را کنترل می‌کنند (۷ و ۹). با توجه به اینکه GATA6 یکی از مهمترین فاکتورهای تنظیم رونوشت برداری از ژن‌های موثر در رشد و نمو سیستم قلبی-عروقی از جمله GATA5, MEF2C, TBX5, MYH6, ACTC1, HAND1 و MYL7 است (۳، ۶ و ۸)، تغییر بیان آن نسبت به حالت طبیعی اثرات قابل توجهی بر بافت قلب و

ریه گذاشته و عملکرد طبیعی آنها را تحت تاثیر قرار می‌دهد. با توجه به اینکه عملکرد طبیعی بافت‌ها از جمله قلب و ریه نیاز به نسبت بهینه‌ای از فاکتورهای رونویسی از جمله GATA6 دارد، ممکن است تغییر بیان GATA6 به دلیل نقش کلیدی آن در سیستم قلب و عروق، برهم‌کنش فاکتورهای رونویسی زیادی را که در تمایز و فعالیت رگ‌ها دخالت دارند را تحت تاثیر قرار دهد و بدین ترتیب منجر به آسیب بافتی و نارسایی آن شود (۶). جیره با غلظت بالای انرژی و پروتئین ممکن است از طریق تاثیر بر تعداد و عملکرد فاکتورهای موثر در بیان GATA6 از قبیل Sp1, SRF یا GATA-1، بیان GATA6 و در نتیجه کلیه ژنهای تحت کنترل آن را تغییر دهد. تغییرات بیان بافت‌ها، اعم از کاهش بیان این ژن در بافت قلب و افزایش بیان آن در بافت ریه ممکن است جوجه را با توجه به پی‌آمد نهایی بیان GATA6 در این بافت‌ها به سمت ابتلا به آسیت سوق دهد. از آنجائیکه اطلاعات به خصوصی در این مورد در دسترس نمی‌باشد، بررسی این ارتباطات پروتئینی در تحقیقات بعدی می‌تواند به درک بهتر نقش GATA6 و تاثیر آن در بروز بیماری‌های قلبی عروقی از جمله معضل ابتلا به آسیت در مراکز پرورش طیور کمک کند.

منابع

1. Krishnamoorthy, S., Anthony, N., Wideman, R., Rhoads, D., and Erf, G. 2011. Genetic analysis of ascites syndrome in commercial broilers using microsatellite markers. *Poultry Science journal*. 45: 22-35.
2. Lavery, D.L., Martin, J., Turnbull, Y.D., and Hoppler, S. 2008. Wnt6 signaling regulates heart muscle development during organogenesis. *Developmental Biology*. 323: 177-188.
3. Maitra, M., Schluterman, M.K., Nichols, H.A., Richardson, J.A., Lo, C.W., Srivastava, D., and Garg, V. 2009. Interaction of Gata4 and Gata6 with Tbx5 is critical for normal cardiac development. *Developmental Biology*. 326: 368-377.
4. Rabie, T.S.K.M., Crooijmans, R.P.M.A., Bovenhuis, H., Vereijken, A.L.J., Veenendaal, T., van der Poel, J.J., Van Arendonk, J.A.M., Pakdel, A., and Groenen, M.A.M. 2005. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting susceptibility in chicken to develop pulmonary hypertensi on syndrome. *Animal Genetics Journal*. 36: 468-476.
5. Sheng, X., Huang, K., and Wang, S. 2010. Effect of dietary energy levels on the growth of Wannan sanhuang broiler and occurrence of ascites syndrome. *Animal Husbandry and Veterinary Medicine*. 34: 57-68.
6. Tian, Y., Yuan, L., Goss, A.M., Wang, T., Yang, J., Lepore, J.J., Zhou, D., Schwartz, R.J., Patel, V., Cohen, E.D., et al. 2010. Characterization and In Vivo Pharmacological Rescue of a Wnt2-Gata6 Pathway Required for Cardiac Inflow Tract Development. *American Journal of Microbiology*. 78: 890-902.
7. Walton, R.Z., Bruce, A.E.E., Olivey, H.E., Najib, K., Johnson, V., Earley, J.U., Ho, R.K., and Svensson, E.C. 2006. Fog1 is required for cardiac looping in zebrafish. *Developmental Biology*. 289: 482 - 493.
8. Zhao, R., Watt, A.J., Battle, M.A., Li, J., Bondow, B.J., and Duncan, S.A. 2008. Loss of both GATA4 and GATA6 blocks cardiac myocyte differentiation and results in acardia in mice. *Developmental Biology*. 317: 614-619.
9. Zhao, R., Watt, A.J., Li, J., Wheeler, J.L., Morrissey, E.E., and Duncan, S.A. 2005. GATA6 Is Essential for Embryonic Development of the Liver but Dispensable for Early Heart Formation. *American Society for Microbiology*. 25: 2622-2631.

A study on GATA6 gene expression as a candidate gene in ascitic broilers

Kamali Sangani¹, A., Masoudi^{1*}, A. A., and Hosseini², A.

¹Department of Animal Science, Tarbiat Modares University, ²Animal Science Research Institute, Iran

* Corresponding E-mail address: masoudia@modares.ac.ir

Abstract:

GATA6 is an important transcription factor that regulates numerous genes related to heart and lungs development. Cardiovascular system is the main part of the body which has been affected in ascitic broilers. In the current study, the expression of the GATA6 gene as a candidate gene was investigated in heart and lung of the ascitic broilers in comparison with controls. Total RNAs of heart and lung tissues of 4 samples of each treatment were extracted and applied for cDNA synthesis. Expression of the GATA6 gene was carried out by semi-Quantitative RT-PCR. The results indicated a significant ($P < 0.05$) reduction of the gene expression in heart of the ascetic broilers. Contrary, an increasing of the gene expression level was observed in lungs of the ascetic broilers. RT/VT, mortality and body weight gain increased in ascetic group of the birds. No significant differences were observed in feed intake and FCR between two groups. Interaction of the GATA6 with genes involved in some important pathways of heart and lung development could interpret these findings which should be more elucidated.

Key words: GATA6- gene expression- ascite- broiler

تاثیر جابجایی درون گله ای خروس ها بر روی ضریب اقتصادی تولید جوجه یک روزه گوشتی در یک گله مرغ مادر

رضا سید شریفی^{۱*}، علیرضا فلاح خیر^۲ و نجات بادبرین^۱

۱- دانشجوی دکترای اصلاح دام دانشگاه گیلان، ۲- کارشناس ارشد اصلاح دام

* نویسنده مسئول: رضا سید شریفی، گروه علوم دامی دانشگاه گیلان

Email: Reza_sayedsharifi@yahoo.com

چکیده

بازده تولید مثلی خروسها با افزایش سن کاهش می یابد لذا جابجایی درون گله ای یکی از روش های ضروری در جهت بهبود باروری در گله می باشد. در این مطالعه تاثیر جابجایی درون گله ای بر روی تولید جوجه های گوشتی در گله مرغ مادر بررسی شد. گله مرغ مادر به ۱۱ پن انفرادی تقسیم شد و اینترا اسپایکینگ^{۱۸} (جابجایی خروس ها) از ۲۰ تا ۳۰ درصد انجام گرفت، سپس عملکرد آنها باهم مقایسه شدند. نتایج این بررسی نشان داد که افزایش در اینترا اسپایکینگ خروس ها از ۲۰ تا ۳۰ درصد منجر به افزایش معنی داری در تعداد جوجه تولیدی شد. و از طرفی ارزش اقتصادی تولید جوجه ها با افزایش اینترا اسپایکینگ از ۲۰ تا ۲۷ درصد افزایش و تا ۳۰ درصد کاهش می یابد. بنابراین بهترین بازه اینترا اسپایکینگ تا ۲۷ درصد، اقتصادی ارزیابی می گردد.

واژگان کلیدی: اینترا اسپایکینگ- بازده تولید مثلی- مرغ مادر

مقدمه

باروری مرتبط با سن خروس در گله های مادر گوشتی می تواند به سطوح عالی باروری در آغاز دوره تولید مثلی (۴۰-۳۰ هفتگی) منجر شود. اما باروری به سرعت پس از ۴۵-۴۰ هفتگی کاهش می یابد. میزان باروری از ۷۰-۶۵ هفتگی از نقطه نظر اقتصادی بسیار پایین بوده و در این سن معمولاً گله حذف و فروخته می شود. اغلب همگام با پیشرفت های ژنتیکی نیاز به تکنیک های جدید مدیریتی نیز می باشد. بنابراین طیور نیازمند یک برنامه مدیریتی منظم و هماهنگ برای رسیدن به حداکثر پتانسیل تولید هستند (۴). با فرض وجود شرایط محیطی مناسب، چهار تکنیک مدیریتی برای افزایش فعالیت جفتگیری خروس وجود دارد که شامل برنامه تغذیه ای، نسبت جنسی در ابتدای جوجه ریزی، اسپایکینگ (معرفی خروس جوان به گله پیر) و اسپایکینگ داخلی (اینترا اسپایکینگ). اسپایکینگ و اینترا اسپایکینگ عمده تاً برای جبران کاهش میل جفتگیری بکار برده می شوند (۱ و ۴). به منظور رفع مشکلات مربوط به اسپایکینگ نظریه اینترا اسپایکینگ توسعه داده شده است. در این روش خروس های هم سن بین سالن- های همان مزرعه یا پن های همان سالن در ۴۵-۴۰ هفتگی به منظور تحریک فعالیت جفتگیری خروس های اولیه انتقال داده می- شوند (۳ و ۲). اینترا اسپایکینگ سه مزیت نسبت به اسپایکینگ معمولی دارد که عبارتند از هزینه عملیاتی پایین به دلیل عدم احتیاج به پرورش خروس اضافی، عدم وجود خطر زیست ایمنی و استفاده سریعتر و مؤثرتر از خروس های اضافه شده بدلیل داشتن تجربه جفتگیری و شباهت ساختار بدنی آنها با خروس های اولیه می باشند. این مساله به آنها این فرصت را می دهد که از همان

ابتدای انتقال بتوانند با دیگر خروس‌های اولیه در جفتگیری به رقابت برخاسته و بخوبی جفتگیری کنند (او۴). هدف از انجام این تحقیق محاسبه تاثیر جابجایی درون گله‌ای خروس‌ها بر روی ضریب اقتصادی تولید جوجه یک روزه گوشتی در یک گله مرغ مادر بود.

مواد و روش‌ها

این مطالعه در یک مزرعه مرغ مادر گوشتی واقع در استان مازندران، شهرستان بهشهر انجام شد. مزرعه شامل ۱۱ سالن مجزا بود که یکی از سالن‌ها در دوره پرورش به نگهداری خروس‌ها اختصاص داشت و مدیریت جداگانه‌ای روی آنها اعمال می‌شد. ۱۰ سالن دیگر به پرورش و نگهداری مرغ‌ها اختصاص داشت. سیستم دانخوری و آبخوری اتوماتیک بوده و جوجه ریزی بر مبنای سیستم تمام پر تمام خالی اجرا گردید. تعداد مرغ در ابتدای دوره تولیدی ۳۶۰۰۰ قطعه و تعداد خروس‌ها ۳۶۰۰ قطعه بود. با شروع تحریک نوری مرغ‌ها و خروس‌ها در ۱۵۷ روزگی، اولین مرحله انتقال خروس‌ها به داخل گله مرغ مادر انجام گرفت و در این جابجایی ۵ درصد از ظرفیت مرغ هر سالن به خروس‌ها اختصاص داده شد. مرحله بعدی انتقال خروس‌ها در ۱۶۲ روزگی اتفاق افتاد و ۵ درصد مابقی به داخل گله مرغ مادر منتقل شدند. بطوریکه در پایان اختلاط مرحله دوم، هر یک از ۱۱ سالن حاوی ۳۶۰۰ مرغ و ۳۶۰ خروس (۱۰ درصد ظرفیت مرغ‌ها) بود. در هفته ۲۶ درصد خروس به مرغ گله به ۹ درصد کاهش داده شد و موجودی مرغ سالن‌ها ۳۵۹۰۰ و خروس سالن‌ها ۳۲۳۱ قطعه بود. در هفته ۳۵، یک درصد از نسبت خروس به مرغ گله کاسته شده و به ۸ درصد رسید که تعداد ۳۵۴۵۰ قطعه مرغ و ۲۸۳۶ قطعه خروس برای گله در نظر گرفته شد. این مقدار در هفته ۴۵ به ۷ درصد کاهش یافت و موجودی مرغ و خروس سالن‌ها به ترتیب ۳۵۲۰۰ و ۲۴۶۴ قطعه شد. بطوری که موجودی مرغ هر سالن ۳۲۰۰ قطعه و موجودی خروس هر سالن ۲۲۴ قطعه بود. لازم بذکر است برای جلوگیری از زد و خورد خروس‌ها و کاهش آسیب فیزیکی به مرغ‌ها درصد خروس به مرغ بطور منظم کاهش یافت. هر سالن به ۲ پن مجزا تقسیم بندی شده و تعداد مرغ پن اول هر سالن ۱۶۰۰ قطعه و تعداد خروس پن اول نیز ۱۱۲ قطعه بود که همین تعداد به پن دوم از هر سالن اختصاص داده شد. در هفته ۴۵ تعداد مساوی از خروس‌های پن اول و دوم هر سالن با یکدیگر تعویض گردیدند. این جابجایی و قرار گرفتن خروس‌ها در محیط جدید، امکان جفتگیری بیشتر و بالطبع نطفه داری بیشتر تخم مرغ‌های تولیدی را به همراه داشت. ضرایب اقتصادی ناشی از عمل اینترا اسپایکینگ از طریق شبیه سازی زیست اقتصادی محاسبه گردیدند.

نتایج و بحث

در این تحقیق به ازای یک واحد افزایش درصد اینترا اسپایکینگ از ۲۰ درصد به ۲۱ درصد، درصد هچ از ۷۴/۶۳ به ۷۵/۲۶ درصد و تعداد جوجه درجه یک از ۱۴۰/۶ به ۱۴۰/۷ ارتقا یافته و ضریب اقتصادی تعداد جوجه درجه یک از ۱۲/۰۹ به ۱۲/۶۳ افزایش می‌یابد. با افزایش اینترا اسپایکینگ از ۲۱ به ۲۲ درصد، درصد هچ از ۷۵/۲۶ به ۷۵/۴۸ درصد ارتقا یافته و تعداد جوجه درجه یک به ازای مرغ پای تولید از ۱۴۰/۷۹ به ۱۴۱/۲۱ ارتقا یافته و ضریب اقتصادی تعداد جوجه درجه یک از ۱۲/۶۳ به ۱۲/۹۷ افزایش می‌یابد. با افزایش اینترا اسپایکینگ از ۲۲ به ۲۳ درصد، درصد هچ از ۷۵/۴۸ به ۷۶/۰۴، تعداد جوجه درجه یک از ۱۴۱/۲ به ۱۴۱/۵ افزایش یافته و ضریب اقتصادی تعداد جوجه درجه یک از ۱۲/۹۷ به ۱۵/۶۰ افزایش می‌یابد. جدول ۱ تاثیر افزایش درصد اینترا اسپایکینگ بر درصد هچ و ضریب اقتصادی تعداد جوجه یک روزه را نشان می‌دهد. همانگونه که ملاحظه می‌شود بهترین بازه اینترا اسپایکینگ تا ۲۷ درصد اقتصادی ارزیابی می‌گردد.

جدول ۱- تاثیر افزایش درصد اینترا اسپایکینگ بر درصد هچ و ضریب اقتصادی تعداد جوجه یک روزه

مقادیر اینترا اسپایکینگ (درصد)	درصد هج	تعداد جوجه درجه یک	ضریب اقتصادی تعداد جوجه درجه یک
۲۰	۷۴/۶۳	۱۴۰/۶۴	۱۲/۰۹
۲۱	۷۵/۲۶	۱۴۰/۷۹	۱۲/۶۳
۲۲	۷۵/۴۸	۱۴۱/۲۱	۱۲/۹۷
۲۳	۷۶/۰۴	۱۴۱/۵۳	۱۵/۶۰
۲۴	۷۶/۳۲	۱۴۱/۸۹	۱۶/۲۹
۲۵	۷۶/۴۷	۱۴۲/۰۶	۱۹/۵۸
۲۶	۷۶/۵۸	۱۴۲/۶۱	۱۹/۷۳
۲۷	۷۶/۹۱	۱۴۲/۷۳	۲۰/۲۴
۲۸	۷۶/۲۵	۱۴۱/۷۲	۱۸/۰۴
۲۹	۷۶/۱۷	۱۴۱/۵۶	۱۶/۷۰
۳۰	۷۵/۳۰	۱۴۰/۷۰	۱۵/۳۵

منابع

1. Bahr, J. M., and M. R. Bakst, 1987. Chapter 18 Poultry. Pages 379-398 in: Reproduction in farm animals. 5th ed E. S. E. Hafez, ed. Lea and Febiger, Philadelphia, PA.
2. Bramwell, R. K., C. D. McDaniel, C. D. Wilson, and B. Howarth, 1996. Age effects on male and female broiler breeders on sperm penetration of the perivitelline layer overlying the germinal disc. Poultry Sci. 75:755-762.
3. Sexton, T. J., 1983. Maximizing the utilization of the male breeder: A review. Poultry Sci.J. 62: 1700-1710.
4. Wilson, H. R., N. P. Piesco, E. R. Miller, and W. G. Nesbeth, 1979. Prediction of the fertility potential of broiler breeder males. World's Poultry Sci. J. 35: 95-118.

Influences of males intra spiking on economic value of chicks yield in broiler breeder flock

Reza seyed sharifi^{1*}, Ali reza fallah khair², Nejat Badbarin¹

1, 2 , Post Graduate Student , Animal breeding , University of Guilan,

Graduate Student , University of Zanzan

* Corresponding E-mail address: Reza_seyedsharifi@yahoo.com

Abstract

Reproductive efficiency of male broiler breeders declines toward the end of a production cycle intra spiking of males is one of the necessary methods for breeding flocks to maintain fertility through the life of the flock. Birds of the flock were divided to 11 individual pens

and intra spiking of males performed by 20, 21... 30 percent and performance of these treatments were compared with each other.. Results showed increasing intra spiking from 20 to 30 percent was caused increasing significantly in number of chicks yield, and economic value of chicks yield increased from 20 to 27 percent intra spiking and then decreased to 30 percent of intra spiking.

Keywords: Intra Spiking-chicks yield-breeder flock

شناسایی کدون های حساس به اسکرابی در سه نژاد گوسفند ایرانی

رضا باتوانی*، محمدعلی ادریس و حمیدرضا رحمانی

بترتیب دانشجوی سابق، استاد و دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان

* batavani_bio@ag.iut.ac.ir

چکیده

در این مطالعه بررسی روی ۱۵۰ نمونه خون گردآوری شده از سه نژاد گوسفند نایینی، بختیاری و زندی جهت شناسایی کدون های حساس به اسکرابی صورت گرفت. استخراج دی آن از نمونه های خون با روش بهینه شده استخراج نمکی انجام شد. جهت بررسی چند شکلی در کدون های مورد نظر از روش پی سی آر-آر اف ال پی استفاده شد. به این منظور دو واکنش پی سی آر طراحی شد: یکی جهت بررسی چند شکلی کدون های ۱۳۶ و ۱۵۴ و دیگری جهت بررسی چند شکلی در کدون ۱۷۱. در مرحله پی سی آر-آر اف ال پی از آنزیم *PagI* جهت بررسی چند شکلی کدون های ۱۳۶ (آلانی، *A*/والین، *V*) و ۱۵۴ (هیستیدین، *H*/آرژنین، *R*) و از آنزیم *BclI* جهت بررسی چند شکلی کدون ۱۷۱ (گلوتامین، *Q*/آرژنین، *R*) بهره گرفته شد. نتایج این مطالعه نشان می دهد که ژنوتیپ بسیار حساس به اسکرابی (*AA*₁₃₆*RR*₁₅₄*QQ*₁₇₁) در دو نژاد نایینی و زندی بیشترین فراوانی ها را (بترتیب ۶۲ درصد و ۷۲ درصد) در بین دیگر ژنوتیپ ها بخود اختصاص داده است. در نژاد بختیاری ژنوتیپ *AA*₁₃₆*HH*₁₅₄*QQ*₁₇₁ بیشترین فراوانی (۶۰ درصد) را نشان می دهد. این در حالی است که فراوانی ژنوتیپ بسیار حساس *VV*₁₃₆₁₅₄₁₇₁ در هر سه نژاد و فراوانی ژنوتیپ حساس *AV*₁₃₆₁₅₄₁₇₁ در نژاد بختیاری صفر است. نژاد بختیاری در کدون ۱۳۶ و ۱۷۱ چندشکلی نشان نمی دهد و تنها آل آنها به ترتیب *A* و *Q* است. ژنوتیپ کاملاً مقاوم *AARRRR* در هیچکدام از نژاد ها مشاهده نشده است.

واژه گان کلیدی: اسکرابی- نژادهای گوسفند ایرانی- پریون - چندشکلی در کدون

مقدمه

اسکرابی یک بیماری کشنده و تحلیل برنده سیستم عصبی در گوسفند و بز می باشد که اولین بار در نیمه اول قرن ۱۷ به صورت بالینی تشریح شد. اسکرابی با تجمع یک فرم غیرطبیعی پروتئین پریون در سلول های عصبی ارتباط دارد. فرم طبیعی این پروتئین پریون به صورت *PrP^C* (پروتئین پریون سلولی) و فرم غیرطبیعی پروتئین پریون به صورت *PrP^{SC}* (پروتئین پریون اسکرابی) نشان داده می شود. اسکرابی جزء دسته ای از بیماری ها تحت عنوان انسفالوپاتی های اسفنجی شکل قابل انتقال (*TSE*) می باشد که از آن دسته می توان به بیماری کروتز فلدت جاکوب (*CJD*) در انسان و انسفالوپاتی اسفنجی شکل گاوی (*BSE*) اشاره نمود. حساسیت ژنتیکی نقش مهمی در این بیماری ایفا می کند. این حساسیت و دوره کمون اسکرابی با ژنوتیپ اسکرابی ارتباط دارد. در طی مطالعات زیادی که انجام شده است چند شکلی های مختلفی در ژن *PRNP* مشاهده شده است. از بین این چند شکلی ها، چند شکلی های موجود در ۳ کدون ۱۳۶، ۱۵۴ و ۱۷۱ نقش مؤثری در ایجاد بیماری ایفا می کنند. این چند شکلی ها در تغییر شکل *PrP^C* به *PrP^{SC}* مؤثر هستند. به این ترتیب سعی بر این شد تا مطالعه ای در جهت تعیین فراوانی ژنوتیپ و آللی ژن اسکرابی در ۳ کدون اصلی (۱۳۶، ۱۵۴ و ۱۷۱) در ۳ نژاد گوسفند نایینی، لری بختیاری و زندی صورت گیرد.

مواد و روشها

از ۱۵۰ رأس گوسفند از سه نژاد ایرانی شامل: نژاد نائینی، نژاد بختیاری و نژاد زندی هریک ۴ تا ۵ میلی لیتر خون از ناحیه گردن در لوله های آزمایشگاهی ونوجک حاوی EDTA با غلظت ۲/۵ درصد جمع آوری شد. نمونه ها از چهار استان شامل استان اصفهان (نژاد نائینی)، تهران (نژاد زندی)، قم (نژاد زندی) و چهارمحال و بختیاری (نژاد بختیاری) و از هر نژاد ۲۵ گله در نظر گرفته شد که از هر گله ۲ نمونه بطور تصادفی جمع آوری و بر روی یخ به آزمایشگاه منتقل و در فریزر ۲۰- درجه سانتیگراد نگهداری شد. DNA نمونه ها با استفاده از روش بهینه شده نمکی میلر و همکاران (۸) استخراج گردید و کیفیت آن با استفاده از روش اسپکتروفتومتری در طول موج ۲۶۰ نانومتر و بقایای پروتئینی در طول موج ۲۸۰ نانومتر اندازه گیری و مورد بررسی قرار گرفت. سپس DNA استخراج شده به کمک واکنش PCR توسط دو آغازگر اختصاصی برای دو قطعه، که قطعه اول (۷۲۸ جفت باز) حاوی کدون ۱۳۶ و ۱۵۴ و قطعه دوم (۲۵۶ جفت باز) حاوی کدون ۱۷۱ بود تکثیر شد.

جدول نام و توالی آغازگرهای مورد استفاده

نام آغازگر	توالی آغازگر
PrP-136,154 F	5'-GAG GAA GAG TTG TGT TAC TAC T-3'
PrP-136,154 R	5'-ACA AAG TTG TTC TGG TTA CTA TA-3'
PrP-171 F	5'-GTG TAC TAC AGA CCA GTT GAT C-3'
PrP-171 R	5'-AAG AGA TGA GGA TGA TCA CAG G-3'

محصول واکنش زنجیره ای پلی مرز برای کدون های ۱۳۶ و ۱۵۴ بوسیله آنزیم *PagI* که ترادف TCATGA را شناسائی و بصورت T↓CATGA برش می دهد، مورد هضم آنزیمی قرار گرفت. همچنین برای کدون ۱۷۱ از آنزیم *Bell* که ترادف TGATCA را شناسائی و بصورت T↓GATCA را برش می دهد استفاده شد. جهت الکتروفورز محصولات هضم آنزیمی از ژل آکریلامید استفاده شد.

ژنوتیپ تک تک افراد برای کدون های ۱۳۶، ۱۵۴ و ۱۷۱ با استفاده از نرم افزار POPGENE نسخه ۱/۳۱ مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت.

نتایج و بحث

با بررسی کدون های حساس به اسکراپی در ۳ نژاد نائینی، لری بختیاری و زندی و مقایسه فراوانی های ژنوتیپی و آللی نقطه مشترکی بین این ۳ نژاد مشاهده می شود. این نقطه مشترک عدم وجود حتی یک نمونه ژنوتیپ AA₁₃₆RR₁₅₄RR₁₇₁ است. لازم به ذکر است که این ژنوتیپ در کشورهای اروپایی و آمریکایی هرگز به اسکراپی حساسیت نشان نداده است (۳ و ۴)، هر چند یک نمونه اسکراپی در گوسفندان نژاد سافولک در ژاپن با ژنوتیپ AA₁₃₆RR₁₅₄RR₁₇₁ مشاهده شده است (۶). آلل H در کدون ۱۷۱ در نژادهای آمریکایی و نژاد های هلندی (Swiniarka و Wrzosowka) فراوانی بسیار کمی دارد و در دیگر نژادهای خارجی از جمله نژاد ایسلندی، نژاد ساردا در ایتالیا، نژاد لاکستا در اسپانیا (۷) مشاهده نشده است. بنابراین آلل H را می توان از آلل های نادر در کدون ۱۷۱ دانست که می تواند در مورد نژادهای ایرانی نیز به همین صورت باشد. در این صورت فراوانی زیاد ژنوتیپ AA₁₃₆--154QQ₁₇₁ (اگر فرض بر این باشد که آلل های R و Q تنها آلل های موجود در کدون ۱۷۱ باشند و آلل H بسیار نادر باشد) و فراوانی کم آلل V و ژنوتیپ AV و عدم وجود ژنوتیپ VV در کدون ۱۳۶ در هر ۳ نژاد نشان می دهد که فراوانی چند شکلی های موجود در ژن اسکراپی در این نژادها مشابه نژادهای آمریکایی (سافولک، همپشایر،

دورست و مونتادال)، نژاد اسپانیایی لاکستا، نژاد ماسر در ایتالیا و نژاد لاکان در فرانسه است. لذا در ۳ نژاد نائینی، زندی و بختیاری انتظار می‌رود که، حساسیت به اسکرابی بیشتر تحت تاثیر کدون ۱۷۱ و ژنوتیپ‌های QQ_{171} ، QR_{171} باشد و کدون ۱۳۶ نقش کمتری در حساسیت به اسکرابی ایفا کند. اما نظریه دیگری وجود دارد که بررسی حساسیت ژنوتیپ‌ها را از دید دیگری مورد کاوش قرار می‌دهد و آن وجود سویه‌های مختلف اسکرابی است که ژنوتیپ‌های متفاوتی را تحت تاثیر قرار می‌دهند. با وجود این نظریه حساسیت به اسکرابی به شکل دیگری تفسیر می‌شود و آن اینکه در واقع این ژنوتیپ‌ها نیستند که حساسیت به اسکرابی و استعداد ابتلا به بیماری اسکرابی را منحصر به خود می‌کنند. بر اساس این نظریه ژنوتیپ‌های $AA_{136}RR_{154}RQ_{171}$ و $AA_{136}RR_{154}QQ_{171}$ نسبت به سویه $SSBP/1$ اسکرابی مقاوم هستند و در مقابل نسبت به سویه $CH1641$ حساس هستند (۵). این اتفاق برای ژنوتیپ‌های موجود در انگلستان رخ داده است. به این صورت که قبلاً نظریه‌ای وجود داشت مبنی بر این که در نژادهای انگلیسی کدون ۱۳۶ در افزایش حساسیت به اسکرابی در درجه اول اهمیت قرار دارد نه کدون ۱۷۱، به طوری که بیماری در ژنوتیپ‌های AV و VV رخ می‌دهد و ژنوتیپ AA هرگز به بیماری مبتلا نمی‌شود (۴). اما زمانی که در نژاد نوع والین نمونه‌های بیماری در ژنوتیپ $AA_{136}RR_{154}QQ_{171}$ مشاهده شد این نظریه زیر سوال رفت (۲). بعد از مشاهده بیماری اسکرابی در نژادهای انگلیسی که هم با کدون ۱۷۱ و هم کدون ۱۳۶ مرتبط بود این فرضیه پیش آمد که حساسیت به بیماری تنها مربوط به ژنوتیپ حیوان نیست و عوامل دیگری نیز نقش دارند- از جمله سویه اسکرابی. به طوری که سویه $SSBP/1$ گوسفندان را بر اساس کدون ۱۳۶ تحت تاثیر قرار داده و تمام ژنوتیپ‌های AA از جمله $AARRQQ$ و $AARRQR$ نسبت به سویه $SSBP/1$ مقاوم هستند و در مقابل این سویه $CH1641$ است که گوسفندان را بر اساس ژنوتیپشان در کدون ۱۷۱ تحت تاثیر قرار می‌دهد و متعاقباً ژنوتیپ‌های $AARRQR$ و $AARRQQ$ را به بیماری مبتلا می‌کند (۵).

حال سوالی که در ارتباط با نژادهای ایرانی مطرح می‌شود این است که با توجه به عدم شناسایی سویه‌های اسکرابی در مناطق مختلف ایران (البته در صورتیکه سویه‌ای از اسکرابی در ایران موجود باشد) آیا می‌توان نژادهای ایرانی را به اسکرابی حساس خواند؟ در مورد نژادهای نائینی و زندی، با توجه به مشاهده فراوانی بسیار زیاد ژنوتیپ‌های $AARRQR$ و $AARRQQ$ در این دو نژاد و عدم مشاهده نمونه اسکرابی در منطقه، احتمال وجود سویه $CH1641$ در این مناطق بسیار کم می‌شود. نیز وجود آلل V و ژنوتیپ‌های $AVRRQQ$ (در هر دو نژاد نائینی و زندی) و $AVRHQQ$ (در نژاد نائینی)، با توجه به ۱- حساسیت این ژنوتیپ‌ها به سویه $SSBP/1$ و ۲- عدم گزارش نمونه اسکرابی در این دو نژاد تاکنون، احتمال وجود سویه $SSBP/1$ در منطقه کم می‌شود. بر این اساس احتمال وجود سویه‌ای متفاوت از دو سویه شناخته شده ($CH1641$, $SSBP/1$) افزایش می‌یابد. همانطور که مشاهده یک گوسفند نژاد سافولک ژاپنی به اسکرابی با ژنوتیپ $AARRRR$ احتمال سویه دیگری از اسکرابی را افزایش داده است (۶). در مورد نژاد بختیاری اینکه: ۱- با توجه به مقاومت آلل AHQ در دیگر نژادهای خارجی از جمله نژادهای چویوت، تکسل و ایسلندی (۱) نسبت به اسکرابی و ۲- فراوانی بسیار زیاد ژنوتیپ $AAHHQQ$ و فراوانی متوسط ژنوتیپ $AARHQQ$ و ۳- عدم گزارش نمونه اسکرابی در این نژاد تاکنون، می‌توان این نژاد را نسبت به اسکرابی مقاوم دانست. البته لازم به ذکر است که آلل H در نژادهای رومانوف، سافولک و فیندورست هم در گوسفندان سالم و هم در گوسفندان بیمار مشاهده شده است (۳). لذا با فرض حساس بودن آلل H در نژاد لری بختیاری و با توجه به فراوانی زیاد ژنوتیپ QQ در این نژاد، احتمال وجود استعداد به حساسیت نسبت به اسکرابی سویه $CH1641$ بسیار زیاد است. از طرفی عدم گزارش نمونه اسکرابی در این نژاد احتمال عدم وجود سویه $CH1641$ و یا وجود سویه ناشناخته دیگری را نیز در منطقه تقویت می‌کند.

منابع

1. Belt, P.B., I.H. Muileman, B.E.C. Schreuder, J. Bosderuijter, A.L.J. Gielkens and A.M. Smits. 1995. Identification of five allelic variants of sheep PrP gene and their association with natural scrapie. *J. Gene. Virol.* 76:509-517.
2. Cloucard, C., P. Berudry, J.M. Elsen, D. Millan, M. Dussaury, C. Bounneau, F. Schelcher, J. Chatelain, J.M. Launay and J.L. Laplanche. 1995. Different allelic effects of the codon-136 and codon-171 of the prion protein gene in sheep with natural scrapie. *J. Gene. Virol.* 76:2097-2101.
3. Dawson, M., J.L. Hoinville, B. Hoise and N. Hanter. 1998. Guidance on the use of PrP genotyping and aid to control of clinical scrapie. *Vet. Record.* 142:623-625.
4. Dickinson, A.J. 1976. Scrapie in sheep and goats. In: Kimberlin, R. (Editor) *Slow virus disease of animals and man*. North Holland. Amsterdam. PP. 209-241.
5. Goldmann, W., N. Hunter, G. Smith, J. Foster and J. Hope. 1994. PrP genotype and agent affects in scrapie-change in allelic interaction with different isolate of agent in sheep, a natural host of scrapie. *J. Gene. Virol.* 35:989-995.
6. Hurtado, A., A.L. Garcia-perez, I. Beltran de Heredia, J. Barandika, A. Sanz-parra, E. Berriatua and R.A. Juste. 2002. Genetic susceptibility to scrapie in a population of Laxta breed sheep in the Basque country, Spain. *Small. Rum. Res.* 45:255-259.
7. Ikeda, T., M. Horiuchi, N. Ishiguro, Y. Muramatsu, G. Kai-Uwe and M. Shinagawa. 1995. Amino acid polymorphisms of PrP with references to onset of scrapie in Suffolk and Corriedale sheep in Japan. *J. Gene. Virol.* 76:2577-2581.
8. Miller, S.A., D.D. Dykes and H.F. Polesky. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Res.* 16:1215.

Identification of susceptible codons to scrapie in three Iranian breeds of sheep

Reza Batavani*, Mohammad Ali Edriss, Hamidreza Rahmani

Department of Animal Science, College of Agriculture, Isfahan University of Technology

*batavani_bio@ag.iut.ac.ir

Abstract

One hundred and fifty blood samples were collected from the three breeds of Naeini, Bakhtiari and Zandi sheep and studied in order to identify the susceptible codons to scrapie. DNA extraction from blood samples was down through the modified salting out method. In order to study polymorphs in the codon in question, the PCR-RFLP method was applied. For this purpose, two PCR reactions were designed: One for the study of polymorphs in codon 136 and 154 and another for the study of polymorphs in the codon 171. At the PCR-RFLP stage. The enzyme *PagI* was used to study the polymorphs of codon 136 (Alanine, A/ Valine, V) and 154 (Histidine, H/ Arginine, R) and the enzyme *BclI* to study the polymorphs of the codon 171 (Glutamine, Q/ Arginine, R). The results of the study showed that the highly scrapie-susceptible genotype AA₁₃₆RR₁₅₄QQ₁₇₁ in the tow breeds of Naeini and Zandi had the highest frequency (62% and 72% respectively) of all the genotypes. As for the Bakhtiari breed, the genotype AA₁₃₆HH₁₅₄QQ₁₇₁ had the highest frequency (60%). However, the frequency of the highly susceptible genotype VV₁₃₆--154--171 in all three breeds and that of the susceptible genotype AV₁₃₆--154--171 in the Lori Bakhtiari were zero. The Lori Bakhtiari showed no polymorph in the two codons 136 and 171 where A and Q were the only alleles respectively. The completely resistant genotype AA₁₃₆RR₁₅₄RR₁₇₁ had not been seen in any of the breeds.

Keywords: Scrapie – Iranian breeds – prion – codon polymorphism

اثر سخت‌زایی بر سلول‌های بدنی شیر و فاصله‌ی زایش در گاوهای هلستاین ایران

محسن اکتفائی^{۱*}، هادی آتشی^۱، محمدباقر صیادنژاد^۲

۱. دانشجوی کارشناسی ارشد و استادیار بخش علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه شیراز

۲. کارشناس ارشد مرکز اصلاح نژاد دام، کرج، ایران

mohsen_ektfaie@yahoo.com* نویسنده مسئول: محسن اکتفائی، بخش علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه شیراز

مقدمه

سخت‌زایی، به تاخیر افتادن و سختی زایش، اهمیت اقتصادی بالایی در صنعت گاو شیری دارد (۲، ۴ و ۱۴). برآورد اثر این سخت‌زایی بر عملکرد شیردهی، سلامتی، باروری و زنده‌مانی، از نظر ارزیابی هزینه-سود تشخیص، درمان و پیشگیری، اهمیت قابل توجهی دارد. مطالعات مختلف نشان داده است که سخت‌زایی باعث کاهش تولید (۱ و ۳)، کاهش باروری (۱۲ و ۲۰) و کاهش طول عمر (۸) می‌شود. همچنین سخت‌زایی سبب افزایش مرده‌زایی، جفت‌ماندگی و عفونت رحم می‌شود (۳، ۱۱، ۱۵ و ۱۹). هدف این مطالعه بررسی اثر سخت‌زایی بر سلول‌های بدنی شیر و فاصله‌ی زایش در گاوهای هلستاین ایران بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش از داده‌های ۶۰ گله که در بین فروردین ۱۳۷۷ تا فروردین ۱۳۸۷، توسط مرکز اصلاح نژاد جمع‌آوری شده بود، استفاده شد. اطلاعات ثبت شده شامل تاریخ زایش، نحوه‌ی زایش و سخت‌زایی، شکم زایش، سن اولین زایش و سلول‌های بدنی شیر بود. در این مطالعه از دو سری داده استفاده شد؛ دسته‌ی اول شامل ۱۱۸۷۱۸ رکورد فاصله‌ی زایش مربوط به ۶۰۹۸۱ گاو در ۶۰ گله بود که در سال‌های ۱۳۷۷-۱۳۸۷ زایمان کرده بودند. دسته‌ی دوم شامل رکوردهای تعداد سلول‌های بدنی شیر در ۴۵۰۵۸ دوشش از ۳۲۹۱۱ گاو در ۶۰ گله بود که در سال‌های ۱۳۸۷-۱۳۸۳ زایمان کرده بودند. صفات مربوط به الگوی امتیاز سلول‌های بدنی عبارت بودند از: میانگین امتیاز سلول‌های بدنی کل دوره‌ی شیردهی (LSCS305-d)، میانگین امتیاز سلول‌های بدنی در ۱۰۰ روز اول بعد از زایش (LSCS100-d)، کمینه‌ی SCS، نقطه‌ی اوج SCS، روز شیردهی که در آن SCS به کمینه رسید و روز شیردهی که در آن SCS به بیشینه رسید. اثر سخت‌زایی بر صفات الگوی امتیاز سلول‌های بدنی شیر و فاصله‌ی زایش با استفاده از رگرسیون چند متغیره مدل‌های مختلط (SAS) با در نظر گرفتن اثرات متقابل سه‌گانه‌ی گله-سال‌زایش-فصل‌زایش و اثرات متقابل دوگانه‌ی شکم‌زایش-سخت‌زایی، عامل کمکی سن اولین زایش و اثر تصادفی گاو نر (برای سخت‌زایی) و پدر (برای سلول‌های بدنی شیر) تعیین شد.

نتایج و بحث

از ۴۵۰۵۸ زایمان، ۹۱/۴ درصد آسان‌زا، و ۸/۶ درصد سخت‌زا بودند که با سایر برآوردها (۳، ۱۰ و ۱۳) هماهنگ است. در تمام شکم‌های زایش، اثر سخت‌زایی بر فاصله‌ی زایش معنی‌دار بود ($P < 0.05$). تفاوت میانگین فاصله‌ی زایش در گاوهای سخت‌زا با گاوهای نرمال در شکم‌های زایش اول تا چهارم به ترتیب ۸/۴ (۱/۳)، ۱۲/۸ (۲/۴)، ۱۰/۱ (۲/۹) و ۱۱/۰ (۲/۹) روز بود (جدول ۱). این پژوهش نشان داد که SCS در روز ۱۲۵ (۸۲) پس از زایش به کمینه‌ی خود رسید و به تدریج مقدار آن افزایش یافت و در انتهای دوره‌ی شیردهی حداکثر شد. Miller و همکاران (۱۶) گزارش کردند، امتیاز سلول‌های بدنی در دو هفته‌ی اول بعد از

زایش بیشترین و در هفته‌های نهم و دهم بعد از زایش کمترین بود. Erskine (۹) گزارش کرد، بعد از زایمان بدلیل تغییر وضعیت سیستم پستانی از وضعیت غیرشیردهی به شیردهی SCC به طور موقت به میزان زیادی افزایش یافت. de Hass و همکاران (۶) گزارش کردند، منحنی شیردهی برای SCC در تلیسه‌ها کمی بعد از زایش بالا بود و در روز ۵۰ بعد از شیردهی به حداقل رسید و در آخر دوره‌ی شیردهی به تدریج افزایش یافت. نتایج این تحقیق نشان داد که با افزایش سن اولین زایش، SCS افزایش یافت ($P < 0.05$)، که با نتایج de Hass و همکاران (۶) هماهنگ است. صفات LSCS100-d، LSCS305-d، سطح کمینه و سطح بیشینه‌ی SCS برای گاوهای بالغ نسبت به تلیسه‌ها بالاتر بود که با گزارشات قبلی هماهنگ است (۵ و ۷). de Hass و همکاران (۶) گزارش کردند، گاوهای بالغ در تمام دوره‌ی شیردهی SCC بالاتری نسبت به تلیسه‌ها داشتند. Schepers و همکاران (۱۸) گزارش کردند، افزایش SCS در انتهای دوره‌ی شیردهی در گاوهای بالغ نسبت به تلیسه‌ها مشخص‌تر است. روز شیردهی که در آن SCS به حداقل می‌رسد در تلیسه‌ها نسبت به گاوهای بالغ بالاتر بود ($P < 0.05$) (جدول ۱). روز شیردهی که در آن SCS به کمینه یا بیشینه می‌رسد تحت تاثیر سخت‌زایی قرار داشت ($P < 0.05$) اما سخت‌زایی بر LSCS305-d، LSCS100-d، حداقل و حداکثر SCS تاثیر نداشت (جدول ۱). Berry و همکاران (۳) گزارش کردند، سخت‌زایی اثر معنی‌داری بر میانگین SCS دوره‌ی شیردهی ندارد ولی میانگین SCS در ۶۰ روز اول بعد از زایش در گاوهای سخت‌زا، بالاتر بود. Peeler و همکاران (۱۷) گزارش کردند، سخت‌زایی یک عامل خطر برای ورم پستان بالینی است و نشان می‌دهد آسیب وارد شده به حیوان در اثر سخت‌زایی ممکن است حساسیت گاوها به بیماری ورم پستان را افزایش دهد. یافته‌های این پژوهش نشان داد که سخت‌زایی اثری بر SCS، معیاری برای عفونت‌های پستانی، ندارد و برای تعیین ارزش اقتصادی سخت‌زایی در گاوهای شیری هلاستاین، می‌تواند استفاده شود.

جدول ۱. میانگین حداقل مربعات (SE) اثرات متقابل سخت‌زایی (EC: آسان‌زایی، و DC: سخت‌زایی) با شکم زایش برای صفات SCS (تعداد = ۴۵۰۵۸) و فاصله‌ی زایش (CI) گاوهای هلاستاین ایران (تعداد = ۱۱۸۷۱۸).

	Peak day	Peak SCS	Nadir day	Nadir SCS	LSCS100-d	LSCS300-d		
شکم زایش	a (۰/۴۵)	d (۰/۰۲)	a (۱/۲)	d (۰/۰۱۲)	d _{۲/۶۷} (۰/۰۱)	d _{۲/۶۶} (۰/۰۱)	EC	
	a (۱/۶)	d (۰/۰۳)	a (۲/۱)	d (۰/۰۲۱)	d _{۲/۶۶} (۰/۰۳)	d _{۲/۷۵} (۰/۰۲)	DC	
شکم زایش	a (۰/۴۵)	c (۰/۰۲)	c (۱/۲)	c (۰/۰۱۲)	c _{۲/۹۰} (۰/۰۱)	c _{۳/۲۲} (۰/۰۱)	EC	
	a (۲/۶)	c (۰/۰۵)	b (۳/۲)	c (۰/۰۳۲)	c _{۲/۹۱} (۰/۰۴)	c _{۳/۲۳} (۰/۰۳)	DC	
شکم زایش	b (۰/۴۷)	b (۰/۰۲)	c (۱/۳)	b (۰/۰۱۳)	b _{۳/۱۸} (۰/۰۲)	b _{۳/۴۹} (۰/۰۱)	EC	
	a (۱/۳۲)	b (۰/۰۶)	c (۳/۸)	b (۰/۰۴۱)	b _{۳/۱۱} (۰/۰۵)	b _{۳/۴۸} (۰/۰۴)	DC	
شکم زایش	b (۰/۴۵)	a (۰/۰۲)	b (۱/۲)	a (۰/۰۱۲)	a _{۳/۵۲} (۰/۰۲)	a _{۳/۷۷} (۰/۰۱)	EC	
	a (۱/۲۱)	a (۰/۰۵)	b (۳/۶)	a (۰/۰۳۴)	a _{۳/۴۸} (۰/۰۵)	a _{۳/۷۷} (۰/۰۳)	DC	

- ۱- میانگین SCS در ۳۰۵ روز شیردهی
- ۲- میانگین SCS در ۱۰۰ روز اول پس از زایش
- ۳- کمینه‌ی SCS
- ۴- روز شیردهی که SCS به کمینه رسید
- ۵- بیشینه‌ی SCS
- ۶- روز شیردهی که SCS به بیشینه رسید
- ۷- فاصله زایش (روز)

^{a,b,c} میانگین‌ها با بالانویس‌های متفاوت با هم تفاوت معنی‌داری دارند ($P < 0.05$).

1. Atashi, H., Abdolmohammadi, A., Dadpasand, M. & Asaadi, A. (2012). Prevalence, risk factors and consequent effect of dystocia in Holstein dairy cows in Iran. *Asian-Australian Journal of Animal Science*, 25(4), 447-751.
2. Bellows, R. A., Short, R. E., Anderson, D. C., Knapp, B. W. & Pahnish, O. F. (1971). Cause and effect relationships associated with calving difficulty and calf birth weight. *Journal of Animal Science*, 33, 407-415.
3. Berry, D. P., Lee, J. M., Macdonald, K. A. & Roche, J. R. (2007). Body condition score and body weight effects on dystocia and stillbirths and consequent effects on postcalving performance. *Journal of Dairy Science*, 90, 4201-4211.
4. Carnier, P., Albera, A., Dal Zotto, R., Groen, A. F., Bona, M. & Bittante, G. (2000). Genetic parameters for direct and maternal calving ability over parities in Piedmontese cattle. *Journal of Animal Science*, 78, 2532-2539.
5. Ceron-Munoz, M., Tonhati, H., Duarte, J., Oliveira, J., Munoz-Berrocal, M. & Jurado-Gamez, H. (2002). Factors affecting somatic cell counts and their relations with milk and milk constituent yield in buffaloes. *Journal of Dairy Science*, 85, 2885-2889.
6. De Haas, Y., Barkema, H. W. & Veerkamp, R. F. (2002). The effect of pathogen-specific clinical mastitis on the lactation curve of somatic cell count. *Journal of Dairy Science*, 85, 1314-1323.
7. De Haas, Y., Veerkamp, R. F., Barkema, H. W., Grohn, Y. T. & Schukken, Y. H. (2004). Associations between pathogen-specific cases of clinical mastitis and somatic cell count patterns. *Journal of Dairy Science*, 87, 95-105.
8. Dematawena, C. M. B. & Berger, P. J. (1997). Effect of dystocia on yield, fertility, and cow losses and an economic evaluation of dystocia scores for Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 80, 754-761.
9. Erskine, R. J. (2001). Mastitis control in dairy herds. In: Radostits, O. M. (2nd edition). *Herd Health. Food Animal Production Medicine*. W. B. Saunders Company, Pennsylvania, USA, 397-433.
10. Linden, T. C., Bicalho, R. C. & Nydam, D. V. (2009). Calf birth weight and its association with calf and cow survivability, disease incidence, reproductive performance, and milk production. *Journal of Dairy Science*, 92, 2580-2588.
11. Lombard, J. E., Garry, F. B., Tomlinson, S. M. & Garber, L. P. (2007). Impacts of dystocia on health and survival of dairy calves. *Journal of Dairy Science*, 90, 1751-1760.
12. Lopez de Maturana, E., Legarra, A., Varona, L. & Ugarte, E. (2007). Analysis of fertility and dystocia in Holsteins using recursive models to handle censored and categorical data. *Journal of Dairy Science*, 90, 2012-2024.
13. Mee, J. F. (2008). Prevalence and risk factors for dystocia in dairy cattle: a review. *Veterinary Journal*, 176, 93-101.
14. Meijering, A. (1984). Dystocia and stillbirth in cattle -Review of causes, relations and implications. *Livestock Production Science*, 11, 143-177.
15. Meyer, C. L., Berger, P. J., Koehler, K. J., Thompson, J. R. & Sattler, C. G. (2001). Phenotypic trends in incidence of stillbirth for Holsteins in the United States. *Journal of Dairy Science*, 84, 515-523.
16. Miller, R. H., Paape, M. J. & Fulton, L. A. (1991). Variation in milk somatic cells of heifers at first calving. *Journal of Dairy Science*, 74, 3782-3790.

17. Peeler, E. J., Otte, M. J. & Esslemont, R. J. (1994). Inter-relationships of periparturient diseases in dairy cows. *Veterinary Record*, 134, 129-132.
18. Schepers, A. J., Lam, T. J. G. M., Schukken, Y. H., Wilmink, J. B. M. & Hanekamp, W. J. A. (1997). Estimation of variance components for somatic cell counts to determine thresholds for uninfected quarters. *Journal of Dairy Science*, 80, 1833-1840.
19. Steinbock, L., Nasholm, A., Berglund, B., Johansson, K. & Philipsson, J. (2003). Genetic effects on stillbirth and calving difficulty in Swedish Holsteins at first and second calving. *Journal of Dairy Science*, 86, 2228-2235.
20. Thompson, J. R., Pollak, E. J. & Pelissier, C. L. (1983). Interrelationships of parturition problems, production of subsequent lactation, reproduction, and age at first calving. *Journal of Dairy Science*, 66, 1119-1127.

مطالعه چند شکلی اگزون ۳ ژن لپتین در بز نژاد مهابادی با روش PCR-SSCP
زهرا عزیزی^۱، محمد مرادی شهر بابک^۲، حسین مرادی شهر بابک^۳، ابوالفضل زالی^۴
۱، ۲، ۳ و ۴: دانشگاه تهران، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی کرج، گروه علوم دامی
zahra_azizi@yahoo.com زهرا عزیزی،

چکیده

لپتین پروتئینی ۱۶ کیلودالتونی است که غالباً از بافت چربی سفید و اندکی در اپیتلیوم دستگاه گوارشی و جفت ترشح شده و نقش مهمی در کنترل وزن بدن، خوراک مصرفی، ایمنی، تولید شیر و تولید مثل دارد و محصول ژن چاقی (obs) است که توسط ژن بزرگی به نام ژن ob کد می‌شود. هدف از این پژوهش، مطالعه چند شکلی اگزون شماره ۳ ژن لپتین با روش PCR-SSCP در بز نژاد مهابادی بوده است. برای این منظور از تعداد ۱۵۰ رأس از بزها و بزغاله‌های مهابادی موجود در مزرعه آموزشی و پژوهشی گروه علوم دامی دانشگاه تهران (کرج) خونگیری به عمل آمد. پس از استخراج DNA با استفاده از روش کلروفرم و تعیین کمیت و کیفیت آن توسط اسپکتروفتومتر و ژل آگارز ۱٪ و تکثیر قطعه اختصاصی بخشی از اگزون سوم ژن لپتین به کمک واکنش‌های زنجیره‌ای پلیمرز، برای بررسی چند شکلی این بخش از روش چند شکلی فضایی تک رشته‌ای DNA استفاده شد. پس از الکتروفورز نمونه‌ها روی ژل پلی‌اکریل‌آمید ۱۲٪ با ولتاژ ۳۰۰ ولت به مدت ۲۱ ساعت، و رنگ‌آمیزی ژل‌ها با روش نیترات نقره طی سه مرحله تثبیت، لکه گذاری و ظهور، در مجموع همه الگوهای به دست آمده شبیه به هم بوده و این جایگاه مونومورف بود.

واژه‌های کلیدی: لپتین - چند شکلی - PCR-SSCP - بز مهابادی

مقدمه

گوشت بز به عنوان گوشت بدون چربی با کیفیت مطلوب، انتخاب ایده آل برای سلامتی مصرف کننده است. اسید چرب اشباع و کلسترول آن در مقایسه با گاو گوشتی و گوشت بره و خوک در سطح پایینی می باشد (۶). به علت ارتباط بین سطوح بالای چربیهای اشباع شده حیوانی در رژیم غذایی و بیماریهای قلبی عروقی، بالا رفتن کلسترول خون، انسداد شرایین، بالارفتن فشار خون و چاقی مفرط و با توجه به بالا بودن اسید چرب غیر اشباع و پایین بودن اسیدهای چرب اشباع گوشت بز، باعث گردیده است که به عنوان گوشت سالم تلقی گردد (۱). ژن لپتین شامل ۳ اگزون و دو اینترون است که اگزون اول در لپتین ترجمه نمی شود. این ژن در سال ۱۹۹۴ توسط ژانگ و همکاران کشف گردید. این ژن به عنوان یک QTL مورد توجه بوده و روی صفات اقتصادی از جمله تولید شیر، گوشت و تولید مثل تأثیر گذار است (۲). هدف از انجام این مطالعه، بررسی چند شکلی اگزون ۳ ژن لپتین با ۴۷۱ جفت باز به روش PCR-SSCP بود.

مواد و روش ها

ابتدا خونگیری از تعداد ۱۵۰ بز و بزغاله‌های نژاد مهابادی واقع در مزرعه آموزشی و پژوهشی گروه علوم دامی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی کرج با ونوجکت های حاوی EDTA از رگ وداچ گردن بز انجام شد. در مرحله بعد استخراج DNA به روش استخراج با کلروفرم انجام گرفت و برای تعیین کمیت و کیفیت DNA استخراجی از روش اسپکتروفتومتری (تعیین غلظت DNA با دستگاه نانودراپ) و الکتروفورز بر روی ژل آگارز استفاده شد (شکل ۱ و ۲). در مرحله بعد با استفاده از آغازگرهای

معرفی شده بوسیله‌ی ژو در سال ۲۰۰۹ که توالی آنها در زیر آورده شده، این بخش از ژن لپتین که ۷۱ جفت باز طول دارد تکثیر شد. (۷).

Forward: 5'- AGGAAGCACCTCTACGCTC -3'

Reverse: 5'- CTTCAAGGCTTCAGCACC -3'

شرایط بهینه برای انجام واکنش‌های زنجیره‌ای پلیمرز شامل ۹۴ درجه سانتی‌گراد دمای واسرشته سازی آغازین به مدت دو دقیقه. سپس ۳۵ چرخه شامل ۴۰ ثانیه، دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد برای واسرشته‌سازی، ۳۰ ثانیه در دمای ۶۲/۵ درجه سانتی‌گراد برای اتصال آغازگر و ۷۲ درجه سانتی‌گراد دمای گسترش به مدت ۳۰ ثانیه و در پایان نیز ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه برای گسترش نهایی به کار رفت.

جدول ۱ - مقدار و غلظت مواد

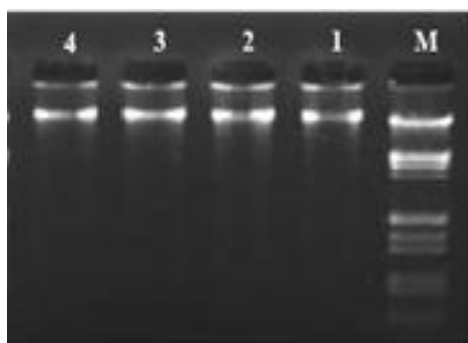
ماده	مقدار	غلظت
DNA	2 µLit	50-100 _{ng}
Buffer	2.5 µLit	1 X
dNTP	1.5 µLit	0.6 Mm/µL
MGCL ₂	3 µLit	3Mm/µL
Prim. F	1.5 µLit	0.6pm/µL
Prim. R	1.5 µLit	0.6 pm/µL
Taq	0.3 µLit	1.5 Unit
H ₂ O	12.7 µLit	-
Total	25 µLit	-

مقدار و غلظت مواد برای انجام واکنش در حجم ۲۵ µLit در جدول ۱ آورده شده است.

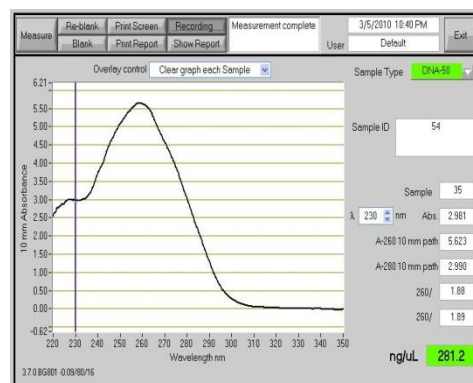
در مرحله بعد به منظور بررسی چگونگی چندشکلی‌های این بخش در این نژاد از روش چند شکلی فضایی تک رشته‌ای DNA (SSCP) برای تشخیص جهش‌های SNP در این قطعه استفاده شد که بر پایه‌ی میزان حرکت تک‌رشته‌های DNA روی ژل پلی‌اکریل‌آمید استوار است. بدین گونه که پنج تا شش میکرولیتر از محصول PCR را با ۱۲ میکرولیتر محلول رنگ‌آمیزی (Dye-SSCP) درون میکروتیوب ریخته و سپس نمونه‌ها را در دمای ۹۶ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۰ دقیقه روی هات پلیت قرار می‌دهیم تا پیوندهای هیدروژنی که ساختار دورشته‌ای DNA را بوجود می‌آورند شکسته شوند و رشته‌های DNA واسرشت شوند، سپس نمونه‌ها را سریعاً جهت ممانعت از اتصال مجدد رشته‌ها روی یخ قرار می‌دهیم و بعد از چند دقیقه نمونه‌ها را درون چاهک‌های ژل پلی‌اکریل‌آمید ۱۲٪ که در دستگاه الکتروفورز عمودی قرار داده‌ایم ریخته و دمای ۴ درجه سانتی‌گراد با ولتاژ

۳۰۰ ولت به مدت ۲۱ ساعت روی دستگاه تنظیم می‌کنیم. پس از ۲۱ ساعت ژل‌ها با روش رنگ‌آمیزی نیترات نقره در سه مرحله تثبیت، لکه‌گذاری و ظهور، رنگ‌آمیزی شدند و رنگ‌آمیزی تا ظهور باندها انجام شد. نتیجه و بحث

پس از استخراج DNA و اطمینان از کیفیت و کمیت آن که به روش اسپکتروفتومتر (شکل ۱) و ژل آگارز ۱٪ (شکل ۲) و تکثیر قطعه مورد نظر به کمک واکنش‌های پلی‌مراس محصول PCR روی ژل آگارز برده شد و باندهای واضحی که در شکل زیر نشان داده شده است بیانگر تکثیر خوب محصول PCR بوده و استاندارد وزن مولکولی استفاده شده در کنار محصولات PCR صحت تکثیر قطعه ۴۷۱ bp را تأیید می‌کند (شکل ۳).

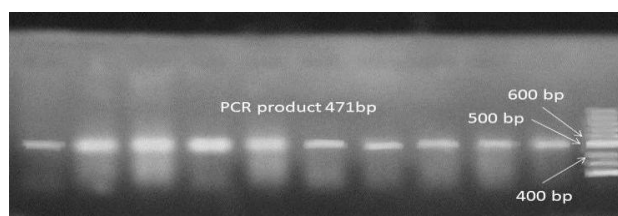


شکل ۲- الکتروفورز DNA استخراج شده روی



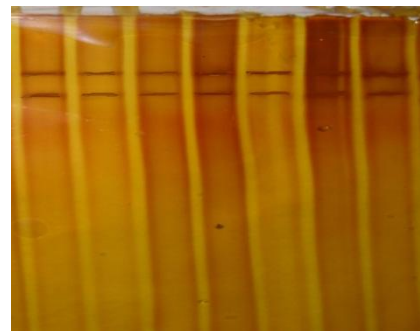
شکل ۱- نانودراپ DNA های استخراج شده

ژل آگارز ۱٪



شکل ۳- الکتروفورز قطعه ۴۷۱ جفت بازی حاصل از تکثیر آگزون ۳ ژن لپتین بر روی ژل آگارز (۲٪). نمونه شماره ۱ کنترل منفی است. نشانگر اندازه ۵۰ جفت بازی برای تعیین اندازه قطعات استفاده شد.

سپس روی محصولات PCR، SSCP انجام شد. پس از بررسی ژل‌ها مشاهده شد که الگوهای باندهای در همه نمونه‌ها یکسان و این جایگاه مونومورف بوده است. یعنی بین نمونه‌ها از نظر الگوهای باندهای در آگزون ۳ ژن لپتین در توالی ذکر شده تفاوتی مشاهده نشد (شکل ۴). که برخلاف نتیجه‌ی مطالعه‌ای بود که توسط دویی و همکاران در سال ۲۰۰۸ روی آگزون ۳ ژن LEPTIN ۱۱ گاو انجام گرفت که ۴ الگوی باندهای متفاوت مشاهده شد



شکل ۴- الگوی بانندی دراگزون ۳ ژن لپتین

منابع

- 1-Banskalieva, V., T. Sahlu, et al. 2000. Fatty acid composition of goat muscles and fat depots: a review. *Small Ruminant Research* 37(3): 255-268
- 2-Buchanan, F.C., C.J. Fitzsimmons, et al. 2002. Association of a missense mutation in the bovine leptin gene with carcass fat content and leptin mRNA levels. *Genet. Sel. Evol.* 34:105.
- 3-Dubey.,P. et al. 2008. Leptin gene polymorphism in Indian Sahiwal cattle by single strand conformation polymorphism (SSCP). *J.A. Sci.* 38 (2)
- 4-Houseknecht, K. L., C. A. Baile, et al.1998. The biology of leptin: A review. *Journal of Animal Science* 76(5): 1405-1420.
- 5-Iranpur ,V. M., A.K. Esmailzadeh.2010. Rapid Extraction of High Quality DNA from Whole Blood Stored at 4°C for Long Period.
- 6-USDA. (2001). Nutrient database for standard reference, release 14. U.S. Government Printing Office, Washington, D.C.
- 7-Zhou H, Hickford JG, and Gong H.2009. Identification of allelic polymorphism in the ovine leptin gene. *Mol Biotechnol* 41: 22-25.

Study polymorphism leptin gene third Exon in Mahabadi goat breed using PCR-SSCP

Z. Azizi¹, M. Moradi-Shahreabak², H. Moradi-Shahreabak.³A. Zali⁴

1, 2, 3 and 4 respectively M.Sc. Graduate Student, Professor, Assistant Professor and Assistant

Professor. Department of Animal Science, University College of Agriculture and Natural

Resources, University of Tehran. Karaj.

Zahra Azizi, Zahra_azizi@yahoo.com

Leptin, a 16-kDa protein secreted from white adipocytes, has been implicated in the regulation of food intake, energy expenditure, and whole-body energy balance, reproductive, immunity,

growth and obesity gene product (obese) coded by a gene called ob gene. The present study has been designed to determine polymorphism in third exon of leptin gene in Mahabadi goat using PCR-SSCP. Blood sample were collected from 150 Mahabadi goat belong to the Department of Animal Science the University of Tehran (Karaj). DNA was extracted using chloroform method, DNA quality and quantitative determined with spectrophotometer and 1% agarose gel. A fragment of third Exon of leptin gene was amplified using the polymerase chain reaction. SSCP (single strand conformation polymorphism) technique was used to study polymorphism of this fragment of DNA. In this regards samples were run in 12% polyacrylamide gel electrophoresis for 21h with 300 Voltage. Gels stained with silver nitrate, in three stages of fixer, stainer and developer. Developing pattern show the same pattern in all animals and were monomorph.

Keywords: Leptin - polymorphism - PCR-SSCP - Mahabadi goat

برآورد روند ژنتیکی برخی صفات اقتصادی در گوسفند کردی شیروان

سکینه نقویان*^۱، سعید حسینی^۱، مجتبی آهنی آذری^۱، علیرضا خان احمدی^۲، داود علی ساقی^۳، نوربیبی مامی زاده^۱، محمد حسن عادلخواه^۴

۱- دانشجو و عضو هیئت علمی دانشکده علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

۲- عضو هیئت علمی دانشگاه گنبد

۳- عضو هیئت علمی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی

۴- دانش آموخته کارشناسی ارشد دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس

* نویسنده مسئول: سکینه نقویان. Naghavians@yahoo.com

چکیده

برای برآورد روند ژنتیکی برخی صفات رشد در این تحقیق از تعداد ۵۶۲۳، ۵۳۲۴ و ۴۵۷۶ رکورد مربوط به صفات وزن تولد، شیرگیری و شش ماهگی بره های نژاد کردی که در طی سال های ۱۳۶۸ تا ۱۳۸۸ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند کردی شیروان جمع آوری شده بود، استفاده شد. با استفاده از روش حداکثر درستی محدود شده بی نیاز از مشتق گیری و بر اساس مدل حیوانی تک صفتی، بهترین پیش بینی خطی بدون اریب از ارزش های اصلاحی صفات برآورد شدند. روند ژنتیکی از طریق تابعیت ارزش های اصلاحی بر سال برآورد شد. پیشرفت ژنتیکی کل بعد از ۲۰ سال برای اوزان تولد، شیرگیری و شش ماهگی بترتیب ۰/۰۱۷۲، ۰/۸۹۰ و ۱/۳۱۹ کیلوگرم بود. روندهای ژنتیکی وزن تولد، وزن شیرگیری و وزن شش ماهگی با استفاده از تجزیه و تحلیل یک صفتی به ترتیب $0/0005 \pm 0/0044$ ، $0/0002 \pm 0/0064$ و $0/0003 \pm 0/0073$ کیلوگرم در سال برآورد گردید. واژگان کلیدی: گوسفند کردی- روند ژنتیکی- مدل دام- صفات رشد.

مقدمه

یکی از اهداف اصلی در برنامه های اصلاح نژادی بالا بردن میانگین ارزش اصلاحی صفات اقتصادی مهم می باشد که به این تغییرات ایجاد شده در میانگین جمعیت انتخاب شده، اصطلاحاً پیشرفت ژنتیکی گفته می شود. پیشرفت ژنتیکی در صورتی حاصل می گردد که افراد انتخاب شده به عنوان والدین نسل آینده توانایی بالاتری نسبت به دیگر افراد جامعه برای انتقال ژن های مطلوب به نتاج را داشته باشند. بنابراین انتخاب افراد به عنوان والدین نسل بعد نبایستی فقط بر اساس ارزش فنوتیپی بوده بلکه در واقع بایستی بر اساس ارزش ژنی یا همان ارزش اصلاحی باشد (۴). موفقیت برنامه های اصلاح نژادی به وسیله اندازه گیری میزان تغییرات ارزش اصلاحی صفات تحت انتخاب بیان می گردد. پیش بینی صحیح ارزش اصلاحی والدین نسل آینده یکی از بهترین ابزارهای موجود برای حداکثر کردن پاسخ در برنامه های انتخاب می باشد (۱۳). برآورد روند ژنتیکی و محیطی در یک جمعیت ارزیابی روش های انتخاب را امکان پذیر کرده و نقش عواملی از قبیل تغذیه، بهداشت، تولیدمثل و ... را آشکار می کند (۶). در واقع روند ژنتیکی مهمترین معیار ارزیابی بازدهی طرح های اصلاح نژادی است. می توان با مقایسه پیشرفت ژنتیکی حاصل از برنامه های اصلاح نژادی استراتژی های مختلف اصلاح نژادی را با هم مقایسه نمود و اطلاعات لازم را برای گسترش برنامه های اصلاح نژادی کارآمدتر را در آینده فراهم کرد (۱۲). در مطالعات مختلف در نژادهای بختیاری، کردی، زل و زندی، میزان روند ژنتیکی برای صفات وزن تولد بین $0/07 \pm 1/91$ تا 9 ± 20 ، وزن شیرگیری از $1/1 \pm 2/53$ تا 53 ± 106 و وزن شش ماهگی بین $15/4 \pm 6$

۳۴/ تا ۱۴۲±۶۴ گرم در سال برآورد نمودند (۶، ۹، ۱۰ و ۱۱). در تحقیقی دیگر روند ژنتیکی صفات وزن بدن در ۶۰، ۱۲۰ و ۱۸۰ روزگی در دو نژاد گوسفند بررسی شد که به ترتیب ۳۸، ۹۲ و ۱۳۵ گرم در سال برای نژاد رحمانی و ۲۰، ۲۱ و ۲۱ گرم در سال برای نژاد اوسیمی بود (۱۵). هدف از پژوهش حاضر برآورد روند ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی برخی از صفات رشد گوسفند کردی شیروان در طی سال‌های ۱۳۶۸ تا ۱۳۸۸ بود.

مواد و روش‌ها

این پژوهش با استفاده از اطلاعات شجره ۷۱۷۰ رأس بره حاصل از ۱۷۷ قوچ و ۲۱۸۲ میش که در طی بیست سال (۱۳۸۸-۱۳۶۸) از گله گوسفند کردی مرکز پرورش و اصلاح نژاد شیروان جمع‌آوری شده بود، انجام شد. اطلاعات مورد استفاده شامل رکوردهای صفات وزن تولد، وزن شیرگیری و وزن شش ماهگی بود. برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای صفات وزن بدن با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده عاری از مشتق‌گیری و به صورت تجزیه یک صفتی و مدل حیوانی زیر انجام شد

$$y = Xb + Za + e$$

در مدل فوق y بردار مشاهدات برای هر صفت، X و Z ماتریس‌های طرح هستند که به ترتیب مشاهدات را به اثرات عوامل ثابت و عوامل تصادفی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم ربط می‌دهد. همچنین، b بردار نامعلوم اثر عوامل ثابت جنس، تیپ تولد، سن مادر، سال تولد و سن بره به عنوان متغیر کمکی در صفات اوزان شیرگیری و شش ماهگی و a ، بردار اثر تصادفی عوامل ژنتیکی افزایشی مستقیم و e بردار اثرات باقیمانده است.

برای برآورد روند فنوتیپی و ژنتیکی صفات مورد بررسی، از ضریب تابعیت مقادیر فنوتیپی و ارزش‌های اصلاحی حیوانات بر اساس سال تولد استفاده شد. با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده بی‌نیاز از مشتق‌گیری در مدل حیوانی یک صفتی و برنامه DFREML (۱۴)، بهترین پیش‌بینی خطی بدون اریب (BLUP) از ارزش‌های اصلاحی صفات بدست آمد.

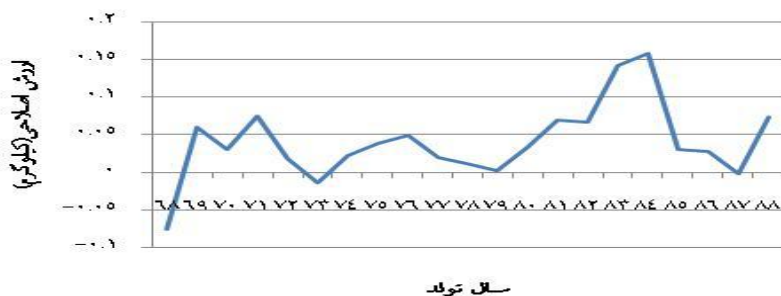
نتایج و بحث

ساختار داده‌های صفات مورد بررسی در جدول ۱ ارایه شده است. در این پژوهش میانگین اوزان تولد، شیرگیری و شش ماهگی بترتیب ۰/۷۱۶ ± ۴/۳۱۴، ۵/۲۱۶ ± ۲۳/۲۷۱ و ۶/۲۶۹ ± ۳۱/۵۱۱ کیلوگرم بدست آمد. وراثت‌پذیری مستقیم اوزان تولد، شیرگیری و شش ماهگی بترتیب ۰/۱۳ ± ۰/۳۷، ۰/۳۳ ± ۰/۲۷ و ۰/۴۷ ± ۰/۲۶ برآورد شد. نتایج حاصل در دامنه سایر تحقیقات گزارش شده در نژاد کردی بود (۱ و ۱۲).

جدول ۱- آمار توصیفی صفت مورد بررسی

صفت	تعداد مشاهدات	میانگین و انحراف معیار	دامنه (کیلوگرم)
وزن تولد	۵۶۲۳	۴/۳۱۴ ± ۰/۷۱۶	۲/۰۰-۷/۲
وزن شیرگیری	۵۳۲۴	۲۳/۲۷۱ ± ۵/۲۱۶	۸/۰۰-۴۳/۰۰
وزن شش ماهگی	۴۵۷۶	۳۱/۵۱۱ ± ۶/۲۶۹	۱۴/۲-۵۳/۰۰

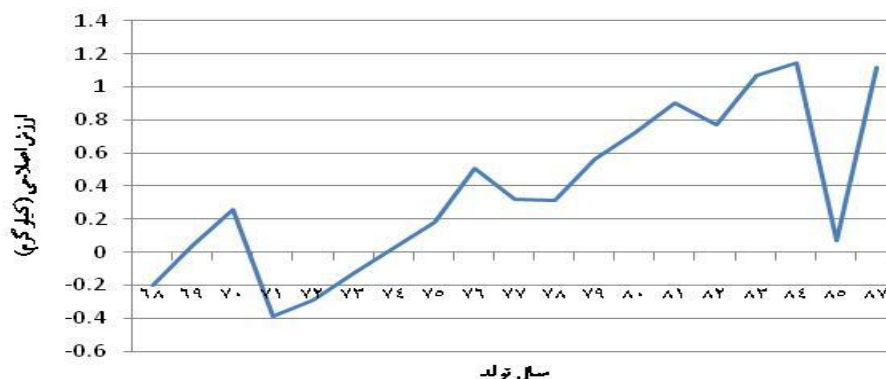
میزان روند ژنتیکی مستقیم برای اوزان تولد، شیرگیری و شش ماهگی به ترتیب $0/0005 \pm 0/0044$ ، $0/0002 \pm 0/0064$ و $0/0003 \pm 0/0073$ کیلوگرم معادل $4/4$ ، 64 و 73 گرم در سال برآورد شد. جمشیدی زاد و همکاران (۲) روند ژنتیکی مستقیم و مادری وزن تولد را در گوسفندان کردی شیروان طی سال های ۱۳۷۲ تا ۱۳۸۲ به ترتیب $0/0002 \pm 0/0079$ و $0/0002 \pm 0/0049$ گرم در سال، روند ژنتیکی مستقیم وزن سه ماهگی و شش ماهگی به ترتیب $0/0029 \pm 0/0090$ و $0/0021 \pm 0/0063$ گرم در سال برآورد کردند. درستکار و همکاران (۴) روندهای ژنتیکی وزن تولد، وزن سه ماهگی و وزن شش ماهگی بره های مغانی را طی سال های ۱۳۷۴ تا ۱۳۸۵ به ترتیب $0/0005$ ، $0/0053$ و $0/0052$ کیلوگرم گزارش نمودند که به برآورد روند ژنتیکی در این پژوهش نزدیک است. ستائی مختاری و همکاران (۸) میزان روند ژنتیکی مستقیم اوزان تولد، شیرگیری و شش ماهگی گوسفندان کرمانی طی سال های ۱۳۷۲ تا ۱۳۸۳، $0/30 \pm 0/27/53$ ، $18/0 \pm 96/41$ و $26/11 \pm 88/24$ گرم در سال برآورد کردند. محمدی و صادقی (۱۰) روند ژنتیکی مستقیم وزن تولد، وزن شیرگیری و وزن شش ماهگی گوسفندان نژاد زل طی سال های ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۸ به ترتیب $0/07 \pm 1/91$ ، $10/4 \pm 98/5$ و $21/20 \pm 73/23$ گرم در سال برآورد نمودند. محمدی و همکاران (۱۱) روند ژنتیکی مستقیم وزن تولد، وزن شیرگیری و وزن شش ماهگی گوسفندان نژاد زندی طی سال های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۶ به ترتیب $0/07 \pm 2/1$ ، $12/4 \pm 98/5$ و $21/20 \pm 89/63$ گرم در سال گزارش کردند. میزان روند ژنتیکی مستقیم اوزان تولد، شیرگیری و شش ماهگی به ترتیب در شکل های ۱، ۲ و ۳ نشان داده شده است. نوسانات سالانه کلیه صفات در بره ها ممکن است ناشی از تغییرات تصادفی شرایط آب و هوایی، سطح تغذیه، بهداشت و تغییر در مدیریت باشد. بنابراین، باید در برنامه های به نژادی قبل از هر اقدامی شرایط محیطی بهینه برای بروز هر چه بیشتر پتانسیل ژنتیکی گله فراهم شود تا بدین طریق روند فنوتیپی با روند ژنتیکی گله هر چه بیشتر، هم جهت شود. (۷ و ۹)



شکل ۱: تغییرات ارزش اصلاحی وزن تولد در سالهای تولد مختلف



شکل ۲: تغییرات ارزش اصلاحی وزن شیرگیری در سالهای تولد مختلف



شکل ۳: تغییرات ارزش اصلاحی وزن شش ماهگی در سالهای مختلف

سپاسگزاری

بدینوسیله از مسئولین محترم معاونت بهبود تولیدات دامی سازمان جهاد کشاورزی خراسان شمالی و ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند کردی شیروان که داده های مورد نیاز این تحقیق را ارائه نمودند، تشکر و قدردانی می گردد.

منابع

۱. بیگی نصیری م. ت. فروزانمهر م. ر. ۱۳۸۰. بررسی برخی از صفات اقتصادی در گوسفند کردی شمال خراسان. اولین سمینار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، طیور و آبزیان کشور، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران، صفحه ۲۵۴ تا ۲۵۷.
۲. جمشیدی زاد ف. پاکدل ع. میرزایی ح. محمدی ی. ۱۳۸۷. مطالعه روند تغییرات ژنتیکی برخی از صفات رشد در گوسفند کردی، سومین کنگره علوم دامی کشور، دانشگاه فردوسی، مشهد، صفحه ۱ تا ۳.
۳. خالداری م. ۱۳۸۴. اصول پرورش گوسفند و بز: انتشارات جهاد دانشگاهی واحد تهران، چاپ سوم، ۵۶۰ صفحه.
۴. درستکار م. رأفت س. ع. شجاع ج. پیرانی ن. ۱۳۸۹. بررسی روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد در بره های مغانی، مجله پژوهش های علوم دامی، جلد ۲۰/۴، شماره ۲، صفحه ۱۵ تا ۲۶.
۵. رزم کبیر م. نجاتی جوارمی ا. مرادی شهر بابک، م. رشیدی ا. صیادنژاد م. ب. ۱۳۸۸. برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران، مجله علوم دامی ایران، دوره ۴، شماره ۱، صفحه ۷ تا ۱۱.
۶. رشیدی ا. آخشی ح. ۱۳۸۶. برآورد روند ژنتیکی و محیطی صفات رشد در یک گله از گوسفندان نژاد کردی، مجله علوم کشاورزی ایران، جلد ۳۸، شماره ۲، صفحه ۳۲۹ تا ۳۳۵.
۷. رضوان نژاد ا. مرادی شهر بابک م. مروج ح. صفی جهان شاهی ا. ۱۳۸۷. برآورد پارامترهای ژنتیکی و روند ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی برخی صفات اقتصادی در بز کرکی راینی، مجله پژوهش های علوم دامی، جلد ۱، نوبت اول، صفحه ۷۳ تا ۸۲.
۸. ستائی مختاری م. رشیدی ا. محمدآبادی م. ر. مرادی شهر بابک ح. ۱۳۸۸. برآورد روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی صفات رشد در گوسفند کرمانی، مجله علوم دامی ایران، دوره ۴، شماره ۱، صفحه ۵۱ تا ۵۷.
۹. سرگلزایی م. ادريس م. ع. ۱۳۸۳. تخمین روندهای فنوتیپی، ژنتیکی و محیطی برخی از صفات مربوط به رشد در گوسفند بختیاری، مجله علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی، سال هشتم، شماره اول، صفحه ۱۲۵ تا ۱۳۲.

۱۰. محمدی ح. صادقی م. ۱۳۸۹. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد و تولیدمثل و روند ژنتیکی صفات رشد در گوسفند نژاد زل تحت سیستم روستائی، مجله علوم دامی ایران، شماره ۳، صفحه ۲۳۱ تا ۲۴۱.
۱۱. محمدی ح. مرادی شهر بابک م. صادقی م. ۱۳۹۰. برآورد روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی صفات رشد در گوسفند زندگی، مجله ژنتیک نوین، دوره ششم، شماره ۲، صفحه ۴۹ تا ۵۷.
۱۲. محمدی ی. ستائی مختاری م. بهرامی ع م. ۱۳۸۷. برآورد روند ژنتیکی و محیطی برخی صفات رشد در گوسفند کردی، مجله ژنتیک نوین، دوره سوم، شماره ۴، صفحه ۲۹ تا ۳۶.

- 13- Jurado, J. J., Alonso, A., Alenda, R. 1994. Selection response for growth in a Spanish Merino flock. Anim. Sci. 72:1433-1440.
- 14- Meyer, K. 1997. DFREML. Version 3.0-Programs to estimate variance components by restricted maximum likelihood using a derivative-Free algorithm. User Notes, Animal Genetics and Breeding Unit. University of New England, Armidale . NSW. Mimo Pp.- 84
- 15- Shaat, I. S., Galal, S., Mansour, H. 2004. Genetic trends for lamb weights in flocks of Egyptian Rahmani and Ossimi sheep. Small. Rumin. Res. 51:23-28.

Estimation of genetic trend for some economic traits in Shirvan Kordi Sheep

S. Naghavian^{1*}, S.Hasani¹, M. Ahani Azari¹, A. R. Khan Ahmadi², D.A.Saghi³, N. Mami Zade¹, M.H. Adeli Khah⁴

1- M.Sc.Graduate, Associate and Assistant Professor, Faculty of Animal Science, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

2- Department of Animal Science, Gonbad University

3- Khorasan Razavi Agriculture and Natural Resources Research Center

4- M.S.C. postgraduate Tarbiyat Modares University of Tehran

*Naghavians@yahoo.com

Abstract:

In this study, 5623, 5324 and 4576 records for birth weight (BW), weaning weight (WW) and 6-month weight (6W) of growth traits of Kordi sheep breed collected during 1990 to 2010 in sheep breeding station of Shirvan, were used to estimate the genetic trend. Best linear Unbiased Prediction (BLUP) of breeding values were estimated by derivative free restricted maximum likelihood (DFREML) with univariate animal model. The Genetic trends were estimated by regression of estimated breeding values on birth year. Total genetic progress of 20 years in birth weight (BW), weaning weight (WW) and 6-month weight (6W) were 0.0172, 0.890 and 1.319 kg, respectively. Genetic trends for BW, WW and 6W were 0.0044 ± 0.0005 , 0.064 ± 0.002 and 0.073 ± 0.003 kg per year, respectively.

Keywords: Kordi sheep- Genetic trend- Animal model- Growth traits

تخمین پارامترهای ژنتیکی صفات تولید شیر در گاو هلشتاین

نویسندگان:

محمد مهدی معتمدی^۱، کاظم ظفر نژاد^{۲*}، علیرضا فضایی راد^۳

۱- دانش آموخته کارشناسی ارشد اصلاح نژاد دام گروه علوم دامی دانشگاه فردوسی، ۲- دانش آموخته کارشناسی علوم دامی

دانشگاه آزاد اسلامی واحد بیرجند، ۳- دانشجوی کارشناسی ارشد طیور گروه علوم دامی دانشگاه بیرجند

*مسئول مکاتبه: کاظم ظفر نژاد دانشگاه آزاد اسلامی واحد بیرجند، دانشکده کشاورزی، گروه علوم دامی تلفن: ۰۹۱۵۱۶۳۷۱۰۰.

آدرس پست الکترونیک: ka.zafarnejad64@gmail.com

چکیده:

در تحقیق حاضر، به منظور بررسی عوامل موثر روی برخی صفات تولید شیر و برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مذکور، اطلاعات موجود در واحد گاوداری دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد مورد استفاده قرار گرفت. صفات تولیدی مورد مطالعه عبارت بودند از تولید شیر در یک دوره شیردهی، تولید در اوج شیردهی، میانگین تولید شیر روزانه و میانگین تولید شیر ماهیانه که در بررسی اثر عوامل ژنتیکی، صفت تولید شیر در یک دوره شیردهی به صورت کاملاً معنی داری تحت تاثیر عوامل سال زایش، سن زایش به صورت خطی و درجه دوم و تعداد روزهای شیردهی به صورت خطی و درجه دوم قرار گرفت ($P < 0.01$). همچنین صفات تولید در اوج شیردهی، میانگین شیر روزانه و میانگین شیر ماهیانه بطور معنی داری تحت تاثیر عوامل سال زایش، فصل زایش، سن زایش و دوره شیردهی قرار گرفتند ($P < 0.05$). برآورد ضریب توارث پذیری و همبستگی بین صفات مورد مطالعه توسط مدل یک نرم افزار DFREML و در برنامه تک صفتی (Univariate) با استفاده از مدل دام انجام شد. توارث-پذیری صفات تولید شیر شامل تولید در یک دوره شیردهی، تولید در اوج شیردهی، میانگین شیر روزانه و میانگین شیر ماهیانه به ترتیب 0.276 ± 0.050 ، 0.215 ± 0.060 و 0.311 ± 0.026 و 0.519 ± 0.050 برآورد گردید.

واژه‌های کلیدی: پارامترهای ژنتیکی - گاو هلشتاین - مدل دام - تولید شیر

مقدمه:

دام‌های اهلی با هدف بهبود کیفی و افزایش کمی در تولیدات اقتصادی، نظیر گله اصلاحی جایگزین، شیر و ترکیبات آن، تولید گوشت و اصلاح نژاد می‌شوند. مشخص نمودن اهداف دقیق اصلاحی در این زمینه‌ها بسیار مهم است. این اهداف باید با توجه به شرایط اقتصادی، محدودیت‌های بیولوژیکی و ژنتیک حیوان تنظیم شوند (۵). در شرایط کنونی، هدف مطلوب برنامه‌های اصلاح نژادی، دست یافتن به یک راندمان اقتصادی قابل توجیه و منطقی است. از این رو محققان در جستجوی راهی برای افزایش کمی و کیفی تولیدات، کاهش هزینه‌ها، بدست آوردن ضریب تبدیل مطلوب‌تر و بطور کلی بهبود بازدهی تولید و افزایش میزان سوددهی برای هر رأس گاو شیری در طول عمر اقتصادی آن و در نتیجه افزایش سودآوری واحد تولیدی می‌باشند (۶، ۵، ۸). هدف از تحقیق حاضر، برآورد پارامترهای ژنتیکی برخی صفات تولیدی در یک گله گاو هلشتاین بوده است.

مواد و روش‌ها:

در این تحقیق ۱۳۰۰ رکورد مربوط به ۴۸۰ رأس گاو شیری نژاد هلشتاین واحد گاوداری دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد، در یک دوره ۱۴ ساله، مورد ارزیابی و مطالعه قرار گرفت. صفات مورد مطالعه در این تحقیق، شامل میزان تولید شیر در یک دوره شیردهی، تولید در اوج شیردهی و میانگین تولید شیر روزانه بودند. در جدول ۱ برخی خصوصیات آماری مربوط به ساختار داده‌ها و صفات تولیدی ارائه شده‌اند.

جدول ۱. برخی مشخصات آماری داده‌های تحقیق

صفت	میانگین	انحراف معیار
تولید شیر در یک دوره شیردهی (کیلوگرم)	۵۴۹۷	۲۰۴۰
میانگین تولید شیر روزانه (کیلوگرم)	۱۹/۷	۵/۵
تولید شیر در اوج شیردهی (کیلوگرم)	۳۰/۴	۶/۷

داده‌های مورد استفاده در این پژوهش، پس از ورود به کامپیوتر، توسط نرم افزار Quattro-pro پردازش و سپس به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی شامل وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی به نرم افزار تخصصی DFREML منتقل شد (۷). برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مورد بررسی، از مدل دام استفاده گردید. برآورد اجزای واریانس و کواریانس ژنتیکی و محیطی صفات، به روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده بدست آمد. مدل آماری برای برآورد پارامترهای ژنتیکی در شکل ماتریس $(Y=Xb+Zu+e)$ مورد استفاده قرار گرفت. که در آن y بردار مشاهدات، X و Z ماتریس ضرایب برای اثرات ثابت و تصادفی، b بردار اثرات ثابت، u بردار اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی و e بردار تصادفی باقیمانده مدل است. اثرات ثابت برای صفات تولید شیر دوره شیردهی و میانگین تولید شیر روزانه، سال و سن زایش و برای صفت تولید شیر در اوج شیردهی، سال، سن و فصل زایش و نوبت شیردهی بود.

نتایج و بحث:

واریانس ژنتیکی افزایشی، واریانس باقیمانده و وراثت‌پذیری مربوط به صفات مورد مطالعه در جدول ۲ ارائه شده است.

جدول ۲. واریانس ژنتیکی افزایشی، واریانس باقیمانده و وراثت پذیری صفات تولیدی

صفت	واریانس ژنتیکی افزایشی	واریانس باقیمانده	وراثت پذیری
تولید شیر در یک دوره شیردهی	۵۵۰۴۳۸	۱۴۴۲۹۱۳	۰/۰۵±۰/۲۷۶
میانگین تولید شیر روزانه	۴/۲	۹/۴	۰/۰۶±۰/۳۱۱
تولید شیر در اوج شیردهی	۸/۸	۳۲/۱	۰/۰۵±۰/۲۱۵

صفات تولیدی مورد بررسی، دارای واریانس ژنتیکی افزایشی و وراثت پذیری متوسطی بود. در مورد وراثت پذیری میزان تولید شیر در یک دوره شیردهی، گزارشات بسیار متفاوتی وجود دارد که از حداقل ۰/۱۲ تا حداکثر ۰/۴۷ گزارش شده است (۱، ۲، ۳ و ۶). میزان وراثت پذیری صفت میانگین تولید شیر روزانه توسط جیراث و همکاران (۱۹۹۵) برابر ۰/۳۲ برآورد شد. ضریب وراثت-پذیری صفت تولید شیر در اوج شیردهی، توسط هانسن و همکاران (۱۹۸۳) برابر ۰/۱۳ برآورد گردید. اختلاف بین برآورد پارامترهای ژنتیکی می تواند بدلیل عوامل متعددی نظیر تفاوت در سطح تولید گله، تنوع محیطی و آب و هوایی، مدیریت گله، مدل آماری مورد استفاده، روش برآورد اجزای واریانس و کواریانس، نحوه ویرایش داده ها باشد. علاوه بر موارد فوق، متفاوت بودن نوع تعریف صفت نیز می تواند در اختلاف بین برآوردهای گزارش شده در تحقیقات اثر داشته باشد. جدول ۳ همبستگی ژنتیکی افزایشی و فنوتیپی بین صفت میانگین تولید شیر روزانه و صفات تولید در اوج شیردهی و تولید شیر در یک دوره شیردهی را نشان می دهد. همبستگی ژنتیکی بین میانگین تولید شیر روزانه و تولید شیر در یک دوره شیردهی مثبت و بسیار بالا و همبستگی فنوتیپی آن نیز نسبتاً بالا بود، اما همبستگی ژنتیکی بین میانگین تولید شیر روزانه و تولید در اوج شیردهی پائین و همبستگی فنوتیپی آن منفی و نزدیک به صفر بود.

جدول ۳. همبستگی ژنتیکی افزایشی و فنوتیپی میانگین تولید شیر روزانه با اوج شیردهی و تولید شیر در یک دوره شیردهی

همبستگی	تولید در اوج شیردهی	تولید شیر در یک دوره شیردهی
ژنتیکی	۰/۱۳	۰/۹۹
فنوتیپی	-۰/۰۲	۰/۵۶

جیراث و همکاران (۱۹۹۵) نیز همبستگی ژنتیکی تولید شیر اولین دوره شیردهی با تولید شیر روزانه را برابر با ۰/۹۱ و همبستگی فنوتیپی آن را برابر ۰/۵۳ برآورد و گزارش نمودند که نتایج بدست آمده از تحقیق حاضر را کاملاً تأیید می نماید. با توجه به نتایج حاصل از این تحقیق، در مورد صفات تولیدی که دارای واریانس ژنتیکی متوسط و در نتیجه ضریب وراثت پذیری متوسط و نسبتاً مناسبی می باشند، می توان از طریق انتخاب به پیشرفت های ژنتیکی مطلوب دست یافت. از طرفی بدلیل اینکه وراثت پذیری صفات مربوط به عملکرد در طول دوره زندگی در حد متوسطی قرار داشته و همبستگی این صفات با تولید شیر در اولین دوره شیردهی بالا می باشد، در نتیجه به منظور افزایش سود و بهبود عملکرد در طول دوره زندگی، انتخاب را می توان بر اساس تولید شیر در اولین دوره شیردهی انجام داد. از طرفی با توجه به وراثت پذیری نسبتاً مناسب صفت تولید شیر روزانه و همبستگی بالا و مثبت صفت مذکور با میزان تولید شیر در یک دوره شیردهی، به منظور سرعت بخشیدن در امر انتخاب و استفاده بهینه از فرصت

و منابع موجود (یا نهاده‌های دامی) برای گزینش افراد برتر، استفاده از رکوردهای تولید شیر روزانه در ابتدای دوره شیردهی می‌تواند بسیار موثر باشد.

منابع:

1. Amimo, J.O., R.O. Mosi, J.W. Wakhungu, T.K. Muasya, B.O. Inyangala. (2006). Phenotypic and genetic parameters of reproductive traits for Ayrshire cattle on large- scale farms in Kenya. *Livestock Research for Rural Development*. Vol. 18(10).
2. Estrada-Leon, R.J., J.G. Magana., J.C. Segura-Correa. (2008). Genetic parameters for reproductive traits of Brown Swiss cows in the Tropics of Mexico. *Journal of Animal and Veterinary Advance*. Vol. 7 pp: 124-129.
3. Hansen, L.B., A.E. Freeman, P.J. Berger. (1983). Yield and fertility relationships in dairy cattle. *J. Dairy Sci*. Vol. 66 p: 293.
4. Jairath, L.K., J.F. Hayes, R.I. Cue. (1995). Correlations between first lactation and lifetime performance traits of Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci*. Vol. 78 p: 438.
5. McAllister, A.J. (2000). Breeding for profitability and reproduction. University of Kentucky, USA.
6. Meyer, K. (1983). Maximum likelihood procedures for estimating genetic parameters for later lactations of dairy cattle. *J. Dairy Sci*. Vol. 66 p: 1988.
7. Meyer, K. (1998). DFMREML, User Notes, Version 3.0 β . Mimeo. Anim. Genet. Breed. Unit, Univ. New England, Armidale, Australia.
8. Rogers, G.W. (1993). Index selection using milk yield, somatic cell score, udder depth, teat placement, and foot angle. *J. Dairy Sci*. Vol. 76. pp: 664.

Estimation of genetic parameters for production traits in Holstein cow
Mohammad Mahdi Motamedi¹, Kazem Zafarnejad^{2*}, Alireza Fazaeli Rad³

1- Graduated Animal breeding Ferdowsi University of Mashhad – Department of Animal Science.

2-Graduated of Animal Science Islamic Azad University Birjand Branch.

3-University of Birjand – Department of Animal Science.

* Corresponding E-mail address: ka.zafarnejad64@gmail.com

Abstract

In this study the factors affecting some productive traits and their genotypic parameters were studied in Holstein dairy cow, using data from Mashhad Agricultural college dairy farm. productive traits were total milk yield (TMY), peak yeild (PY), daily milk yield (DMY) and average monthly milk yield (AMMY). TMY was significantly ($P < 0.01$) affected by calving year, calving age (linear & quadratic), number of lactation days (linear & quadratic). The effects of calving year, calving season ,calving age and pariety on traits such as PY, DMY and AMMY were significant ($P < 0.05$). Heritabilities and correlations among these traits were estimated based on a Derivative-free Restricted Maximum Likelihood (DFREML) method with

an animal model. The estimated heritabilities for TMY, PY, DMY, AMMY, were $0.276 (\pm 0.054)$, $0.215 (\pm 0.050)$, $0.311 (\pm 0.060)$ and $0.519 (\pm 0.026)$, respectively.

Keywords: Genetic parameters- Milk yield- Holstein cattle- Animal model

ترانسفورماسیون باکتری‌های لاکتوباسیلوس با استفاده از تکنیک Glass bead

زیبده هاشم زاده^{۱*}، شعبان رحیمی^۲ و محمدامیر کریمی ترشیزی^۲

۱- دانشجوی دکتری تغذیه طیور دانشگاه تربیت مدرس، ۲- هیات علمی دانشگاه تربیت مدرس

* نویسنده مسئول: دکتر شعبان رحیمی، تهران، بلوار پژوهش، دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس، معاونت پژوهشی دانشکده،

rahimi_s@modares.ac.ir

چکیده

پروبیوتیک‌ها، میکروارگانیسم‌های زنده‌ای می‌باشند که به جیره طیور افزوده می‌شوند تا تأثیرات مثبت خود را بر حیوان میزبان از طریق بهبود توازن میکروبی دستگاه گوارش بگذارند. به هر حال توزیع، حرکت باکتری‌های مفید دستگاه گوارش و ارتباط آنها بر کنش مورد انتظار از پروبیوتیک ناشناخته باقی مانده است. پروتئین سبز فلوئورسانت از چتر دریایی و بنفشه دریایی استخراج شده است. با ترانسفورماسیون قادر خواهیم بود پلاسمید PGLO یک قطعه ویژه مهندسی شده از DNA را به ژنوم باکتری اضافه کنیم باکتری ترانسفورم شده زمانی که در معرض تابش UV قرار بگیرد، تولید نور فلوئورسانت سبز می‌کند. در این مطالعه باکتری‌های لاکتوباسیلوس پلانتاروم، روتری و کازئی با استفاده از روش Glass bead ترانسفورم شدند. واکنش زنجیره‌ای پلیمراز انجام شده تایید کننده این امر بود. با استفاده از این باکتری‌های نشان‌دار شده می‌توانیم میکروارگانیسم‌های پروبیوتیکی را در دستگاه گوارش طیور ردیابی کنیم و مناسب‌ترین روش را برای تجویز پروبیوتیک‌ها توصیه کنیم. کلمات کلیدی: پروبیوتیک - طیور - پروتئین سبز فلوئورسانت - ردیابی.

مقدمه

پروبیوتیک‌ها مکمل‌های غذایی هستند که از طریق بهبود تعادل میکروبی روده تأثیرات سودمندی بر روی میزبان دارند (۱). هدف از به کار بردن پروبیوتیک‌ها در جیره، غلبه جمعیت آنها بر جمعیت میکروبی آسیب رسان به دستگاه گوارش طیور می‌باشد. از این باکتری‌ها می‌توانیم به لاکتوباسیل‌ها، استرپتوکوک‌ها، پروپیونی باکتریومها^{۱۱۹}، بیفیدوباکتریها و بعضی از باسیل‌ها اشاره کنیم. در تحقیقات انجام شده در خصوص استفاده از پروبیوتیک‌ها در تغذیه طیور گوشتی، نتایج بسیار متنوعی بدست آمده است، که می‌تواند به دلیل جنبه‌های تولید و ساخت، نوع و سویه‌های مصرفی، دوز تجویز و روش به‌کارگیری آنها باشد. به هر حال توزیع و حرکت میکروارگانیسم‌های مفید در دستگاه گوارش و همچنین اثرات متقابل آنها با سیستم ایمنی میزبان یا میکروفلور بومی روشن نمی‌باشد. جزئیات مکانیسم آنها که آیا اثرات مثبت آنها تنها به خاطر استقرار ابتدایی و اشغال کردن محل پاتوژن‌ها می‌باشد و یا اینکه آنها همچنان در دستگاه گوارش طیور باقی می‌مانند، ناشناخته باقی مانده است. به نظر می‌رسد که مکانیسم پیچیده است و بین پروبیوتیک‌های مختلف تفاوت وجود دارد. یک روش مناسب برای یافتن پاسخ این سوالات نشان‌دار

¹¹⁹ propionibacterium

کردن و ردیابی میکروارگانیسم‌ها در دستگاه گوارش می‌باشد. سیستم‌های پایدار نشان‌دار کردن با یک فنوتیپ قابل تشخیص به آسانی می‌تواند منجر به شناسایی میکروارگانیسم‌ها در محیط‌های پیچیده شود (۲).

پروتئین سبز فلوئورسانت استخراج شده از ستاره دریایی ابزاری مناسب برای مطالعات ردیابی، بررسی ساختار و دینامیک سلول‌های زنده می‌باشد (۴). متفاوت با دیگر بیولومینانس‌ها یا گیرنده‌های فلوئورسانت، GFP می‌تواند به آسانی در محیط‌های پیچیده بدون نیاز به افزودن سوبستراهای ویژه و یا اینکه نیازی به کشت یا استخراج باکتری باشد، مشاهده شود. پس از سنتز، GFP تنها نیاز به یک واکنش خودکار اکسیداسیون دارد تا نور فلوئورسانت تولید کند. بنابراین با استفاده از تکنیک نشان‌دار کردن باکتری‌های مفید دستگاه گوارش و ردیابی آنها در دستگاه گوارش طیور پس از استفاده از روش‌های مختلف تجویز پروبیوتیک می‌توانیم کارآمدترین روش را انتخاب کنیم.

در آزمایشی پروتئین سبز فلوئورسانت در باکتری‌های لاکتوباسیلوس دلبروکی و لاکتوباسیلوس فراکتوسوس بیان شد. با تلقیح دهانی این باکتری‌های نشان‌دار شده، توانستند آنها را در دستگاه گوارش طیور ردیابی کنند (۶).

لینگ^{۱۲۰} و همکاران در سال ۲۰۰۰ از پروتئین فلوئورسانت سبز و آبی برای نشان‌دار کردن *E. trada* که پاتوژنی است که باعث ایجاد عفونت سیستمیک در ماهی می‌شود، استفاده کردند. با نشان‌دار کردن پاتوژن با این مارکرها توانایی ردیابی و بررسی صدمات وارده این پاتوژن در شرایط *in vitro* و *in vivo* امکان‌پذیر شد (۳).

امروزه در اکثر آزمایشگاه‌ها از دستگاه الکتروپوریشن برای ترانسفورماسیون استفاده می‌شود. اگر چه استفاده از این روش تایید شده می‌باشد اما امکان استفاده از این تکنیک در آزمایشگاه‌های کوچک به دلیل کافی نبودن تجهیزات امکان‌پذیر نمی‌باشد. در این مطالعه روش دیگری برای ترانسفورماسیون لاکتوباسیلوس کازئی، پلانتاروم و روتری با استفاده از *glass bead* انجام شد. این تکنیک نیاز به تجهیزات خاصی ندارد و قابل انجام در آزمایشگاه‌های کوچک می‌باشد. ضمن اینکه از کارایی بالایی نیز برخوردار می‌باشد.

مواد و روش‌ها

باکتری‌های مورد نظر در محیط کشت MRS دمای ۳۷ درجه سلسیوس رشد کردند. مقاومت آنتی‌بیوتیکی لاکتوباسیلوس‌ها در برابر آنتی‌بیوتیک آمپی‌سیلین ۱ میکرولیتر/میلی‌لیتر بود. در این مطالعه از پلاسمید pLEM415::gfp استفاده شد. پلاسمید مورد نظر دارای یک ژن مقاومت به آنتی‌بیوتیک آمپی‌سیلین و همچنین ژن GFP می‌باشد. پلاسمید مورد نظر برای تکثیر به *Eshcherichia coli* DH5 α منتقل شد (۸). پس از استخراج پلاسمید (۷) ترانسفورماسیون لاکتوباسیلوسها با استفاده از روش *glass bead* انجام شد. در این روش سلول‌های باکتری تیمار شده با لیزوزیم همراه با تکان شدید در حضور *glass bead* و پلی‌اتیلن گلیکول پلاسمید مورد نظر را دریافت کردند (۵).

برای تایید انجام ترانسفورماسیون از واکنش PCR استفاده کردیم. پرایمرهای مورد استفاده به شرح جدول زیر می‌باشند:

جدول ۱: پرایمر مورد استفاده برای تایید ترانسفورماسیون

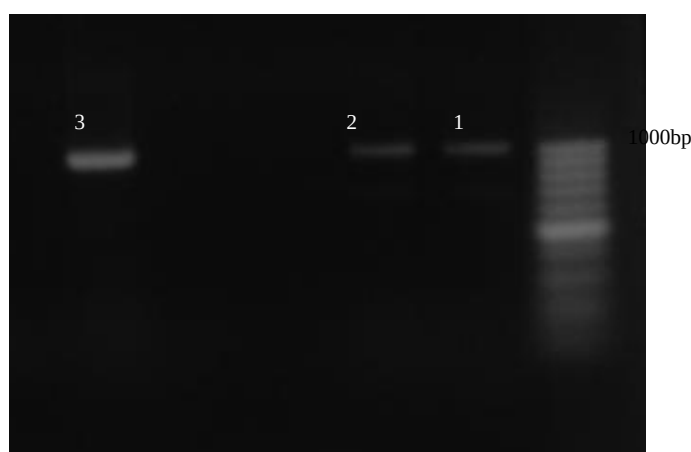
Bacterial group	Primer	Sequence (5' → 3')	length
Probiotic ¹	ldhL-gfp1	TTAGGGCCCACTGAGAAGTTGCTCTC	1006
	ldhL-gfp2	TTAATCGATTTATTTGTAGAGCTCATCC	

¹ (Qing-Hua et al., 2007)

محصول واکنش PCR در ژل آگاروز ۱ درصد الکتروفورز شد پس از رنگ آمیزی با اتیدیوم بروماید، ژل مورد نظر زیر پرتوی UV مشاهده شد.

نتایج و بحث

در شکل ۱، تصویر ژل مورد نظر را مشاهده می‌کنیم که در حقیقت تایید کننده ترانسفورماسیون انجام شده می‌باشد. قطعه GFP مورد نظر ۱۰۰۶ جفت باز بود که همانطور که در شکل مشاهده می‌کنیم قطعه تکثیر شده استخراجی از باکتری‌های لاکتوباسیلوس مورد نظر نیز همین وزن را دارا می‌باشند، که تایید کننده انتقال ژن مورد نظر به باکتری‌های لاکتوباسیلوس می‌باشد.



شکل ۱: باکتری‌های ترانسفورم شده، ۱: لاکتوباسیلوس کازئی، ۲: پلانتاروم و ۳: روتری

با استفاده از مارکر مولکولی پروتئین سبز فلوئورسانت قادر به نشاندار کردن باکتری‌های پروبیوتیکی هستیم و می‌توانیم با استفاده از این تکنیک جدید، این میکروارگانیسم‌ها را در دستگاه گوارش ردیابی کنیم و تاثیرات و محل تجمع و اثرات متقابل آنها را بر عملکرد و سیستم ایمنی مشاهده کنیم و قادر باشیم بهترین روش‌ها را برای استفاده از پروبیوتیک‌ها به صورت زودهنگام در هچری و در مزرعه انتخاب کنیم.

منابع

- 1- Fuller, R. 1989. Probiotic in man and animals. *Journal of Applied Bacteriology*. 66:365-378.
- 2- Gory, L., M.C. Montel and M. Zagorec. 2001. Use of green fluorescent protein to monitor *Lactobacillus sakei* in fermented meat products. *FEMS Microbiology Letter*. 194:127-133.
- 3- Ling, S.H.M., X.H. Wang, L. Xie, T. Lim and K.Y. Leung. 2000. Use of green fluorescent protein (GFP) to study the invasion pathways of *Edwardsiella tarda* in in vivo and in vitro fish models. *Microbiology*. 146:7-19.
- 4- Margolin, W. 2000. Green fluorescent protein as a reporter for macromolecular localization in bacterial cells. *Methods*. 20:62-72.
- 5- Pongsak, R. and P. Parichat. 2009. Glass bead-based transformation method for lactic acid bacteria. *Science Asia*. 35: 234-241.
- 6- Qing-Hua, Y., D. Suo-Meng, Z. Wei-Yun and Y. Qian. 2007. Use of green fluorescent protein to monitor *Lactobacillus* in the gastro-intestinal tract of chicken. *FEMS Microbiology Letter*. 275:207-213.
- 7- Sabine. E and S. Dirk. 2003. *E. coli* plasmid vectors. *Methods in Molecular Biology*. 235:75-78.
- 8- Sambrook, J., E.F. Fritsch and T. Maniatis. 1989. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2nd eds. Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY.

Transformation of lactobacillus bacteria with Glass bead method
Zobeideh Hashemzadeh¹, Shaban Rahimi^{2*}, Mohammad Amir Karimi Torshizi³
1,2,3: Tarbiat Modares university

^{2*} Corresponding E-mail address: rahimi_s@modares.ac.ir

Abstract

Probiotics are live microbial feed supplement which beneficially affects the host animal by improving its intestinal microbial balance. However, the distribution, movement and colonization of probiotic bacteria in the gastrointestinal tract, as well as their relation to assumed functions of the host are not clear. Green fluorescent protein (GFP) that extraction from the jellyfish *Aequorea Victoria*. With transformation we can additive PGLO plasmid to bacterial genome. Transformed bacteria are produced Green fluorescent light when exposed to UV radiation exposure. In this study *Lactobacillus plantarum*, *reuteri* and *casei* were transformed with Glass bed method. PCR confirmed this transformation. With usage from this bacteria we'll able to trace them in poultry intestinal tract and introduce the best method for application probiotic in poultry nutrition.

Keywords: probiotic- poultry- green florescent protein- tracing.

عوامل موثر بر تعداد سلولهای سوماتیک شیر گاو بر اساس

سابقه ورم پستان بالینی

عبداله میرزایی^{۱*}، محمود ایاره^۱، عباس روشن قصرالدشتی^۲

۱- گروه علوم درمانگاهی دانشکده دامپزشکی دانشگاه شیراز ۲- گروه علوم درمانگاهی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کازرون

* نویسنده مسئول: عبداله میرزایی، شیراز، دانشکده دامپزشکی، گروه علوم درمانگاهی

yahoo.com@Email: abdolah607

چکیده

هدف از انجام این مطالعه بررسی فاکتورهای موثر بر تعداد سلولهای سوماتیک شیر گاوهای با و بدون سابقه ورم پستان بالینی در دوره‌های شیردهی قبلی است. به منظور انجام این مطالعه از گاوهای هلشتاین در یکی از گاوداری‌های شیراز استفاده گردید. زمان انجام مطالعه در ماههای تیر و آذر ۱۳۸۹ و اردیبهشت ۱۳۹۰ بود. نمونه‌های شیر (تعداد ۲۲۲ عدد، با حجم ۲۰ سی‌سی) از هر گاو (چهار کارتی) پس از خارج کردن چند دوشش اول جمع آوری شد و به آزمایشگاه اتحادیه دامداران فارس ارسال گردید. تعداد سلولهای سوماتیک شیر با استفاده از دستگاه خودکار فوزوماتیک ساخت کشور دانمارک اندازه‌گیری شد. شاخص‌های دوره‌ی شیردهی، روزهای پس از زایش یا مرحله شیردهی، زمان (ماه) نمونه‌گیری، میزان تولید شیر در زمان نمونه‌گیری و سابقه ابتلا گاو به بیماری ورم پستان بالینی یا عدم آن در دوره‌ی شیردهی قبلی تجزیه و تحلیل شد. ارتباط بین تعداد سلولهای سوماتیک و روزهای پس از زایش در گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی معنی‌دار بود، درحالی‌که در گاوهای با سابقه ورم پستان، ارتباط بین تعداد سلولهای سوماتیک و دوره‌ی شیردهی معنی‌دار می‌باشد. در تفسیر تعداد سلولهای سوماتیک مربوط به گاوهای بدون سابقه ابتلا به ورم پستان بالینی، میزان تولید شیر و روزهای پس از زایش دارای اهمیت بیشتری هستند؛ درحالی‌که در مورد گاوهای با سابقه ابتلا به ورم پستان بالینی، علاوه بر میزان تولید شیر، دوره شیردهی و زمان (ماه) نمونه‌گیری دارای اهمیت بیشتری می‌باشند. بنابراین سابقه ورم پستان بالینی در استفاده از تعداد سلولهای سوماتیک شیر به منظور انتخاب گاوهای مقاوم به ورم پستان حائز اهمیت می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: شیر- سلولهای سوماتیک- ورم پستان بالینی- گاو شیری

مقدمه

با افزایش تولید شیر برای پاسخ به نیازهای روز افزون جمعیت انسانی، حساسیت به بیماری‌ورم پستان در گاو افزایش یافته است؛ زیرا وراثت پذیری ورم پستان حدود یک سوم بیشتر از وراثت‌پذیری تولید شیر است (۱). ارتباط ژنتیکی بین ورم پستان بالینی و سلولهای سوماتیک شیر در دوره‌های شیردهی اول تا سوم ۰/۶ می‌باشد و انتخاب ژنتیکی براساس پایین بودن تعداد سلولهای سوماتیک شیر بروز ورم پستان بالینی را کاهش می‌دهد (۲). اصلاح نژاد به منظور انتخاب گاو شیری مقاوم به ورم پستان از طریق انتخاب مستقیم، با استفاده از اطلاعات ثبت شده ورم پستان بالینی و به طور غیرمستقیم با استفاده از صفاتی که با ورم پستان در ارتباط باشند از قبیل تعداد سلولهای سوماتیک شیر (SCC) (۳) و یا با استفاده از هر دو روش مستقیم و غیر مستقیم انجام می‌شود. فاکتورهای مهم خطر ساز موثر بر تعداد سلولهای سوماتیک شیر شامل دوره‌ی شیردهی (سن گاو)، دوره‌های پس از زایش (مرحله‌ی شیردهی)، میزان تولید شیر، وضعیت عفونت و فصل سال می‌باشد (۱ و ۴).

هرچند مطالعات مختلفی در زمینه‌های بررسی ارتباط ژنتیکی بین ورم پستان بالینی و میزان تولید شیر و ترکیبات شیر از قبیل پروتئین و SCC انجام شده است، اما مطالعه‌ای جهت مقایسه عوامل مؤثر بر تعداد سلول‌های سوماتیک شیر گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی در دوره‌های شیردهی قبلی نسبت به گاوهای بدون سابقه ورم پستان صورت نگرفته است. با توجه به اهمیت SCC که اساس انتخاب گاوها جهت بهبود ژنتیکی مقاومت به ورم پستان قرار می‌گیرد، نتایج این مطالعه می‌تواند به استفاده دقیق‌تر از سلول‌های سوماتیک به صورت هدفمند در جهت انتخاب گاوهای مقاوم به ورم پستان کمک کننده باشد. هدف از انجام مطالعه حاضر مقایسه تعداد سلول‌های سوماتیک و عوامل مؤثر بر آنها در گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی و گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی است.

مواد و روش‌ها

این مطالعه در یک گاوداری صنعتی واقع در کیلومتر ۳۰ جاده شیراز-بوشهر انجام شد. به منظور مقایسه‌ی عوامل مؤثر بر تعداد سلول‌های سوماتیک شیر گاو، بررسی کارت‌های شناسایی هر گاو انجام شد. اطلاعات استخراج شده از کارت‌ها شامل: سابقه و تعداد ورم پستان بالینی و دوره شیردهی گاو بود. روزهای پس از زایش و میزان تولید شیر بر اساس فاصله زایمان تا روز نمونه‌گیری و میزان تولید شیر گاو در آن زمان محاسبه گردید. این مطالعه از تیرماه سال ۱۳۸۹ تا اردیبهشت سال ۱۳۹۰ و در سه ماه تیر ۱۳۸۹، آذر ۱۳۸۹ و اردیبهشت ۱۳۹۰ انجام گرفت. میزان دما، رطوبت نسبی و شاخص دما-رطوبت در زمان نمونه‌گیری در تیرماه به ترتیب $31/6^{\circ}\text{C}$ ، ۱۷ درصد و $74/8$ ؛ در آذرماه $29/3^{\circ}\text{C}$ ، ۲۹ درصد و $51/3$ ؛ و در اردیبهشت ماه $23/8^{\circ}\text{C}$ ، ۲۰ درصد و $67/4$ بود. در این مطالعه، تعداد ۲۲۲ نمونه شیر جمع‌آوری گردید.

پس از آماده‌سازی پستان و در زمان شروع شیردوشی به میزان ۲۰ میلی لیتر شیر از هر گاو (چهار کارتی) جمع‌آوری شد و به منظور شمارش تعداد سلول‌های سوماتیک شیر به آزمایشگاه اتحادیه دامداران فارس ارسال شد. تعداد سلول‌های سوماتیک با دستگاه فوسوماتیک اندازه‌گیری شد و سپس اعداد مورد نظر بر اساس کدهای اختصاص یافته برای هر گاو مشخص گردید. مقایسه تعداد سلول‌های سوماتیک و میزان تولید شیر گاوهای دارای سابقه ورم پستان و بدون آن با استفاده از تست من‌وایتنی انجام شد. تعداد سلول‌های سوماتیک در زمان‌های (ماه‌های) مختلف نمونه‌گیری به وسیله‌ی تست کروسکال‌والیس^{۱۲۱} مورد آنالیز آماری قرار گرفتند. ارتباط بین تعداد سلول‌های سوماتیک و دوره‌ی شیردهی، روزهای پس از زایش و میزان تولید شیر به وسیله آزمون اسپیرمن انجام شد.

نتایج و بحث

میانگین (انحراف معیار) لگاریتم تعداد سلول‌های سوماتیک و میزان تولید شیر گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی به طور معنی‌داری بیشتر از گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی بود ($4/82 \pm 0/73$ در مقابل $0/56 \pm 0/48$ ، $p < 0/01$). همچنین میزان تولید شیر (کیلوگرم در روز) گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی به طور معنی‌داری بیشتر بود ($36/50 \pm 9/70$ در مقابل $33/50 \pm 10/70$ کیلوگرم، $p = 0/05$). ارتباط بین تعداد سلول‌های سوماتیک و روزهای پس از زایش در گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی معنی‌دار بود، درحالی که در گاوهای با سابقه ورم پستان، ارتباط بین تعداد سلول‌های سوماتیک و دوره‌ی شیردهی

¹²¹ - Kruskal-Wallis Test

معنی دار می باشد (جدول شماره ۱ و ۲). نتایج بیانگر ارتباط منفی معنی دار بین تعداد سلول‌های سوماتیک و میزان تولید شیر در هر دو گروه می باشد.

جدول شماره ۱: ارتباط بین دوره‌ی شیردهی، روزهای پس از زایش، میزان تولید شیر و تعداد سلول‌های سوماتیک شیر گاوها بدون سابقه ورم پستان بالینی ($n=122$)

فاکتور مؤثر	دوره‌ی شیردهی	روزهای پس از زایش	میزان تولید شیر
تعداد سلول‌های سوماتیک	+ ۰/۰۴	+ ۰/۴	- ۰/۵
مقدار احتمال	۰/۶	< ۰/۰۰۱	< ۰/۰۰۱

جدول شماره ۲: ارتباط بین دوره‌ی شیردهی، روزهای پس از زایش، میزان تولید شیر و تعداد سلول‌های سوماتیک شیر گاوها دارای سابقه ورم پستان بالینی ($n=100$).

فاکتور مؤثر	دوره‌ی شیردهی	روزهای پس از زایش	میزان تولید شیر (کیلوگرم در روز)
تعداد سلول‌های سوماتیک	+ ۰/۲	+ ۰/۰۰۳	- ۰/۳
مقدار احتمال	۰/۰۵	۰/۹	۰/۰۰۳

مقایسه میانگین تعداد سلول‌های سوماتیک در هر میلی لیتر شیر گاوها بدون سابقه ورم پستان بالینی در زمان‌های مختلف نمونه گیری، بیانگر تفاوت معنی داری بین ماه‌های اردیبهشت (۱۱۲۹۷۳) و تیر (۵۰۳۳۳)، تیر و آذرماه (۱۰۳۰۰۰) می باشد. در مورد گاوها دارای سابقه ورم پستان بالینی بین ماه‌های اردیبهشت (۶۷۷۲۷۲) و تیر (۱۴۱۰۰۰)، اردیبهشت و آذر (۱۵۳۰۰۰) تفاوت آماری معنی داری مشاهده گردید. تعداد سلول‌های سوماتیک گاوها بدون سابقه ورم پستان بالینی (۱۱۲۹۷۳) به طور معنی داری کمتر از گاوها دارای سابقه ورم پستان بالینی (۶۷۷۲۷۲) در ماه اردیبهشت بود. هرچند که تعداد سلول‌های سوماتیک گاوها دارای سابقه ورم پستان بالینی در ماه‌های تیر و آذر بیشتر از گاوها بدون سابقه ورم پستان بالینی بود؛ اما این تفاوت معنی دار نبود ($p>0.05$). بر اساس نتایج مطالعه حاضر چنین به نظر می رسد که میزان تولید شیر و سابقه‌ی ابتلا به ورم پستان بالینی از اهمیت خاصی برخوردار هستند.

شارما و همکاران (۲۰۱۱)، گزارش کردند که مهم‌ترین فاکتور تأثیرگذار بر سلول‌های سوماتیک شیر یک کارتیبه بستگی به وضعیت عفونت در کارتیبه‌ی مورد نظر دارد (۵). مهم‌ترین فاکتور تأثیرگذار بر سلول‌های سوماتیک شیر کارتیبه‌های انفرادی و در نهایت گاو و گله، وضعیت عفونت در کارتیبه و پستان است. یکدیگر از عوامل مؤثر بر تعداد سلول‌های سوماتیک شیر، میزان تولید شیر است. تحقیق حاضر نشان داد که در هر دو گروه گاوها مورد مطالعه، میزان تولید شیر ارتباط منفی معنی داری را با تعداد سلول‌های سوماتیک نشان می دهد؛ به عبارتی دیگر هر چه میزان تولید شیر افزایش می یابد تعداد سلول‌های سوماتیک شیر کاهش می یابد، که به دلیل حجم زیاد شیر، تعداد سلول‌ها در واحد حجم کاهش می یابد. با توجه به بیشتر بودن تعداد سلول‌های سوماتیک شیر گاوها دارای سابقه ورم پستان بالینی نسبت به گاوها بدون سابقه بیماری، در نتیجه قدرمطلق ضریب همبستگی بین تعداد سلول‌ها و میزان تولید شیر در گاوها بدون سابقه بیشتر از گاوها با سابقه بیماری می باشد. به دلیل اثر رقیق‌سازی

افزایش میزان تولید شیر بر SCC و همچنین مدیریت و نظارت دقیق تر و صحیح تر در گله‌های پرتولید و همچنین بکارگیری برنامه‌های منظم کنترل و پیشگیری ورم پستان، تعداد سلول‌های سوماتیک شیر در گله‌های پرتولید کمتر است (۱).

نتایج مطالعه حاضر نشان داد که در زمان تفسیر اطلاعات مربوط به تعداد سلول‌های سوماتیک، از بین عوامل موثر بر این سلول‌ها سابقه ورم پستان بالینی گاو، میزان تولید شیر آن و همچنین زمان نمونه‌گیری مهمتر از مابقی عوامل می‌باشند. اهمیت این سه عامل ذکر شده بیشتر از روزهای پس از زایمان و دوره شیردهی گاو می‌باشد. در مورد گاوهای بدون سابقه ورم پستان روزهای پس از زایش و در گاوهای با سابقه بیماری دوره شیردهی در تفسیر نتایج مربوط به شمارش تعداد سلول‌های سوماتیک باید در نظر گرفته شوند. تعداد سلول‌های سوماتیک گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی، فقط در ماه اردیبهشت به طور معنی‌داری بیشتر از گاوهای بدون سابقه ورم پستان می‌باشد. در هر دو گروه گاوهای مورد مطالعه، بیشترین تعداد سلول‌های سوماتیک در ماه اردیبهشت وجود دارد؛ در نتیجه در این مطالعه موثرترین ماه یا زمان نمونه‌گیری بر تعداد سلول‌های سوماتیک هر دو گروه اردیبهشت ماه می‌باشد.

نتایج بدست آمده حاصل از آنالیز ارتباط بین تعداد سلول‌های سوماتیک و عوامل تاثیرگذار در دو گروه گاوهای دارای سابقه و بدون سابقه ابتلا به ورم پستان بالینی نشان دهنده اهمیت تاثیر دوره شیردهی در گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی بوده، اما در گروه گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی، روزهای پس از زایش از اهمیت خاصی برخوردار هستند؛ بطوریکه با افزایش دوره شیردهی گاوهای دارای سابقه ورم پستان، تعداد سلول‌های سوماتیک افزایش می‌یابد و بین روزهای مختلف پس از زایش و تعداد سلول‌ها ارتباطی مشاهده نمی‌شود.

در این مطالعه نشان داده شد که اثر زمان نمونه‌گیری دما و رطوبت نسبی بر تعداد سلول‌های سوماتیک در گاوهای دارای سابقه بیماری ورم پستان بالینی معنی‌دار بوده اما در گاوهای بدون سابقه اثر آن معنی‌دار نمی‌باشد. اثر میزان تولید شیر بر تعداد سلول‌های سوماتیک در هر دو گروه معنی‌دار بود. در نتیجه در تفسیر داده‌های مربوط به سلول‌های سوماتیک در گاوداری‌ها باید سابقه ابتلای گاو به ورم پستان نیز در نظر گرفته شود. چنین به نظر می‌رسد که در گاوهای با سابقه ورم پستان تعداد سلول‌های سوماتیک با افزایش روزهای پس از زایش تغییر معنی‌داری نمی‌کند، هرچند که میزان تولید شیر در مراحل مختلف شیرآوری تغییر می‌کند؛ اما با افزایش دوره شیردهی گاو بطور معنی‌داری افزایش می‌یابد. در گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی ارتباط بین تعداد سلول‌های سوماتیک و دوره‌های شیردهی مختلف گاو معنی‌دار نیست، اما با افزایش روزهای پس از زایش، بطور معنی‌داری تعداد سلول‌ها افزایش می‌یابد.

در نتیجه، همه عوامل تاثیرگذار بر تعداد سلول‌های سوماتیک شیر اهمیت دارند؛ اما براساس سابقه ابتلای گاو به بیماری ورم پستان، اثر متفاوتی خواهند داشت. در تفسیر تعداد سلول‌های سوماتیک مربوط به گاوهای بدون سابقه ابتلا به ورم پستان بالینی، میزان تولید شیر و روزهای پس از زایش دارای اهمیت بیشتری هستند. درحالی‌که در مورد گاوهای با سابقه ابتلا به ورم پستان بالینی، علاوه بر میزان تولید شیر، دوره شیردهی و زمان (ماه) نمونه‌گیری دارای اهمیت بیشتری می‌باشند.

منابع

۱. قراگوزلو، ف. وجگانی، م. ۱۳۸۳. پیروزی در مبارزه علیه ورم پستان، ترجمه. انتشارات شرکت خدمات کشاورزی.

2. Bloemhof, S., G. De Jong, Y. De Haas. 2009. Genetic parameters for clinical mastitis in the first three Lactations of Dutch Holstein cattle. *Veterinary Microbiology*, 134:165-171.

3. Heringstad, B., G. Klemetsdal, J. Ruane. 2000. Selection for mastitis resistance in dairy cattle: a review with focus on the situation in the Nordic countries. *Livestock Production Science*. 64:95-106.
4. Ruegg, P.L. 2003. Investigation of mastitis problems on farms. *Veterinary Clinics of North America: Food Animal Practice*, 19:47-73.
5. Sharma, N., N.K. Singh, M.S. Bhadwal. 2011. Relationship of somatic cell count and mastitis: An overview. *Asian-Aust. Journal of Animal Science*, 3:429-438.

Factors affecting on the milk somatic cell count (SCC) of cow with and without clinical mastitis

Abdollah Mirzaei^{1*}, Mahmoud Ayareh¹, Abbas Rowshan Ghasrodashti²

1- Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Shiraz University, Shiraz, Iran

2- Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Islamic Azad University, Kazerun, Iran

*Corresponding E-mail address: abdollah607@yahoo.com

Abstract

Mastitis is one of the most important diseases that result in devastating economic effect on dairy herds. Milk somatic cell count (SCC) is an udder health parameter. This study conducted to study factor affecting on the milk somatic cell count of cow with and without clinical mastitis in previous lactations. Multiparous Holstein cows from a farm in Shiraz, southern Iran were used. The study was carried out in July and December 2010 and May 2011. Milk samples ($n = 222$; 20 ml) were taken from all quarters of lactating cows after the first three squirts of milk from each quarter were discarded. Milk SCC was measured using an electronic cell counting method (Fossomatic, Foss Electric, Denmark). SPSS software was used for the analyses of factors affecting the milk SCC including lactation number, days in milk, month of sampling, milk yield, and clinical mastitis in previous lactation. There was significant correlation between SCC and days in milk of cow without mastitis, and lactation number of cow with mastitis. Results of the present study showed that milk yield and days in milk were considerable factors for interpreting of SCC in cows without the historical information of clinical mastitis detection in previous lactation. While in cows with the clinical mastitis in previous lactation, milk yield, lactation number, and month of sampling should be considered. So, we concluded that the historical clinical mastitis could be important for interpreting of SCC used as a tool in order to select for mastitis resistance in dairy cow.

Keywords: Milk - Somatic cell count - Clinical mastitis - Dairy cow

بررسی تنوع آلی ژن فاکتور نکروز تومور آلفا (TNF α) در گوسفند نژاد ماکویی

پریسا بیابانی^{۱*}، علی هاشمی^۱، علی هاشمی^۱، کاوه خاکپور^۱، فاطمه پوربایرامیان^۱ و جواد برومند^۱
^۱ گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، ^۲ گروه بهداشت و کنترل کیفی مواد غذایی دانشکده دامپزشکی دانشگاه ارومیه

* نویسنده مسئول: پریسا بیابانی parisabiabani@yahoo.com

چکیده

تحقیق حاضر به منظور شناسایی تنوع آلی موجود در ژن فاکتور نکروز تومور آلفا (TNF α) در گوسفند نژاد ماکویی با استفاده از روش واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR) و تفاوت فرم فضایی رشته‌های منفرد (SSCP) انجام گرفت. برای این منظور تعداد ۱۰۰ رأس گوسفند از مرکز پرورش و اصلاح نژاد واقع در شهرستان ماکو به‌طور تصادفی انتخاب و نمونه‌های خون جمع‌آوری شدند. DNA ژنومی از نمونه‌های خون استخراج گردید و قطعه‌ای به اندازه ۲۷۳ جفت باز شامل قسمتی از اگزون ۴ و ناحیه غیر کد شونده ۳' (UTR ۳') ژن TNF α با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز تکثیر شد. الکتروفورز محصولات PCR براساس تفاوت فرم فضایی رشته‌های منفرد (SSCP)، منجر به شناسایی الگوهای باندی متفاوت در جمعیت گوسفندان مورد مطالعه شد. برای این جایگاه از ژن TNF α ، سه آلل A، O و R به ترتیب با فراوانی‌های ۷۳/۳۳، ۱۷/۷۸ و ۸/۸۹ درصد و سه ژنوتیپ AA، AO و AR به ترتیب با فراوانی‌های ۶۷/۴۶، ۳۵/۵۶ و ۱۷/۷۷ درصد شناسایی شدند. بر اساس نتایج بدست آمده از این پژوهش می‌توان گفت که تنوع ژنتیکی ژن TNF α در گوسفند نژاد ماکویی نسبتاً بالا بوده بطوریکه می‌تواند در برنامه‌های اصلاح نژادی مد نظر قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: تنوع آلی - گوسفند ماکویی - ژن فاکتور نکروز تومور آلفا - PCR-SSCP

مقدمه

پروتئین‌های خاصی که وظیفه عرضه آنتی‌ژن به سلول‌های T را بر عهده دارند، از ژن‌هایی رمزدهی می‌شوند که در جایگاه ژنی موسوم به مجموعه اصلی سازگاری بافتی (MHC) قرار دارند که در سه دسته ژنی به نام‌های کلاس I، کلاس II و کلاس III بر روی کروموزوم ۲۰ گوسفند قرار دارند. در ژن‌های کلاس III که بین ژن‌های کلاس I و II قرار دارند، سایتوکلین‌هایی مثل فاکتور نکروز تومور آلفا (TNF α) قرار دارند. سایتوکلین‌ها پروتئین‌هایی هستند که از سلول‌های سیستم ایمنی ذاتی و اختصاصی ترشح می‌شوند و واسطه بسیاری از فعالیت‌های آنها می‌باشند و در پاسخ به میکروبها یا سایر آنتی‌ژن‌ها تولید می‌شوند. TNF α اصلی‌ترین میانجی شیمیایی پاسخ‌های التهابی حاد در مواجهه با عفونت باکتری‌های گرم منفی و سایر میکروب‌های عفونت‌زا است و همچنین مسئول ایجاد عوارض منتشر در عفونت‌های حاد می‌باشد. این پروتئین اولین بار در سال ۱۹۷۵ توسط Carswell در سرم حیوانی که با اندوتوکسین مواجه می‌شد شناسایی و کشف شد. این فاکتور، در بدن موجود باعث نکروز تومورها می‌شد. اصلی‌ترین منبع تولید آن سلول‌های بیگانه‌خوار تک هسته‌ای هستند، هرچند که سلول‌های T تحریک شده با آنتی‌ژن و سلول‌های کشنده طبیعی (NK) و ماست سل‌ها نیز قادرند این پروتئین را ترشح کنند (۱ و ۵). ژن کدکننده پروتئین TNF α دارای ۴ اگزون و ۳ اینترون است (۴). مشخص شده که چندشکلی‌های ژن TNF α در ایجاد مقاومت و یا استعداد ابتلا به بیماری‌های عفونی و

التهابی دخیلند و گزارشات زیادی مبنی بر ارتباط تنوع ژنتیکی $TNF\alpha$ با حساسیت به سقط جنین در گوسفند (۴) و همچنین ارتباط چندشکلی این ژن با بیماری لوکمی ویروسی گاو ایجاد شده توسط BLV (ویروس لوکمی گاوی) (۳ و ۸)، ورم پستان (۱۱)، لوکوز (۱۳) و اولین تخمک‌گذاری پس از زایمان (۱۰) در گاو وجود دارد. هدف از این مطالعه، شناسایی تنوع آللی و تعیین فراوانی‌های آللی و ژنوتیپی در ژن $TNF\alpha$ گوسفند نژاد ماکویی با استفاده از روش PCR-SSCP می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق، تعداد ۱۰۰ رأس گوسفند از جمعیت گوسفندان مرکز پرورش و اصلاح نژاد شهرستان ماکو، به صورت تصادفی و به شکل انفرادی که مخلوطی از هر دو جنس بودند، انتخاب شد و خونگیری از ورید و داجی توسط تیوب‌های حاوی ماده ضد انعقاد EDTA (اتیلن دی آمین تترا استیک اسید) انجام گرفت. نمونه‌های خون همراه با یخ به آزمایشگاه گروه علوم دامی دانشگاه ارومیه منتقل و تا زمان استخراج DNA در دمای -20°C نگهداری شدند. استخراج DNA از نمونه‌ها با استفاده از کیت استخراج DNA ژنومی (Fermentas, Cinagen Iran) صورت گرفت. کیفیت و کمیت DNA استخراج شده با استفاده از روش اسپکتوفوتومتری و ژل آگارز یک درصد تهیه شده از بافر TBE نیم برابر حاوی اتیدیوم بروماید، ارزیابی شد. با استفاده از یک جفت پرایمر اختصاصی پیشنهاد شده توسط Alvarez-Busto و همکاران (۲۰۰۴)، یک قطعه ۲۷۳ جفت بازی شامل قسمتی از ناحیه اگزون ۴ و ناحیه ۳' UTR ژن $TNF\alpha$ به وسیله PCR تکثیر شد که توالی پرایمرها به صورت زیر بود:

پرایمر رفت: 5'-CTGCCGGAATACCTGGACTA-3'

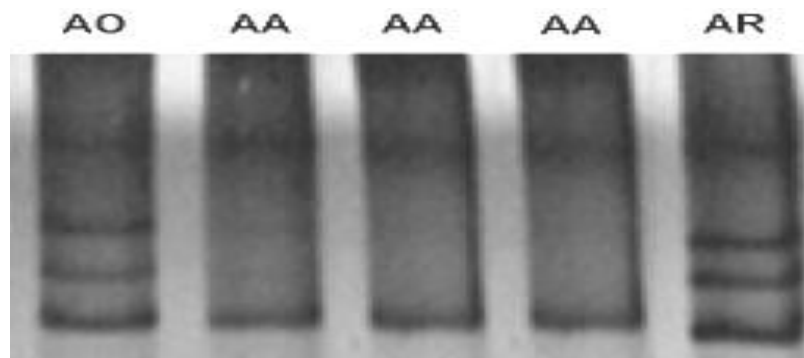
پرایمر برگشت: 5'-TCCAGTCCTTGGTGATGGTT-3'

واکنش PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر، شامل ۴ میکرولیتر dNTP ۱/۲۵ میلی مولار، یک میکرولیتر $MgCl_2$ ۵۰ میلی مولار، ۰/۵ میکرولیتر از هر یک از پرایمرها با غلظت ۲۵ میکرومولار، ۲/۵ میکرولیتر بافر PCR با غلظت ۱۰ برابر، ۰/۵ میکرولیتر آنزیم Taq پلی‌مراز و ۴ میکرولیتر از DNA ژنومی (حدود ۱۰۰ نانوگرم) انجام گرفت. تکثیر قطعه موردنظر با استفاده از یک مرحله واسرشته‌سازی اولیه در دمای 94°C به مدت ۵ دقیقه و ۳۵ چرخه (واسرشته سازی در دمای 94°C به مدت ۴۵ ثانیه، دمای اتصال آغازگرها 56°C به مدت ۴۵ ثانیه و دمای تکثیر 72°C به مدت ۴۵ ثانیه) و یک دمای تکثیر نهایی 72°C به مدت ۱۰ دقیقه جهت گسترش زنجیره DNA استفاده شد. محصولات PCR روی ژل آگارز دو درصد حاوی اتیدیوم بروماید الکتروفورز گردیدند. چندشکلی قطعات تکثیر شده با استفاده از روش SSCP مورد بررسی قرار گرفت. برای برآورد فراوانی‌های آللی و ژنوتیپی، شاخص هتروزیگوتی، اندازه مؤثر آللی و آزمون کای اسکوار از نرم افزار PopGen32 استفاده شد.

نتایج و بحث

DNA ژنومی حاصل از استخراج دارای کیفیت خوبی بود. الکتروفورز محصولات PCR بر روی ژل آگارز، صحت قطعه ۲۷۳ جفت بازی تکثیر شده از ژن $TNF\alpha$ گوسفند ماکویی را توسط نشانگر مولکولی ۱۰۰ bp مورد تأیید قرار داد. نتایج حاصل از الکتروفورز محصولات PCR بر روی ژل آکرلامید مبتنی بر تفاوت فرم فضایی رشته‌های منفرد (SSCP) برای گوسفند ماکویی نشان داد که جایگاه ژن $TNF\alpha$ در گوسفند ماکویی دارای چند شکلی می‌باشد (شکل ۱) و منجر به شناسایی سه آلل A، O و R به ترتیب با فراوانی‌های ۷۳/۳۳، ۱۷/۷۸ و ۸/۸۹ درصد شد که بیشترین فراوانی آللی مربوط به آلل A و کمترین فراوانی آللی مربوط به آلل R می‌باشد. این آلل‌ها در سه ترکیب ژنوتیپی AA، AO و AR دسته‌بندی شدند که فراوانی آنها در جدول ۱

ارائه شده است. شاخص هتروزیگوتی و تعداد آل مؤثر برای این جایگاه به ترتیب ۰/۴۲۲۷ و ۱/۷۳ بدست آمد. آزمون کای اسکوتر نشان داد که جمعیت گوسفندان ماکویی در تعادل هاردی-واینبرگ قرار ندارند ($P < 0.05$).



شکل ۱- الگوهای SSCP مشاهده شده ژن $TNF\alpha$ در گوسفندان ماکویی بر روی ژل پلی آکرلامید

جدول ۱- فراوانی های آلی، ژنوتیپی، آزمون کای اسکوتر، اندازه مؤثر آلی و شاخص هتروزیگوتی ژن $TNF\alpha$ در گوسفندان

نژاد ماکویی							
X ²	شاخص	اندازه	فراوانی آل‌ها (%)			فراوانی ژنوتیپ‌ها (%)	
	هتروزیگوتی	مؤثر آلی	A	O	R	AO	AA
۱۱/۶۱*	۰/۴۲۲۷	۱/۷۳	۷۳/۳۳	۱۷/۷۸	۸/۸۹	۳۵/۵۶	۴۶/۶۷

* : معنی داری در سطح احتمال ۵ درصد

در نژادهای مختلف گوسفند اطلاعات کمی در مورد چند شکلی ژن $TNF\alpha$ وجود دارد. در دهه ۱۹۹۰، ژن $TNF\alpha$ گوسفند به وسیله سه گروه مختلف کلون شد که توالی دو cDNA کاملاً یکسان ولی cDNA کلون شده سوم فاقد یک اسید آمینه در توالی هدایت گر بود (۷، ۹ و ۱۲). Alvarez-Busto و همکاران (۲۰۰۴)، تنوع آلی در لوکوس $TNF\alpha$ گوسفندان نژادهای Rasa و Latxa را با استفاده از روش PCR-SSCP مطالعه کردند که آنالیزهای SSCP و تکثیر یک قطعه ۲۷۳ جفت بازی در قسمتی از اگزون ۴ و UTR ۳، منجر به شناسایی سه آل O، R و E و پنج ژنوتیپ OO، RR، OR، OE و ER گردید. این آل ها در یک حذف و یک چندشکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) با هم اختلاف داشتند و هیچ تفاوتی در توالی آنها در دو نژاد پیدا نشد (۲). نتایجی که از مطالعه حاضر بدست آمد تقریباً مشابه نتایجی بود که Alvarez-Busto و همکاران (۲۰۰۴) ارائه داده بودند به طوریکه در این مطالعه نیز سه آل شناسایی شد ولی الگوهای ژنوتیپی که در این مطالعه شناسایی شد، متفاوت با الگوهایی بود که Alvarez-Busto و همکاران (۲۰۰۴) شناسایی کرده بودند. تلاش های دیگر برای شناسایی چند شکلی در این لوکوس از ژن $TNF\alpha$ با بکار بردن روش های دیگر ناموفق بوده است (۶۴). نتایج این تحقیقات نشان دهنده وجود تنوع ژنتیکی نسبتاً بالا برای این جایگاه از ژن $TNF\alpha$ در نژادهای مختلف گوسفند می باشد.

منابع

۱. فریدحسینی، ر.، م. محمودی و س.ع. رضایی. ۱۳۸۰. ایمنولوژی سلولی و مولکولی (ترجمه). چاپ اول. انتشارات جهاد دانشگاهی مشهد.

2. Alvarez-Busto, J., A. Ruiz-Nunez, L.I. Mazon, and B.M. Jugo. 2004. Detection of polymorphisms in tumour necrosis factor alpha candidate gene in sheep. *Immunogenetics*. 31: 155-158.
3. Bojarójc-Nosowicz, B., E. Kaczmarczyk, A. Stachura and M. Kotkiewicz. 2011. Polymorphism in the promoter region of the tumor necrosis factor-alpha gene in cattle herds naturally infected and uninfected with the Bovine Leukemia Virus. *Polish Journal of Veterinary Sciences*. 14(4): 671-673.
4. Darlay, R.J., A.J. McCarthy, N.E. Illot, J.E. Smith and M.A. Shaw. 2011. Novel polymorphisms in ovine immune response genes and their association with abortion. *Animal Genetics*. 42: 534-543.
5. Dukkupati, V.S.R., H.T. Blair, D.J. Garrick and A. Murray. 2006. 'Ovar-Mhc' - ovine major histocompatibility complex: structure and gene polymorphisms. *Genetics and Molecular Research*. 5(4): 581-608.
6. Engwerda, C.R., C.J. Dale and R.M. Sandeman. 1996. IgE, TNF α , IL1 β , IL4 and IFN γ gene polymorphisms in sheep selected for resistance to fleece rot and flystrike. *International Journal for Parasitology*. 26(7): 787-791.
7. Green, I.R. and D.R. Sargan. 1991. Sequence of the cDNA encoding ovine tumor necrosis factor-alpha: problems with cloning by inverse PCR. *Gene*. 109(2):203-210.
8. Konnai, S., T. Usui, M. Ikeda, J. Kohara, T. Hirata, K. Okada, K. Ohashi and M. Onuma. 2006. Tumor necrosis factor-alpha genetic polymorphism may contribute to progression of bovine leukemia virus-infection. *Microbes and Infection*. 8: 2163-2171.
9. Nash, A.D., G.J. Barcham, M.R. Brandon and A.E. Andrews. 1991. Molecular cloning, expression and characterization of ovine TNF α . *Immunological Cell Biology*. 69(4): 273-283.
10. Shirasuna, K., C. Kawashima, C. Murayama, Y. Aoki, Y. Masuda, K. Kida, M. Matsui, T. Shimizu and A. Miyamoto. 2011. Relationships between the first ovulation postpartum and polymorphism in genes relating to function of immunity, metabolism and reproduction in high-producing dairy cows. *Journal of Reproduction and Development*. 57(1): 135-142.
11. Xu, A.J., X.L. Liu, J.Z. Guo and Z. Xia. 2010. Polymorphism of bovine TNF-a gene and its association with mastitis in Chinese Holstein cows. *Yi chuan*. 32(9): 929-934.
12. Young, A.J., J.B. Hay and J.Y. Chan. 1990. Primary structure of ovine tumor necrosis factor alpha cDNA. *Nucleic Acids Research*. 18(2): 6723-6730.
13. Yudin, N.S., L.A. Vasil'eva, V.F. Kobzev, T.N. Kuznetsova, E.V. Ignatieva, D. Yu. Oshchepkov, M.I. Voevoda and A.G. Romaschenko. 2006. Association study of SNP of the TNF-alpha gene with bovine leukosis and evaluation of its functional significance. *Comparative and evolutionary genomics and proteomics*. 245-248.

Allelic variation of tumor necrosis factor alpha gene (TNF α) in Makoei sheep

P. Biabani^{1*}, A. Hashemi¹, K. Mardani², K. Khakpour¹, F. Purbayramian¹, J. Borumand¹

¹ Department of Animal Science Agriculture Urmia University, ² Department of Food Hygiene and Quality Control, Faculty of Veterinary Medicine, Urmia University

* Corresponding E-mail address: parisabiabani@yahoo.com

Abstract

This study was undertaken to identify the allelic variation of tumor necrosis factor alpha (TNF α) gene in Makoei sheep by using polymerase chain reaction (PCR) and single strand conformation polymorphism (SSCP) technique. A number of 100 sheep were randomly selected and blood samples were collected. DNA was extracted from blood samples in order to amplify 273 bp fragment comprising part of the fourth exon and the 3' untranslated region (3' UTR) of the ovine TNF α gene. PCR products were subjected to SSCP analysis. Based on the obtained SSCP patterns three alleles A, O and R with frequencies of 73.33, 17.78 and 8.89 percent and three genotypes AA, AO and AR with frequencies of 46.67, 35.56 and 17.77 percent were identified, respectively. On the basis of obtained results it was revealed that the TNF α gene has high degree of the genetic variation which can be considered for future breeding programs.

Keywords: Allelic variation- Makoei sheep- Tumor necrosis factor alpha gene- PCR-SSCP

بررسی اثر انتخاب ظاهری بر روند ژنتیکی وزن تولد تا ۳ ماهگی در بز کرکی راینی
صدیقه بیگلری^{۱*}، مسعود اسدی فوزی^۲، محبوبه مقدس زاده^۳، صغری شمس الدینی^۴

۱- کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام

۲- استادیار دانشگاه شهید باهنر کرمان

۳- کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام

۴- کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام

چکیده

اثر انتخاب ظاهری بر روند ژنتیکی صفات رشد شامل وزن تولد، سه ماهگی در بز کرکی راینی با استفاده از ۴۱۱۷ رکورد مربوط به ۲۰۶ پدر و ۱۴۰۲ مادر انجام شد، این رکوردها از سال ۱۳۷۰ تا سال ۱۳۸۵ جمع آوری شده بودند. در ابتدا با انجام مدل‌های یک متغیره اهمیت اثرات ثابت شامل سن، جنس، شکم زایش مادر، نوع تولد، سال و ماه تولد و اثرات تصادفی شامل اثرات ژنتیکی افزایشی، اثرات ژنتیکی مادری و اثرات محیط دائمی مادر بررسی شد. سپس اثرات معنی دار برای بررسی روند ژنتیکی در سال‌های مختلف در صفات مورد نظر در قالب یک مدل چند متغیره مورد بررسی قرار گرفتند، با استفاده از نتایج بدست آمده از مدل چند متغیره، میزان پیشرفت ژنتیکی در هر سال برای صفات رشد در هر حیوان مشخص گردید. روند ژنتیکی که نتیجه انتخاب ظاهری بود در نسل‌های مختلف نا منظم بوده و بهبود مشخصی را نشان نمی دهد، برای مثال میزان پیشرفت ژنتیکی برای وزن تولد در سال‌های ۷۲، ۷۷ و ۸۲ به ترتیب برابر ۱۷، ۰/۰۰۰۵- و ۲۵ گرم برآورد گردید. لازم است انتخاب حیوان بر اساس ارزش‌های اصلاحی این صفت انجام گیرد.

کلمات کلیدی: بز کرکی راینی، صفات رشد، روند ژنتیکی، انتخاب ظاهری

مقدمه

یکی از راه‌های افزایش تولیدات دام‌ها شناخت پتانسیل‌های ژنتیکی آن‌ها و انتخاب دام‌های با پتانسیل برتر می باشد. بنابراین تدوین یک برنامه اصلاح نژادی با استفاده از روش‌های کارآمد برای شناسایی این استعدادها لازم است. در این مسیر بر آورد پارامترهای ژنتیکی بایستی انجام گیرد و صفات هدف و همچنین صفاتی که به عنوان ملاک انتخاب دام برتر مورد استفاده قرار می گیرد مشخص گردد. دقت برآورد این پارامترهای ژنتیکی در میزان کارایی برنامه اصلاح نژادی موثر می باشد (۱). یکی از صفات بسیار مهم که در امر تولیدات دامی مهم و ضروری به نظر می رسد و باید در شناخت دام‌ها برای این صفت کار اصلاح نژادی صورت گیرد مقدار تولید گوشت حیوانات است (۲). اثرات تصادفی اضافی شامل اثرات ژنتیکی مادری و اثرات محیط دائمی مربوط به مادر و همچنین کو واریانس اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و اثرات ژنتیکی مادری علاوه بر اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم باید مورد توجه قرار گیرد. نادیده گرفتن اثرات تصادفی معنی دار و همچنین اثرات ثابت معنی دار برای صفت مورد مطالعه در مدل می تواند سبب تخمین اریب پارامترهای ژنتیکی و کاهش بازدهی انتخاب گردد (۳، ۵). استفاده از مدل‌های چند متغیره برای برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش بینی ارزش اصلاحی به علت لحاظ نمودن کوواریانس بین اثرات ژنتیکی مستقیم و اثرات ژنتیکی مادری تمامی صفات مهم نسبت به مدل‌های حیوانی یک و دو متغیره دارای مزیت می باشد (۴).

مواد و روش ها

در این تحقیق از داده های مربوط به صفات رشد در بز کرکی راینی مورد استفاده قرار گرفت. این داده ها در طی ۱۵ سال از سال ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۵ جمع آوری گردیده اند. مجموع تعداد ۱۱۹۲۳ رکورد وزن بدن در سنین تولد، سه ماهگی مورد استفاده قرار گرفت. رکوردها بر روی ۴۱۱۵ حیوان از ۲۰۴ پدر و ۱۴۰۶ مادر اندازه گیری شده بودند. (جدول ۱).

اطلاعات شجره ای و رکوردهای انفرادی صفات رشد (وزن بدن در سنین مختلف) و همچنین اطلاعات مرتبط با اثرات ثابت با فرمت مناسب تهیه گردید. برای این منظور از نرم افزارهای سیگوئن، لینوکس و اکسل استفاده شد.

جدول (۱) میانگین، انحراف معیار و ساختار داده های استفاده شده در این تحقیق

شاخص های آماری	وزن تولد	وزن سه ماهگی
میانگین	۲/۳۱	۱۰/۰۲
انحراف معیار	۰/۱۶	۱/۷۴
تعداد رکورد	۴۱۱۵	۲۹۴۷
تعداد پدر	۲۰۶	۱۸۹
تعداد مادران	۱۴۰۶	۱۲۰۰
تعداد پدربزرگ های مادری	۲۳۴	۱۷۶
تعداد مادران دارای رکورد	۵۳۵	۳۳۲
میانگین تعداد نتاج به ازاء هر مادر	۲/۳	۲/۴

اثرات ثابت

اثرات ثابتی که در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفتند عبارتند از اثر نوع تولد با سه سطح (یک قلو و دو قلو و سه قلو) اثر سن مادر با هفت سطح، اثر سال و ماه تولد و همچنین اثر سن حیوان بر حسب روز به صورت یک کووریت لحاظ گردید. با توجه به متولد شدن بزغاله ها در روزهای متفاوت و وزن کشی آن ها در یک روز معین، محدوده سنی وزن از شیرگیری بین ۷۰ تا ۱۱۰ روزگی قرار داشت.

اثرات تصادفی

در این مطالعه علاوه بر اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات ژنتیکی مادری و اثرات محیط دائمی مادری نیز در مدل گنجانده شدند.

مدل کامل مورد استفاده به صورت زیر بود:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_{3mpe} + e$$

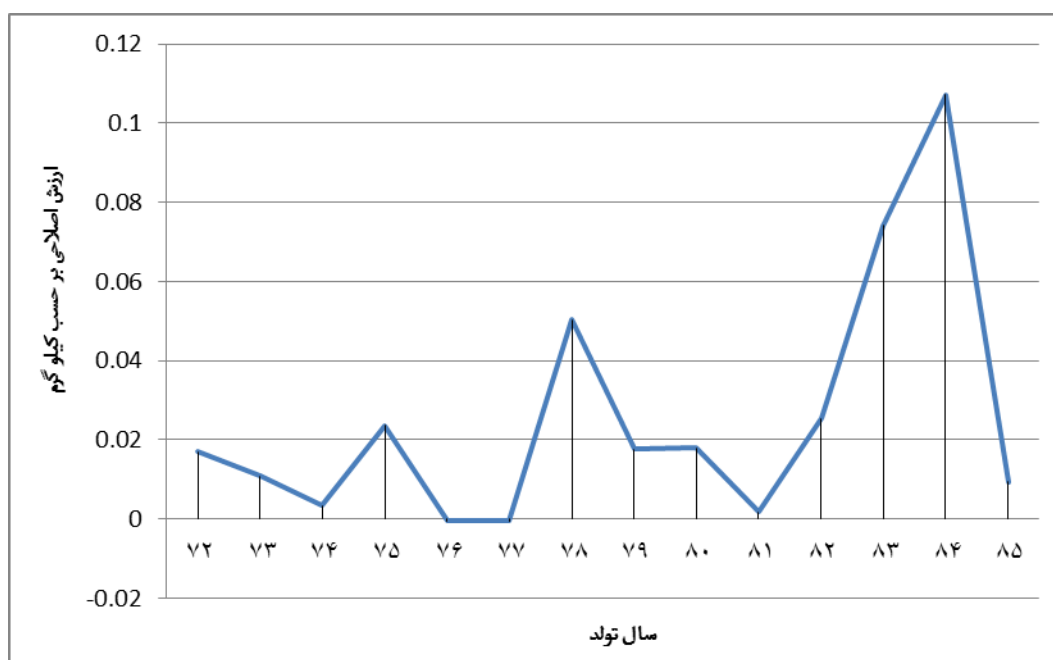
در این مدل y رکوردهای انفرادی مربوط به وزن بدن در یک سن خاص، b بردار اثرات ثابت، a بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، m بردار اثرات ژنتیکی مادری، mpe بردار مربوط به اثرات محیط دائمی مادری و e بردار خطای آزمایش برای رکورد

انفرادی می باشد X, Z_3, Z_2, Z_1 ماتریس طرح برای اثرات ثابت و تصادفی مورد بررسی می باشد. در مدل نهایی کلیه اثرات ثابت و تصادفی مهم در مدل گنجانده شدند و مابقی حذف گردیدند.

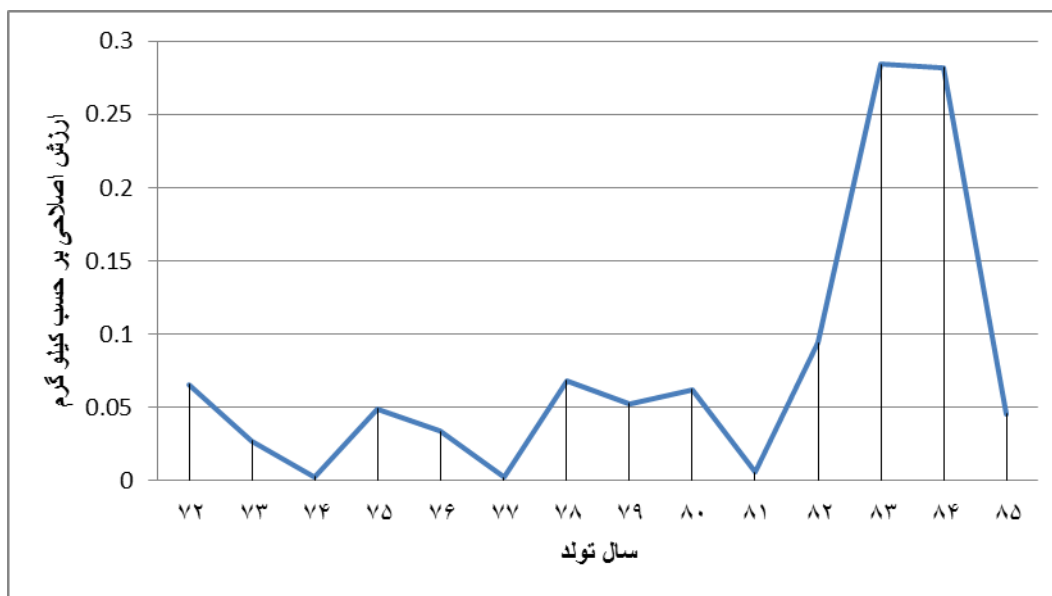
نتایج

روند ژنتیکی صفات رشد در بز کرکی راینی

پس از آنکه ارزش اصلاحی هر حیوان برای صفات مورد نظر با استفاده از مدل چند متغیره بدست آمد، میانگین ارزش اصلاحی هر صفت در سال های تولد مختلف (از ۷۲ تا ۸۵) محاسبه شد، سپس برای بررسی روند ژنتیکی نمودار میانگین ارزش های اصلاحی برای هر صفت در سال های تولد مختلف رسم شد. در نمودارهای رسم شده محور افقی بیانگر سال تولد و محور عمودی بیانگر متوسط ارزش اصلاحی بر حسب کیلوگرم است. روند ژنتیکی صفات رشد در بز کرکی راینی در نمودارهای ۱ تا ۲ آورده شده است.



نمودار (۱) روند ژنتیکی وزن تولد



نمودار (۲) روند ژنتیکی وزن سه ماهگی

روند ژنتیکی وزن بدن بز کرکی راینی در سنین مختلف طی سال های ۷۲ تا ۸۵ نامنظم می باشد، این روند در سنین مختلف مشابه است که همبستگی ژنتیکی محاسبه شده برای سنین مختلف موید این امر می باشد. به عنوان مثال همبستگی ژنتیکی بین وزن تولد و سه ماهگی ۰/۶۶ برآورد گردید. ارزش اصلاحی برآورد شده برای سنین مختلف در نمودارهای ۱ تا ۲ آورده شده است بطوریکه ارزش اصلاحی وزن تولد در سال های ۷۲، ۷۳ و ۷۴ به ترتیب ۰/۰۱۶، ۰/۰۱۰ و ۰/۰۰۳ برآورد گردید. بنابراین انتخاب بر اساس معیارهای ظاهری سبب بهبود منظم روند ژنتیکی صفات رشد نگردیده است. البته تغییرات نامنظم ارزش اصلاحی در سال های مختلف می تواند متأثر از ساختار داده ها و همینطور نتیجه انتخاب بر اساس ملاک های ظاهری باشد.

منابع

۱. اسدی فوزی، م.، اسماعیلی زاده، ع. و محمد آبادی، م. (۱۳۸۷). آنالیز ژنتیکی وزن پشم گوسفند مرینوس در سنین مختلف با استفاده از مدل های مختلف یک متغیره. دومین سمینار پوست، چرم و الیاف دامی کشور. موسسه تحقیقات علوم دام کشور، کرج ایران.
۲. حسنی، م. ن. (۱۳۸۷). آنالیز ژنتیکی صفات رشد در بز کرکی راینی با استفاده از مدل چند متغیره. پایان نامه کارشناسی ارشد دانشکده کشاورزی دانشگاه شهید باهنر کرمان.

3. Henderson, C. R. (1975). Comparison of alternative sire evaluation methods. Journal of Animal Science. 41:760-770.
4. Mrode, R. A. and R.Thompson. (2005). Linear model for the prediction of animal breeding values. CABI publishing .
5. Schaeffer, L. R. (1984). Sire and cow evaluation under multiple trait model. Journal of Dairy Science 67:1867-1580.

Abstract

The effects of visual selection on the genetic trend of growth traits was investigated using 4117 records measured on 4117 Raieni cashmere goats, originated from 206 sire and 1402 dams born between 1997 to 2008. These records were collected from a resource flock in Baft research station which is situated in Kerman province. The important of the fixed effects and the additional random effects including direct additive genetic, maternal genetic and maternal permanent environment effects was studied using a univariate animal model. The breeding values for the growth trait was derived from a multivariate model. The genetic trend of the growth traits was erratic and do not show genetic improvement for the traits. The result show visual traits such as color and body size . are not appropriate criteria for the selection. Accordingly, selection based on the estimated breeding values of growth traits should be used.

Key words: raieni cashmere goats, growth traits, genetic trend, visual selection.

تحلیل چند متغیره همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی تولید شیر با صفات تولید مثلی در گاوهای هلشتاین ایران

علیرضا شهدادی^{۱*}، سعید حسینی^۲، مجتبی آهنی آذری^۲، داوود علی ساقی^۳ و علیرضا اقبال^۴

۱ و ۲- به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد و اعضای هیئت علمی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، ۳- عضو

هیئت علمی مرکز تحقیقات کشاورزیو منابع طبیعی خراسان رضوی و ۴- کارشناس ارشد مرکز اصلاح نژاد دام کشور

*نویسنده مسئول: a.shahdadi@yahoo.com

چکیده

در این مطالعه به منظور برآورد وراثت پذیری و همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین صفت تولید شیر با صفات تولید مثلی از رکورد-های متعلق به ۶۴۲۲۰ رأس گاو شیری نژاد هلشتاین در نوبت اول شیردهی از سراسر کشور استفاده گردید. داده های مورد استفاده در سالهای ۱۳۷۵-۱۳۸۸ توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور جمع آوری شده بود. صفات تولید مثلی شامل فاصله گوساله زایی، طول دوره خشکی و سن هنگام اولین زایش بود. برآوردها با استفاده از روش حداکثر درست نمایی محدود شده و در قالب مدل حیوانی و با استفاده از نرم افزار ژنتیکی DFREML انجام شدند. بر اساس نتایج بدست آمده، میانگین تولید شیر ۷۱۶۴/۳۹ کیلوگرم، فاصله گوساله زایی و طول دوره خشکی به ترتیب ۳۷۵/۹۷ و ۶۷/۸۴ روز و سن هنگام اولین زایش ۲۶/۲۳ ماه برآورد شد. وراثت پذیری تولید شیر، فاصله گوساله زایی، طول دوره خشکی و سن هنگام اولین زایش به ترتیب ۰/۱۹۷، ۰/۰۳۵، ۰/۰۱۵ و ۰/۰۷۹ برآورد گردید. همبستگی ژنتیکی بین صفت تولید شیر با فاصله گوساله زایی، طول دوره خشکی و سن هنگام اولین زایش به ترتیب ۰/۱۷، ۰/۶۳- و ۰/۴۱- و همبستگی فنوتیپی نیز به ترتیب ۰/۰۳، ۰/۰۸- و ۰/۰۵- برآورد گردید.

واژگان کلیدی: همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی - تولید شیر - صفات تولید مثلی - گاو هلشتاین ایران.

مقدمه

در گاو های شیری، عملکرد خوب تولید مثلی برای بهبود سودمندی طول عمر بسیار مهم به نظر می رسد. برای بهبود عملکرد تولید مثلی گله های گاو شیری، پرورش دهندگان بایستی مجموعه اثرات محیطی مؤثر بر تولید شیر و تولید مثل را درک کنند (۱۲). به طور کلی در گذشته، به دلیل وراثت پذیری پایین صفات تولید مثلی، توجه کمتری به باروری در برنامه های بهبود ژنتیکی گله شده است. برخلاف وراثت پذیری پایین، صفات تولید مثلی تنوع ژنتیکی افزایشی بالایی دارند (۶). بنابراین در برنامه های اصلاح-نژادی گاو های شیری صفات تولیدی و تولید مثلی بطور همزمان مورد نظر قرار می گیرند (۵). برخی محققین همبستگی ژنتیکی منفی بین صفات تولیدی و تولید مثلی گزارش کرده اند (۳ و ۷)، در مقابل، برخی مطالعات همبستگی ژنتیکی بین این صفات را نسبتاً مطلوب گزارش کردند (۴ و ۱۰). به طور کلی نتیجه تحقیقات فوق نشان می دهد اگر چه در اغلب موارد همبستگی ژنتیکی بین صفات تولیدی و تولید مثلی منفی است، ولی برخی نتایج متناقض لزوم انجام تحقیق جامع تر بر روی ارتباط بین این صفات را نشان می دهد. لذا هدف از این مطالعه، برآورد وراثت پذیری و همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی صفت تولید شیر با صفات تولید مثلی گاو های شیری نژاد هلشتاین بود.

مواد و روش ها

داده‌های مورد استفاده در این مطالعه شامل ۶۴۲۲۰ رکورد متعلق به ۶۴۲۲۰ رأس گاو شیری نژاد هلشتاین در نوبت اول شیردهی در ۷۴۹ گله از سراسر کشور بوده که در بین سالهای ۱۳۷۵-۱۳۸۸ توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور جمع‌آوری گردیده بود. به ازای هر گاو یک رکورد در صفات مورد بررسی وجود داشت. صفات مورد بررسی شامل تولید شیر ۳۰۵ روز و دو بار دوشش در روز (صفت تولیدی)، فاصله گوساله‌زایی، طول دوره خشکی و سن هنگام اولین زایش (صفات تولید مثلی) بود. داده‌های خام با استفاده از نرم‌افزارهای Foxpro نسخه ۲/۶ و Excel ویرایش گردید. برای معنی‌دار بودن اثرات ثابت (گله، سال زایش و فصل زایش) از نرم‌افزار آماری SAS نسخه ۹/۱ و رویه GLM استفاده شد.

تجزیه و تحلیل ژنتیکی صفات مورد بررسی به روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده بی‌نیاز از مشتق‌گیری تحت مدل حیوانی و با استفاده از برنامه‌های DFUNI و DXMUX نرم‌افزار تخصصی DFREML انجام گردید (۸). کلیه تجزیه و تحلیل‌های انجام شده در برآورد مؤلفه‌های واریانس - کواریانس و پارامترهای ژنتیکی بر اساس الگوریتم Powell با در نظر گرفتن معیار همگرایی 10^{-8} انجام شد. برآورد‌های بدست آمده برای مؤلفه‌های واریانس - کواریانس ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی چندین بار از طریق اجرای مجدد برنامه کنترل گردید تا اطمینان حاصل شود که حداکثر کلی تابع درست‌نمایی بدست آمده است و برآورد‌های قبلی تغییر نکرده است.

نتایج و بحث

آمار توصیفی صفات مورد بررسی در جدول ۱ نشان داده شده است. میانگین تولید شیر ۳۰۵ روز و دو بار دوشش در روز $1215/11 \pm 7164/39$ برآورد گردید. این میانگین بیشتر از مقادیر گزارش شده توسط اکثر محققان داخلی (۲ و ۵) بود. بنابراین می‌توان گفت به دلایل مختلف اعم از مدیریتی، تغذیه‌ای و ژنتیکی تولید شیر گاوهای جامعه مورد بررسی در این مطالعه بیشتر از متوسط تولید شیر گاوها در کشور بوده است. میانگین فاصله گوساله‌زایی $48/73 \pm 375/97$ روز یا $12/3$ ماه بود که بر اساس شاخص ارزیابی فاصله زایش در حد مناسب است. این عدد به میانگین فاصله گوساله‌زایی گاوهای کل کشور (۳۸۲ روز) نزدیک است (۲). میانگین طول دوره خشکی در گاوهای مورد بررسی $21/04 \pm 67/84$ بود. دلیل این امر می‌تواند تولید شیر زیاد گاوها بوده که منجر به کاهش طول دوره خشکی گاوهای مورد بررسی شده است. میانگین سن هنگام اولین زایش در این مطالعه $2/65 \pm 26/23$ ماه بوده که به مقدار استاندارد (۲۴ ماه) نزدیک است.

جدول ۱- آمار توصیفی صفات مورد بررسی

صفت	تعداد	میانگین	حداقل	حداکثر	انحراف معیار	ضریب تغییرات
شیر ۳۰۵ روز (کیلوگرم)	۶۴۲۲۰	۷۱۶۴/۳۹	۱۶۰۳/۸۱	۱۱۸۲۵/۶۵	۱۲۱۵/۱۱	۱۶/۹۶
فاصله گوساله‌زایی (روز)	۶۴۲۲۰	۳۷۵/۹۷	۳۰۰	۶۰۰	۴۸/۷۳	۱۲/۹۶
طول دوره خشکی (روز)	۶۴۲۲۰	۶۷/۸۴	۱۵	۱۵۰	۲۱/۰۴	۳۱/۰۱
سن هنگام اولین زایش (ماه)	۶۴۲۲۰	۲۶/۲۳	۲۰	۴۰	۲/۶۵	۱۰/۰۸

برآورد مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری صفات مورد بررسی در دوره اول شیردهی با استفاده از مدل دام یک متغیره در جدول ۲ ارائه شده است. بر اساس نتایج حاصل، وراثت‌پذیری تولید شیر $0/197 \pm (0/11)$ برآورد گردید. این مقدار وراثت-پذیری تا حدودی کمتر میانگین‌های برآورد شده کل کشور (۰/۲۵-۰/۲۹) می‌باشد (۱). صفات تولید مثلی مورد مطالعه وراثت-

پذیری کمتری نسبت به تولید شیر داشتند. برای فاصله گوساله‌زایی وراثت‌پذیری برآورد شده $(\pm 0/005)$ $0/35$ بود که کمتر از مقدار $0/045$ گزارش شده برای گاوهای هلشتاین ایران (۲) ولی بیشتر از مقدار $0/02$ گزارش شده برای گاوهای هلشتاین انگلستان (۷) بود. وراثت‌پذیری برای طول دوره خشکی $(\pm 0/003)$ $0/15$ برآورد گردید که تقریباً مشابه با مقدار $0/013$ گزارش شده توسط مور و همکاران (۹) بود. وراثت‌پذیری بدست آمده برای سن هنگام اولین زایش $(\pm 0/010)$ $0/079$ بود، این مقدار تا حدودی کمتر از $0/086$ گزارش شده برای گاوهای هلشتاین ایران (۱۱) و بیشتر از مقدار $0/062$ بدست آمده توسط هنرور (۲) بود.

جدول ۲- برآورد اجزای واریانس و وراثت‌پذیری صفات مورد بررسی با استفاده از تجزیه و تحلیل یک‌متغیره

صفت	اجزای واریانس [†]			$h^2 \pm SE$
	δ_a^2	δ_e^2	δ_p^2	
شیر ۳۰۵ روز (کیلوگرم)	۱۹۶۱۱۴/۵۱	۷۹۷۵۵۶/۰۶	۹۹۳۶۷۰/۵۷	$0/197 \pm 0/011$
فاصله گوساله‌زایی (روز)	۷۳/۷۱	۲۰۱۸/۷۰	۲۰۹۲/۴۰	$0/035 \pm 0/005$
طول دوره خشکی (روز)	۴/۷۹	۳۱۴/۸۵	۳۱۹/۶۴	$0/015 \pm 0/003$
سن هنگام اولین زایش (ماه)	۰/۳۶	۴/۲۴	۴/۶۱	$0/079 \pm 0/010$

[†] δ_a^2 : واریانس ژنتیکی افزایشی، δ_e^2 : واریانس باقیمانده، δ_p^2 : واریانس فنوتیپی و h^2 : وراثت‌پذیری

برآورد همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین تولید شیر و صفات تولید مثلی در جدول ۳ ارائه شده است. همبستگی ژنتیکی مقدار تولید شیر با فاصله گوساله‌زایی مثبت برآورد گردید ($0/17$) که کمتر از سایر گزارشات بود ($0/05$ و $0/10$)، مثبت بودن این همبستگی نامطلوب است، زیرا افزایش فاصله گوساله‌زایی منجر به کاهش تعداد گوساله‌های متولد شده در طول عمر اقتصادی گاو می‌شود. همبستگی فنوتیپی بین این دو صفت ضعیف اما مثبت بود ($0/03$). همبستگی ژنتیکی مقدار تولید شیر با طول دوره خشکی و سن هنگام اولین زایش منفی (به ترتیب $-0/63$ و $-0/41$) برآورد گردید. این امر نشان می‌دهد که گاوهایی که دارای ارزش اصلاحی بالایی برای تولید شیر ۳۰۵ روز هستند برای دو صفت مذکور ارزش اصلاحی پایین‌تری خواهند داشت. همبستگی فنوتیپی منفی بین مقدار تولید شیر و طول دوره خشکی ($-0/08$) نشان می‌دهد که بسیاری از دامداران تمایل دارند گاوهای با تولید بالاتر را دیرتر خشک کنند. در سطح فنوتیپی، همبستگی بین مقدار تولید شیر و سن هنگام اولین زایش مثبت بود ($0/05$) که نشان دهنده بالاتر بودن تولید شیر دوره شیردهی گاوهایی است که در سنین بالاتری در اولین زایش خود، شروع به تولید می‌کنند. همبستگی فنوتیپی مثبت بین تولید شیر و سن هنگام اولین زایش در سایر تحقیقات نیز گزارش شده است (۲).

جدول ۳- همبستگی ژنتیکی (بالای قطر اصلی) و فنوتیپی (پائین قطر اصلی) بین صفات مختلف در تجزیه و تحلیل چند متغیره

صفت	شیر ۳۰۵ روز	فاصله گوساله‌زایی	طول دوره خشکی	سن هنگام اولین زایش
شیر ۳۰۵ روز	...	$0/17$	$-0/63$	$-0/41$
فاصله گوساله‌زایی	$0/03$	...	$0/95$	$0/07$
طول دوره خشکی	$-0/08$	$0/27$	...	$0/26$
سن هنگام اولین زایش	$0/05$	$0/02$	$0/02$	...

براساس نتایج نتیجه‌گیری می‌شود که به دلیل وجود همبستگی نامطلوب بین تولید شیر و صفات تولید مثلی، بهبود ژنتیکی در تولید شیر ممکن است به پایین آمدن سطح عملکرد گله برای صفات تولید مثل منجر شود. لذا تشکیل شاخص مرکب از صفات تولیدی و تولید مثلی یک ضرورت در برنامه‌های اصلاح نژاد گاوهای شیری به شمار می‌آید.

منابع

۱. مقدر ن. ف. افتخار شاهرودی و ح. نصیری مقدم. ۱۳۸۰. بررسی اثرات محیطی و برآورد پارامترهای فنوتیپی و ژنوتیپی رکوردهای ماهانه و تجمعی در گاوهای شیری هلشتاین. مجله پژوهش و سازندگی، شماره ۵۱، صفحات ۲۶ تا ۲۹.
۲. هنرورم. ۱۳۸۲. بررسی پارامترهای صفات تولید مثلی و ارتباط آن با تولید شیر در گاو - های هلشتاین ایران. پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی کرج، دانشگاه تهران.
3. Abe, H., Y. Masuda, M. Suzuki. 2008. Genetic relationships of age at first calving, and reproductive traits of cows and yield traits for Holsteins in Hokkaido. *Nihon Chikusan Gakkaiho*. 79:203-209.
4. Andersen-Ranberg, I.M., G. Klemetsdal, B. Heringstad, T. Steine. 2005. Heritabilities, genetic correlations, and genetic change for female fertility and protein yield in Norwegian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 88:348-355.
5. Farhangfar, H., H. Naeemipour, P. Rowlinson. 2005. Genetic analysis of lactation milk yield and age at first calving for Holstein heifers in Khorasan province of Iran. In *Proceedings of British Society of Animal Science (BSAS) annual conference, York University, United Kingdom*, p. 127.
6. Kadarmideen, H.N. 2004. Genetic correlations among body condition score, somatic cell score, milk production, fertility and conformation traits in dairy cows. *J. Anim. Sci.* 79:191-201.
7. Kadarmideen, H.N., R. Thompson, M.P. Coffey, M.A. Kossabati. 2003. Genetic parameters and evaluations from single- and multiple-trait analysis of dairy cow fertility and milk production. *Livest. Prod. Sci.* 81:183-195.
8. Meyer, K. 1997. DFREML, version 3.0 programs to estimate variance components by restricted maximum likelihood using a derivative free algorithm. User Notes, Animal Genetics and Breeding Unit, University of New England, Armidale, NSW, Australia.
9. Moore, R.K., B.W. Kennedy, L.R. Schaeffer, J.E. Moxley. 1990. Relationships between reproduction traits, age and body weight at calving and days dry in first lactation Ayrshire and Holsteins. *J. Dairy Sci.* 73:835-842.
10. Muir, B.L., J. Fatehi, L.R. Schaeffer. 2004. Genetic relationships between persistency and reproductive performance in first-lactation Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 87:3029-3037.
11. Nilforooshan, M.A., M.A. Edriss. 2004. Effect of age at first calving on some productive and longevity traits in Iranian Holsteins of the Isfahan province. *J. Dairy Sci.* 87:2130-2135.
12. Vanderlende, T., L.M.T.E. Kaal, R.M.G. Roelofs, R.F. Veerkamp, C. Schrooten, H. Bovenhuis. 2004. Infrequent milk progesterone measurements in daughters enable bull selection for cow fertility. *J. Dairy Sci.* 87:3953-3957.

Multivariate analysis of genetic and phenotypic correlation between milk yield and reproductive traits in Holstein dairy cows

Ali Reza Shahdadi^{*1}, Saeed Hassani², Mojtaba Ahani Azari², Davoud Ali Saghi³ and Ali Reza Eghbal⁴

1, 2- Agricultural Sciences and Natural Resources University of Gorgan 3- Researches Center of Agriculture and Natural Resources of Khorasan Razavi and 4- Animal Breeding Center of Iran

^{*} Corresponding author: a.shahdadi@yahoo.com

Abstract

In the present study, the records of 64220 Iranian Holstein cows in first lactation were used to estimate heritability and genetic and phenotypic correlations between milk yield and reproductive traits. These records were collected between 1996-2009 by the animal breeding center of Iran. The reproductive traits were calving interval, dry days and age at first calving. Data analysis was performed by the restricted maximum likelihood procedure as animal model using DFREML software package. According to the results, the means of milk yield, calving interval, dry days and age at first calving were 7164.39 kg, 375.97 d, 67.84 d and 26.23 m, respectively. The heritability estimates were 0.197, 0.035, 0.015 and 0.079 for milk yield, calving interval, dry days and age at first calving, respectively. Milk yield was genetically correlated with calving interval (0.17), dry days (-0.63) and age at first calving (-0.41). Phenotypic correlation milk yield with calving interval, dry days and age at first calving were 0.03, -0.08 and 0.05, respectively.

Keywords: genetic and phenotypic correlation- milk yield- reproductive traits- Holstein cow.

مقایسه‌ی روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین مناطق مختلف ایران با استفاده از مدل تکرارپذیر

پریسا بیابانی^{۱*}، حافظعلی دلجو عیسی‌لو^۲، فاطمه پوربایرامیان^۱

^۱ گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، ^۲ گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان

*نویسنده مسئول: پریسا بیابانی parisabiabani@yahoo.com

چکیده

در تحقیق حاضر از ۸۵۳۲۴ داده مربوط به صفات تولیدی (شیر، مقدار و درصد چربی) مربوط به پنج دوره شیردهی مختلف، ۲۰ گله بزرگ جمعیت گاو هلشتاین نواحی مختلف سردسیر (آذربایجان شرقی)، معتدل (استان زنجان) و گرمسیری (استان یزد) در طی سال‌های ۱۳۶۴ تا ۱۳۸۹ به منظور مقایسه پارامترهای ژنتیکی، روند ژنتیکی و محیطی صفات تولیدی استفاده شد. برای برآورد مولفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی از مدل دام با روش حداکثر درستنمایی محدود شده بی نیاز از مشتق گیری و به صورت تجزیه یک صفتی و از مدل تکرارپذیری استفاده شد. در مدل مزبور اثرات گله-سال-فصل زایش و شکم زایش بعنوان اثرات ثابت و سن مادر بعنوان متغیر کمکی در نظر گرفته شد. ارزش‌های اصلاحی صفات پیش‌بینی و روندهای فنوتیپی، ژنتیکی و محیطی با استفاده از بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP) و بصورت تابعیت میانگین مقادیر فنوتیپی، ارزش اصلاحی و محیطی بر سال تولد گاو محاسبه شد. روند فنوتیپی صفات تولید شیر، مقدار چربی و درصد چربی به ترتیب ۱۵/۲ کیلو گرم، ۰/۱۹ کیلو گرم و ۰/۰۷۱ درصد، روند ژنتیکی صفات به ترتیب ۲/۷ کیلو گرم، ۰/۰۵ کیلو گرم و ۰/۰۱۲ درصد و روند محیطی صفات مذکور به ترتیب ۲۱/۵۸ کیلو گرم، ۰/۲۳ کیلو گرم و ۰/۰۴ درصد برآورد شد.

واژه‌های کلیدی: روند ژنتیکی و فنوتیپی، مناطق مختلف ایران، گاو هلشتاین، صفات تولیدی

مقدمه

مقدار تولید شیر در گاوهای شیری به دلیل تفاوت‌های ژنتیکی در بین نژادهای مختلف بسیار متفاوت می باشد. گاو هلشتاین با توجه به ظرفیت شیردهی بالا، حساسیت بالا هم دارد و در شرایط محیطی مختلف عملکرد متفاوتی را نشان می‌دهد. بنابراین بررسی عملکرد این نژاد در محیط‌های متفاوت ضروری است (۴ و ۵). اثر متقابل ژنتیک و محیط پرورش بر عملکرد گاوهای هلشتاین معنی‌دار است (۳). با توجه به تنوع اقلیمی ایران و پراکندگی مزارع پرورش گاو هلشتاین در مناطق مختلف کشور، طبیعتاً عملکردهای متفاوتی در اقلیم‌های مختلف مورد انتظار است (۲). همچنین اگر در هر منطقه یا کشور برنامه اصلاح نژادی خاصی جهت بهبود و پیشرفت ژنتیکی صفات اقتصادی استفاده شود، نیاز است جهت ارزیابی کارآمدی برنامه‌ها، روند ژنتیکی برآورد شود، تا میزان پیشرفت حاصل مورد ارزیابی قرار گیرد (۱). از اینرو با توجه به اینکه در عمده مطالعات، سه استان در اقلیم‌های مختلف دسته بندی شده اند، در این پژوهش نیز سه استان مورد مطالعه قرار گرفته‌اند. هدف از این پژوهش مقایسه روندهای ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی صفات تولیدی در سه استان مذکور می‌باشد.

ساقی (۲۰۰۱)، وراثت‌پذیری صفت تولید شیر در گاوهای هلشتاین مناطق خشک بیابانی، نیمه خشک، مدیترانه‌ای، نیمه مرطوب، مرطوب و خیلی مرطوب ایران را به ترتیب ۰/۲۹، ۰/۲۹، ۰/۱۷، ۰/۲۵، ۰/۲۵ و ۰/۲۶ برآورد کرده است (۷). همچنین طهماسبی‌نژاد (۲۰۰۴) وراثت پذیری صفت تولید شیر گاو هلشتاین مناطق مرطوب مازنداران را با مدل تک متغیره برابر ۰/۱۹

گزارش کرد (۸). در زمینه توان تولید هلشتاین در مناطق گرم و خشک نیز تحقیقاتی انجام شده است. مقادیر روند ژنتیکی برای تولید شیر ۱۰/۹۹- تا ۲۴۹/۷۸ کیلوگرم و برای مقدار چربی ۳/۴۶ کیلوگرم گزارش شده است (۴، ۵). با توجه به متفاوت بودن برآورد پارامترهای ژنتیکی و دامنه وسیع روند ژنتیکی صفات تولیدی در مناطق مختلف، به نظر میرسد که برآورد این پارامترها در جمعیت‌های مناطق مختلف برای طراحی برنامه‌های انتخاب، چگونگی مدیریت و اثر اقلیم‌های مختلف و همچنین ارزیابی برنامه‌های انتخاب اجرا شده، موثر باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق به منظور برآورد پارامتر ژنتیکی و روند ژنتیکی و محیطی صفات تولید شیر از داده‌های ۸۵۳۲۴ در پنج دوره شیردهی مختلف مربوط به ۲۰ گله بزرگ گاو هلشتاین استان‌های مناطق مختلف، سردسیر (آذربایجان شرقی)، معتدل (زنجان)، گرمسیر (یزد) جمع‌آوری شده در طی سال‌های ۱۳۶۴ تا ۱۳۸۹ استفاده شد. ابتدا داده‌ها با استفاده از Excel و Access ویرایش شد و برای تعیین اثر عوامل ثابت، داده‌ها با استفاده از روش GLM، نرم افزار SAS (۱۹۹۶) مورد تجزیه قرار گرفت. برای بررسی و عیب‌یابی ساختار شجره از نرم‌افزار CFC (۲۰۰۶) استفاده شد. برای برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی از مدل دام یک صفتی به روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده بی‌نیاز از مشتق‌گیری (DFREML) از نرم‌افزار WOMBAT (۲۰۰۶) استفاده شد.

$$y = Xb + Za + Wpe + e$$

در این مدل y ، بردار مشاهدات. b ، بردار اثر عوامل ثابت (شامل اثرات سال - فصل - گله - شکم‌زایش و سن مادر). a ، بردار اثرات عوامل تصادفی ژنتیکی افزایشی. pe ، بردار اثرات عوامل تصادفی محیطی دائمی. e ، بردار اثر عوامل تصادفی باقی مانده و X, Z, W ماتریس‌های طرح هستند.

بهترین پیش‌بینی نااریب خطی ارزش‌های اصلاحی صفات با استفاده از مولفه‌های واریانس حاصل از تجزیه یک صفتی برآورد و میانگین ارزش‌های اصلاحی حیوانات به تفکیک سال تولد محاسبه شد. برای برآورد روند فنوتیپی و ژنتیکی صفات مورد بررسی ضریب تابعیت میانگین فنوتیپی و ارزش‌های اصلاحی حیوانات بر سال تولد آن‌ها محاسبه شد. همچنین برای برآورد روند محیطی صفات مورد بررسی، میانگین کل و ارزش اصلاحی هر حیوان از میانگین فنوتیپی آن کسر گردیده و ضریب تابعیت میانگین محیطی نسبت به سال تولد بعنوان روند محیطی محاسبه شد.

نتایج و بحث

نتایج آمار توصیفی در مناطق مختلف، نشان می‌دهد که بیشترین میانگین تولید مربوط به استان یزد بوده است. (جدول ۱). ضریب پراکندگی بالا در تمام صفات در گاوداری‌های استان یزد نشان دهنده بالا بودن تفاوت در صفات تولیدی این منطقه و پراکندگی بالای سطوح گله‌ها از لحاظ مدیریتی می‌باشد. و همچنین اکثر تحقیقات در شرایط مشابه، میزان این تفاوت را به تغییرات آب و هوای این اقلیم نسبت می‌دهد. البته به نظر می‌رسد گاوهای موجود در استان یزد از نظر توان تولیدی و ژنتیک افزایشی در سطح بالاتری از دو استان دیگر قرار دارد و در سال‌های بعدی این ارزش اصلاحی بالا را حفظ کرده و به نسل‌های بعدی انتقال داده‌اند.

جدول ۱- آمار توصیفی صفات تولید شیر گاو هلشتاین استان‌های نواحی مختلف ایران

صفت	تولید شیر			تولید چربی			درصد چربی		
استان	تبریز	یزد	زنجان	تبریز	یزد	زنجان	تبریز	یزد	زنجان
میانگین	۶۵۶۰	۸۲۳۴	۷۶۰۳	۲۳۸	۳۰۸	۲۷۱	۳/۶۴	۳/۷۵	۳/۵۷
انحراف معیار	۲۰۱	۱۰۳۱	۲۴۱	۲۴	۳۸	۲۹	۰/۹۲	۱/۱۵	۰/۷۵
ضریب تغییرات %	۳/۱	۱۲/۵	۳/۲	۱۰	۱۲/۳	۱۰/۷	۲۵	۳۰/۶	۲۱

روند ژنتیکی نشان دهنده وجود پیشرفت ژنتیکی برای منحنی تولید شیر و پیشرفت ژنتیکی برای منحنی درصد چربی جمعیت طی این سال‌ها است. که البته با توجه به معکوس بودن رابطه بین این دو صفت چنین نتیجه ای منطقی به نظر می‌رسد ولی نسبت مقدار کاهش در گاوهای هلشتاین استان زنجان با میزان ۷ درصد بیشتر از دو منطقه دیگر بوده است. با توجه به ارتباط بالای تولید شیر و نسبت درصد چربی به میزان تولید، انتظار می‌رود که این تغییرات در استان زنجان ما بین دو تغییرات دو استان دیگر باشد. مقدار تغییرات ارزش‌های ارثی در مورد تولید شیر بزرگتر از دو صفت دیگر بوده است که این وضعیت بخاطر بزرگتر بودن واریانس ژنتیکی تولید شیر نسبت به دو صفت دیگر است. جهت تغییرات روند ژنتیکی طی سال‌های متوالی برای تولید شیر و میزان چربی مثبت و برای درصد چربی منفی بوده است. ناهمسو بودن تغییرات ژنتیکی تولید شیر و مقدار چربی در مقایسه با درصد چربی به خاطر همبستگی منفی ژنتیکی بین این صفات می‌باشد، که در نتیجه آن انتخاب مستقیم برای افزایش تولید شیر منجر به پاسخ همبسته و کاهش درصد چربی شیر شده است.

روند ژنتیکی درصد چربی در سال‌های اخیر بهتر شده است. این وضعیت می‌تواند به خاطر لحاظ کردن صفت درصد چربی شیر در کنار تولید شیر سالیانه در انتخاب نرها باشد. طی سالیان اخیر، مرکز اصلاح نژاد دام، گاوهای هلشتاین ایران را برای درصد چربی شیر سالیانه نیز مورد ارزیابی ژنتیکی قرار داده است. صعود روند ژنتیکی مقدار به همراه درصد چربی شیر نیز می‌تواند به دلیل همبستگی ژنتیکی مثبت میان این دو صفت باشد. مثبت شدن جهت روند ژنتیکی درصد چربی و مقدار شیر در سال‌های پس از ۸۰ در حالی صورت گرفته است که روند ژنتیکی منحنی تولید شیر در این سال‌ها نیز مانند سال‌های قبل از آن مثبت بوده است. نتایج پژوهش نشان می‌دهد در مناطق معتدل، احتمالاً اقلیم، در پیشرفت ژنتیکی ایجاد تنوع نمی‌کند. لذا با مدیریت سایر عوامل می‌توان عملکرد را بهبود داد. همچنین با توجه به اینکه تفاوت بین روندهای ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی در سه استان مورد مطالعه معنی‌دار شد، این سه استان شرایط مطالعه جهت شناسایی سایر عوامل محیطی غیر از اقلیم را دارا می‌باشند. به طور کلی نتایج پژوهش حاضر نشان داد که اگر چه میانگین تغییرات ژنتیکی به ویژه برای مقدار تولید شیر در حد متوسط است ولی به لحاظ عدم تاکید بر یک معیار انتخاب ثابت طی سال‌های مختلف، میزان روند ژنتیکی برای مقدار شیر تولیدی در این جمعیت کم می‌باشد. روند فنوتیپی در این پژوهش در حد کمتر از متوسط بوده و بیشترین سهم در افزایش تولید مربوط به عوامل محیطی و مدیریتی بود. و میزان پیشرفت حاصل از اصلاح ژنتیکی گاوهای این جمعیت پایین بود.

جدول ۲- روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی صفات تولید در مناطق مختلف ایران

عنوان	روند ژنتیکی	روند فنوتیپی	روند محیطی
یزد	3/9±2/1*	18/7±4/1*	27/174±6/44**
تبریز	2/7±1/5*	15/2±4/11*	22/14±6/51**

19/22±5/35 ^{**}	11/3±3/2 [*]	2/3±1/1 [*]	زنجان	مقدار پروری kg
0/21±0/01 ^{ns}	0/24±0/17 ^{ns}	0/21±0/01 ^{ns}	یزد	
0/19±0/14 ^{ns}	0/23±0/27 ^{ns}	0/19±0/14 ^{ns}	تبریز	
0/14±0/12 ^{ns}	0/18±0/21 ^{ns}	0/14±0/12 ^{ns}	زنجان	درصد پروری %
0/095±0/001 ^{ns}	0/05±0/003 ^{ns}	-0/095±0/001 ^{ns}	یزد	
0/071±0/001 ^{ns}	0/04±0/003 ^{ns}	-0/071±0/001 ^{ns}	تبریز	
0/074±0/001 ^{ns}	0/04±0/003 ^{ns}	-0/074±0/001 ^{ns}	زنجان	

ns , p> 0/05 , * p< 0/05 , **P< 0/01

منابع

1. Aguilar, I., I. Misztal, and S. Tsuruta. 2010. Short communication: Genetic trends of milk yield under heat stress for US Holsteins. *Journal of Dairy Science*.93(4): 1754–1758.
2. Bryant, J. R., N. Lo´pez-Villalobos, J. E. Pryce, C. W. Holmes, D. L. Johnson, and D. J. Garrick. 2007. Environmental sensitivity in New Zealand dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 90(3):1538–1547.
3. Bath, D.L., F.N. Dickinson, H.A. Tucker and P.D. Appleman. 1985. *Dairy cattle principles, practices, problems and profits*(3rd.ed). Lea and Febiger, Philadelphia. pp. 242-243.
4. Galip, B. and A. Kaygisiz. 2004; Estimates of trends components of 305 days milk yield at holstein cattle's. *Journal Biological Science*.4(4):486-488.
5. Hansen, L. B. 2000; Consequences of selection for milk yield from a geneticist' viewpoint. *Journal of Dairy Science*. 83(5): 1145-1150.
6. Saghi, D. A. 2001. Adaptability of Holstein dairy cattle Environmental conditions in Iran. First animal breeding and genetic seminar. Vol. 1. (InFarsi).
7. Tahmasebinezhad, I. 2004. Estimates of genetic parameters for production traits using animal model univariate and bivariate in Mazandran Holsteindairy cattle. First animal Scienceence congress. Tehran. Iran (In Farsi).

Genetic and phenotypic trends of production traits of Holstein cows comparing the different parts of Iran using a repeatable model

P. Biabani^{*1}, H. A. Deljo isalo², F. Purbayramian¹

¹ Department of Animal Science Agriculture Urmia University, ² Department of Animal Science Agriculture Zanjan University

* Corresponding E-mail address: parisabiabani@yahoo.com

Abstract

The research data from 85324 to production traits (milk, fat amount and percentage) corresponding to five different lactation, 20 large herd of Holstein cattle in cold regions (East Azarbaijan), moderate (Zanjan province) and tropical (Yazd Province) in during the years 1364 to 1389 to compare the genetic parameters, the genetic and environmental traits were used. The

finding of the herd - year - season of calving and calving as fixed effects and maternal age as a covariate abdomen was considered. Breeding values of prediction traits and trends of phenotypic, genetic and environmental use of best linear unbiased prediction (BLUP) and mean regressing of phenotypic values, the value of cattle breeding and environment were calculated on the birth year. Phenotypic trend for milk yield, fat content and fat, respectively, 15.2 kg, 0.19 kg and 0.71 percent, the genetic order of traits, 2.7 kg, 0.05 kg and 0.012 percent, respectively, and the environmental characteristics, 21.58 kg, 0.23 kg and 0.04 percent respectively were calculated.

Key words: Genetic and Phenotypic trends, Different regions of Iran, Iranian Holstein cattle, Production traits

ارزیابی ژنتیکی برخی صفات تولیدی مربوط به دوره اول شیرواری در گاوهای هلشتاین ایران

علیرضا شهدادی^{۱*}، سعید حسنی^۲، مجتبی آهنی آذری^۲، داوود علی ساقی^۳ و علیرضا اقبال^۴

۱ و ۲- به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد و اعضای هیئت علمی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، ۳- عضو

هیئت علمی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی و ۴- کارشناس ارشد مرکز اصلاح نژاد دام کشور

*نویسنده مسئول: a.shahdadi@yahoo.com

چکیده

در این مطالعه از ۶۴۲۲۰ رکورد تولیدی مربوط به دوره اول شیرواری گاوهای هلشتاین ایران برای برآورد پارامترها و روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولید شیر، درصد چربی شیر و درصد پروتئین شیر استفاده گردید. داده‌های مورد استفاده بین سالهای ۱۳۸۸-۱۳۷۵ توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور جمع‌آوری شده بود. برآوردها با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده و در قالب مدل حیوانی و با استفاده از نرم‌افزار ژنتیکی DFREML انجام شدند. روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات مورد بررسی با استفاده از نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۱ و از تابعیت ارزش‌های اصلاحی و میانگین هر یک از صفات از سال زایش حیوانات برآورد گردید. وراثت‌پذیری تولید شیر، درصد چربی و درصد پروتئین شیر به ترتیب ۰/۱۹۷، ۰/۲۸۲ و ۰/۳۳۳ برآورد گردید. همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی تولید شیر با درصد چربی به ترتیب ۰/۵۲- و ۰/۳۲- و با درصد پروتئین به ترتیب ۰/۵۰- و ۰/۳۸- برآورد گردید. میانگین روند ژنتیکی سالانه برآورد شده برای تولید شیر، درصد چربی و پروتئین شیر به ترتیب ۱۰/۰۸ (کیلوگرم)، ۰/۰۰۲- و ۰/۰۰۱- (درصد) بود.

واژگان کلیدی: ارزیابی ژنتیکی - صفات تولیدی - روند ژنتیکی - گاو هلشتاین ایران.

مقدمه

هدف از اجرای برنامه‌های اصلاح نژادی، افزایش شایستگی صفات اقتصادی است. تولید شیر و ترکیبات آن از جمله مهم‌ترین صفات اقتصادی در گاو-های شیرپریم‌حسوبی شوند. به منظور ارزیابی تأثیر برنامه‌های اصلاح نژاد در گذشت‌ه‌ها و حالاً لازم است که دوره‌های زمانی معین، میزان روند ژنتیکی در جوامع دامی برآورد شود. روند ژنتیکی قسمتی از تغییر در میانگین صفات تولیدی در سال‌های متوالی ناشی از تغییر در ارزش‌های اصلاحی است (۱۰). پیش‌بینی صحیح ارزش‌های اصلاحی حیوانات و آگاهی از پارامترهای ژنتیکی آنها می‌تواند در بدست آوردن اطلاعات ضروری جهت ارزیابی بازدهی طرح‌های اصلاح نژاد و توسعه برنامه‌های کارآمدتر در آینده مفید باشد (۸). از جمله راه‌های عملی افزایش توان ژنتیکی یک گله گاو شیری، انتخاب گاوهای برتر از نظر ژنتیکی در دوره اول شیرواری است (۱). هدف از مطالعه حاضر، ارزیابی ژنتیکی برخی صفات تولیدی دوره اول شیرواری گاوهای هلشتاین ایران از طریق برآورد پارامترهای ژنتیکی و روند ژنتیکی و فنوتیپی این صفات به کمک مدل حیوانی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه از ۶۴۲۲۰ رکورد تصحیح شده براساس ۳۰۵ روز شیردهی و دو بار دوشش در روز متعلق به ۶۴۲۲۰ رأس گاو شیری نژاد هلشتاین در نوبت اول شیردهی در ۷۴۹ گله از سراسر کشور استفاده گردید. رکوردهای مورد بررسی بین سالهای

۱۳۸۸-۱۳۷۵ توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور جمع‌آوری گردیده بود. صفات مورد بررسی شامل تولید شیر، درصد چربی شیر و درصد پروتئین شیر بودند. داده‌های خام با استفاده از نرم‌افزارهای Foxpro نسخه ۲/۶ و Excel ویرایش گردید. پارامترهای ژنتیکی صفات با استفاده از مدل حیوانی زیر و تجزیه و تحلیل یک متغیره با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده بی‌نیاز از مشتق‌گیری به کمک نرم‌افزار تخصصی DFREML برآورد شدند.

$$y_{ijk} = \mu + HYS_i + b(HF_{ij} - \overline{HF}) + a_j + e_{ijk}$$

در این مدل، y_{ijk} : رکورد حیوان j ام از گله - سال زایش - فصل زایش i ام، μ : میانگین افراد، HYS_i : اثر ثابت گله - سال زایش - فصل زایش i ام، b : ضریب رگرسیون درجه دوم در i امین اثر ثابت گله - سال زایش - فصل زایش، HF_{ij} : j امین درصد ژن هلشتاین در i امین اثر ثابت گله - سال زایش - فصل زایش، $\overline{HF}$: میانگین درصد ژن هلشتاین، a_j : اثر تصادفی حیوان j ام و e_{ijk} : اثر تصادفی باقیمانده می‌باشد.

مؤلفه‌های واریانس - کواریانس و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی با استفاده از تجزیه و تحلیل چند متغیره (مدل فوق) و بر اساس الگوریتم Powell با در نظر گرفتن معیار همگرایی 10^{-8} برآورد شدند. واریانس‌های مورد نیاز برای تجزیه و تحلیل چند متغیره از نتایج تجزیه و تحلیل یک متغیره استخراج گردید. روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات با استفاده از نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۱ و از تابعیت ارزش‌های اصلاحی و میانگین هر یک از صفات از سال زایش حیوانات برآورد گردید.

نتایج و بحث

برآورد اجزای واریانس و وراثت‌پذیری صفات مورد بررسی با استفاده از تجزیه و تحلیل یک متغیره در جدول ۱ نشان داده شده است. بیشترین وراثت‌پذیری مربوط به درصد پروتئین شیر ($0/333 \pm 0/013$) و کمترین آن مربوط به مقدار تولید شیر ($0/197 \pm 0/011$) بود. توارث‌پذیری برآورد شده تولید شیر در محدوده مقدار گزارش شده توسط محققین داخلی ($0/19 - 0/34$) و محققین خارجی ($0/45 - 0/196$) قرار داشت (۲، ۳، ۹ و ۱۲). مطالعات داخلیدانه وراثت‌پذیری درصد چربی شیر را بین $0/07$ تا $0/52$ برآورد نمودند (۲ و ۴) که مطابق با نتایج این مطالعه بود.

پذیری درصد پروتئین شیر $0/333 \pm 0/013$ برآورد گردید که بیشتر از مقدار گزارش شده توسط غیاثی و همکاران (۵) بود.

جدول ۱- برآورد اجزای واریانس و وراثت‌پذیری صفات مورد بررسی با استفاده از تجزیه و تحلیل یک متغیره

صفت	اجزای واریانس [†]			$h^2 \pm SE$
	δ_p^2	δ_e^2	δ_a^2	
تولید شیر (کیلوگرم)	۹۹۳۶۷۰/۵۷	۷۹۷۵۵۶/۰۶	۱۹۶۱۱۴/۵۱	$0/197 \pm 0/011$
درصد چربی شیر	$0/13559 \times 10^{-4}$	$0/97303 \times 10^{-5}$	$0/38286 \times 10^{-5}$	$0/282 \pm 0/013$
درصد پروتئین شیر	$0/29705 \times 10^{-5}$	$0/10811 \times 10^{-5}$	$0/98937 \times 10^{-6}$	$0/333 \pm 0/013$

[†] δ_a^2 : واریانس ژنتیکی افزایشی، δ_e^2 : واریانس باقیمانده، δ_p^2 : واریانس فنوتیپی h^2 : وراثت‌پذیری

برآورد همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدی در جدول ۲ ارائه شده است. قدر مطلق برآورد همبستگی‌های ژنتیکی بین $0/32$ تا $0/74$ متغیر بود. تولید شیر با درصد چربی شیر همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی نامطلوب (به ترتیب $-0/52$ و $-0/32$) داشت. فرهنگ‌فر و نعیمی‌پور (۶) همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین تولید شیر و درصد چربی شیر را به ترتیب $-0/61$ و $-0/47$ گزارش کردند. در این مطالعه، همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین تولید شیر و درصد پروتئین شیر نیز قوی و نامطلوب (به ترتیب

۰/۵۰ و ۰/۳۸) برآورد گردید. ون درورف و دی بوئر (۱۴) همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین تولید شیر و درصد پروتئین شیر به ترتیب ۰/۵۲ و ۰/۴۱- گزارش نمودند. همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی درصد چربی و درصد پروتئین قوی و مطلوب (به ترتیب ۰/۷۴ و ۰/۵۶) برآورد گردید. مینرت و همکاران (۱۱) همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی درصد چربی و درصد پروتئین را به ترتیب ۰/۵۹ و ۰/۵۷ برآورد نمودند.

جدول ۲- همبستگی ژنتیکی (بالای قطر اصلی) و فنوتیپی (پائین قطر اصلی) بین صفات تولید در تجزیه و تحلیل چند متغیره

صفت	تولید شیر	درصد چربی شیر	درصد پروتئین شیر
تولید شیر	...	۰/۵۲-	۰/۵۰-
درصد چربی شیر	۰/۳۲-	...	۰/۷۴
درصد پروتئین شیر	۰/۳۸-	۰/۵۶	...

مقادیر برآورد شده روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات مورد بررسی در جدول ۳ نشان داده شده است. بر اساس نتایج، روند ژنتیکی و فنوتیپی کلیه صفات از نظر آماریدر سطح ۰/۰۵ معنی دار بودند. مقادیر محاسبه شده برای روند ژنتیکی و فنوتیپی تولید شیر بیان می کند که بخش عمده ای از افزایش تولید شیر گله های گاوهای هلشتاین را بهبود شرایط محیطی پرورش گاو- هانظیر مدیریت بهتر دام- هادر مواردی از قبیل تغذیه، بهداشت، جایگاه نگهداری و غیره نیز استفاده از اسپرم- های باارزش اصلاحی بالایی باشد. نعیمی پوریونسی (۷) روند ژنتیکی و فنوتیپی تولید شیر را بر روی گاوهای هلشتاین استان خراسان به ترتیب ۹/۲۹ و ۱۳۹/۹۶ کیلوگرم در سال گزارش کرد. روند ژنتیکی درصد چربی پروتئین شیر در این مطالعه به ترتیب ۰/۰۰۲- و ۰/۰۰۱- برآورد گردید، این امر نشان می دهد که در گله-

های گاو شیر یا انتخاب برایتولید شیر صورت گرفته است و به دلیل همبستگی ژنتیکی منفی بین تولید شیر و درصد چربی پروتئین شیر منجر به پاسخ- های همبسته منفی در نهایت منفی شدن روند ژنتیکی درصد چربی پروتئین شیر گشته است. در گزارش رومنو همکاران (۱۳) نیز چنین روندی مشاهده شده است. با توجه به وجود همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی منفی بین تولید شیر و درصد چربی و پروتئین شیر و نیز بیشتر بودن روند فنوتیپی تولید شیر، به نظر می رسد که پرورش دهندگان تأکید بیشتری بر افزایش تولید شیر داشته اند.

جدول ۳- روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات مورد بررسی

صفت	روند ژنتیکی	روند فنوتیپی
تولید شیر	۱۰/۰۸ ± ۰/۲۷	۸۳/۱۱ ± ۰/۳۵
درصد چربی شیر	۰/۰۰۲ ± ۰/۰۰۰۳-	۰/۰۲ ± ۰/۰۰۰۵
درصد پروتئین شیر	۰/۰۰۱ ± ۰/۰۰۰۱-	۰/۰۱ ± ۰/۰۰۰۲-

منابع

۱. حقوقی پ، اسدی خشویی ا، رحیمی ج. ۱۳۸۶. ارزیابی ژنتیکی یک گله گاو هلشتاین برای صفات تولید شیر، چربی و پروتئین. مجموعه مقالات دومین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور، صفحات ۱۱۲۱ تا ۱۱۲۳.

۲. دادپسند طارم‌سری م. ۱۳۷۸. مطالعه روند تغییرات ژنتیکی صفات تولیدی در گاو هلشتاین ایران. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران.
۳. دلیری ز، حافظیانس. ح، شادپرور ع. ا، رحیمیق. ا. ۱۳۸۶. پیش بینی ارزش اثری طول عمر واقعی با استفاده از ارزیابی ژنتیکی صفات دوره اول. مجموعه مقالات دومین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور، صفحات ۱۱۴۷ تا ۱۱۴۹.
۴. صفی جهان شاهی ا. ۱۳۷۹. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران ب استفاده از مدل‌های حیوانی مختلف. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشگاه تربیت مدرس. تهران.
۵. طغیانی س. شادپرور ع. ا، مرادی شهر بابک م، دادپسند م. ۱۳۸۸. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی دوره اول و صفات باروری در گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران، شماره ۲، صفحات ۶۹ تا ۷۶.
۶. فرهنگ‌فر ه، نعیمی‌پور ح. ۱۳۸۶. بررسی همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی بین صفات تولید و تولید مثل در گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل حیوانی چند متغیره. مجموعه مقالات دومین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور، مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور، صفحات ۱۲۴۸ تا ۱۲۵۱.
۷. نعیمی‌پور یونسی ح. ۱۳۸۴. بررسی روند ژنتیکی صفات تولید شیر گاوهای هلشتاین استان خراسان. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل.
8. Jurado, J.J., A.vAlonso, R. Alenda. 1994. Selection response for growth in the Spanish Merino flock. J. Anim. Sci. 72:1433-1440.
9. Kadarmideen, H.N., R. Thompson, M.P. Coffey, M.A. Kossaibati. 2003. Genetic parameters and evaluations from single- and multiple-trait analysis of dairy cow fertility and milk production. Livest. Prod. Sci. 81:183-195.
10. Kennedy, B.W., Y.E. Moxley. 1975. Genetic trends among artificially bred Holstein in quebec. J. Dairy Sci. 58: 1871-1875.
11. Meinert, T.R., S. Krova, J.A.M. Van Arendonk. 1989. Parameter estimation of milk yield and composition for 305 days Md peak production. J. Dairy Sci. 72:1534.
12. Muir, B.L., J. Fatehi, L.R. Schaeffer. 2004. Genetic relationships between persistency and reproductive performance in first-lactation Canadian Holsteins. J. Dairy Sci. 87:3029-3037.
13. Roman, R.M., C.J. Wilcox, R.C. Little. 1999. Genetic trends for milk yield of Jersey and correlated changes in productive and reproductive performance. J. Dairy Sci. 82:196-204.
14. Van der Werf, J.H.J., W. deBoer. 1989. Estimation of genetic parameters in a crossbred population of black and white dairy cattle. J. Dairy Sci. 72:2615.

Genetic analysis of some first lactation productive traits in Holstein dairy cows
Ali Reza Shahdadi^{*1}, Saeed Hassani², Mojtaba Ahani Azari², Davoud Ali Saghi³ and Ali Reza Eghbal⁴

1, 2- Agricultural Sciences and Natural Resources University of Gorgan 3- Researches Center of Agriculture and Natural Resources of Khorasan Razavi and 4- Animal Breeding Center of Iran

* Corresponding author: a.shahdadi@yahoo.com

Abstract

In the present study, 64220 productive records of first lactation of Iranian Holstein cows were used to estimate genetic parameters and genetic and phenotypic trends of milk yield, fat percentage and protein percentage. These records were collected between 1996-2009 by the animal breeding center of Iran. Data analysis was performed by the restricted maximum likelihood procedure as animal model using DFREML software package. Genetic trend for each trait was estimated using SAS 9.1 software based upon regression of mean breeding value on year of calving. Phenotypic trend was also estimated based upon regression of phenotypic mean of the trait on year of calving. According to the results, heritability estimates were 0.197, 0.282 and 0.333 for milk yield, fat percentage and protein percentage, respectively. Genetic and phenotypic correlation of milk yield with fat percentage was -0.52 and -0.32, respectively and with protein percentage was -0.50 and -0.38, respectively. Mean annual genetic trends for milk yield, fat percentage and protein percentage were 10.08 (kg), -0.002 and -0.001 (%), respectively.

Keywords: genetic analysis- productive traits- genetic trend- Iranian Holstein cow.

برآورد روند ژنتیکی صفات تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل روزآزمون

سپیده حاتمیان^{۱*}، سعید انصاری مهیاری^۲، محمد علی ادريس^۳، حمید غلامی^۴

^۱، دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان ^۲، استادیار گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان ^۳،

استاد گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان ^۴، مرکز تولید مواد ژنتیکی گاوهای شیری و گوشتی ایران

*سپیده حاتمیان، Hatamiansp@yahoo.com

چکیده

در این پژوهش، برای برآورد روند ژنتیکی صفات تولید شیر گاوهای هلشتاین از اطلاعات مرکز اصلاح دام کشور که مربوط به سال ۱۳۸۵ تا ۱۳۹۰ بود، استفاده شده است. برآورد پارامترها و روند ژنتیکی با توجه به داده های روزآزمون و مدل تابعیت تصادفی صورت گرفت. ارزش اصلاحی حیوانات به طور همزمان، با استفاده از نرم افزار DMU و به شکل مدل دام چند متغیره محاسبه شد. وراثت پذیری تولید شیر، مقدار چربی، مقدار پروتئین به ترتیب ۰/۱۸، ۰/۲۱، ۰/۲۹ برآورد شد. روند ژنتیکی با استفاده از روش بهترین پیش بینی نااریب خطی (BLUP) به صورت ارزش اصلاحی حیوانات بر سال تولد محاسبه و بدست آمد. روند ژنتیکی برای تولید شیر ۰/۱۳±۳۱/۸۶، مقدار چربی ۰/۰۲±۱/۰۴ و مقدار پروتئین ۰/۰۳±۰/۹۶ برآورد شد. نتایج حاصل در مورد پیشرفت ژنتیکی صفت تولید شیر مطلوب ولی برای مقدار چربی و پروتئین قابل قبول گزارش نشده است.

واژه های کلیدی: روند ژنتیکی - داده های روزآزمون - مدل تابعیت تصادفی - گاوهای هلشتاین

مقدمه

هدف برآورد روند ژنتیکی در برنامه های اصلاح نژادی، بیان میزان پیشرفت در بهبود صفات تولیدی می باشد که این خود از نظر پیشرفت اقتصادی حائز اهمیت می باشد، برای این امر نیاز به اندازه گیری صفات تولیدی (رکوردهای تکراردار در زمان) می باشد که صحیح ترین روش اندازه گیری این صفات به صورت روزمره (Test day) است (۵). یک مدل مناسب برای آنالیز داده های تکرار شده در سنین مختلف، لازم است که ساختار میانگین و کواریانس که در طول زمان و یا زندگی حیوان متغیر می باشد، در برآورد پارامترهای ژنتیکی مورد نیاز منظور گردد که این امر به غیر از داده های روز آزمون متمر ثمر نخواهد بود.

استفاده از رکوردهای ۳۰۵ روز، با پذیرش منحنی یکسان تولید و استفاده از ضرایب مشابه برای تصحیح داده ها همراه است، که این امر موجب کاهش تفاوت های بیولوژیکی و محدود کردن واریانس ژنتیکی حیوانات می شود (۸). مدل تابعیت تصادفی یک مدل رایج برای آنالیز داده های تکرار شده در زمان و رکوردهای تکرارپذیر می باشد. بهترین استفاده از مدل تابعیت تصادفی تخمین ارزش اصلاحی گاوهای شیری با استفاده از رکوردهای روزآزمون است. این مدل به محققین این اجازه را می دهد که تغییرات در تنوع ژنتیکی در طول زمان را مطالعه کنند و افرادی را انتخاب کنند که الگوی عمومی پاسخ را در زمان تغییر دهند (۱۰). با توجه به مزایای استفاده از مدل روزآزمون، در این پژوهش برآورد روند ژنتیکی با استفاده از رکوردهای روزآزمون تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران انجام شد

مواد و روش ها

در این پژوهش از داده های سال ۱۳۸۵-۱۳۹۰ مرکز اصلاح دام کشور استفاده شد. این داده ها شامل ۶۷۷۳۳۹ داده روزآزمون مربوط ۱۰۷۱۸۱ حیوان که همه اولین شکم زایش و مربوط به ۱۱۱ گله در ایران می باشد. داده ها با استفاده از نرم

افزار Foxpro 9.0 ویرایش و آماده آنالیز گردید، همچنین فایل مربوط به شجره با نرم افزار DMUTRACE تشکیل شد. (توصیف آماری داده ها در جدول ۱ آمده است).

جدول ۱- توصیف آماری صفات تولید شیر

صفات	میانگین	انحراف معیار	حداقل	حداکثر
شیر	۳۱/۸۶۱	۷/۴۲۴	۳/۰۰۰	۷۵/۰۰۰
چربی	۱/۰۴۸	۰/۳۳۲	۰/۲۰۰	۳/۹۸۰
پروتئین	۰/۹۶۴	۰/۲۳۳	۰/۵۹۹	۳/۰۸۹

در

این تحقیق برای مدل رگرسیون تصادفی، ضرائب لژاندر با استفاده از جدول ضرائب گزارش شده توسط شفر و همکاران (۲۰۰۴) محاسبه و در مدل قرار گرفت. سپس با استفاده از مدل تابعیت تصادفی در نرم افزار DMU آنالیز انجام و میانگین ارزش های اصلاحی بر اساس سال تولد محاسبه و روند ژنتیکی برای صفات تولید شیر برآورد گردید. مدل استفاده شده در این تحقیق مدل رگرسیون تصادفی (RRM) بود که برای آنالیز رکوردهای روزآزمون گاوهای شیری به کار برده شد.

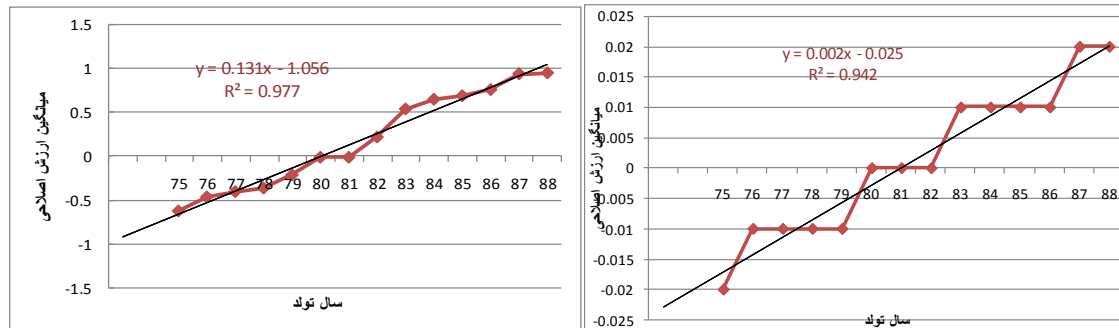
$$Y_{tijk} = htd_i + \sum_{k=0}^{nf} \phi_{tjk} \beta_k + \sum_{k=0}^{nr} \phi_{tjk} u_{jk} + \sum_{k=0}^{nr} \phi_{tjk} pe_{jk} + e_{tijk}$$

در این مدل، Y_{tijk} رکورد روزآزمون گاو j ام در روز t ام در زیر گروه گله-روز آزمون i ام، β_k ضرائب رگرسیون ثابت، u_{jk} و pe_{jk} به ترتیب k امین رگرسیون تصادفی اثرات حیوان و محیط دائمی برای حیوان j ام، ϕ_{tjk} چند جمله ای لژاندر k ام در روز t ام، nf درجه چند جمله ای های برازش شده به عنوان رگرسیون ثابت، nr درجه چند جمله ای ها برای اثرات حیوان و محیط دائمی و e_{tijk} اثر تصادفی باقیمانده می باشند.

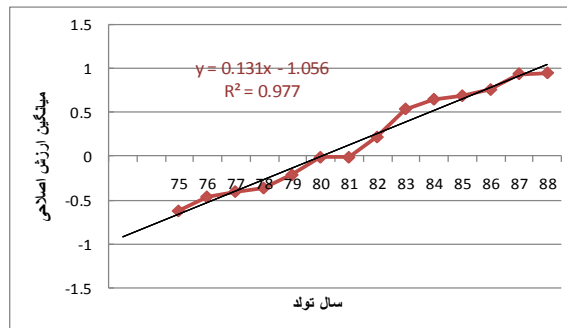
نتایج

در تحقیقات انجام شده میزان پیشرفت ژنتیکی برای تولید شیر ۳۰۵ روز برای زایش اول در تولید شیر $۳۳/۸۴ \pm ۲/۱۰$ کیلوگرم و مقدار چربی و پروتئین به ترتیب $۰/۶۴ \pm ۰/۰۵$ ، $۱/۰۰ \pm ۰/۰۸$ برآورد شد (۹). در پژوهش دیگر روند ژنتیکی برای صفات شیر و چربی و پروتئین به ترتیب $۳۵/۴۳۷ \pm ۲/۶۵۵$ ، $۰/۷۱۴ \pm ۰/۰۵۹$ و $۰/۹۴۵ \pm ۰/۰۶۹$ برآورد شد (۲). در گاوهای هلشتاین آمریکا روند ژنتیکی صفات تولید شیر و مقدار چربی به ترتیب $۹۴/۷$ و $۳/۴۶$ کیلوگرم برآورد شد (۳). ازرا و ولر میزان وراثت پذیری صفات تولید شیر، چربی و پروتئین را $۰/۳۹$ ، $۰/۴۲$ و $۰/۳۴$ گزارش کردند (۱۱). در تحقیق حاضر میزان وراثت پذیری تولید شیر، مقدار چربی و پروتئین به ترتیب $۰/۱۸$ ، $۰/۲۱$ و $۰/۲۹$ بدست آمد. همچنین میزان همبستگی تولید شیر و پروتئین برابر $۰/۹۷$ و با چربی برابر با $۰/۹۸$ بود. پس از آنالیز و به دست آمدن نتایج

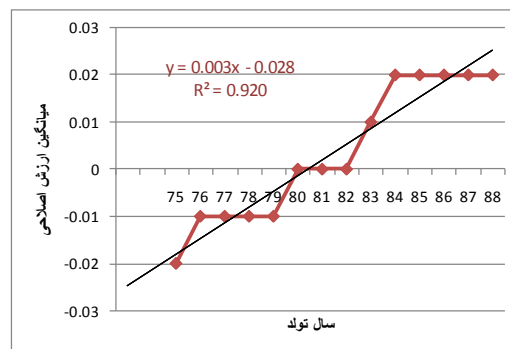
میزان پیشرفت ژنتیکی برای صفت تولید شیر، مقدار چربی و پروتئین محاسبه و به ترتیب $0.13 \pm 0.31/86$ و $0.02 \pm 0.04/10.3 \pm 0.96$ بدست آمد. که در شکل ۱-۳ این روند نشان داده شده است. با توجه به نتایج به دست آمده پیشرفت ژنتیکی برای تولید شیر نسبت به چربی و پروتئین قابل توجه بوده است. که از سال ۱۳۸۲ با شدت بیشتری اتفاق افتاده است، این به دلایلی مانند افزایش شدت انتخاب بر اثر حذف های اختیاری و یا استفاده از اسپرم هایی با ارزش اصلاحی بالاتر می باشد.



شکل ۱- روند ژنتیکی در تولید شیر



شکل ۲- روند ژنتیکی مقدار چربی



شکل ۳- روند ژنتیکی مقدار پروتئین

منابع

۱ - دادپسند طارمسری، م.، ر. واعظ ترشیزی، م. مرادی شهر بابک و س. ر. میرائی آشتیانی. ۱۳۸۵. برآورد پارامترها و روند ژنتیکی طول عمر تولیدی گاوهای هلستاین ایران با استفاده از مدل های تجزیه بقا. مجله علوم کشاورزی ایران، جلد ۳۷، شماره ۴، ص ۷۴۴-۷۳۷.

۲ - صاحب هنر، م.، م. مرادی شهر بابک و س. ر. میرائی آشتیانی و م. ب. صیاد نژاد. ۱۳۸۹. برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی و تعیین برخی عوامل تاثیر گذار بر آن در گاوهای هلستاین ایران. مجله علوم کشاورزی ایران، دوره ۴۱، شماره ۲، ص ۱۸۴-۱۷۳.

3. Abdallah, J. M. & B. T. McDaniel. (2000). Genetic parameters and trends of milk, fat, days open, and body weight after calving in North Carolina experimental herds. Journal of Dairy Science, 1364-1370.
4. Biassus, I. D. O., J. A. Cobuci, C. N. Costa, P. R. N. Rorato, J. B. Neto & L. L. Cardoso. (2011). Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. R. Bras. Zootec, 40, 85-94.

5. Carvalheira, J., E. J. Pollak, R. L. Quaas & R. W. Blake. (2002). An autoregressive repeatability animal model for test-day records in multiple lactations. *Journal of Dairy Science*, 85: 2040-2045.
6. Cobuci, J. A., C. N. Costa, J. B. Neto & A. F. D. Freitas. (2011). Genetic parameters for milk production by using random regression models with different alternatives of fixed regression modeling. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 40(3), 557-567.
7. Madsen, p. (2010). DmuTrace. A program to trace the pedigree for a sub set of animals from a larger pedigree file. University of Aarhus, DJF, Research Center Foulum, Denmark.
8. Moradi Shahrabak, M. (2002). Variance components estimation of production traits in Holstein cattle using test day records, In: Proceeding of 1st seminar on genetics and breeding applied to livestock, poultry and aquatics 20-21 Feb. Faculty of agriculture, University of Tehran, pp. 1-5. (in Farsi).
9. Razmkabir, M., A. Nejati-Javaremi, M. Moradi-Shahrabak, A. Rashidi & M. B. Sayadnejad. (2006). Estimation of genetic trend for production traits in Holstein cattle of Iran. 8th world congress on genetics, Aug. 13-18, Belo horizonte, Brasil.
10. Schaeffer, L. R. (2004). Application of random regression models in animal breeding. *Livestock Production Science*, 18: 35-45.
11. Weller, J. I. & E. Ezra. (2004). Genetic analysis of the Israeli Holstein dairy cattle population for production and nonproduction traits with a multi trait animal model. *Journal of Dairy Science*, 87: 1519-1527.

Estimation of genetic trends for milk production in Holstein cows of Iran using Test-day model

S. Hatamian^{*1}, S. Ansari Mahyari², M. A. Edriss³, H. Gholami⁴

1, M. Sc. Student, 2, Assistant Professor and 3, Professor of Isfahan University of Technology, 4, Semen Production Center, Karaj

*S. Hatamian: Hatamiansp@yahoo.com

Abstract

In order to estimate the genetic trend of milk production in Holstein dairy cows of Iran, data of Iran Animal Breeding Center between 1385-1390 were used. Estimation of parameters and genetic trend were used by Test-day and Random Regression model. Breeding value was computed by DMU software contemporary with multivariable model. Heritability of milk production, measure of fat and protein were estimated as 0.18, 0.21 and 0.29 respectively. Genetic trend was estimated using Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) as breeding value divided to birth date. Genetic trend for milk production, measure of fat and protein were 31.86 ± 0.13 , 1.04 ± 0.002 and 0.96 ± 0.003 , respectively. The result of genetic trend for milk production trait was desirable however, results for measure of fat and protein were not satisfying.

Key words: Genetic trend – Test day records - Random regression model - Holstein cows

بررسی ارتباط BHBA با صفات تولیدی در گاوهای شیری هلشتاین استان اصفهان

امیر زرگران^۱، شاهین اقبال سعید^{۲*} و احمد محمودی^۱

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد میانه

۲- استادیار علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد خوراسگان (اصفهان)

shahin.eghbal@khuisf.ac.ir

چکیده

کتوز بیماری متابولیکی است که به وسیله اختلال در متابولیسم انرژی ایجاد شده و با افزایش غیرطبیعی غلظت اجسام ستونی در مایعات و بافتهای بدن مشخص می شود. یکی از موارد اجسام کتونی بتا هیدروکسی بوتیریک اسید است که میزان آن در گاوهای شیری پرتولید اندازه گیری شد و با صفات تولیدی و تولیدمثلی مورد بررسی قرار گرفت. نتایج این تحقیق نشان می دهد که تاثیر شکم زایش در میزان تولید شیر معنی دار بوده و در گاوهای شکم چهارم به بالا این شاخص بیشتر از شکم دوم است. با توجه به افزایش تعداد شکم زایش میزان همبستگی بین میزان و درصد چربی و شاخص BHBA بیشتر می شود و نیز با افزایش شکم زایش میزان همبستگی بین شاخص BHBA و میزان پروتئین بیشتر می شود.

واژگان کلیدی: بتا هیدروکسی بوتیریک اسید- کتوز- صفات تولیدی- اجسام کتونی

مقدمه

شیر بهترین غذای طبیعی شناخته شده می باشد و به دلیل دارا بودن ترکیبات مهمی مثل پروتئین، چربی و کلسیم در تغذیه مورد اهمیت است. صنعت تولید شیر به منظور حفظ و بقای خود نیازمند آن است که بازدهی تولید شیر را افزایش دهد. پروتئین شیر حاوی اکثر اسیدهای آمینه ضروری می باشد و به راحتی هضم شده و تقریباً با هزینه کمی تهیه می شود. یک لیتر شیر در روز تمام نیازهای پروتئینی اطفال زیر ۶ سال و بیش از ۶۰٪ نیازهای پروتئینی کودکان در حال رشد (از ۶ تا ۱۴ سال) را تامین می کند (۴). اغلب شواهد حاکی از آن است که شیر و فراورده های آن برای حفظ سلامتی سودمند می باشد. همچنین یکی از مشکلات زمینه ساز در جوامع در حال توسعه عدم امکان تامین پروتئین حیوانی می باشد بنابراین استفاده از شیر به عنوان یک منبع غنی از پروتئین و چربی می تواند تا حدی از مشکلات این جوامع را بکاهد. علاوه بر این می توان به این نکته بسیار حائز اهمیت اشاره کرد که تولید شیر یکی از مهم ترین صفات اقتصادی در گاوداری ها می باشد که از این صفات می توان به میزان پروتئین و چربی اشاره نمود. یکی از بیماری های غیر عفونی شایع در بین گاوهای شیری کتوز می باشد که روی گاوهای شیری پر تولید در خلال ۶ هفته اول بعد از زایمان اثر می گذارد، ۳ هفته اول نیز حیاتی ترین دوره می باشد. کتوز بیماری متابولیکی است که به وسیله اختلال در متابولیسم انرژی ایجاد شده و با افزایش غیرطبیعی غلظت اجسام ستونی در مایعات و بافتهای بدن مشخص می شود (۱). از عوامل مهم ایجاد این بیماری یکسری تغییرات در سوخت و ساز است که به طور عمده می توان به کاهش گلوکز خون و تجمع اجسام کتونی در خون و ادرار گاو اشاره نمود. بیماری کتوزیس با افزایش غیر طبیعی اجسام کتونی استواستیک اسید، استون و

BHBA (Beta-hydroxy butyric) acid در بافت ها و مایعات بدن مشخص می شود. کتوزیس اولیه (خودبخودی) یک اختلال متابولیکی است که ناشی از موازنه منفی انرژی در اوایل شیردهی کاهش گلوکز خون و کبد (کاهش گلیکوژن) و افزایش جابجایی چربی که منجر به افزایش تولید اجسام کتونی می گردد، می باشد. احتمال می رود که سالانه تقریباً ۲ تا ۴ درصد گاوها در ایالات متحده به این عارضه مبتلا شوند (۴) و ۷-۳۴٪ دام های شیری یک گله می توانند درگیر این بیماری شوند (۲) هدف از این مطالعه بررسی ارتباط بین میزان اجسام کتونی BHBA با صفات تولیدی و تولید مثلی است.

مواد و روش ها

از ۴۵ راس از گاوهای شیری پرتولید شکم های مختلف موجود در گاوداری های اصفهان که در ۵ روز بعد از زایش بودند، خون گیری به عمل آمد. خونهای گرفته شده بلافاصله روی یخ گذاشته و به آزمایشگاه ارسال شد و عملیات آزمایش برای اندازه گیری شاخص BHBA آغاز شد و میزان BHBA به وسیله کیت شرکت آندوکس در ۵ روزگی اندازه گیری شد و سایر اطلاعات تولیدی و تولید مثلی گاوهای موجود ثبت شد. اولین رکورد بعد از زایش از گاوداری ها جمع آوری گردید. داده های تولیدی شامل میزان و درصد چربی شیر، میزان تولید، میزان و درصد پروتئین شیر و داده های تولید مثلی شامل اسکور بدن اسکور حرکتی، شکم زایش است.

پس از اندازه گیری میزان بتا هیدروکسی بوتیریک اسید با استفاده از آنالیز تجزیه واریانس یک طرفه و با نرم افزار SAS (۳) میانگین بین صفات تولیدی و تولید مثلی و شاخص BHBA و همچنین همبستگی بین صفات تولیدی و تولید مثلی در شکم های مختلف مورد آنالیز قرار گرفت.

نتایج و بحث

مقایسه بین صفات تولیدی، تولید مثلی و شاخص BHBA در گاوهای شیری پرتولید در جدول ۱ آورده شده است. نتایج این تحقیق نشان می دهد که تاثیر شکم زایش به طور معنی داری در میزان تولید شیر تاثیر داشته است و در گاوهای شکم چهارم به بالا بیشتر از شکم دوم است. هم چنین بین صفت اسکور حرکتی اختلاف معنی داری در گاوهای با شکم چهارم به بالا وجود دارد ولی بین سایر صفات اختلاف معنی داری وجود نداشت. هم چنین با توجه به بالا بودن میزان BHBA در گاوهای با شکم بالاتر اختلاف معنی داری با سایر گروه ها وجود دارد که احتمالاً به خاطر بالا بودن توان ژنتیکی گاوها می باشد.

جدول ۱. مقایسه میانگین بین صفات تولیدی، تولید مثلی و شاخص BHBA در گاوهای پرتولید

صفات تولیدی و تولید مثلی								
شکم	اسکور بدن	فاصله زایش	سوماتیک سل کانت	اسکور حرکتی	تولید شیر	چربی شیر	پروتئین شیر	BHBA
شکم دوم	۳,۳۷	۳۶۱,۸۴	۱۱۱,۷	۲,۲۶ ^b	۱۱۷۶۳,۹ ^a	۴۰۷,۵۷	۳۳۴,۹	۰,۶

شکم سوم	۳,۳۱	۳۷۳,۳۸	۱۰۴,۵	۲,۴۶ ^b	۱۲۷۴۸,۷	۴۱۵,۵۳	۴۱۵,۵۳	۰,۳۵
					ab			
شکم چهارم به بالا	۳,۱۷	۴۰۰,۶۳	۱۸۹,۳	۲,۹۴ ^a	۱۳۷۹۱,۲	۴۳۷,۰۶	۴۳۷,۰۶	۰,۵۳
					b			

همبستگی صفات تولیدی با شاخص BHBA در جدول ۲ آورده شده است. در مورد میزان و درصد چربی شیر با توجه به افزایش شکم زایش همبستگی بیشتری با شاخص BHBA وجود دارد. در مورد میزان تولید با افزایش شکم و شاخص BHBA با توجه افزایش شکم زایش میزان همبستگی نسبت به گاوهای شکم دوم و سوم بیشتر می شود ولی دلیل منفی بودن اعداد احتمالا به خاطر توان ژنتیکی بالای گاوها می باشد زیرا گاوهایی که انتخاب شده اند در گروه گاوهای پرتولید می باشند.

در گاوهای پرتولید BHBA جدول ۲. همبستگی بین صفات تولیدی و شاخص

صفات تولیدی

شکم زایش	تولید شیر	چربی شیر	پروتئین شیر	درصد چربی	درصد پروتئین
شکم دوم	-۰,۵۳	-۰,۴	-۰,۴	۰,۰۲	۰,۰۲
شکم سوم	-۰,۳۴	-۰,۳	-۰,۵	۰,۰۲	-۰,۴
شکم چهارم به بالا	-۰,۰۷	۰,۰۲	-۰,۰۱	۰,۱	۰,۱

منابع

۱. گرجی دوز، م؛ فرزانه، ن؛ علومی، م؛ رئوفی، ا؛ صیفی، ح؛ افشاری، غ و همکاران. ۱۳۷۹. طب داخلی دامهای بزرگ، برادفورد، پی اسمیت (چاپ اول انتشارات نور بخش). ۴۶۶ ص.

2. Rodostis, O. M., C.C Gay., D.C Blood and K.W Hinchcliff. 2000. Veterinary Medicine. 9 th ed, W.B. Saunders. London. PP: 1452-1457.
3. SAS Institute. (2008) SAS User's Guide Version 9.02 Review Edition, Cary NC: SAS Institute Inc, 176 p.
4. Schmitd, G.H., L.D. Van Vleck. 1993. Principles Of Dairy Science. Pp: 62-68.

Evaluation of BHBA association with production traits in Holstein dairy cattle in Isfahan
Shahin Eghbalsaiied^{*2} and Ahmad Mahmoodi¹ Amir Zargarani¹,

1. Department of animal science, Myaneh Branch, Islamic Azad University, Myaneh, Iran.

2. Department of Animal Science, Khorasgan (Isfahan) Branch, Islamic Azad University, Isfahan, Iran.

* Corresponding Author: shahin.eghbal@khuisf.ac.ir

Abstract

ketosis is a metabolic disease caused by impaired energy metabolism with abnormally high concentrations keton body in fluids and tissues is characterized in body. Ketone bodies, Beta-hydroxy butyric acid, was measured in dairy cows and subsequently analysed for its relation with productive and reproductive traits. Result of this research showed that parity number was significantly effective on milk production and the index in Cattles higher than the parity 4 was greater than the that of parity 2. due to the increased number of parity the higher correlation was detected between the amount and percentage of fat and BHBA index. In addition, higher correlation was observed between the index and protein BHBA when parity number increased.

Keywords: Beta-hydroxy Butyric Acid- Ketosis- Production Traits- Keton Body

ارزیابی روند اصلاح نژاد ایران بلک برای صفات رشد

مرتضی مرتضوی^{*}، علی اصغر اسلمی نژاد، محمدرضا نصیری، کریم حسن پور

گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد

^{*}نویسنده مسئول E-mail: mortezamortazavi@gmail.com

چکیده

برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات مربوط به اوزان تولد، یک ماهگی، دو ماهگی، سه ماهگی، چهار ماهگی، شش ماهگی و یک سالگی نژاد ایران بلک با مدل‌های یک صفی و چند صفی انجام شد. از آن جایی که صفات رشد از اثرات تصادفی متعددی تحت تاثیر قرار می‌گیرند، با استفاده از مدل مناسب برای هر کدام از صفات که توسط آزمون نسبت درستنمایی تعیین شدند، وراثت‌پذیری مستقیم برآورد شده صفات ذکر شده به ترتیب، (0.66 ± 0.04) ، (0.63 ± 0.11) ، (0.90 ± 0.17) ، (0.79 ± 0.26) ، (0.71 ± 0.17) و (0.84 ± 0.22) بودند. همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی صفات ذکر شده با یکدیگر نیز به ترتیب در دامنه ۰/۵۳ تا ۰/۹۷ و ۰/۳۱ تا ۰/۷۰ بود. روند ژنتیکی مستقیم صفات نیز به ترتیب ۲، صفر، ۱۰، -۲۰، -۳۰، -۳۷ و ۲۰- گرم در سال برآورد شد که به غیر از روند ژنتیکی وزن شش ماهگی بقیه روندها معنی‌دار نبودند. واژگان کلیدی: روند ژنتیکی، صفات رشد، ایران بلک

مقدمه

نژاد ایران بلک از تلاقی‌گری نژادهای بلوچی و کیوسی از سال ۱۳۵۴ به بعد در مرکز اصلاح نژاد گوسفند عباس آباد مشهد ایجاد شده است. تعداد بره متولد شده یا تعداد بره از شیر گرفته شده به ازای هر زایش میش، ارتباط نزدیکی با کل تولید گوشت بره دارد. بنابراین با انتخاب داخل نژادی و تلاقی‌گری بین نژادها، دستیابی به نژادی که پرزا باشد و قابلیت پروار بالا نیز داشته باشد، می‌تواند تولید گوشت بره به ازای هر میش را بهینه کند. آگاهی از پارامترهای ژنتیکی و شناخت اثر عوامل موثر بر صفات موجود در هدف انتخاب برای تدوین یک برنامه اصلاح نژادی موفق ضروری است. از آن جایی که اهداف انتخاب بر پایه چندین صفت بنیان نهاده می‌شوند، مطالعه صفات به صورت چند صفی اهمیت زیادی پیدا می‌کند. این موضوع در زمانی که همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات موجود در هدف انتخاب منفی باشد، بایستی اهمیت زیادی داده شود تا مسیر صحیح برنامه اصلاح نژادی مشخص شود (۱). در مورد صفات تحت تاثیر مادر، علاوه بر همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات، مطالعه و شناخت اثر مولفه‌های مربوط به مادر از قبیل اثر محیط دائمی، اثر محیط مشترک و اثر ژنتیکی مادری (غیر مستقیم) بر رشد بره نیز مهم به نظر می‌رسد. اثر ژنتیک افزایشی غیرمستقیم زمانی که با اثر ژنتیک افزایشی مستقیم بر صفی خاص به صورت متضادی تاثیر می‌گذارند، بایستی بیشتر مورد توجه قرار گیرد (۴). با این اوصاف برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد نژاد ایران بلک هنوز انجام نشده است. بنابراین هدف تحقیق حاضر برآورد پارامترهای ژنتیکی و روندهای ژنتیکی صفات رشد در نژاد ایران بلک می‌باشد.

مواد و روش‌ها

خلاصه آماری داده‌های مورد استفاده در جدول ۱ آورده شده است. به علت تاثیرپذیری صفات رشد بره‌ها از عوامل تصادفی مختلف، شش مدل برای هر کدام از صفات مورد استفاده قرار گرفت که به غیر از عوامل ثابت جنس، سال تولد، ماه تولد، نوع تولد، سن مادر و سن بره در زمان رکوردگیری (متغیر کمکی)، دارای اثرات تصادفی مختلف بودند که در مدل ۱: فقط اثر ژنتیک افزایشی مستقیم، در مدل ۲: اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم و محیط دائمی، در مدل ۳: اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم و ژنتیک مادری، در مدل ۴: اثرات افزایشی مستقیم و ژنتیکی مادری و کوواریانس بین آنها، در مدل ۵: اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم، ژنتیک مادری و محیط دائمی و در مدل ۶: اثرات افزایشی مستقیم، ژنتیک مادری و کوواریانس آنها و اثر محیط مادری قرار داده شد. مدل‌های مناسب با استفاده از آزمون نسبت درست‌نمایی انتخاب شدند. این آزمون به قرار زیر است.

$$\chi^2 = 2[-\log L(\text{reducedM}) + \log L(\text{fullM})]$$

که اگر تفاوت لگاریتم درست‌نمایی دو مدل از عدد جدول کای اسکوار با درجه آزادی مربوطه (تفاضل تعداد پارامترهای دو مدل) بزرگتر باشد، مدل پیچیده و در غیر این صورت مدل آسان‌تر مورد انتخاب قرار می‌گیرد. بعد از انتخاب مدل مناسب برای هر کدام از صفات، روند ژنتیکی با استفاده از آنها به صورت تابعیت متوسط ارزش‌های اصلاحی از سال تولد برآورد شدند. برای برآورد همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات رشد نیز یک تجزیه شش صفتی انجام شد. برآورد پارامترهای ژنتیکی با استفاده از رویه AIREML نرم افزار WOMBAT به دست آمد.

جدول ۱- خلاصه آماری داده‌های مورد استفاده در تجزیه ژنتیکی

صفت	وزن تولد	۱ ماهگی	۲ ماهگی	۴ ماهگی	۶ ماهگی	۱ سالگی
تعداد رکورد	۱۵۲۲	۱۰۶۲	۱۰۵۳	۱۰۴۰	۹۱۷	۷۰۴
تعداد پدر	۵۴	۴۷	۴۷	۴۶	۴۶	۴۳
تعداد مادر	۵۳۰	۳۸۴	۳۸۵	۳۸۷	۳۷۱	۳۲۷
وزن بدن (کیلوگرم)	۴/۱۲	۱۱/۱۵	۱۶/۹۱	۲۱/۹۹	۲۷/۲۲	۳۲/۵۵
انحراف معیار	۰/۸۹	۲/۳۵	۳/۵۵	۴/۱۹	۴/۸۵	۵/۱۶

نتایج و بحث

بر اساس آزمون نسبت درست‌نمایی، مدل‌های شماره ۲، ۲، ۳، ۱، ۱، ۱ به ترتیب مناسب‌ترین مدل برای صفات اوزان تولد، یک ماهگی، دو ماهگی، چهار ماهگی، شش ماهگی و یک سالگی شناخته شدند. برآوردهای مؤلفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی حاصل از مدل مناسب برای هر کدام از صفات در جدول ۲ آورده شده است.

جدول ۲- برآورد مؤلفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی و محیطی صفات رشد با استفاده از مدل‌های مناسب

صفت	مدل	σ_a^2	σ_{pe}^2	σ_m^2	σ_e^2	σ_p^2	h_a	pe	h_m
وزن تولد	۲	۰/۰۲۸	۰/۱۶۸		۰/۲۴۳	۰/۴۴۰	۰/۰۶۶	۰/۳۸۴	
۱ ماهگی	۲	۰/۵۱۷	۰/۷۶۳		۳/۲۳۱	۴/۵۱۱	۰/۱۱۵	۰/۱۶۹	
۲ ماهگی	۳	۱/۶۷۰		۱/۲۷۴	۶/۸۷۲	۹/۸۱۶	۰/۱۷۰		۰/۱۳۰
۴ ماهگی	۱	۶/۰۶۲			۱۶/۹۴۶	۲۳/۰۰۸	۰/۲۶۳		
۶ ماهگی	۱	۴/۵۸۴			۲۲/۲۴۸	۲۶/۸۳۲	۰/۱۷۱		

۱۲ ماهگی ۱ ۵/۶۹۲ ۱۹/۷۶۴ ۲۵/۴۵۵ ۰/۲۲۴

σ_a^2 واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم، σ_{pe}^2 واریانس محیطی مادری، σ_m^2 واریانس ژنتیکی افزایشی مادری، σ_e^2 واریانس باقی مانده، σ_p^2 واریانس فنوتیپی، h_a^2 وراثت پذیری مستقیم، pe^2 نسبت واریانس محیطی مادری به واریانس فنوتیپی و h_m^2 وراثت پذیری مادری
خطای معیار برآورد وراثت پذیری های مستقیم صفات در دامنه ۰/۰۴۴ تا ۰/۰۹۰ بود.

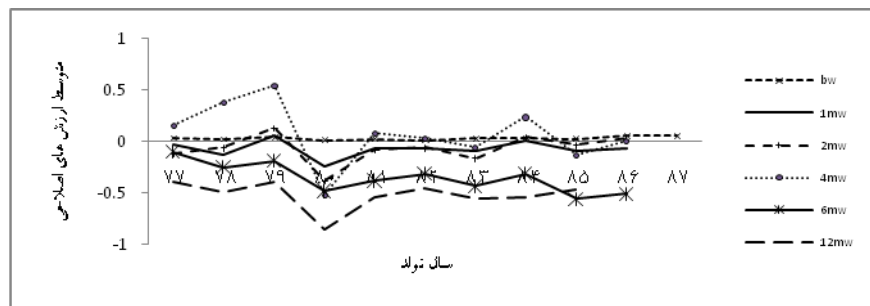
با افزایش سن بره، وراثت پذیری مستقیم صفات رشد افزایش یافت به گونه ای که این پارامتر از ۰/۰۶۶ در وزن تولد تا ۰/۲۶۳ در وزن ۴ ماهگی و ۰/۲۲۴ در یک سالگی افزایش داشته است. وراثت پذیری مستقیم به دست آمده در این تحقیق در دامنه گزارش شده توسط محققین دیگر بوده (۴، ۷ و ۲) ولی کوچک تر از برآوردهای (۱ و ۶) می باشند. برای صفات مرتبط با رشد در سنین ۴ ماهگی به بعد مناسب بودن مدل ۱ نشان دهنده کاهش چشم گیر اثرات مادری بر آنها نسبت به صفات قبل از شیرگیری می باشد که با یافته های (۴ و ۱) مطابقت دارد. همچنین مناسب بودن مدل ۳ برای وزن ۲ ماهگی ممکن است به تولید شیر بیشتر و قابلیت های مادری میش و برتری ژنتیکی در صفات مربوط به فیزیولوژی دام مربوط شود که به لحاظ برتری ژنتیکی برای صفات مذکور، محیطی را برای بره فراهم می کند که در آن محیط رشد بهتری کند. همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات رشد در جدول ۳ آورده شده است.

جدول ۳- برآورد همبستگی ژنتیکی (پایین قطر) و همبستگی فنوتیپی (بالای قطر) بین صفات رشد

صفت	وزن تولد	۱ ماهگی	۲ ماهگی	۴ ماهگی	۶ ماهگی	۱۲ ماهگی
وزن تولد		۰/۴۱	۰/۴۳	۰/۳۶	۰/۳۴	۰/۳۱
۱ ماهگی	۰/۸۲		۰/۷۰	۰/۵۶	۰/۵۳	۰/۴۸
۲ ماهگی	۰/۸۴	۰/۹۷		۰/۷۴	۰/۶۷	۰/۶۱
۴ ماهگی	۰/۸۳	۰/۹۴	۰/۹۷		۰/۸۰	۰/۶۶
۶ ماهگی	۰/۷۴	۰/۸۶	۰/۸۴	۰/۹۳		۰/۷۷
۱۲ ماهگی	۰/۵۳	۰/۷۹	۰/۷۷	۰/۸۵	۰/۹۳	

خطای معیار برآورد همبستگی های ژنتیکی در دامنه ۰/۰۴۸ تا ۰/۲۲۱ و خطای معیار برآورد همبستگی های فنوتیپی در دامنه ۰/۰۱۳ تا ۰/۰۳۳ بود.

همبستگی ژنتیکی مثبت و بالا بین صفات رشد بیانگر این نکته است که اگر معیار انتخاب، یکی از اوزان شیرگیری یا شش ماهگی باشد، پیشرفت ژنتیکی قابل ملاحظه ای در اوزان بعدی نیز اتفاق خواهد افتاد. در نژاد کرمانی، همبستگی ژنتیکی صفات رشد در بعد از شیرگیری از ۰/۵۱ تا ۰/۹۹ (۷) و در نژاد مهربانی، همبستگی ژنتیکی صفات مشابه مطالعه حاضر از ۰/۱۳۶ تا ۰/۸۶۲ و همبستگی فنوتیپی آنها از ۰/۱۵۲ تا ۰/۸۳۵ گزارش شده است (۱). گیزاو و همکاران (۲۰۰۷) همبستگی ژنتیکی صفات وزن تولد، سه ماهگی، شش ماهگی و دوازده ماهگی را با یکدیگر در دامنه ۰/۵۱ تا ۰/۸۲ و همبستگی فنوتیپی بین آنها را در دامنه ۰/۶۱ تا ۰/۹۸ گزارش کردند (۵). روند ژنتیکی مستقیم شش صفت ذکر شده نیز به ترتیب ۲، صفر، ۱۰، -۲۰، -۳۰، -۳۷ و -۲۰ گرم در سال برآورد شد. به غیر از روند ژنتیکی وزن شش ماهگی بقیه روندها معنی دار نبودند. روند ژنتیکی منفی برای وزن شش ماهگی احتمالا ناشی از افزایش ظرفیت ژنتیکی این نژاد برای بهره زایی می باشد زیرا همبستگی منفی بین چندقلوزایی و صفات رشد گزارش شده است (۴). روند ژنتیکی صفات اوزان تولد، سه ماهگی و شش ماهگی در نژاد آرمان - که وضعیت مشابهی با ایران بلک دارد - مثبت و معنی دار گزارش شده است (۴). شکل ۱ منحنی روندهای ژنتیکی صفات مورد مطالعه را نشان می دهد.



شکل ۱ روند ژنتیکی صفات رشد گوسفند نژاد ایران بلک

نتیجه گیری: وراثت پذیری های مستقیم متوسط و همبستگی های ژنتیکی بالا و مثبت بین صفات رشد بیانگر این نکته است که با انتخاب صفاتی مثل وزن چهار ماهگی یا وزن شش ماهگی بر اساس ارزش های اصلاحی یا فنوتیپی، می توان پیشرفت ژنتیکی قابل ملاحظه ای در همه صفات رشد به دست آورد. با این حال تدوین یک برنامه اصلاح نژادی بر اساس شاخص های انتخاب چند صفتی مناسب ترین گزینه است. علارغم وجود تنوع ژنتیکی مستقیم بالا برای صفات وزن بدن در سنین مختلف، پیشرفت ژنتیکی مناسبی اتفاق نیفتاده است که با عدم وجود انتخاب ژنتیکی همزمان برای صفات بهره زایی و صفات رشد در گذشته و وجود همبستگی منفی بین صفات ذکر شده تا حدودی قابل پیش بینی بود.

منابع

- 1- Aghaali Gamasae, V., S. H. Hafezian, A. Ahmadi, H. Baneh, A. Farhadi and A. Mohamadi. 2010. Estimation of genetic parameters for body weight at different ages in Mehraban sheep. *Afr. J. Biotechnol.* 9(32):5218-5223.
- 2- Farokhad, M. L., M. T. Beigi Nasiri, H. Roshanfekr, J. Fayazi and M. Mamouei. 2010. Genetic parameters for direct and maternal effects on growth traits of Arman lambs. *Res J Agric Biol Sci.* 5(1):71-74.
- 3- Farokhad, M. L., H. Roshanfekr, S. Amiri, K. Mohammadi and K. Mirzadeh. 2011. Genetic trends estimation for some of the growth traits in Arman sheep. *J Anim Vet Adv.* 10(14):1801-1803.
- 4- Gavi Hossein Zadeh, N. and M. Ardalan. 2010. Estimation of genetic parameters for body weight traits and litter size of Moghani sheep, using a Bayesian approach via Gibbs sampling. *J Agric Sci.* 148:363-370.
- 5- Gizaw, S., S. Lemma, H. Komen and J. A. M. Van Arendonk. 2007. Estimates of genetic parameters and genetic trends for live weight and fleece traits in Menz sheep. *Small Rumin. Res.* 70:145-153.
- 6- Hanford, K. J., L. D. Van Vleck and G. D. Snowden. 2005. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Rambouillet sheep. *Small Rumin. Res.* 57:175-186.
- 7- Mokhtari, M. S., A. Rashidi and Y. Mohammadi. 2008. Estimation of genetic parameters for post-weaning traits of Kermani sheep. *Small Rumin. Res.* 80:22-27.

Evaluation of Iran black's genetic improvement process for growth traits

Morteza Mortazavi^{*}, Ali Asghar Aslaminejhad, Mohammad Reza Nasiri, Karim Hasanpur
Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University, Mashhad, Iran.

E-mail: mortezamortazavi@gmail.com

Abstract

In this study estimation of genetic and phenotypic parameters of Iran Black breed growth traits' such as birth weight, 1st, 2nd, 3rd, 4th, 6th, and yearling weights were carried out using single and multiple trait analysis. Since growth traits affected by several random effects, the most appropriate model for each of the traits determined using maximum likelihood ratio test. Direct heritability values for birth weight, 1 month weight, 2 month weight, 4 month weight, 6 month weight and yearling weight were (0.066 ± 0.044) , (0.115 ± 0.063) , (0.170 ± 0.090) , (0.263 ± 0.079) , (0.171 ± 0.071) , and (0.224 ± 0.084) , respectively. Genetic and phenotypic correlations among the traits were in the range of 0.53 to 0.97 and 0.31 to 0.70, respectively. Direct genetic trends for the above traits were 2, 0, 10, -20, -30, -37, -20 gram/year, respectively.

Keywords: Genetic trend- Growth traits- Iran Black

محدودیت های استفاده از کوواریانس بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری در برآورد پارامترهای ژنتیکی

حسام عمو پشت مساری^{*}،^۱ عبدالاحد شادپرور^۱، محمد حسین هادی تواتری^۲، علی حسین غلامی نیا^۱
۱ - گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گیلان، ۲- گروه علوم دامی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی
استان قزوین

hesam_amou@yahoo.com* نویسنده مسئول : حسام عمو پشت مساری، پست الکترونیکی:

چکیده

به منظور بررسی آثار استفاده از مدل های با کوواریانس بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری در برآورد وراثت پذیری مستقیم و مادری چهار مدل مختلف برای برآورد پارامترهای ژنتیکی وزن تولد ۱۹۲۲ راس بره نژاد شال که در طی سال های ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۸ جمع آوری شده بود استفاده شد. در بین مدل های مورد استفاده دو مدل دارای کوواریانس بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری بودند. کوواریانس بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری و متعاقباً همبستگی بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری منفی به دست آمد که منجر به افزایش قابل توجه در واریانس های ژنتیکی افزایشی و مادری و در نهایت وراثت پذیری مستقیم و مادری گردید. نتایج این تحقیق نشان داد برای استفاده از کوواریانس بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری به مقدار بیشتری از مشاهدات انفرادی بره ها، مادران و مادر بزرگ های با رکورد بیشتر نیاز می باشد. فقدان شرایط محیطی یکنواخت می تواند از جمله عوامل موثر در میزان بالای همبستگی منفی بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری در این تحقیق باشد. واژه های کلیدی: کوواریانس ژنتیکی - اثرات ژنتیکی مستقیم - اثرات ژنتیکی مادری - پارامترهای ژنتیکی.

مقدمه

از جمله مدل هایی که در سال های اخیر مورد توجه محققین به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی قرار گرفته است مدل های خطی با کوواریانس بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری هستند. اگرچه این مدل ها در قیاس با مدل های بدون کوواریانس بین اثرات مستقیم و مادری کامل ترند اما با توجه به درآمیختگی بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری پیچیده تر بوده و استفاده از این مدل ها با محدودیت هایی همراه می باشد. بسیاری از صفات مربوط به مراحل اولیه زندگی حیوانات تحت تاثیر اثرات مادری قرار می گیرند (۳). بنابراین قراردادن اثر مادری در مدل های مرتبط با این صفات ضروری است. مدل حیوان تمامی روابط خویشاوندی بین حیوانات را در نظر میگیرد. اثر ژنتیکی مستقیم از طریق رکورد های انفرادی خود حیوان محاسبه می شود در حالیکه اثرات مادری به تعداد فرزندان به ازای هر مادر و تعداد مادران با رکورد وابسته است (۴). هدف از این مطالعه بررسی مزایا، معایب و محدودیت های استفاده از مدل های با کوواریانس بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری می باشد.

مواد و روش ها

در این تحقیق از اطلاعات مربوط به ۱۹۲۲ رکورد وزن تولد بره های ۴ گله نژاد شال (دو گله در داخل ایستگاه اصلاح نژاد شال و دو گله مردمی تحت نظارت ایستگاه) در طی سال های ۱۳۷۳ الی ۱۳۸۸ استفاده گردید. به منظور حفظ یکنواختی و نرمال بودن توزیع داده ها رکورد بره های با وزن تولد بالاتر از ۷/۵ و کمتر از ۲/۲ از آنالیز حذف شدند. اثرات ثابت مدل پس از تست معنی دار بودن توسط رویه مدل خطی عمومی (GLM) نرم افزار SAS (۱۰) شامل گله (۴ سطح)، تیپ تولد (۳ سطح)، جنسیت (۲ سطح)، سال تولد (۱۶ سطح)، اثر متقابل سال و جنس و اثر متقابل گله و جنس بودند. اجزای (کو)واریانس و متعاقباً پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) در مدل حیوان با استفاده از نرم افزار wombat (۸) انجام گرفت. چهار مدل زیر مورد استفاده قرار گرفتند:

1. $Y = Xb + Z1a + Z2m + e$ $cov(a,m) = 0$
2. $Y = Xb + Z1a + Z2m + e$ $cov(a,m) \neq 0$
3. $Y = Xb + Z1a + Z2m + Z3pe + e$ $cov(a,m) = 0$
4. $Y = Xb + Z1a + Z2m + Z3pe + e$ $cov(a,m) \neq 0$

در این مدل ها Y بردار مشاهدات، b بردار اثرات ثابت، a بردار اثر ژنتیکی افزایشی، m بردار اثر ژنتیکی افزایشی مادری، pe بردار اثر محیطی دائمی مادری، X ماتریس ضرایب که اثرات ثابت را به بردار مشاهدات مربوط می کند، $Z1$ ماتریس ضرایب که اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم را به بردار مشاهدات مربوط می کند، $Z2$ ماتریس ضرایب که اثرات ژنتیکی افزایشی مادری را به بردار مشاهدات مربوط می کند، $Z3$ ماتریس ضرایب که اثرات محیطی دائمی مادری را به بردار مشاهدات مربوط می کند و e بردار اثرات باقی مانده می باشند. اثرات ثابت مدل پس از تست معنی دار بودن توسط رویه مدل خطی عمومی (GLM) نرم افزار SAS (۱۰) شامل گله (۴ سطح)، تیپ تولد (۳ سطح)، جنسیت (۲ سطح)، سال تولد (۱۶ سطح)، اثر متقابل سال و جنس و اثر متقابل گله و جنس بودند.

نتایج و بحث

نتایج حاصل از چهار مدل در جدول ۱ نشان داده شده است. اختلاف میزان لگاریتم درستنمایی در مدل های با کوواریانس (۲ و ۴) در قیاس با مدل های بدون کوواریانس (۱ و ۳)، به لحاظ آماری معنی دار نبود. در بین مدل ها وراثت پذیری به دست آمده از مدل های با کوواریانس یک افزایش قابل توجه داشت. همبستگی بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری در این دو مدل منفی و بسیار بالا به دست آمد که با افزایش قابل توجه واریانس ژنتیکی افزایشی و واریانس ژنتیکی مادری همراه بود.

جدول ۱- برآورد مولفه های (کو)واریانس، پارامترهای ژنتیکی و میزان لگاریتم درستنمایی وزن تولد

مدل	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pe}^2	σ_e^2	σ_{am}^2	σ_p^2	$h_a^2 \pm S.E$	$h_m^2 \pm S.E$	$pe^2 \pm SE$	r_{am}	Log L
۱	۰/۱۶۵	۰/۰۱۶	-	۰/۳۳۶	-	۰/۵۲	۰/۳۲±۰/۰۸	±۰/۰۴	-	-	۳۷۶/۳۹۰
	۰	۰	۰	۰	۰	۰		۰/۰۳			-
۲	۰/۰۴۳	۰/۰۱۶	-	۰/۰۱۶	۰/۰۲۲	۰/۰۵۳	±۰/۰۱۵	۰/۳۱±۰/۰۹	-	۰/۰۸۴	۳۷۵/۶۶۰
	-	-	-	-	-	۰	۰/۰۸۱			-	-

۳	۰/۱۷	۰/۰۱	۰/۰۱	۰/۳۳	-	۰/۵۲	±۰/۰۸	±۰/۰۶	±۰/۰۶	-	۳۷۶/۳۴۶
-	۰	۰	۰	۰/۳۳	۰	۰/۵۲	±۰/۰۸	±۰/۰۶	±۰/۰۶	-	۳۷۶/۳۴۶
۴	۰/۴۳	۰/۱۵	۰/۰۱	۰/۱۶	۰/۲۲	۰/۵۳	±۰/۱۵	±۰/۱۲	±۰/۰۷	۰/۸۷	۳۷۵/۶۳۱
-	۰	۰	۰	-	-	۰	۰/۸۱	۰/۲۸	۰/۰۲	-	-

σ_a^2 = واریانس ژنتیکی افزایشی؛ σ_m^2 = واریانس ژنتیکی افزایشی مادری؛ σ_{pe}^2 = واریانس محیطی پایدار مادری؛ σ_e^2 = واریانس خطا؛ σ_{am} = کواریانس اثرات ژنتیکی مستقیم-مادری؛ σ_p^2 = واریانس فنوتیپی؛ h_a^2 = وراثت پذیری مستقیم؛ h_m^2 = وراثت پذیری مادری؛ pe^2 = نسبت اثرات محیطی پایدار مادری به واریانس فنوتیپی؛ r_{am} = همبستگی بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری؛ Log L = لگاریتم درستنمایی؛ SE = خطای استاندارد.

محققین بسیاری این همبستگی را منفی برآورد کردند (۷ و ۲). لیکن برآورد برخی دیگر از این پارامتر مثبت بود (۶). در یک تحقیق اشاره شد که یک افزایش غیر منطقی در واریانس های ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی مادری، با توجه به همبستگی منفی بین اثرات مستقیم و مادری در بره های خالص و دورگ، به دست آمده و این برآورد ها گزارش نشد، آن ها دلیل این امر را نیز تعداد کم مشاهدات در این دو دسته بره گزارش کرد (۲). در تحقیقی دیگر نیز اشاره شد که یک دلیل دیگر برای این مقادیر منفی را می توان به مدیریت متفاوت حیوانات نسبت داد، آن ها همچنین گزارش کردند که این اثر در داده های گله های آزمایشگاهی کمتر بروز می کند که احتمالاً به دلیل مدیریت یکنواخت تر و استاندارد تر است (۷). عدم مدیریت یکنواخت در این تحقیق می تواند از جمله عوامل موثر در منفی شدن همبستگی بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری باشد. همچنین در برخی منابع نیز اشاره شد که یک مشکل بسیار مهم در این ارتباط اینست که جداسازی آماری اجزای مسقیم و مادری مشکل می باشد. این مسئله حتی برای داده هایی که بصورت ویژه طراحی شده اند نیز صادق است (۱ و ۶).

در یک تحقیق اثر ساختار داده ها بر روی برآورد پارامترهای ژنتیکی مورد ارزیابی قرار گرفت. در این بررسی اثرات ساختار جمعیت، تعداد فرزند به ازای هر مادر و تعداد مادران با رکورد بر برآورد پارامترهای ژنتیکی مورد آزمایش قرار گرفت. در نهایت مشخص گردید که در سه دسته داده، بالاترین همبستگی منفی بین اثرات مستقیم و مادری برای داده هایی با کمترین رکورد، مادران بدون رکورد و پایین ترین میانگین فرزند به ازای هر مادر بودند (۵). دلیلی دیگر برای این همبستگی منفی بین اثرات مستقیم و مادری را می توان به عوامل محیطی نامطلوب نسبت داد (۷). در ساختار رکوردهای وزن تولد مورد استفاده در این تحقیق نیز تعداد نسبتاً کم داده ها و تعداد کم مادران با رکورد از عوامل موثر در این همبستگی منفی و بالای بین اثرات مستقیم و مادری می باشد. بنابراین برآورد اثرات مادری و همبستگی بین اثرات مستقیم و مادری به تعداد بالا از رکورد های انفرادی حیوانات و همچنین یک نسبت بالا از مادر و مادر بزرگ های با رکورد نیازمند است. در ساختار داده های مورد استفاده در این بررسی کمتر از ۳۰٪ مادران دارای رکورد بودند و با توجه به میزان کم داده ها، به نظر میرسد تعداد مادران با رکورد بیشتر برای استفاده از این مدل ها الزامی است.

منابع

1. AL- Shorepy., S. A. and Notter., D. R, (1998). Genetic parameters for birth weight in Spring and Autumn lambing. *Animal Science*. 67: 327-332.
2. Al-Shorepy., S. A, (2001). Estimates of genetic parameters for direct and maternal effects on birth weight of local sheep in United Arab Emirates. *Small Ruminan. Research*. 39: 219-224.
3. Bradford, G. E, 1972. The role of maternal effects in animal breeding, VII maternal effects in sheep. *Journal of Animal Science*. 35: 1324-34.
4. Gerstmayr, S, (1992). Impact of the data structure on the reliability of the estimated genetic parameters in an animal model with maternal effects. *Journal of Animal Breeding & Genetic*. 109: 321-336.
5. Maniatis, N., and Pollott, G. E, (2003). The impact of data structure on genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. *Journal of Animal Science*. 81: 101-108.
6. Meyer, K, (1992). Variance components due to direct and maternal effects for growth traits in Australian beef cattle. *Livestock Production Science* 31: 179-204.
7. Meyer, K., (1993). Covariance matrices for growth traits of Australian Polled Hereford cattle. *Animal Production* 57: 37-45.
8. Meyer, K., (2006). WOMBAT- A program for mixed model Analyses by Restricted Maximum Likelihood. User Notes. Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale, 55pp.
9. Meyer, K., Carrick, M. J., and Donnelly, B. J, (1993). Genetic parameters for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. *Journal of Animal Science* 71:2614-2622.
10. SAS Institute. (2003). SAS User's guide, Version 9.1. SAS Institute, Inc. Cary, NC.

Limitations using covariance between direct and maternal genetics in estimation of genetic parameters

Hesam Amou Posht masari^{1*}, Abdol Ahad Shadparvar¹, Mohammad Hossein Hadi Tavatori², Ali Hossein Gholami nia¹

¹ Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Guilan, ² Department of Animal Science, Qazvin's Agricultural and Natural Resource Research Center

* Corresponding E-mail address: hesam_amou@yahoo.com

Abstract

In order to investigate the consequences of using models with covariance between direct and maternal genetic effects in estimating direct and maternal heritabilities, four different models were used to estimate genetic parameters for birth weight of 1922 Shall lambs were collected during 1994 to 2009. Among these models, two models had direct and maternal genetic covariance. Direct and maternal genetic covariance and the corresponding correlations were obtained negative resulting to considerable increase in direct and maternal genetic variances and finally direct and maternal heritabilities. The results of this research showed using direct and maternal genetic covariance needs more data on individual lambs

and dams and grand dams with more records. The lack of uniform environmental circumstances could be one of the factors affecting on high negative correlation between direct and maternal genetic in this research.

Keywords: Genetic covariance- direct genetic effects- maternal genetic effects- genetic parameters.

برآورد همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات تولید مثلی

در مرغان بومی استان آذربایجان غربی

سید عباس نوربخش^{۱*}، علی هاشمی^۲، نگار عطائی^۳ و سراین رزاق زاده^۴

۲- استادیار گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه ۳- عضو هیئت علمی بخش تحقیقات علوم دامی مرکز

تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی آذربایجان غربی ۴- دانش آموخته ی اصلاح نژاد دام دانشگاه ارومیه

* ۱- دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح نژاد دام دانشگاه ارومیه، Abbas_norbakhsh@yahoo.com

چکیده

در این پژوهش از داده های جمع آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد مرغ بومی آذربایجان غربی طی سال های ۱۳۸۲-۱۳۸۸ استفاده شد. داده های مورد بررسی، با مدل حیوانی تک و چند صفتی، تجزیه و تحلیل و وراثت پذیری و همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات به روش حداکثر درست نمائی محدود شده با نرم افزار DFREML برآورد شد. ضرایب وراثت پذیری وزن بدن در بلوغ جنسی، تعداد تخم مرغ، میانگین وزن تخم مرغ در هفته های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ هفتگی و سن بلوغ جنسی در حالت چند صفتی به ترتیب ۰/۳۱، ۰/۲۱، ۰/۱۲ و ۰/۰۶ برآورد شد. همبستگی ژنتیکی بین صفت وزن بدن در بلوغ جنسی و تعداد تخم مرغ، میانگین وزن تخم مرغ و سن بلوغ جنسی به ترتیب ۰/۰۰۷۱-، ۰/۰۳۰۹- و ۰/۰۰۱۱- و همبستگی فنوتیپی بین این صفات به ترتیب ۰/۰۰۱۶-، ۰/۰۱۲۹- و ۰/۰۰۰۰ محاسبه شد. همچنین همبستگی ژنتیکی بین صفت سن بلوغ جنسی، میانگین وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ به ترتیب ۰/۰۰۵۵-، ۰/۰۰۶۱- و همبستگی فنوتیپی این صفات به ترتیب ۰/۰۰۴۳ و ۰/۰۰۵۸ تخمین زده شد. همبستگی ژنتیکی بین تعداد تخم مرغ و میانگین وزن تخم مرغ ۰/۰۲۵۸ و همبستگی فنوتیپی این صفت ۰/۰۳۸۸ برآورد شد. با توجه به وراثت پذیری صفات مورد مطالعه و همبستگی ژنتیکی بین بعضی از این صفات امکان بهبود صفات و افزایش میانگین آن ها، با استفاده از روش های مناسب گزینش وجود دارد.

واژه های کلیدی: وراثت پذیری- مدل حیوانی- مرغ بومی- همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی- صفات تولید مثلی

مقدمه

کشور ایران دارای منابع بالقوه ی زیادی است که در صورت استفاده بهینه از آن ها می توان دست کم از لحاظ تولیدات کشاورزی و دامی خود کفا گشت. از جمله این امکانات طبیعی می توان به مرغان بومی کشور اشاره کرد که پس از سالیان دراز انتخاب طبیعی و تحمل عوامل گوناگون محیطی، امروزه به عنوان یک سرمایه ی ملی مطرح می باشند. طیور بومی با توجه به داشتن تطابق با روش پرورش در شرایط باز و نامساعد روستاها، یک منبع تامین پروتئین مفید برای خانواده های روستائی می باشند. بنابراین حفظ این نژادها همراه با برنامه ریزی برای افزایش تولید و سودآوری امری ضروری می باشد. پیشرفت در بهبود عملکرد مرغان بومی با شناختن عوامل موثر بر صفات تولیدی و تولید مثلی و استفاده از مدل های مناسب برای برآورد صحیح پارامترهای ژنتیکی و ارزش های اصلاحی سریعتر خواهد بود (۲). برآورد وراثت پذیری صفات، برای طراحی برنامه های اصلاح نژاد و پیش بینی پاسخ انتخاب و تعیین روش انتخاب ضروری می باشد (۸). پژوهش حاضر به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و محاسبه ی همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی، صفات تولید مثلی در مرغان بومی استان آذربایجان غربی انجام گرفت.

مواد و روش ها

در این تحقیق از تعداد ۶۱۶۶ داده مربوط به چهار نسل از مرغان بومی که طی ۶ سال (۱۳۸۸-۱۳۸۲) توسط مرکز اصلاح نژاد مرغ بومی استان آذربایجان غربی جمع آوری شده بود استفاده شد. صفات مورد مطالعه شامل: وزن بدن در بلوغ جنسی، تعداد تخم مرغ در یک دوره تولید (۸۶ روز)، میانگین وزن تخم مرغ در هفته های ۲۸، ۳۰ و ۳۲ و سن بلوغ جنسی بود. در ابتدا صحت اطلاعات مورد بررسی قرار گرفت و با عمل کد گذاری شماره های پرند ه ها از اشتباهات ناشی از شباهت شماره ها و یا بزرگتر بودن شماره ی والدین از فرزندان جلوگیری شد. برای هر صفت به طور جداگانه تجزیه واریانس انجام و معنی دار بودن اثر عوامل ثابت و تصادفی بررسی شد. مولفه های واریانس-کوواریانس، وراثت پذیری و همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات با روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) و مدل حیوان تک و چند صفتی با نرم افزار DFREML برآورد شد (Meyer 2000). برای تجزیه و تحلیل و محاسبات پارامترها از مدل ۱، ۲ و ۳ استفاده شد که در مدل ۲ اثرات محیط دائمی مادری و در مدل ۳ اثرات ژنتیک مادری لحاظ شد و براساس مدل $\log \text{likelihood}$ مدل ۲ و ۳ با مدل ۱ تفاوت معنی داری نداشت، بنابراین از مدل ۱ استفاده شد. مدل نهایی جهت تجزیه و تحلیل و محاسبه ی پارامتر های ژنتیکی و برآورد ارزش های اصلاحی حیوانات برای صفات مختلف در حالت چند صفتی به شکل زیر تعیین گردید:

$$Y_i = X_i b_i + Z_i a_i + e_i$$

در این مدل : Y_i بردار مشاهدات i مین صفت ، b_i بردار اثر عوامل ثابت بر مشاهدات i مین صفت ، a_i بردار ضرایب تابعیت تصادفی ژنتیکی پرندگان برای i مین صفت (ارزش اصلاحی) ، e_i بردار اثرات باقی مانده موثر بر مشاهدات i مین صفت ، X_i ماتریس ضرایب مربوط به بردار b ، Z_i ماتریس ضرایب مربوط به بردار a بوده و $i=1, \dots, 4$ به ترتیب ، صفات وزن در بلوغ جنسی، سن بلوغ جنسی، میانگین وزن تخم مرغ و تعداد تخم مرغ می باشد. بردار b_i برای صفات مورد نظر حاوی اثر ثابت جوجه کشی (GH) می باشد.

نتایج و بحث

وراثت پذیری و همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی در جدول ۱ آورده شده است. براساس نتایج حاصله وراثت پذیری صفت وزن بدن در بلوغ جنسی 0.31 ± 0.02 بدست آمد. آتیا و همکاران (۲۰۰۳) وراثت پذیری برای این صفت را 0.32 گزارش کردند که به نتیجه ی به دست آمده در این تحقیق بسیار نزدیک است. وراثت پذیری صفت تعداد تخم مرغ 0.21 ± 0.04 بدست آمد. محقق دولت آبادی (۱۳۷۸) وراثت پذیری این صفت را در مرغ های بومی دو استان فارس و مازندران به ترتیب 0.155 و 0.117 بدست آورد. نیک بین (۱۳۷۷) در مطالعه ای روی مرغان بومی فارس و طی سه نسل انتخاب وراثت پذیری برای این صفت را 0.19 بدست آورد. مقدار بدست آمده برای این صفت نزدیک به مقادیر محاسبه شده توسط سایر محققین بوده و با توجه به تفاوت های محیطی و مدیریتی نمی توان تفاوت قابل ملاحظه ای بین آن ها قائل شد. وراثت پذیری میانگین وزن تخم مرغ 0.12 ± 0.02 بدست آمد. کیانی منش (۱۳۷۸) وراثت پذیری این صفت را در مرغ های بومی مازندران 0.36 محاسبه کرد. محقق دولت آبادی (۱۳۷۸) وراثت پذیری میانگین وزن تخم مرغ را طی ۳ نسل در مرغهای بومی آذربایجان، مازندران و فارس به ترتیب 0.20 ، 0.35 و 0.40 برآورد نمود. تفاوت مقدار محاسبه شده برای این صفت نسبت به مقادیر برآورد شده در سایر استان ها احتمالا رابطه مستقیم با ماهیت داده ها یا استراتژی انتخابی متفاوت اعمال شده در این مراکز است. وراثت پذیری صفت سن بلوغ جنسی 0.06 ± 0.07 برآورد شد. دولت آبادی (۱۳۷۸) وراثت پذیری این صفت را در مرکز فارس و مازندران به ترتیب 0.38 و 0.29 محاسبه کرد. محمد آبادی (۱۳۷۸) وراثت پذیری این صفت را در مرغان بومی فارس 0.36 بدست آورد. وراثت پذیری محاسبه شده در این تحقیق متفاوت از محاسبات سایر محققین است. علت تفاوت احتمالا تفاوت در جمعیت ها، استراتژی انتخابی

متفاوت اعمال شده در این مراکز، تفاوت های محیطی، تفاوت در تعداد رکوردهای مورد استفاده و در نهایت دقت در ثبت داده ها می تواند باشد. همبستگی ژنتیکی بین وزن بدن در بلوغ جنسی با تعداد تخم مرغ، میانگین وزن تخم مرغ و سن بلوغ جنسی به ترتیب $-0/0071$ ، $-0/0309$ و $-0/0011$ بدست آمد. نتایج بدست آمده در سایر تحقیقات به نتایج به دست آمده بسیار نزدیک است. نظر به پایین بودن همبستگی بین صفات فوق می توان نتیجه گرفت این صفات رابطه ی خطی معنی داری با یکدیگر نداشته و انتخاب به نفع یک صفت منجر به تغییرات محسوس در دیگری نخواهد شد. همبستگی ژنتیکی بین صفات تعداد تخم مرغ و میانگین وزن تخم مرغ $-0/0258$ محاسبه شد. جعفر نژاد (۱۳۸۶) همبستگی بین این دو صفت را $-0/0168$ محاسبه نمود. کیانی منش (۱۳۷۸) همبستگی بین این دو صفت را $-0/15$ محاسبه کرد. همبستگی بین این دو صفت در تحقیق حاضر مثبت و بسیار پایین میباشد و می توان نتیجه گرفت دو صفت با یکدیگر رابطه ی خطی ندارند و همبستگی بین این دو صفت از شدت پایینی برخوردار است. همبستگی ژنتیکی بین صفت سن بلوغ جنسی، تعداد تخم مرغ و میانگین وزن تخم مرغ به ترتیب $-0/0061$ و $-0/0055$ محاسبه شد. جعفر نژاد (۱۳۸۶) همبستگی بین این صفات را به ترتیب $-0/61$ و $-0/29$ محاسبه نمود. کیانی منش (۱۳۷۸) همبستگی بین تعداد تخم مرغ و سن بلوغ جنسی را $-0/44$ گزارش کرد. محقق دولت آبادی (۱۳۷۸) همبستگی ژنتیکی بین سن بلوغ جنسی و میانگین وزن تخم مرغ در ۲۸، ۳۰ و ۳۲ هفتگی را در مرغ های بومی فارس و مازندران را در طی سه نسل انتخاب به ترتیب $-0/29$ و $-0/23$ بدست آورد. با دقت در همبستگی منفی بین این صفات می توان دریافت که با کاهش سن بلوغ جنسی، تعداد تخم مرغ و میانگین وزن تخم مرغ در ۲۸، ۳۰ و ۳۲ هفتگی افزایش خواهد یافت. با توجه به پایین بودن همبستگی های فنوتیپی در این تحقیق که احتمالاً به دلیل تاثیر عوامل محیطی می باشد پیشنهاد می گردد در طراحی برنامه های اصلاح نژادی از همبستگی های ژنتیکی استفاده گردد.

جدول ۱. وراثت پذیری (قطر جدول)، همبستگی ژنتیکی (بالای قطر) و همبستگی فنوتیپی (زیر قطر)

صفات	وزن بلوغ جنسی	تعداد تخم مرغ	میانگین وزن تخم مرغ	سن بلوغ جنسی
وزن بلوغ جنسی	$0/31$	$-0/0071$	$-0/0309$	$-0/0011$
تعداد تخم مرغ	$-0/0016$	$0/21$	$0/0258$	$-0/0061$
میانگین وزن تخم مرغ	$-0/0129$	$0/0388$	$0/12$	$-0/0055$
سن بلوغ جنسی	$0/0000$	$0/0058$	$0/0043$	$0/06$

منابع

۱. جعفر نژاد، ع. ۱۳۸۶. برآورد پارامتر های ژنتیکی صفات رشد و تولید مثل در مرغ های بومی آذربایجان غربی طی پنج نسل انتخاب. پایان نامه ی کارشناسی ارشد، دانشگاه آزاد اسلامی واحد ورامین، پیشوا.
۲. قربانی، ش. ۱۳۸۱. بررسی روند تغییرات ژنتیکی صفات اقتصادی در مرغ های بومی استان فارس و بررسی اثر هم خونی بر عملکرد آن ها. پایان نامه ی کارشناسی ارشد، دانشگاه شیراز، ۱۱۱ ص.
۳. کیانی منش، ح. ۱۳۷۸. بررسی روند ژنتیکی صفات مهم اقتصادی در مرغ های بومی مازندران. اولین سمینار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، طیور و آبزیان کشور، صفحه ۳۰۰ تا ۳۰۵.

۴. محقق دولت آبادی، م. ۱۳۷۸. ارزیابی صفات اقتصادی توده های مرغ بومی ایران. پایان نامه ی کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران.
۵. محمدآبادی، م. ۱۳۷۸. صفات اقتصادی در مرغ های بومی فارس. پایان نامه ی کارشناسی ارشد، دانشگاه شیراز.
۶. نیک بین، س. ۱۳۷۷. برآورد پارامترهای ژنتیکی مرغ های بومی استان فارس. پایان نامه ی کارشناسی ارشد، دانشگاه تربیت مدرس، ۱۰۶ ص.

7- Attia, M.Y., A. Zein El-Deinz, A. Bassiouni, and A. Motaal. 2003. The effect of dietary fluoride (NAF) and aluminum A12(504)3 on laying hens performance. Animal Production Research Institute, Cairo University.

8-Falconer, D.S. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. Longman. Pp:465.

9-Meyer, K. 2000. DFREML, Version 3.0. Animal genetics and breeding unit. NSW, Australia. Pp:840.

Estimation of genetic and phenotypic correlations between reproductive traits in west Azerbaijan native fowl

Norbakhsh Seied Abbas^{1*}, Hashemi Ali², Ataii Negar³, Razagh zade Sarain⁴

1,2,3-department of animal science, faculty of agriculture, Urmia university, Urmia, Iran

4-member of scientific board agriculture research center of west Azarbayejan, Urmia, Iran

abbas_norbakhsh@yahoo.com

Abstract

In this study performance records of native chickens that collected by the west Azerbaijan native fowls breeding center, during 2002 to 2009 were analyzed. The multi-trait animal model by restricted maximum likelihood (REML) procedure and DFREML software used to estimate heritability and correlation between traits. Estimates of heritability were 0.31, 0.21, 0.12 and 0.06 for body weight at sexual maturity (BSM), egg number (EN), average egg weight at 28 to 32 weeks (AVEW) and age at sexual maturity (ASM), respectively. Genetic correlations between BSM and EN, AVEW, ASM were -0.0071, -0.0309 and -0.0011, and phenotypic correlations between these traits were -0.0016, -0.0129 and 0.0000, respectively. Also genetic correlations between ASM and AVEW, EN were -0.0055 and -0.0067, and phenotypic correlations between these traits were 0.0043 and 0.0058, respectively. Genetic correlation between EN and AVEW was 0.0258 and phenotypic correlation was 0.0388. Due to relatively high heritability of body weight trait, it is possible to achieve more progress in some of these traits using appropriate genetic selection procedures.

Key words: Heritability- Animal model- Native fowl- Genetic and phenotypic correlation- Reproductive traits

بررسی تاثیر انتخاب انجام گرفته در زمان تولد بر روری پارامترهای ژنتیکی وزن تولد بره های نژاد شال
حسام عمو پشت مساری^{*}، عبدالاحد شادپرور^۱، محمد حسین هادی تواتری^۲
۲ - گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گیلان، ۲- گروه علوم دامی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی
استان قزوین

^{*} نویسنده مسئول: حسام عمو پشت مساری، پست الکترونیکی: hesam_amou@yahoo.com

چکیده

به منظور بررسی اثر انتخاب انجام گرفته در زمان تولد بر روی پارامترهای ژنتیکی بره های نژاد شال، از دو دسته داده که در طی سالهای ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۸ توسط مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان قزوین جمع آوری گردید، استفاده شد. دسته اول شامل تمامی بره ها در زمان تولد بودند و دسته دوم شامل بره هایی بود که بعد از تولد در گله باقی ماندند. وراثت پذیری مستقیم وزن تولد بره های انتخابی (۰/۲۶) و پایین تر از وراثت پذیری مستقیم وزن تولد کل بره ها (۰/۳۲) به دست آمد. بنابراین می توان گفت انتخاب انجام شده منجر به کاهش واریانس ژنتیکی افزایشی شد، که متعاقباً باعث کاهش وراثت پذیری می شود. تکرار پذیری عملکرد مادری در طی سال های مورد بررسی در دسته اول ۰/۱۲ و در دسته دوم ۰/۱۲۵ برآورد گردید. واژه های کلیدی: وزن تولد- پارامترهای ژنتیکی- انتخاب- گوسفند شال.

مقدمه

گوسفند شال از جمله نژاد های پیش رس در ایران محسوب می شود که دارای میانگین وزن تولد و افزایش وزن پیش از شیرگیری بالایی در بین نژادهای ایرانی می باشد. تعیین پارامترهای ژنتیکی و اهمیت نسبی اثر عوامل ژنتیکی مختلف نه تنها برای حفظ نژادهای بومی، بلکه برای تعیین اهداف و طراحی برنامه های اصلاح نژادی، درک بهتر مکانیسم ژنتیکی صفات، پیش بینی ارزش اصلاحی و پیش بینی پاسخ مورد انتظار از برنامه های انتخاب ضروری است (۲). در حالیکه وزن تولد به دلیل تاثیر بر روی رشد پیش از شیرگیری و نهایتاً تولید حیوانات کشتارگاهی با وزن بالاتر، یک صفت مهم اقتصادی محسوب می شود، چندان در برنامه های اصلاحی مورد توجه قرار نگرفته است. هدف از مطالعه حاضر، بررسی تاثیر انتخاب انجام گرفته بر روی پارامترهای ژنتیکی وزن تولد بره های نژاد شال در طی سال های مورد بررسی می باشد.

مواد و روش ها

در این تحقیق از دو دسته اطلاعات وزن تولد بره های نژاد شال که دسته اول شامل کل بره ها (شامل ۱۹۲۲ بره) و دسته دوم شامل بره های انتخابی (بره هایی که بعد از تولد در گله باقی ماندند که تعداد آن ها به ۱۶۰۰ بره می رسید) بودند و در طی سال های ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۸ در ۴ گله این نژاد تحت نظارت مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان قزوین جمع آوری گردیده بود استفاده شد. در جدول شماره ۱ اطلاعات آماری مربوط به دو دسته داده قرار گرفته است.

جدول ۱- آمار توصیفی وزن تولد کل بره ها و بره های انتخابی

وزن تولد		
کل بره ها	بره های انتخابی	
۱۹۹۲	۱۶۰۰	تعداد رکورد
۷۰	۵۶	تعداد پدر
۲۸/۴۶	۲۸/۵۷	میانگین تعداد فرزندان به ازای هر پدر
۴۴۵	۳۵۲	تعداد مادر
۴/۴۸	۴/۵۵	میانگین تعداد فرزندان به ازای هر مادر
۴/۵۲	۴/۵۲	میانگین (کیلوگرم)
۰/۸	۰/۸۱	انحراف معیار
۱۷/۷۱	۱۸/۰۲	ضریب تغییرات (%)

به منظور بررسی تاثیر عوامل ثابت بر روی وزن تولد دو دسته بره از رویه مدل خطی عمومی (GLM) نرم افزار SAS (۶) استفاده گردید. اثرات ثابت قرار گرفته در مدل محاسباتی شامل گله در ۴ سطح، تیپ تولد در ۳ سطح، جنسیت در ۲ سطح، سال تولد در ۱۶ سطح، اثر متقابل سال و جنسیت و اثر متقابل گله و جنسیت بودند. اجزای واریانس برای اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری با استفاده از یک مدل حیوان تک صفت در نرم افزار WOMBAT (۳) برآورد گردید. فرم ماتریسی مدل مورد استفاده به صورت زیر بود:

$$Y = Xb + Z1a + Z2m + Z3pe + e$$

که در آن Y , b , a , m , pe و e به ترتیب بردار مشاهدات، بردار اثرات ثابت، بردار اثرات ژنتیکی افزایشی، بردار اثرات ژنتیکی مادری و بردار اثرات محیطی دائمی مادری می باشند. X , $Z1$, $Z2$ و $Z3$ ماتریس های ضرایب هستند که مشاهدات را به ترتیب به اثرات ثابت، اثرات ژنتیکی مستقیم، اثرات ژنتیکی مادری و اثرات محیطی دائمی مادری مربوط می کند. همچنین، کوواریانس بین اثرات ژنتیکی مستقیم و مادری به دلیل ایجاد افزایش های غیر منطقی در واریانس های ژنتیکی افزایشی و ژنتیکی مادری از مدل حذف گردید (۱). تکرار پذیری عملکرد مادری در طی سال ها نیز از طریق فرمول زیر محاسبه گردید:

$$t_m = \left(\frac{1}{4}\right)h_d^2 + h_m^2 + pe^2$$

که در آن t_m تکرارپذیری عملکرد مادری در طی سال ها، h_d^2 وراثت پذیری مستقیم، h_m^2 وراثت پذیری ژنتیکی مادری و pe^2 نسبت اثرات محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی می باشد.

نتایج و بحث

در منابع مختلف (۵ و ۸) اشاره شده است که بقا بره ها با وزن تولد $0.5/2$ و 0.5 کیلوگرم به حداکثر می رسد بنابراین با توجه به میانگین به دست آمده در این نژاد ($4/52$) بهبود کنترل شده وزن تولد این نژاد ضروری به نظر میرسد، البته با توجه به نقش وزن تولد در وقوع سخت زایی بهتر است فراوانی این عارضه در نژاد شال مورد بررسی قرار گیرد.

دلیل معنی دار شدن اثرات سال تولد، تیپ تولد، جنسیت و گله را میتوان به ترتیب به تفاوت وضعیت آب و هوا در سال های مختلف، فضای محدود رحمی و رقابت بره های دو قلو و سه قلو برای استفاده از شیر مادر، تفاوت های فیزیولوژیکی در نر و ماده، تفاوت در تعداد حیوانات و ساختار ژنتیکی گله های مختلف نسبت داد. با گردش کوچ بین گله های مختلف ارتباط ژنتیکی بین گله ها حفظ شده و همخوانی نیز کنترل می شود.

برآورد پارامترهای ژنتیکی بره های مورد بررسی در دو حالت در جدول شماره ۲ نشان داده شده است. وراثت پذیری مستقیم وزن تولد برای تمامی بره ها 0.32 برآورد گردید که نزدیک به برآورد برخی از محققین می باشد (۷). وراثت پذیری مستقیم وزن تولد برای بره های انتخابی 0.26 برآورد گردید که نزدیک به برآورد برخی از مولفان می باشد (۲). وراثت پذیری ژنتیکی مادری و نسبت اثرات محیطی دائمی مادری به واریانس فوتویی به صورت مشابه برای کل بره ها 0.02 برآورد گردید که نزدیک به برآورد برخی از محققین در منابع مختلف می باشد (۴). وراثت پذیری مستقیم برای بره های انتخابی (0.26) نسبت به کل بره ها کاهش یافت، بنابراین می توان گفت انتخاب انجام شده منجر به کاهش واریانس ژنتیکی افزایشی شد، که این امر باعث کاهش وراثت پذیری می شود. وراثت پذیری ژنتیکی مادری مشابه با حالت قبل 0.02 برآورد گردید. اما نسبت اثرات محیطی به واریانس فوتویی افزایش یافت (0.04). واریانس فوتویی تا حدودی کاهش یافت اما نسبت به درصد کاهش واریانس ژنتیکی کمتر بود.

جدول ۲- برآورد پارامترهای ژنتیکی وزن تولد بره ها در دو دسته داده

وزن تولد	$h_d^2 \pm S.E.$	$h_m^2 \pm S.E.$	$pe^2 \pm S.E.$	σ_p^2	t_m
کل بره ها	0.32 ± 0.08	0.02 ± 0.06	0.02 ± 0.06	0.52	0.12
بره های انتخابی	0.26 ± 0.08	0.02 ± 0.01	0.04 ± 0.02	0.05	0.125

h_d^2 ؛ وراثت پذیری مستقیم، h_m^2 ؛ وراثت پذیری ژنتیکی مادری، pe^2 ؛ نسبت اثرات محیطی دائمی مادری به واریانس فوتویی، σ_p^2 ؛ واریانس فوتویی، t_m ؛ تکرار پذیری عملکرد مادری، S.E؛ خطای استاندارد

تکرار پذیری عملکرد مادری تقریباً در دو حالت مشابه برآورد گردید. این نتیجه به این دلیل می باشد که کاهش وراثت پذیری مستقیم در بره های انتخابی با افزایش میزان نسبت واریانس محیطی مادری به واریانس فوتویی (0.04) تقریباً خشی شده است.

منابع

1. Al-Shorepy, S. A., 2001. Estimates of genetic parameters for direct and maternal effects on birth weight of local sheep in United Arab Emirates. *Small Ruminant Research*. 39: 219-224.
2. Matika, O., Van Wyk, J. B., Erasmus, G. J., and Baker, R. L., 2003. Genetic parameter estimates in sabi sheep. *Livestock Production Science*. 79: 17-28.
3. Meyer, K., 2006. WOMBAT- A program for mixed model Analyses by Restricted Maximum Likelihood. User Notes. Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale, 55pp.
4. Nasholm, A., and Danell, O., 1994. Maternal effects on lamb weight. *Proceeding 5th World Congress on Genetics Applied To Livestock Production*. 18: 143-146.
5. Notter, D. R., and Copenhagen, J. S., 1980. Performance of Finnish Landrace crossbred ewes under accelerated lambing. II. Lamb growth and survival. *Journal of Animal Science*. 51: 1043-1050.
6. SAS Institute. 2003. SAS User's guide, Version 9.1. SAS Institute, Inc. Cary, NC.
7. Sinha, N. K., and Singh, S. K., 1997. Genetic and phenotypic parameters of body weight, average daily gains and first shearing wool yield in Muzaffarnagry sheep. *Small Ruminant Research*. 26: 21-29.
8. Smith, G. M., 1977. Factors affecting birth weight, dystocia and preweaning survival in sheep. *Journal of Animal Science*. 44: 745-753.

Study on the effect of selection at birth on the genetic parameters of birth weight in Shall lambs

Hesam Amou Posht masari^{1*}, Abdol Ahad Shadparvar¹, Mohammad Hossein Hadi Tavatori²

¹ Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Guilan, ² Department of Animal Science, Qazvin's Agricultural and Natural Resource Research Center

* Corresponding E-mail address: hesam_amou@yahoo.com

Abstract

In order to study the effect of selection at birth on the genetic parameters of birth weight in Shall sheep, two data set collected by Qazvin's center of Agricultural and natural resource researches during 2004 to 2009 were used. The first data set included records of all lambs at birth and the second one included those lambs that were remained in the herds after birth. Direct heritability of birth weight for selected lambs (0.26) was lower than direct heritability of birth weight for all lambs (0.32). Thus, it could be said that selection resulted to decreased additive genetic variance, and consequently to decreased heritability. Also, maternal across-year repeatability was estimated 0.12 in first data set and 0.125 in second data set during studied years.

Keywords: Birth weight- genetic parameters- selection- Shall sheep.

بررسی جهش‌های موجود در ژن PRKAG1 گاوهای شیری هلشتاین

احمد محمودی^۱، شاهین اقبال سعید^{۲*}، امیر زرگران^۱

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد میانه

۲- استادیار علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد خوراسگان (اصفهان)

* نویسنده مسئول: shahin.eghbal@khuisf.ac.ir

چکیده

آدنوزین مونوفسفات پروتئین کیناز گاما ۱ (AMPK1) که PRKAG1 نیز نامیده می‌شود، نقش مهمی در متابولیسم گلوکز و لیپید پروتئین‌ها در جاندارانی نظیر انسان و دام ایفا می‌کند. هدف از این مطالعه بررسی جهش‌های موجود بر روی اگزون‌های ژن PRKAG1 در گاو می‌باشد. خون‌گیری از صد راس گاو در روز ۵ پس از زایش انجام گرفت سپس مقدار بتا هیدروکسی بوتیریک اسید (BHBA) با استفاده از کیت شرکت آریا راندوکس اندازه‌گیری شد. سپس از هر ۱۰۰ نمونه، استخراج DNA به روش فنل کلرو فرم انجام شد. مقدار بتا هیدروکسی بوتیریک اسید پس از استخراج DNA و انجام واکنش PCR با استفاده از پرایمرهای مربوطه انجام شد، نمونه‌های دارای باند ناحیه مورد نظر و همچنین شاخص بتا هیدروکسی بوتیریک اسید (به دلیل نقش احتمالی این ژن در میزان BHBA) بالا توالی‌یابی شد. نتایج توالی‌یابی با کمک اطلاعات سایت NCBI و بسته نرم افزار CLC Main Workbench بررسی شد و پس از تعیین ناحیه جهش‌های ایجاد شده، نتایج نشان از وجود جهشی در 'UTR-3' و یک جهش نیز در اینترون شماره ۶ ژن PRKAG1 داشت، جهشی که در ۴۲۸۰C T صورت گرفت، اسید آمینه والین به اسید آمینه آلانین تبدیل می‌شود، از آنجایی که این جهش در ۴،۵ گاو دیده شد می‌تواند در بازده PRKAG1 موثر باشد.

واژه‌های کلیدی: AMPK1 - PRKAG1 - BHBA - اگزون - اینترون - گاو

مقدمه

آدنوزین مونوفسفات پروتئین کیناز (Adenosine monophosphate-activated protein kinase) یا همان AMPK یک آنزیم هترو ترمیک است که شامل یک واحد کاتالیکی آلفا و دو زیر واحد بتا و گاما است. AMPK یک محور اساسی و مهم برای پاسخ‌های سلول به استرس و تنش و تخلیه ATP می‌باشد که منبع عمده‌ی درون سلول از انرژی است و به محض افزایش نسبت AMP به ATP باعث برقراری تعادل انرژی می‌شود (۵). AMPK1 یکی از زیر واحد های غیر کاتالیکی ژن AMPK می‌باشد که در گاو تحت عنوان PRKAG1 شناسایی شده است (Protein kinase, AMP-activated, gamma 1 non-catalytic subunit) و به عنوان یک سنسور سوخت و ساز بدن عمل کرده و هدایت چندین مسیر متابولیکی را در جهت کمبود مواد مغذی به عهده دارد (۱). در انسان نیز ۳ زیر واحد (G₁, G₂, G₃) شناسایی شده است. AMPK3 زیر واحد کاتالیک است AMPK3 در تنظیم و متابولیسم قندها چربی‌ها و گلیکوژن عضله اسکلتی نقش دارد. بررسی‌ها مشخص کرده است که AMPK3 علاوه بر اینکه در عضله اسکلتی ایفای نقش می‌کند در کبد انسان نیز بیان می‌شود (۸). AMPK نه تنها به صورت مستقیم بر روی آنزیم‌های مختلف در گیر در مسیر متابولیکی عمل می‌کند بلکه در سطح

رونویسی ژن‌ها در فعال شدن متابولیسم گلوکز و لیپید نقش دارد که در این راه AMPK کنترل هموستازی انرژی و خاموش کردن مسیر تخلیه ATP را به عهده میگیرد در حالی که تنوع ژنتیکی در AMPK به نظر نمی‌رسد اما اثر بزرگ بر روی متابولیسم گلوکز و متابولیسم لیپید پروتئین‌ها در انسان مشخص شده است (۲). کتون بادیها باعث تغییر مسیر متابولیسمی گلوکز می‌شوند یکی از مهم ترین اجسام کتونی BHBA می باشد (۵). مواد و روش ها

مطالعه حاضر روی صد راس گاو از سه گاوداری پر تولید B، A و C انجام شد. میانگین تولید شیر در سه گاوداری پرتولید برابر ۱۴۴۶۵، ۱۲۲۶۳ و ۱۳۴۹۸، میانگین چربی شیر ۲۹۹، ۴۰۶ و ۳۲۵ کیلوگرم، و میانگین پروتئین شیر ۲۶۲، ۳۴۰ و ۲۱۲ کیلوگرم در یک دوره ۳۰۵ روزه بود. خون گیری از صد راس گاو در روز ۵ پس از زایش انجام گرفت سپس مقدار BHBA صد نمونه اندازه گیری شد انجام گرفت، در ادامه از هر صد نمونه، استخراج DNA به روش فنل کلرو فرم انجام شد. پس از بررسی های انجام شده این ژن به سه قسمت تقسیم شد و ۶ جفت پرایمر برای آن‌ها بر اساس اطلاعات سایت NCBI و نرم افزار OLIGO طراحی شد که توالی پرایمرها به صورت جدول زیر بود.

Forward(1:1):AATAGCAACAAAACAGAATAC Reverse(1:1):CAACAGAACTCGAGACTCA

Forward(1:2):TTATTGGCATCTTGTACTGGG Reverse(1:2):GGAAGGCAGGGATTAATGG

Forward(2:1):TGTTTTCCCTGTTTGTAAGCA Reverse(2:1):CCCCACAATCACTCACG

Forward(2:2):AGGTGATTCTGTAGGCA Reverse(2:2):TCTCATCCACCACTACAAGTC

Forward(3:1):AGGGTGGGGACTGACGG Reverse(3:1):GATGGGCTGGGTGAGGATAAG

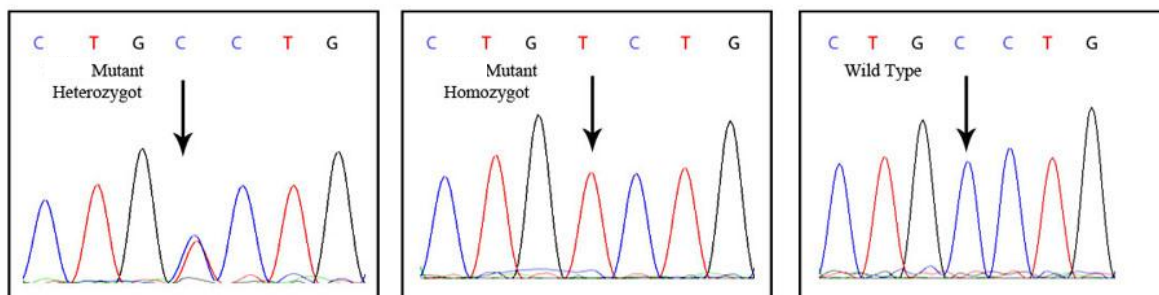
Forward(3:2):AGACCTTTAGAGAATTGTGAC Reverse(3:2):AATAACCTCAGCTAACCA

سپس واکنش زنجیره ایی پلیمرز PCR (Polymerase Chain Reaction) طبق شرایط استاندارد و فقط با در نظر گرفتن دمای اتصال متفاوت برای آنها انجام شد. توالی های مربوط به ۱۰ نمونه از گاوهای انتخاب شده که دارای میزان تولید شیر و میزان BHBA بالایی بودند انتخاب و برای توالی یابی به شرکت BIOBASEIC کانادا ارسال شد. نتایج با توجه به اطلاعات سایت NCBI و بسته نرم افزار CLC Main Workbench 6 تجزیه و تحلیل شد.

نتایج و بحث:

در این مطالعه از بین ۱۰ نمونه توالی یابی شده تعداد ۵ نمونه مربوط به قطعه ۱:۲ و ۵ نمونه مربوط به قطعه ۳:۱ می باشد. با کمک نرم افزار CLC ناحیه جهش ایجاد شده در دی ان ای ژنومی و ام آر ان ای ژن PRKAG1 مشخص شد در هر ۵

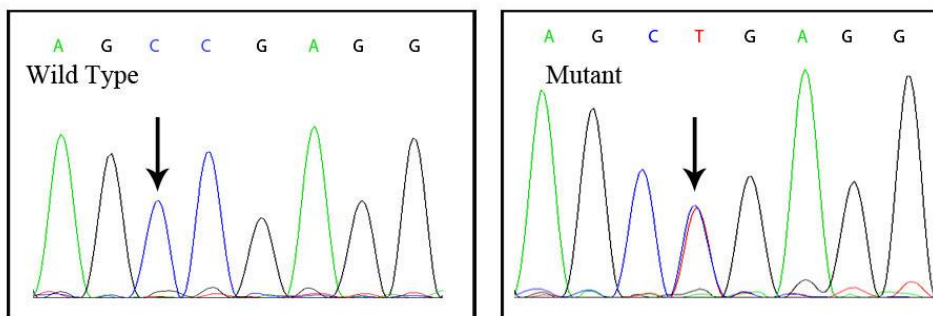
نمونه جهش یکسانی در باز ۱۴۲۸۰ DNA ژنومی و باز ۱۰۴۳ از توالی کامل mRNA PRKAG1 دیده شد. برای مشخص شدن اثر جهش های مشخص شده تغییر باز را در mRNA اعمال کرده و سپس به کمک نرم افزار CLC آن را به پروتئین تبدیل نموده و سپس با پروتئین اولیه مقایسه کردیم. نتایج نشان از این داشت که این جهش باعث تبدیل اسید آمینه والین (Valine) به اسید آمینه آلانین (Alanine) می شود (جدول ۲) و می توان این جهش را یک جهش موثر نامید (شکل ۱). این جهش در ۴،۵ گاو دیده شد پس می تواند در بازده PRKAG1 موثر باشد همانطور که وجود جهش هایی در این ژن باعث ایجاد تغییراتی در انسان شده است (۳). وجود جهش در ایترون شماره ۶ در باز ۱۲۵۷۱ از DNA و باز ۳۲۶ از توالی کامل mRNA PRKAG1 نیز مشاهده شد (شکل ۲). طبق گزارشات رسیده جهش هایی در سایر زیر واحدهای AMPK دیده شده است (۷). اما تا کنون این جهش ها در زیر واحد گاما یک این ژن در حیوانات مزرعه ای گزارش نشده است.



شکل ۱- وجود جهش در باز ۱۴۲۸۰ از DNA و باز ۱۰۴۳ از توالی کامل از قطعه دوم mRNA PRKAG1 که منجر به تبدیل اسید آمینه والین به آلانین

جدول ۱. توالی اسید آمینه قبل و بعد از اعمال جهش

TRAYAPLTVCCKL	توالی اسید آمینه قبل از اعمال جهش
TRAYAPLTAACKL	توالی اسید آمینه بعد از اعمال جهش



شکل ۲. وجود جهش در ایترون و در باز ۱۲۵۷۱ از DNA و باز ۳۲۶ از توالی کامل mRNA PRKAG1

منابع:

1. Bernhard Benkel, Sonja Kollers, Ruedi Fries, Alexei Sazanov, Erin Yoshida, Edith Valle, Jon Davoren, Donal Hickey. 2004. Characterization of the bovine ampk γ 1 gene. Mamm Genome Volume 16, 194–200
2. Bingzhong Xue and Barbara B. Kahn. 2006. AMPK integrates nutrient and hormonal signals to regulate food intake and energy balance through effects in the hypothalamus and peripheral tissues. Journal compilation C The Physiological Society.
3. Blair E, Redwood C, Ashrafian H, Oliveira M, Broxholme J, et al. (2001) Mutations in the γ 2 subunit of AMP-activated protein kinase cause familial hypertrophic cardiomyopathy: evidence for the central role of energy compromise in disease pathogenesis. Hum Mol Genet 10, 1215–1220
4. Bla'zquez Cristina, Woods Angela Woods, Ceballos, Mari'a L. de Guzma'n Manuel. 2007, The AMP-Activated Protein Kinase Is Involved in the Regulation of Ketone Body Production by Astrocytes. Journal of Neurochemistr 73: 1674–1682.
5. Kevin W. Williams, Roberto Coppari, and Joel K. Elmquist. 2007. AMPing up" our understanding of the hypothalamic control of energy balance. The Journal of Clinical Investigation.
6. P. Weyrich & F. Machicao & H. Staiger & P. Simon & C. Thamer & J. Machann & F. Schick & A. Guirguis & A. Fritsche & N. Stefan & H.-U. Häring. 2007. Role of AMP-activated protein kinase γ 3 genetic variability in glucose and lipid metabolism in nondiabetic whites. 10 May 2007 / Accepted: 2 July 2007 / Published online: 14 August 2007 @ Springer-Verlag 2007.
7. Stapleton D, Woollatt E, Mitchelhill KI, Nicholl JK, Fernandez CS et al. (1997) AMP-activated protein kinase isoenzyme family: subunit structure and chromosomal location. FEBS Lett 409, 452–456
8. X. Yang, M. J. Zhu, K. R. Underwood, B. W. Hess, S. P. Ford and M. Du, 2007, The mammalian target of rapamycin-signaling pathway in regulating metabolism and growth.

A survey on SNPs presented in PRKAG1 gene in Holstein dairy cattle

Ahmad Mahmoodi¹, Shahin Eghbalsaied^{*2} and Amir Zargaran¹

1. Department of animal science, Myaneh Branch, Islamic Azad University, Myaneh, Iran.

2. Department of Animal Science, Khorasan (Isfahan) Branch, Islamic Azad University, Isfahan, Iran.

* Corresponding Author: shahin.eghbal@khuisf.ac.ir

Abstract

AMP-activated protein kinase subunit gamma-1 (AMPKG1), which is also called PRKAG1 has an important role in glucose and lipoproteins metabolism in humans and livestock. The purpose of this study was to survey mutations in PRKAG1 gene in cattle. On this basis, 100 cattle that are over five days from the delivery of high-producing dairy selection and the amount of blood Beta-hydroxy butyric acid (BHBA) using of the kit company Ariya Randox were measured. After DNA extraction and PCR reaction, samples containing the desired band from highly milking dairy cows which showed high BHBA index (The possible role of this gene in BHBA) were sequenced. Sequencing results, which was evaluated with NCBI site information and CLC Main Workbench software package, indicated that there were two mutations in UTR-3' as well as one mutation in intron 6 of PRKAG1. The first mutation was 14200 did not changed the amino acid codon while the T14280C SNP caused to Valine substitution with Alanine. Since this mutation was detected in 4 out of 5 assessed cows, this could be effective in the PRKAG1 efficiency.

Keywords: AMPKG1, PRKAG1, Exon, Intron, Cattle

برآورد روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد قبل از شیرگیری در بره‌های لری بختیاری

آذر راشدی ده‌صحرائی^{۱*}، جمال فیاضی^۲، محمود وطن‌خواه^۳، محمدتقی بیگی‌نصیری^۴ و مصطفی لطفی‌فرخند^۵

* ۱ و ۲- به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد، استادیار و دانشیار دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان ۳-

دانشیار مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی شهرکرد ۵- کارشناس ارشد پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران

نویسنده مسئول: آذر راشدی ده‌صحرائی Email: Azar.rashedi2010@yahoo.com

چکیده:

برای انجام این تحقیق از تعداد ۷۷۲۱ رکورد وزن تولد، ۶۴۶۲ رکورد وزن یک‌ماهگی و ۷۲۷۵ رکورد وزن شیرگیری بره‌های لری بختیاری که طی سال‌های ۱۳۶۸ تا ۱۳۸۹ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری واقع در شهرستان شهرکرد جمع‌آوری شده بود استفاده شد. نرم‌افزار آماری SAS جهت تعیین عوامل محیطی مؤثر بر این صفات و نرم‌افزار Wombat جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی و ارزش اصلاحی دام‌ها مورد استفاده قرار گرفت. عوامل محیطی سال تولد، جنس بره، تیپ تولد و سن مادر هنگام زایش بر این صفات معنی‌دار بوده و به عنوان اثرات ثابت در مدل قرار گرفتند. سن دام هنگام وزن‌کشی به عنوان متغیر کمکی در مدل وارد شد. روند ژنتیکی مستقیم برای وزن تولد، یک‌ماهگی و شیرگیری به ترتیب برابر ۱۲ ± ۱ ، $۱۸ \pm ۱/۵$ و ۷۷ ± ۴ گرم در سال و روند فنوتیپی برای این صفات به ترتیب ۲۲ ± ۴ ، ۱۱۰ ± ۱۶ و ۲۳۰ ± ۶۱ گرم در سال برآورد شدند. روند ژنتیکی این صفات طی سال‌های مختلف پیشرفت قابل ملاحظه‌ای داشته است. واژگان کلیدی: گوسفند لری بختیاری - وزن تولد - روند ژنتیکی

مقدمه

در جامعه‌ای که انتخاب انجام می‌گیرد و آمیزش بین حیوانات با توجه به خصوصیات ژنتیکی آن‌ها برنامه‌ریزی می‌شود، لازم است در مدت اجرای برنامه انتخاب میزان تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی بررسی شود. به همین منظور برای مرحله‌ای که انتخاب اجرا شده معمولاً پیشرفت و روند ژنتیکی برآورد می‌گردد (۶). موفقیت برنامه‌های اصلاح نژادی به وسیله اندازه‌گیری میزان تغییرات ارزش اصلاحی صفات تحت انتخاب بیان می‌گردد. پیش‌بینی صحیح ارزش اصلاحی والدین نسل آینده یکی از بهترین ابزارهای موجود برای حداکثر کردن پاسخ در برنامه‌های انتخاب می‌باشد (۴). درستکار و همکاران (۱۳۸۹) روند ژنتیکی وزن تولد و وزن شیرگیری را برابر $۰/۰۰۵۵$ و $۰/۰۰۵۳$ کیلوگرم در سال برآورد نمودند. حسنی و همکاران (۱۳۸۸) روند ژنتیکی وزن تولد و شیرگیری را برای گوسفند بلوچی به ترتیب $۰/۷ \pm ۰/۰۶$ و ۵۵ ± ۱ و روند فنوتیپی را برای صفات مذکور به ترتیب برابر ۱ ± ۴ و ۳ ± ۹ گرم در سال برآورد نمودند. هدف از انجام این پژوهش برآورد روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد قبل از شیرگیری در بره‌های لری بختیاری می‌باشد.

مواد و روش‌ها

این پژوهش با استفاده از اطلاعات شجره‌ای و رکوردهای وزن بدن جمع‌آوری شده طی سال‌های ۱۳۶۸ تا ۱۳۹۰ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری واقع در شهرستان شهرکرد انجام شد. آمار توصیفی صفات مورد مطالعه در جدول ۱ نشان داده شده است. ابتدا اثرات عوامل محیطی روی صفات مورد بررسی با استفاده از رویه GLM نرم‌افزار آماری SAS

مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. مؤلفه های (کو) واریانس، پارامترهای ژنتیکی و ارزش اصلاحی دامها به وسیله نرم افزار Wombat برآورد گردید. به منظور بررسی اثرات مادری بر صفات مورد مطالعه، مؤلفه های واریانس با شش مدل حیوانی تک متغیره مختلف برآورد گردید و بر اساس نتایج حاصل از آزمون لگاریتم درست نمایی، مدل ۵ برای هر سه صفت به عنوان مدل مناسب انتخاب شد که علاوه بر اثرات ژنتیکی مستقیم دام، دارای اثرات ژنتیکی افزایشی و اثرات محیطی دائمی مادری نیز می باشد (۵).

$$y = Xb + Z_1a + Z_2c + Z_3m + e$$

y = بردار مشاهدات برای صفت مورد استفاده، b = بردار اثرات ثابت، a = بردار اثرات ژنتیکی مستقیم، m = بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، c = بردار اثرات محیطی دائمی مادری، X = ماتریس ضرایب که اثرات ثابت را به مشاهدات مربوط می کند، Z_1 = ماتریس ضرایب که اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم را به مشاهدات مربوط می کند، Z_2 = ماتریس ضرایب که اثرات محیطی دائمی مادری را به مشاهدات مربوط می کند، Z_3 = ماتریس ضرایب که اثرات ژنتیکی افزایشی مادری را به مشاهدات مربوط می کند، e = بردار اثرات باقی مانده.

به منظور بررسی روند ژنتیکی میانگین ارزش اصلاحی دامها برای هر صفت، در هر سال تولد برآورد گردید و با نرم افزار Excel نمودارها رسم شدند.

نتایج

میانگین های حداقل مربعات و خطای استاندارد برای صفات مورد بررسی در جدول ۱ نشان داده شده است.

جدول ۱- آمار توصیفی صفات وزن بدن از تولد تا شیرگیری دربره های لری بختیاری

صفات	تعداد	میانگین (kg)	ضریب تغییرات	حداقل	حداکثر
وزن تولد	۷۷۲۱	۴/۹±۰/۰۰۹	۱۲/۱	۲	۷/۷
وزن یک ماهگی	۶۴۶۲	۱۲/۵±۰/۰۳	۱۴/۸	۴/۱	۲۱/۶
وزن شیرگیری	۷۲۷۵	۲۸/۶±۰/۰۷	۱۴/۴	۱۰	۴۷/۶

جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس عوامل محیطی مؤثر بر صفات مورد مطالعه و اثرات متقابل آنها

صفت/اثر	BY	Agd	LN	Sex	LN*Agd	LS*Agd	LN*LS	Age
وزن تولد	**	**	**	**	**	ns	**	---
وزن یک ماهگی	**	**	**	**	ns	**	**	۰/۲۱۲**
وزن شیرگیری	**	**	**	**	ns	*	**	۰/۱۶۴**

* و ** و به ترتیب بیانگر معنی داری در سطح ۰/۰۵ و ۰/۰۱ و ns نشان دهنده عدم معنی دار بودن آماری است. BY: سال تولد

بره، Agd: سن مادر هنگام زایش، LN: تیپ تولد، Sex: جنسیت و Age متغیر کمکی سن بره به روز

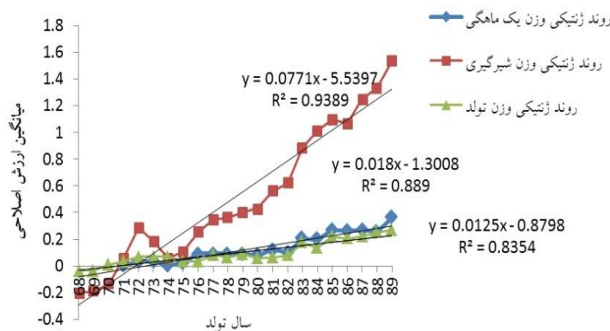
نتایج تجزیه واریانس عوامل محیطی مؤثر بر این صفات در جدول ۲ و نتایج برآورد روند ژنتیکی و فنوتیپی در جدول ۳ و نمودارهای ۱ و ۲ نشان داده شده است.

جدول ۳- برآورد روند ژنتیکی مستقیم دام و روند فنوتیپی صفات وزن بدن از تولد تا شیرگیری در بره‌های لری بختیاری (گرم بر سال)

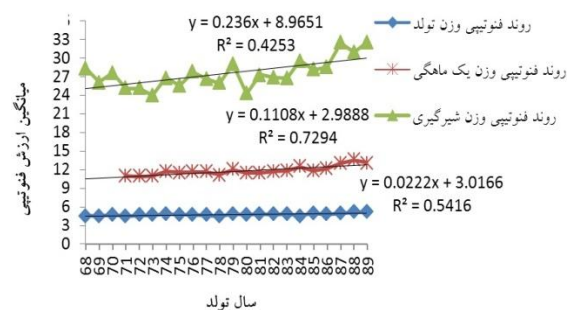
صفت	روند ژنتیکی دام	R^2	روند ژنتیکی مادری	R^2	روند فنوتیپی	R^2
وزن تولد	$12^{**} \pm 1$	۰/۸۳	$3^{**} \pm 0/5$	۰/۶۹	$22^{**} \pm 4$	۰/۵۴
وزن یک ماهگی	$18^{**} \pm 1/5$	۰/۸۹	$13^{**} \pm 1/5$	۰/۸۱	$110^{**} \pm 16$	۰/۷۳
وزن شیرگیری	$77^{**} \pm 4$	۰/۹۴	$27^{**} \pm 1/8$	۰/۹۱	$230^{**} \pm 61$	۰/۴۲

* نشان دهنده معنی‌داری در سطح ۰/۰۱ می‌باشد.

اثرات ثابت سال تولد، جنس بره، تیپ تولد و سن مادر هنگام زایش بر تمام صفات معنی‌دار ($P < 0.01$) بودند که با نتایج جیانگ و همکاران (۲۰۱۱) مطابقت داشت. روند ژنتیکی مستقیم برای وزن تولد، یک‌ماهگی و شیرگیری به ترتیب برابر 12 ± 1 ، $18 \pm 1/5$ و 77 ± 4 ، روند فنوتیپی برای صفات مذکور به ترتیب برابر 22 ± 4 ، 110 ± 16 و 230 ± 61 گرم در سال و روند ژنتیکی مادری برای این صفات به ترتیب $3 \pm 0/5$ ، $13 \pm 1/5$ و $27 \pm 1/8$ گرم در سال برآورد شدند. روند ژنتیکی این صفات طی سال‌های مختلف پیشرفت قابل ملاحظه‌ای داشته (نمودار ۱)، اما روند فنوتیپی به میزان کمی افزایش یافت (نمودار ۲) که می‌تواند ناشی از اثرات محیطی مؤثر بر این گله باشد. فنوتیپ حیوانات بیشتر تحت تأثیر عوامل محیطی است که این عوامل شامل شرایط آب و هوایی، تغییر در مدیریت و سطح بهداشت می‌باشد. بنابراین باید قبل از برنامه‌های انتخاب، شرایط محیطی بهینه برای بروز هر چه بیشتر پتانسیل ژنتیکی گله فراهم شود تا بدین طریق روند فنوتیپی با روند ژنتیکی گله هم راستا شود.



نمودار ۱- روند ژنتیکی مستقیم وزن تولد، یک ماهگی و شیرگیری در بره‌های لری بختیاری



نمودار ۲- روند فنوتیپی وزن تولد، یک ماهگی و شیرگیری در بره‌های لری بختیاری

منابع

۱. حسنی، س. ح. دلتنگ سفیدسنگی، ا. رشیدی. و م. آهنی‌آذری. ۱۳۸۸. برآورد روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی صفات رشد در گوسفند بلوچی. مجله علوم کشاورزی و منابع طبیعی. جلد ۱۶. ویژه‌نامه ۱-الف.
۲. درستکار، م. ع. رأفت، ج. شجاع. و ن. پیرانی. ۱۳۸۹. بررسی روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد در بره‌های مغانی. مجله پژوهش‌های علوم دامی. شماره ۲. صفحات ۲۶-۱۵.

3. Jiang, D. Y. Zhang, K. Tian, L. Liu, X. Xu, Y. Zhang. and T. Zhang. 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 (2011) 278-288.

4. Jurado, J. J. A . Alonso . And R. Alenda. 1994. Selection response for growth in a Spanish Merino flock. Anim Sci. 72: 1433-1440.
5. Meyer, K. 2000. DFREML Version 3.1: User notes.
6. Singh, G. and J.s. Dhillon. 1990. Estimation of genetic trend in a closed flock of Avivastra sheep. Indian. J. Anim Sci., 60: 617-619.
- 7.

Estimation of the genetic and phenotypic trend of pre-Weaning weight for Lori-bakhtiari lambs

Azar Rashedi Dehsahraei^{1*}, Jamal Fayazi², Mahmood Vatankhah³, Mohammad taghi beige nasiri², Mostafa Lotfi Farkhod⁴, korosh gholamhoseini⁵

^{۱*}, ² and ⁴, M.Sc. Assistant professor and Associate Professor in Genetics and Breeding, Ramin

Agricultural and Natural Resources University, Animal Science Department. 3, Associate Professor-Genetics & Animal breeding -Department of Animal Science-Agriculture and Natural Resources Research Center Shahrekord. 5, Genomics Department Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran. 6, Shahrekord sheep breeding station

Email: Azar.rashedi2010@yahoo.com

Abstract

In this study a total 7721 records of birth weight, 6462 records of one month weight, 7275 records of weaning weight from Lori-Bakhtiari sheep that was collected in Shahrekord sheep breeding station during 1989-2012 was used to reveal the genetic and phenotypic trend of pre weaning weight . The SAS statistical software was used to evaluate the effect of environmental factors and Wombat software was employed to estimate genetic parameters and animals breeding value. Environmental factors, like birth year, sex of lamb, type of birth, and the age of mother are the significant factors as fixed effects. The models were drawing upon the weight of the animals age entered as a covariate in the model. estimations of direct genetic trend for birth weight, one-month weight and weaning weight were as 12 ± 1 , 18 ± 1.5 and 77 ± 4 gr in year respectively. The phenotypic trends for considered traits was respectively 22 ± 4 , 110 ± 16 and 230 ± 61 gr per year estimated. . The genetic trend of traits in different years has considerable progress.

Keywords: Lori-Bakhtiari sheep -birth weight -genetic trend

تأثیر برخی از عوامل محیطی بر صفات رشد گوسفند لری بختیاری

آذر راشدی ده صحرایی^{۱*}، جمال فیاضی^۲، محمود وطن خواه^۳، محمد تقی بیگی نصیری^۴، مصطفی لطفی فرخنده^۵ و کوروش غلامحسینی^۶

*۱ و ۲- به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد، استادیار و دانشیار دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان-۳ دانشگاه مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی شهرکرد-۵ کارشناس ارشد پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی-۶ کارشناس ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری

Email: Azar.rashedi2010@yahoo.com نویسنده مسئول: آذر راشدی ده صحرایی

چکیده:

در این تحقیق به منظور بررسی عوامل محیطی مؤثر بر برخی صفات رشد در گوسفند لری بختیاری از تعداد ۷۷۲۱ رکورد وزن تولد، ۷۲۷۵ رکورد وزن شیرگیری، ۵۷۴۵ رکورد وزن شش ماهگی و ۳۰۸۸ رکورد وزن یک سالگی گوسفندان لری بختیاری که طی سال‌های ۱۳۶۸ تا ۱۳۹۰ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد این گوسفند واقع در شهرستان شهرکرد جمع‌آوری شده بود استفاده شد. نرم‌افزار آماری SAS جهت بررسی اثر عوامل محیطی مورد استفاده قرار گرفت. نتایج این تحقیق نشان داد، عوامل محیطی سال تولد، جنس بره، تیپ تولد و سن مادر هنگام زایش بر کلیه صفات مزبور معنی‌دار بودند. همچنین اثر متقابل جنس بره-تیپ تولد برای صفات وزن تولد، وزن شیرگیری و وزن شش ماهگی در سطح بالایی ($p < 0.01$) معنی‌دار بود. اثر متقابل سن مادر-تیپ تولد فقط برای صفت وزن تولد معنی‌دار ($p < 0.01$) بود و اثر متقابل سن مادر-جنس بره برای صفات وزن شش ماهگی در سطح ($P < 0.01$) و برای وزن شیرگیری در سطح ($p < 0.05$) معنی‌دار بود. بررسی اثر عوامل ثابت، گویای اثر قابل توجه عوامل محیطی بر بروز فنوتیپی صفات رشد می‌باشد. لذا اگر این عوامل در برآورد مقادیر ارزش اصلاحی حیوانات در نظر گرفته نشود، می‌تواند اریب قابل ملاحظه‌ای در آن ایجاد نماید و به تبعیت از آن مقادیر روند ژنتیکی محاسبه شده بسیار دور از واقعیت خواهد بود.

واژگان کلیدی: گوسفند لری بختیاری - عوامل محیطی - صفات رشد

مقدمه

برای اجرای برنامه‌های موفق اصلاح نژادی، بررسی عوامل ثابت محیطی مؤثر بر صفات و قرار دادن آن‌ها در مدل، در برآورد پارامترهای ژنتیکی اهمیت دارد (۸). برای محاسبه دقیق‌ترین پیش‌بینی از ارزش اصلاحی واقعی یک حیوان، منابع تغییر غیر ژنتیکی مهم باید شناسایی شده و به روش‌های آماری اثر آن‌ها تصحیح شوند (۲). کیهان و همکاران (۲۰۰۹)، جعفرآوغلی و همکاران (۲۰۱۰) و جیانگ و همکاران (۲۰۱۱) اثرات ثابت سال تولد، جنسیت بره، تیپ تولد و سن مادر را بر صفات رشد در گوسفند معنی‌دار گزارش کردند. هدف از انجام این پژوهش بررسی عوامل محیطی سن مادر، سال تولد، تیپ تولد، جنسیت بره و اثرات متقابل آن‌ها روی برخی از صفات رشد در گوسفندان لری بختیاری می‌باشد تا بتوان با استفاده از این اطلاعات، یک مدل دقیق برای برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی پیشنهاد نمود.

مواد و روش‌ها

این پژوهش با استفاده از اطلاعات شجره‌ای و رکوردهای وزن بدن جمع‌آوری شده طی سال‌های ۱۳۶۸ تا ۱۳۹۰ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری واقع در شهرستان شهرکرد انجام شد. اثرات عوامل محیطی روی صفات مورد بررسی با استفاده از رویه GLM نرم‌افزار آماری SAS مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. مدل آماری مورد استفاده برای برآورد اثرات محیطی موثر بر وزن تولد به این صورت است:

$$Y_{ijklm} = \mu + B_i + A_j + S_k + T_l + (ST_{kl}) + (AS_{jk}) + (AT_{jl}) + e_{ijklm}$$

از مدل آماری زیر برای بررسی اثرات محیطی موثر بر وزن شیرگیری، شش ماهگی و یک سالگی استفاده گردید:

$$Y_{ijklm} = \mu + B_i + A_j + S_k + T_l + (ST_{kl}) + (AS_{jk}) + (AT_{jl}) + b_1 (Ag_{ijklm} - \bar{Ag}) + b_2 (Ag_{ijklm} - \bar{Ag})^2 + e_{ijklm}$$

که در آن‌ها: Y_{ijklm} = بردار مشاهدات برای صفت مورد مطالعه، μ = میانگین جامعه، A_j = اثر j امین سن مادر، B_i = اثر i امین سال تولد بره، S_k = اثر k امین جنس بره و T_l = اثر l امین تیپ تولد (تک قلو و دو قلو)، b_1 = ضریب تابعیت سن بره در وزن مربوطه، b_2 = ضریب تابعیت درجه دوم سن بره در وزن مربوطه، Ag_{ijklm} = سن بره در زمان وزن‌کشی، $\bar{Ag}$ = میانگین سن بره در زمان وزن‌کشی، ST_{kl} = اثر متقابل k امین جنس بره در l امین تیپ تولد، AS_{jk} = اثر متقابل k امین جنس بره در j امین سن مادر، AT_{jl} = اثر متقابل j امین سن مادر در l امین تیپ تولد، e_{ijklm} = اثرات باقیمانده.

نتایج و بحث

اثر عوامل محیطی مورد بررسی بر وزن بدن گوسفند لری بختیاری در سنین مختلف در جدول ۱ آورده شده است.

جدول ۱- میانگین حداقل مربعات و خطای معیار صفات مورد مطالعه (کیلوگرم) در گوسفندان لری بختیاری

اثر/صفت	وزن تولد	وزن شیرگیری	وزن شش ماهگی	وزن یک سالگی
میانگین کل	۴/۹۴±۰/۰۱	۲۸/۶۳±۰/۰۷	۴۰/۹۴±۰/۱۱	۵۶/۰۳±۰/۱۹
سن مادر	**	**	**	**
۲	۴/۳۵±۰/۰۲ ^c	۲۶/۳۴±۰/۱۴ ^c	۳۸/۴۲±۰/۲۱ ^d	۵۷/۲±۰/۳۲ ^c
۳	۴/۷۴±۰/۰۲ ^b	۲۷/۵۷±۰/۱۳ ^b	۴۰/۰۷±۰/۱۹ ^{bc}	۵۸/۰۹±۰/۲۸ ^b
۴	۴/۸۸±۰/۰۲ ^a	۲۸/۰۸±۰/۱۳ ^a	۴۰/۵۷±۰/۱۸ ^a	۵۹/۰۷±۰/۲۹ ^a
۵	۴/۹۱±۰/۰۲ ^a	۲۸/۳۷±۰/۱۴ ^a	۴۰/۴۷±۰/۱۸ ^{ab}	۵۹/۴۱±۰/۲۷ ^a
۶	۴/۹۱±۰/۰۲ ^{ad}	۲۸/۱۶±۰/۱۶ ^a	۴۰/۶۹±۰/۲۲ ^a	۵۹/۲±۰/۳۴ ^a
۷	۴/۸۹±۰/۰۳ ^a	۲۷/۳۹±۰/۱۹ ^b	۳۰/۸۱±۰/۲۷ ^c	۵۸/۵۲±۰/۴۲ ^{ab}
تیپ تولد	**	**	**	**
تک قلو	۵/۲۹±۰/۰۱ ^a	۳۰/۵۵±۰/۰۸ ^a	۴۲/۳۱±۰/۰۹ ^a	۶۰/۰۵±۰/۱۵ ^a
دو قلو	۴/۲۷±۰/۰۱ ^b	۲۴/۷۲±۰/۱۱ ^b	۳۷/۶۹±۰/۱۵ ^b	۵۷/۱۱±۰/۲۳ ^b
جنس بره	**	**	**	**
نر	۴/۹۴±۰/۰۱ ^a	۲۹/۲۳±۰/۰۹ ^a	۴۵/۲±۰/۱۲ ^a	۶۷/۴±۰/۲۲ ^a
ماده	۴/۶۳±۰/۰۱ ^b	۲۶/۰۴±۰/۰۹ ^b	۳۴/۸۱±۰/۱۲ ^b	۴۹/۷۶±۰/۱۷ ^b

سال تولد	**	**	**	**
جنس بره* تیپ تولد	**	**	**	ns
سن مادر* تیپ تولد	**	ns	ns	ns
سن مادر* جنس بره	ns	*	*	ns

* و ** به ترتیب بیانگر معنی داری در سطح ۰/۰۵ و ۰/۰۱ و ns نشان دهنده عدم معنی دار بودن آماری است
میانگین‌های داخل هر گروه، به‌جز آن‌هایی که دارای حروف مشابه هستند از لحاظ آماری با هم اختلاف معنی دار دارند.

طبق نتایج به دست آمده وزن بدن این گوسفند از زمان تولد تا شیرگیری افزایش خوبی داشته، به طوری که از متوسط ۴/۹۴ کیلوگرم در زمان تولد به متوسط ۲۸/۶۳ کیلوگرم در زمان شیرگیری رسیده است. وزن بدن بعد از شیرگیری تا زمان یک سالگی نیز افزایش قابل ملاحظه‌ای داشت و میانگین وزن یک سالگی در این گوسفند به ۵۶/۰۳ کیلوگرم رسید که این امر نشان‌دهنده پتانسیل بالای رشد در این گوسفند بوده و شرایط مناسب مرتعی در فصول بهار و تابستان و جیره‌بندی متناسب با شرایط دام‌ها در این ایستگاه از دلایل عمده آن می‌باشد. همان‌طور که در جدول ۱ نشان داده شده است سن مادر برای همه صفات در سطح بالایی معنی دار بود ($P < 0/01$). علت معنی دار بودن اثر سن مادر بر صفات رشد احتمالاً به درجه تکامل رشد جسمی، وزن بدن، دستگاه تناسلی و تولید شیر بیشتر توسط مادر در سنین بالاتر مربوط می‌شود (۴). با توجه به جدول ۱ در مجموع میش‌های چهار و پنج ساله، بره‌های سنگین‌تری پرورش داده‌اند که این تفاوت را می‌توان مربوط به بلوغ جسمی میش‌ها دانست (۱). بره‌های تک قلو متولد شده در مقایسه با بره‌های دوقلو متولد شده، در همه سنین وزن بیشتری داشتند. تفاوت وزن تولد بره‌های تک‌قلو و دوقلو تا حدودی به شرایط محیطی داخل رحم و ظرفیت آن برای رشد و نمو بره‌های تک‌قلو در مقایسه با بره‌های دوقلو، ناکافی بودن میزان مواد غذایی در دسترس برای دوقلوها در طول دوره آبستنی، تفاوت در رفتار مادرانه و توانایی پرورش بره توسط میش مربوط می‌باشد (۵). وزن بره‌های نر در زمان تولد و تمامی وزن‌ها تا سن یک‌سالگی از بره‌های ماده بیشتر بود. علت معنی دار شدن اثر جنسیت بر صفات رشد تفاوت‌های فیزیولوژیک در دو جنس، اثر هورمون‌های جنسی و وجود تفاوت‌های ژنتیکی بین دام‌های نر و ماده می‌باشد که باعث رشد سریع‌تر حیوانات نر شده است، از طرفی بیشتر بودن وزن بدن و رشد روزانه بره‌های نر نیز در معنی دار شدن اثر جنسیت تأثیر دارد (۴). اثر سال تولد بر همه صفات مورد مطالعه در سطح خطای ($P < 0/01$) معنی دار بود. سال تولد به صورت، تغییرات در میزان بارندگی، رطوبت، دمای محیط، وجود علوفه و مدیریت، چگونگی پرورش مادران و میزان شیر تولیدی آن‌ها اثر کرده و به این ترتیب صفات تولد تا شیرگیری را به صورت مستقیم و صفات بعد از شیرگیری را به صورت غیر مستقیم تحت تأثیر قرار می‌دهد (۳). در مجموع بررسی اثر عوامل محیطی گویای اثر قابل توجه این عوامل بر بروز فنوتیپی صفات رشد می‌باشد.

منابع

۱. اسدی‌خشویی، الف. ۱۳۷۸. برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی صفات تولیدی و تعیین معیار انتخاب مناسب در گوسفند لری بختیاری. رساله دکتری علوم دامی، دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس. تهران. ۱۰۸ صفحه.
۲. حسینی، م. اسدی‌خشویی الف. میرایی‌آشتیانی ر. ۱۳۸۷. بررسی اثر عوامل محیطی روی صفات رشد بزغاله‌های سانن و سانن×بومی مودار شهرکرد. سومین کنگره علوم دامی کشور. مهر ماه ۱۳۸۷.

۳. رحیمی، ح. ۱۳۸۴. بررسی روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدی و تولیدمثلی در گوسفند لری بختیاری. پایان نامه کارشناسی ارشد علوم دامی. دانشکده کشاورزی. دانشگاه شهرکرد.
۴. طالبی، م. ع. ادریس م. ع. ۱۳۷۷. برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی مؤثر بر صفات قبل از شیرگیری بره‌های لری-بختیاری. مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۲۹، شماره ۲. صفحه ۳۲۵ تا ۳۳۳.
5. Ceyhan, A., T. Sezenler., I. Erdogan. 2009. The estimation of variance components for prolificacy and growth traits of Sakiz sheep. *Livestock Science* 122: 68-72.
6. Jafaroghli, M., A. Rashidi, M.S. Mokhtari., A.A. Shadparvar. 2010. (Co)Variance components and genetic parameter estimates for growth traits in Moghani sheep. *S. R. R.* 91: 170-177.
7. Jiang, D., Y. Zhang, K. Tian, L. Liu , X. Xu, Y. Zhang. 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 (2011) 278-288.
8. Lavvaf, A., A. Noshary. 2008. Estimation of genetic parameters and environmental factors on early growth traits for Lori breed sheep using single trait animal model. *Pakistan J, Anim. Sci.* 11: 74-79.
- The effect of some environmental factors on growth traits in Lori-bakhtiari sheep
Azar Rashedi Dehsahraei^{1*}, Jamal Fayazi², Mahmood Vatankhah³, Mohammad taghi beige nasiri², Mostafa Lotfi Farkhod⁴, korosh gholamhoseini⁵
۱*, 2 and 4, M.Sc. Assistant professor and Associate Professor in Genetics and Breeding, Ramin Agricultural and Natural Resources University, Animal Science Department. 3, Associate Professor-Genetics & Animal breeding -Department of Animal Science-Agriculture and Natural Resources Research Center Shahrekord. 5, Genomics Department Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran. 6, Shahrekord sheep breeding station .Email:

Azar.rashedi2010@yahoo.com

Abstract

In order to investigate the effect of some snvironmental factors on growth traits in Lori-bakhtiari sheep, 7721 records of birth weight, 7275 records of Weaning weigh, 5745 records of 6 month weight and 3088 records of yearling weight were collected from Shahrekord sheep breeding station during 1989-2012. The SAS statistical software was used to determine the effect of environmental factors. The results of this study showed that Environmental factors like birth year, sex, type of birth, and the age of mother have significant effect on all traits. Also The interaction between the sex of lamb- type of birth was significant for traits birth weight, Weaning weigh and 6 month weight The high level ($p < 0.01$). The interaction between the age of mother and type of birth significant for birth weight ($p < 0.01$) and The interaction between the age of mother and sex of lamb significant for 6 month weight ($p < 0.01$) and Weaning weigh ($p < 0.05$). Survey Fixed effects Tell Significant effects Environmental factors can be on the incidence of phenotypic growth traits. So if these factors the estimated of Breeding value for animals not

considered can be skewed significantly to the creation of and to comply with the calculated values of genetic trend Would be very far from reality.

Keywords: Lori-Bakhtiari sheep - Environmental factors - Growth traits

بررسی اثر عوامل محیطی بر صفات رشد گوسفند لری

فاطمه بیرانوند^{۱*}، جمال فیاضی^۲، محمد تقی بیگی نصیری^۳ و صادق اسدالهی^۴

۱ و ۲ و ۳ به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد، استادیار، دانشیار و دانشجوی دکتری گروه علوم دامی دانشگاه رامین خوزستان

*نویسنده مسئول: فاطمه بیرانوند، E mail: beiranvand_fatemeh@yahoo.com

چکیده:

شناسایی اثرات محیطی مؤثر بر صفات اقتصادی یکی از مهم‌ترین مراحل ارزیابی صحیح دام‌ها می‌باشد. با توجه به عدم وجود اطلاعات کافی در مورد گوسفند نژاد لری در این پژوهش اهمیت اثرات محیطی مؤثر بر صفات رشد این نژاد مشخص شده است. در این تحقیق از تعداد ۷۶۴۶ رکورد مربوط به گوسفند نژاد لری برای برآورد اثر عوامل محیطی مؤثر بر صفات رشد شامل وزن تولد، شیرگیری، شش ماهگی و نه ماهگی استفاده گردید. این داده‌ها طی سال‌های ۱۳۸۵ تا ۱۳۸۹ توسط سازمان جهاد کشاورزی استان لرستان جمع‌آوری شده است. اطلاعات بدست آمده مربوط به گله‌های کوچ‌رو بوده که نیمه‌ی اول سال در نواحی مرکزی و نیمه‌ی دوم سال را در قسمت‌های جنوبی استان لرستان سپری می‌کنند. ویرایش داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار FOXPRO صورت گرفته و برای برآورد اثر عوامل محیطی از رویه GLM نرم‌افزار SAS استفاده گردید. نتایج تحقیق نشان می‌دهد که جنس بره بر همه‌ی صفات رشد به جز وزن نه ماهگی اثر معنی‌داری دارد ($p < 0/05$). تیپ تولد با سه سطح تک قلو، دو قلو و چند قلو بر وزن تولد، از شیرگیری و شش ماهگی اثر معنی‌داری دارد ($p < 0/05$)، ولی بین تیپ‌های مختلف در وزن نه ماهگی اختلاف معنی‌داری وجود ندارد ($p > 0/05$). در این پژوهش گله در دو سطح یک و دو بررسی شد که مربوط به نواحی گرمسیر و سردسیر استان بود. گله اثر معنی‌داری بر همه‌ی صفات رشد داشت ($p < 0/05$). اثر سال - فصل بر روی همه صفات رشد اثر معنی‌داری داشت ($p < 0/05$).

کلمات کلیدی: عوامل محیطی - گله‌های کوچ‌رو - صفات رشد - گوسفند لری.

مقدمه:

گوسفند نژاد لری از قدیم الایام در استان لرستان، شمال استان خوزستان و ایلام و جنوب استان‌های کرمانشاه و همدان توسط عشایر و روستائیان پرورش داده می‌شود. گوسفند لری چند منظوره (گوشتی، شیری و پشمی) بوده و به شرایط سخت محیطی (شرایط دمایی نامساعد، مسیرهای طولانی و بیماری‌ها) مقاوم می‌باشد. گله‌های نژاد لری عمدتاً با قوچ‌های نژادهای لری بختیاری، افشاری، سنجابی و ترکاشوندی تلاقی یافته و به دلیل این آمیخته‌گری‌های کنترل نشده این نژاد در معرض خطر نابودی قرار گرفته است. ایجاد دام‌هایی با حداکثر توانایی در تولید گوشت، شیر و پشم از جمله دلایلی است که دامداران را به این عمل ترغیب می‌کند. پرورش‌دهندگان دام بایستی در موقعیتی باشند که بتوانند وزن نهایی حیوان را براساس وزن تولد یا شیرگیری آن‌ها پیش‌بینی کنند. هم‌چنین از نقطه نظر انتخاب، برای پرورش دهنده دانستن این مسأله حائز اهمیت است که چه میزان از تفاوت‌های مورد مشاهده از نظر وزن بدن، در دوره‌های مختلف رشد مربوط به تفاوت‌های ژنتیکی و یا اثرات محیطی می‌باشد. وزن تولد بیشتر تحت تأثیر عوامل ژنتیکی، ولی وزن شیرگیری اغلب تحت تأثیر شرایط محیطی قرار می‌گیرد (۱). با وجود اینکه رکوردهای معتبری از صفات تولیدی گوسفند لری به ویژه در زمینه ویژگی‌های رشد آن در مقایسه با سایر نژادها نظیر لری بختیاری وجود ندارد، تلاش در جهت شناخت منابع غیر ژنتیکی مؤثر بر صفات تولیدی می‌تواند از عوامل تأثیرگذار در پیشرفت ژنتیکی این نژاد باشد. لذا این تحقیق با هدف شناسایی اهمیت اثرات محیطی مؤثر بر صفات رشد گوسفند لری انجام شده است.

مواد و روش‌ها:

در این تحقیق از تعداد ۷۶۴۶ رکورد مربوط به گوسفند نژاد لری برای برآورد اثر عوامل محیطی مؤثر بر صفات رشد شامل وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن شش ماهگی و وزن نه ماهگی استفاده گردید. این داده‌ها طی سال‌های ۱۳۸۵ تا ۱۳۸۹ توسط سازمان جهاد کشاورزی استان لرستان، بخش علوم دامی جمع‌آوری شده است. برای ویرایش داده‌ها از نرم‌افزار FOXPRO استفاده گردید و داده‌های غیرمعمول وارد آنالیز نشدند. بخشی از ویرایش داده‌ها شامل نرمال کردن وزن در سنین مختلف بود. وزن دام در سنین مختلف با استفاده از فرمول زیر تصحیح شد:

$$\text{وزن تولد} + ۹۰ \times \frac{\text{وزن تولد} - \text{وزن}}{\text{سن در زمان وزن کشی}} = \text{وزن تصحیح شده برای ۳ ماهگی}$$

$$\text{وزن تولد} + ۱۸۰ \times \frac{\text{وزن تولد} - \text{وزن}}{\text{سن در زمان وزن کشی}} = \text{وزن تصحیح شده برای ۶ ماهگی}$$

$$\text{وزن تولد} + ۲۷۰ \times \frac{\text{وزن تولد} - \text{وزن}}{\text{سن در زمان وزن کشی}} = \text{وزن تصحیح شده برای ۹ ماهگی}$$

برآورد اثر عوامل محیطی با استفاده از رویه GLM نرم‌افزار SAS صورت گرفت. مدل آماری مورد استفاده به صورت زیر می‌باشد:

$$Y = \mu + \text{Sex} + B \text{ Type} + \text{Herd} + \text{Year-Season} + e$$

در این مدل Y مشاهدات مربوط به صفات رشد، μ میانگین جامعه، Sex اثر ثابت جنس که دارای دو سطح است، B Type اثر تیپ تولد که در سه سطح بررسی می‌شود، Herd اثر گله با دو سطح است، Year-Season اثر سال-فصل با هشت سطح می‌باشد و e اثر تصادفی باقیمانده می‌باشد. ضمناً مقایسه میانگین سطوح اثرات ثابت به روش حداقل مربعات معنی‌داری با سطح احتمال ۵ درصد آزمون گردید.

نتایج و بحث:

با توجه به نتایج جدول شماره ۱، جنس اثر معنی‌داری بر روی وزن تولد، وزن از شیرگیری و وزن شش ماهگی داشته ($p < 0/05$) ولی بین دو جنس نر و ماده در وزن نه ماهگی اختلاف معنی‌داری وجود نداشت ($p > 0/05$). نتایج بدست آمده در این پژوهش با گزارشات تیرونکادان^{۱۲۲} و همکاران (۵)، شکرالهی و همکاران (۴) مطابقت دارد. تفاوت در کروموزم‌های جنسی، احتمالاً در موقعیت ژن‌های مربوط به رشد، کاراکترهای فیزیولوژیکی، تفاوت در سیستم هورمونی درون ریز^{۱۲۳} (نوع و اندازه‌ی هورمون‌های ترشحی به ویژه هورمون‌های جنسی) منجر به ایجاد تفاوت در رشد حیوانات می‌گردد. هورمون استروژن تأثیر محدودی را بر رشد استخوان‌های بلند در جنس ماده دارد. این یکی از دلایلی است که جنس ماده بدن کوچکتر و وزن کمتری نسبت به جنس نر دارا می‌باشد (۳). تیپ تولد، یکی از اجزا اصلی تولید در گوسفند است. با وجود اینکه ضریب وراثت پذیری پایینی دارد، تغییرپذیری ژنتیکی بالایی بین و درون نژادها دارد. این تغییرپذیری به وضوح نشان داده شده و مورد ارزیابی قرار گرفته است (۲). نتایج نشان می‌دهد که بره‌های تک قلو در این پژوهش وزن تولد بالاتری نسبت به بره‌های دو قلو و بره‌های سه و چهار قلو داشتند ($p < 0/05$). بین وزن از شیرگیری و شش ماهگی بره‌های تک قلو و چند قلو نیز اختلاف معنی‌داری وجود داشت و بره‌های تک قلو با وزن بالاتری از شیر گرفته شدند. با افزایش سن، بره‌هایی که به صورت چند قلو متولد شده‌اند کاهش

¹²²Thiruvankadan

¹²³ Endocrine

وزن خود را جبران کرده و در سن ۹ ماهگی تفاوت وزنی با بره‌های تک قلو نخواهند داشت. در گله‌های مردمی به ویژه گله‌های عشایری استان لرستان اغلب زایش‌ها در نیمه‌ی دوم سال یعنی زمانی که گله‌ها در نواحی گرمسیر (شهرستان پلدختر واقع در جنوب استان) هستند صورت می‌گیرد. بنابراین زمان از شیرگیری بره‌ها مصادف با آغاز بهار و ورود آنها به نواحی خرم‌آباد و الشتر می‌باشد. در این پژوهش اثر سال و فصل در کنار هم قرار داده شده و به تبع آن هر سال از دو سطح یک و دو تشکیل می‌شود که شامل فصل گرم (سطح ۱) و فصل سرد (سطح ۲) می‌باشد. اثر سال- فصل پس از انجام ویرایش در ۸ سطح مورد بررسی قرار گرفت. بره‌های متولد شده در فصل بهار و تابستان (سطح ۱) در سال‌های ۸۶ و ۸۹ وزن تولد بالاتری نسبت به بره‌های متولد شده در نیمه‌ی دوم این سال‌ها داشتند. سال‌های مختلف اثر معنی‌داری بر وزن از شیرگیری داشته که در نتیجه‌ی شرایط آب و هوایی و وضعیت بارندگی در این سال‌ها می‌باشد ولی فصول گرم و سرد در یک سال بر وزن از شیرگیری اثر معنی‌دار نداشت ($p < 0.05$). اثر سال- فصل بر وزن شش و نه ماهگی معنی‌دار بود ($p < 0.05$). اثر گله در دو سطح یک و دو مورد مطالعه قرار گرفت. گله شماره یک مربوط به شهرهای خرم‌آباد و الشتر و گله‌ی دوم مربوط به شهرستان پلدختر بود. وزن تولد و از شیرگیری بره‌هایی که در خرم‌آباد متولد شدند از وزن تولد و از شیرگیری بره‌هایی که در پلدختر متولد شدند بالاتر بود که نشان دهنده وضعیت آب و هوایی مناسب‌تر و قابلیت دسترسی بیشتر گله‌ها به مراتع طبیعی در زمان حضورشان در خرم‌آباد است. اثر گله بر روی وزن شش و نه ماهگی نیز معنی‌دار بود و وزن بره‌های گله‌ی شماره دو بالاتر از گله یک بود ($p < 0.05$). تعداد مشاهدات، میانگین و انحراف معیار صفات رشد در جدول دو منظور گردیده است.

جدول ۱. میانگین سطوح مختلف اثرات محیطی مؤثر بر صفات رشد گوسفند لری

اثر/صفت	وزن تولد	وزن از شیرگیری	وزن شش ماهگی	وزن نه ماهگی
تیپ تولد				
یک قلو	$3/25 \pm 0/06^a$	$24/89 \pm 0/08^a$	$37/42 \pm 0/15^a$	$50/03 \pm 0/06^a$
دوقلو	$2/52 \pm 0/04^b$	$22/21 \pm 0/02^c$	$34/92 \pm 0/42^b$	$49/35 \pm 0/32^a$
چند قلو	$2/33 \pm 0/02^c$	$23/12 \pm 0/05^b$	$32/23 \pm 0/31^c$	$50/12 \pm 0/22^a$
جنس بره				
نر	$2/86 \pm 0/05^a$	$24/02 \pm 0/09^a$	$37/02 \pm 0/11^a$	$51/14 \pm 0/16^a$
ماده	$2/42 \pm 0/07^b$	$23/21 \pm 0/01^b$	$35/23 \pm 0/22^b$	$49/59 \pm 0/39^a$
گله				
یک	$2/88 \pm 0/13^a$	$24/47 \pm 0/02^a$	$34/31 \pm 0/03^b$	$49/18 \pm 0/27^b$
دو	$2/49 \pm 0/06^b$	$22/77 \pm 0/10^b$	$37/06 \pm 0/27^a$	$53/77 \pm 0/73^a$
سال- فصل				
۸۵۲	$3/03 \pm 0/14^b$	$20/84 \pm 0/08^c$	$34/86 \pm 0/19^b$	$48/05 \pm 0/38^b$
۸۶۱	$3/39 \pm 0/17^a$	$27/09 \pm 0/08^a$	$35/75 \pm 0/28^a$	$54/64 \pm 0/55^a$
۸۶۲	$2/93 \pm 0/11^{cd}$	$19/94 \pm 0/01^c$	$35/41 \pm 0/04^a$	$55/01 \pm 0/13^a$

۵۴/۵۴±۰/۳۶ ^a	۳۶/۰۹±۰/۰۳ ^a	۱۹/۷۹±۰/۰۴ ^c	۲/۸۳±۰/۱۳ ^c	۸۷۲
۵۵/۶۸±۰/۱۷ ^a	۳۵/۶۴±۰/۲۳ ^a	۲۷/۷۷±۰/۰۷ ^a	۲/۵۸±۰/۱۱ ^e	۸۸۱
۵۴/۲۳±۰/۵۸ ^a	۳۶/۰۳±۰/۱۳ ^a	۲۸/۰۸±۰/۱۱ ^a	۲/۷۰±۰/۱۲ ^d	۸۸۲
۵۴/۸۷±۰/۵۲ ^a	۳۵/۰۵±۰/۴۳ ^a	۲۶/۱۲±۰/۰۷ ^b	۲/۱۲±۰/۰۹ ^f	۸۹۱
۴۳/۴۱±۰/۳۹ ^c	۳۵/۲۳±۰/۳۴ ^a	۲۳/۶۷±۰/۰۹ ^b	۲/۰۳±۰/۰۹ ^f	۸۹۲
۲۶/۵۷				ضریب تغییرات
۲۶/۱۶				(درصد)
۲۱/۳۳				
۲۰/۶۲				

میانگین‌های با حروف نامشابه در سطح ۵ درصد تفاوت معنی‌دار ندارند.

جدول ۲. تعداد مشاهدات و انحراف معیار صفات رشد

میانگین و انحراف معیار	تعداد مشاهدات	صفت
۳/۰۴±۰/۰۱	۷۶۴۶	وزن تولد
۲۱/۵۹±۰/۱۱	۳۳۶۲	وزن شیرگیری
۳۶/۷۹±۰/۷۱	۱۸۰۱	وزن شش ماهگی
۴۹/۸۹±۰/۵۱	۴۲۶	وزن نه ماهگی

منابع:

ادریس، م و خسروی‌نیا، ح. ۱۳۷۹. مقدمه‌ای بر اصلاح نژاد دام. انتشارات دانشگاه صنعتی اصفهان، ص ۱۳۱-۲۰.

1. Lavvaf, A and A. Noshary. 2008. Estimation of genetic parameters and environmental factors on early growth traits for Lori breed sheep using single trait animal model. Pakistan J Anim.Sci;11(1):74-9.
2. Rashidi, A., Mokhtari, MS., Safi Jahanshahi, A. MohammadAbadi, MR. 2008. Genetic parameter estimates of pre-weaning growth traits in Kermani sheep. Small Rumin. Res. 74: 165-171.
3. Shokrollahi and H. Baneh. 2012. (Co)variance components and genetic parameters for growth traits in Arabi sheep using different animal models. Genetics and Molecular Research 11 (1): 305-314.
4. Thiruvenkadan, A. K., Chinnamani, K., Muralidharan, J. and K. Karunanithi. (2008). Effect of non-genetic factors on birth weight of Mecheri sheep of India. Mecheri Sheep Research Station, Pottaneri- 636 453, Tamil Nadu, India.B.

Effect of Environmental Factors on Growth Traits in Lori Sheep

Beiranvand, F*¹., Fayazi, J²., Beigi Nasiri, M. T³ and Sadegh Asadolahi⁴

1, 2, 3 and 4 , MsC student, assistant professor, associate professor and Ph.D student
Department of animal Sciences, Ramin Agriculture and Natural Resources University,
Mollasani, Khoozestan, Iran

* Corresponding E-mail address: E mail:beiranvand_fatemeh@yahoo.com

Abstract:

Identification of environmental effects influencing economic traits in domestic animals is important for accurate evaluation. Due to lack of enough information about Lori sheep, in this study the environmental effects affecting growth traits in this breed has been determined. For estimating the effect of environmental factors affecting Lori sheep growth traits including birth weight, weaning, six months and nine months weight, 7646 records were used. The data were collected during years 2006 to 2010 by Agriculture Organization of Lorestan Province. The information obtained is related to migrating herds that spend the first and second half of the year in the central and southern part of province respectively. Data editing was performed using the Foxpro software. The GLM procedure of SAS software was used to estimate the effect of environmental factors. The results show that the sex of lamb had a significant effect on all growth traits except the nine months weight ($p < 0/05$). With three levels for litter size including singleton, twin and multiple, it had a significant effect on weaning and six months ($p < 0/05$), but between different levels of litter size, there is no significant difference in nine months weight. In this study, Herds were examined at two levels of tropical and cold region of the province. Herds had a significant effect on all growth traits ($p < 0/05$). Season- year has a significant effect on all growth traits.

key words: environmental factors- migrating herds- growth traits- Lori sheep.

بررسی اثر پلی مورفیسم ژن FABP4 بر پروفایل لیپیدی خون در گوسفندان آمیخته افشاری × برولامرینو
لیلا زاهدی*^۱ و طاهر هرکی نژاد^۲

۱-دانش آموخته کارشناسی ارشد و ۲- استادیار گروه علوم دامی دانشگاه زنجان

* نویسنده مسئول: لیلا زاهدی، zahedi.leila@znu.ac.ir

چکیده

هدف از انجام این پژوهش بررسی تأثیر چندشکلی آلی ژن FABP4 گوسفند بر روی پروفیل چربی خون بود. برای این منظور تعداد ۹۷ رأس از بره‌های نر با سن تقریباً یکسان گله اصلاح نژادی گوسفندان آمیخته افشاری × برولامرینو مزرعه آموزشی-پژوهشی دانشگاه زنجان مورد استفاده قرار گرفت. جهت تهیه پلاسما و استخراج DNA خونگیری از سیاهرگ و داج انجام گرفت. غلظت تری‌گلیسرید، کلسترول، HDL، LDL و VLDL اندازه‌گیری شد. جهت بررسی چندشکلی، قطعه ۳۵۰ bp ناحیه اگزون یک ژن FABP4 با استفاده از PCR تکثیر گردید. با استفاده از تکنیک SSCP و به دنبال آن نتایج تعیین توالی پنج ژنوتیپ GG، GA، AA، CC و DD مشخص گردید. بین ژنوتیپ‌های مختلف از لحاظ کلسترول، تری‌گلیسرید، HDL و VLDL تفاوت معنی‌داری در سطح پنج درصد مشاهده نشد. اما میانگین LDL ژنوتیپ‌های CC و AA از لحاظ آماری ($P < 0.05$) تفاوت معنی‌داری داشتند.

واژه‌های کلیدی: چندشکلی - ژن FABP4 - گوسفند افشاری - پروفیل چربی خون

مقدمه

پروتئین متصل شونده به اسیدچرب بافت آدیپوز (FABP4) متعلق به خانواده‌ای از پروتئین‌های متصل شونده به اسیدچرب سیتوپلاسمی است. این پروتئین‌ها بر اساس بافتی که اولین بار در آن شناخته شده‌اند، نامگذاری شده‌اند. FABP4 منحصراً در بافت چربی و ماکروفاژها بیان می‌گردد (۵). اعضای این خانواده پروتئینی میل ترکیبی زیادی با لیگاندهای آب‌گریز کوچک نشان می‌دهند. میل ترکیبی اسیدهای چرب با FABPها، ارتباط مستقیم با آب‌گریزی آنها دارد، بنابراین 16:1Δ9 و 18:1Δ9 میل ترکیبی کمتری نسبت به پیش‌سازهای آنی آنها 16:0 و 18:0 دارند (۴) و بدین ترتیب بر ترکیب اسیدهای چرب تأثیر گذار خواهند بود. ترکیب اسیدهای چرب به یک صفت مهم اقتصادی در صنعت تولید گوشت بدل شده است. غلظت‌های بالای اسیدچرب با یک پیوند غیراشباع (MUFA) در بافت چربی موجب کاهش نقطه ذوب چربی و در نتیجه عطر و طعم بهتر گوشت می‌شود. همچنین می‌تواند موجب کاهش غلظت LDL-کلسترول در گردش گردد (۳)، و پارامترهای لیپیدی خون را تحت تأثیر قرار دهد. درک مسیرهای متابولیکی لیپید و نقش پروتئین‌های درگیر در این واکنش‌ها ممکن است به درک بهتر چگونگی کنترل انباشت چربی و کلسترول مازاد کمک کند (۱). به دلیل اینکه میزان بیان ژن ممکن است در پاسخ عناصر پرموتر شدیداً تحت تأثیر جهش/ SNP باشد، این پژوهش با هدف بررسی تأثیر چندشکلی ژن FABP4 روی پروفایل چربی خون گوسفندان انجام شد.

مواد و روش‌ها

جهت اجرای تحقیق تعداد ۹۷ رأس بره نر ۱۱ ماهه افشاری موجود در گله اصلاح نژادی گوسفند افشاری مزرعه آموزشی - پژوهشی دانشگاه زنجان مورد استفاده قرار گرفتند. از آنها نمونه خون گرفته شد و جهت تهیه پلاسما در دور $200 \times g$ در دمای $4^\circ C$ سانتریفوژ گردید. DNA ژنومی با روش فنل - کلروفرم استخراج شد. غلظت تری- گلیسرید و کلسترول کل در پلاسما به روش اسپکتوفتومتری و میزان HDL-کلسترول به روش رسوبی اندازه گیری شد. مقدار VLDL و LDL با معادلات زیر برآورد گردید.

$$VLDL = TG/5$$

$$LDL = (HDL + VLDL) - \text{کلسترول}$$

توالی آغازگرهایی که برای تکثیر یک قطعه ۳۵۰ bp از آگزون ۱ در نظر گرفته شده اند به صورت زیر است:

F: 5' CAAGGAGAGCCAAAGTTGAG 3'

R: 5' CTAGAGAAAAAGTTATAAGCCCAG 3'

هر مخلوط واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR) ($50 \mu l$) شامل ۱۶ پیکو مول از هر پرایمر، ۵۰ نانوگرم DNA ژنومیک، ۰/۸ IU تک پلیمرز، $0.1 \mu l$ تک بافر PCR، $200 \mu M$ از هر dNTP (سینازن)، $2 mM$ $MgCl_2$ و $50 mM$ KCl بود. برنامه حرارتی مناسب برای آغازگر مورد مطالعه به صورت: واسرشته سازی اولیه در $95^\circ C$ درجه سانتیگراد به مدت ۵ دقیقه و ۳۰ سیکل شامل: واسرشته سازی در $95^\circ C$ درجه سانتیگراد به مدت ۵۰ ثانیه، اتصال آغازگرها در دمای $58^\circ C$ درجه سانتیگراد به مدت ۴۰ ثانیه و مرحله بسط در دمای $72^\circ C$ درجه سانتیگراد به مدت ۵۰ ثانیه انتخاب و بسط نهایی در دمای $72^\circ C$ درجه سانتیگراد به مدت ۵ دقیقه در نظر گرفته شد. برای تأیید تکثیر قطعه مورد نظر ۵ میکرولیتر از محصول PCR با ۳ میکرولیتر بافر بارگذاری با ولتاژ ۹۰ به مدت ۴۵ دقیقه بر روی ژل آگارز ۱/۵ درصد الکتروفورز شدند.

برای انجام SSCP، نمونه ها به مدت ۱۳ دقیقه در دمای $95^\circ C$ درجه سانتیگراد در دستگاه PCR واسرشته شدند. سپس بلافاصله نمونه ها در داخل یخ قرار گرفتند تا از اتصال مجدد رشته های مکمل جلوگیری شود. برای مشاهده ژنوتیپ ها از دستگاه الکتروفورز عمودی و از ژل اکریل آمید ۱۰٪ استفاده شد. و با ولتاژ ۱۵۰ به مدت ۲۴ ساعت در دمای اتاق و با بافر TBE 1X، الکتروفورز شد. برای مشاهده ژنوتیپ ها از روش رنگ آمیزی نیترا نقره استفاده شد. سپس از ژنوتیپ های مشاهده شده تعدادی نمونه توالی یابی گردید. ارتباط داده های حاصل از اندازه گیری پروفایل خون و نتایج چندشکلی ژن مذکور با در نظر گرفتن اثر ژنوتیپ به عنوان اثر ثابت، طبق مدل آماری زیر توسط نرم افزار SAS انجام شد.

$$Y_{ij} = \mu + G_i + e$$

نتایج

پس از انجام PCR و تکثیر قطعه مورد نظر از ژن FABP4، باند مربوطه بر روی ژل آگارز ظاهر گشت و بدین ترتیب کیفیت تکثیر قطعه ۳۵۰ bp تأیید شد. نمونه های تکثیر شده توسط PCR، با استفاده از تکنیک SSCP تعیین ژنوتیپ شده و مورد آنالیز قرار گرفتند. الکتروفورز محصولات PCR واسرشته شده بر روی ژل اکریل آمید، پنج الگوی بانندی را نشان داد. طبق نتایج حاصل از تجزیه واریانس فراسنجه های خونی مربوط به گروه های ژنوتیپی، ژنوتیپ های مختلف کلسترول، تری گلیسرید، HDL و

VLDL تفاوت معنی داری در سطح پنج درصد مشاهده نشد. اما همان طور که در جدول ۱ مشاهده می گردد، میانگین LDL برای ژنوتیپ CC و AA به ترتیب برابر ۱۳/۸ و ۲۷/۹ میلی مول بر لیتر بوده که از لحاظ آماری در سطح پنج درصد تفاوت معنی دار داشته است. ترکیب اسیدهای چرب و تری گلیسیرید به میزانی متغیر تحت تأثیر FABP4 می باشد. ممکن است کمتر گزارش شده باشد که FABP4 بر پارامترهای ذکر شده تأثیری بگذارد، اما از آنجایی که وظیفه این پروتئین انتقال اسیدهای چرب در داخل سلول می باشد می تواند بر ترکیب اسیدهای چرب اثر گذار باشد. بافت چربی گاوهای سیاه ژاپنی میزان بیشتری MUFA نسبت به نژادهای هلشتاین، قهوه ای ژاپنی و یا شاروله دارند. این نتایج نشان دهنده این است که ترکیب اسیدهای چرب توسط عوامل ژنتیکی کنترل می شود (۶). به علاوه در تحقیقی که بر روی بیماران دیابتی نوع دو انجام شده است، مشخص شد در این افراد FABP4 همبستگی مثبتی با تری گلیسیرید پلاسما، آپولیپوپروتئین و همه ترکیبات تری گلیسیریدی شامل تری گلیسیریدهای VLDL، کلاسترول - VLDL و VLDL apoB دارد و به طور عکس با کلاسترول - HDL همبستگی دارد (۲). تحقیقات بیشتری نیاز است تا اثر ژنوتیپ های مختلف این ژن بر خصوصیات چربی داخل عضلانی و کیفیت گوشت مشخص گردد.

جدول ۱- تجزیه واریانس فراسنجه های خونی.

SE	P Value	ژنوتیپ					صفت
		AA	GG	CC	AG	DD	
۱/۱۵	۰/۷۸	۴۶	۴۴/۷۲	۴۳/۶	۴۸/۶۱	۴۷/۳	(mmol/l) کلاسترول
۰/۶۵	۰/۹۸	۱۹/۳۳	۱۸/۲	۲۰	۱۹	۱۸/۷۹	تری - (mmol/l) گلیسیرید
۰/۱۳	۰/۹۸	۳/۸۶	۳/۶۴	۴	۳/۸	۳/۷۵	(mmol/l) VLDL
۱/۲۳	۰/۳۶	^a ۲۷/۹	^{ab} ۱۷/۳۲	^b ۱۳/۸	^{ab} ۲۰/۵۶	^{ab} ۱۸/۸	(mmol/l) LDL
۰/۵۵	۰/۸۷	۲۸/۶	۲۷/۴	۲۵/۸	۲۶/۳۹	۲۷	(mmol/l) HDL

منابع

1. Bergen, W. G. & Burnett, D. D. (2012). Topics in transcriptional control of lipid metabolism: from transcription factors to gene-promoter polymorphisms. *Journal of Genomics*, 1,13-21.
2. Cabré, A., Lázaro, I., Girona, J., Manzanares, J. M., Marimón, F., Plana, N., Heras, M. & Masana, L. (2008). Plasma fatty acid binding protein 4 is associated with atherogenic dyslipidemia in diabetes. *Journal of Lipid Research*, 49, 1746-1751.

3. Hoashi, S., Hinenoya, T., Tanaka, A., Ohsaki, H., Taniguchi, M., Oyama, K., Mukai, F. & Mannen, H. (2008). Association between fatty acid compositions and genotypes of FABP4 and LXR-alpha in Japanese Black cattle. *BioMed Central Genetics*, 9, 84-90.
4. Storch, J. & McDermott, L. (2009). Structural and functional analysis of fatty acid-binding proteins. *Journal of Lipid Research*, 50, S126-S131.
5. Wang, Q., Tianzhu, G., Hui, L. & Bernlohr, D. A. (2009). A novel polymorphism in the chicken adipocyte fatty acid-binding protein gene (FABP4) that alters ligand-binding and correlates with fatness. *Comparative Biochemistry and Physiology, Part B*. 154, 298-302.
6. Zembayashi, M., Nishimura, K., Lunt, D. K. & Smith, S. B. (1995). Effect of breed type and sex on the fatty acid composition of subcutaneous and intramuscular lipids of finishing steers and heifers. *Journal of Animal Science*, 73, 3325-3332.

The association of Fatty Acid Binding Protein 4 gene polymorphism on blood lipid profile in
Afshari×Booroola Merino crosses lambs

Leila Zahedi^{1*}, Taher Harkinezhad²

1, 2 MSc Graduated Student, Assistant Prof., Dept. of animal Scenes of Zanjan University

* Corresponding E-mail address: zahedi.leila@znu.ac.ir

Abstract

This study aimed to investigate association between polymorphism in FABP4 and blood lipid profiles in Afshari x Broola Merino cross lambs. To do this, a study was conducted using 97 male lambs. Lambs were at similar age before slaughtering. For plasma preparation and DNA extraction, CIA jugular blood sampling was performed. Concentrations of triglycerides, cholesterol, HDL, LDL and VLDL were measured. To identify different genotypes SSCP procedure were implicated on PCR products. Five different genotypes were found according to the bands on non-denaturing polyacrylamide gel namely; GG, GA, AA, CC and DD. Results indicated no significant association between the genotypes in cholesterol, triglycerides, HDL and VLDL level. But the average level of LDL for CC and AA genotypes was significantly ($0.05 < P$) different.

The key word: Polymorphism - FABP4 gene- Afshari sheep - blood lipid profiles.

برآورد روند ژنتیکی برخی از صفات تولیدمثلی ترکیبی در گوسفند مهربان

روح اله اصلانی^{۱*}، پویا زمانی^۲، احمد احمدی^۲، علی اصغر ساکی^۲، ملیحه امیرآبادی^۱

۱- دانشجویان کارشناسی ارشد علوم دامی دانشگاه بوعلی سینا، همدان، ۲- اعضای هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه بوعلی

سینا، همدان

* نویسنده مسئول: روح اله اصلانی، r.asslani.57@gmail.com

چکیده

در این پژوهش از داده‌های مربوط به وزن بدن و صفات تولیدمثلی گوسفند مهربان که توسط معاونت امور دام استان همدان در طی سال‌های ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۹ جمع‌آوری شده بود برای برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدمثلی ترکیبی استفاده شد. با استفاده از الگوریتم میانگین اطلاعات بیشترین درست‌نمایی محدود شده (AIREML) و مدل‌های حیوانی تک متغیره، بهترین پیش‌بینی خطی ناریب (BLUP) از ارزش‌های اصلاحی صفات به دست آمد. روندهای ژنتیکی بر اساس ضریب تابعیت ارزش‌های اصلاحی از سال تولد برآورد شدند. روندهای ژنتیکی صفات میانگین وزن تولد در هر زایش، مجموع وزن تولد در هر زایش، میانگین وزن تولد در هر سال، مجموع وزن تولد در هر سال، میانگین وزن از شیرگیری در هر زایش، مجموع وزن از شیرگیری در هر زایش، میانگین وزن از شیرگیری در هر سال و مجموع وزن از شیرگیری در هر سال به ترتیب، ۰/۱۴، -۰/۰۸، ۰/۰۹، ۰/۱۴، -۰/۰۶، ۱/۴ و ۲/۶ گرم در سال برآورد گردید. روندهای ژنتیکی برای همه صفات به جز صفت میانگین وزن تولد در هر زایش (۰/۱۴-) معنی دار نبود. این نتایج نشان‌دهنده عدم وجود برنامه مناسب اصلاح نژادی برای بهبود بازده تولید مثلی گوسفندان مهربان در سالیان گذشته است.

واژگان کلیدی: روند ژنتیکی - صفات تولیدمثلی - مدل حیوانی - گوسفند مهربان

مقدمه

توجه به بازده تولیدمثلی به منظور افزایش بهروری در گوسفند از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است در واقع یکی از اجزای بیولوژیکی مهم در تولید گوشت علاوه بر رشد، صفات تولید مثلی بوده لذا بازده پرورش گوسفند به مقدار زیادی تابع تولید مثلی می‌شود (۴).

□□□□□□ دو عامل عمده برای بهبود بازده تولیدمثلی ارائه گردیده است: الف) تصحیح شرایط محیطی، □□□□ ب) استفاده از علم ژنتیک و اصلاح نژاد (۷). از آنجا که سودمندی حاصل از انتخاب ژنتیکی که در طول زمان انجام می‌شود، به صورت تجمعی است، لذا برنامه‌های اصلاح نژادی، نسبت به بهبود شرایط محیطی برتری پیدا کرده است (۱).

برای نشان دادن کارآمدی یا نا کارآمدی یک برنامه اصلاح نژادی در جامعه‌ای که انتخاب انجام شده و جفت‌گیری بین حیوانات بر اساس خصوصیات ژنتیکی آنها برنامه‌ریزی می‌گردد، لازم است تغییرات حاصل در میانگین ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی جامعه در اثر انتخاب بررسی شود. از این رو معمولاً روند ژنتیکی برای انتخاب مورد بررسی قرار می‌گیرد (۳). باتوجه

به اینکه تاکنون هیچ پژوهشی در رابطه با روند ژنتیکی صفات تولیدمثلی در گوسفند مهربان انجام نشده است، لذا برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدمثلی گوسفند مهربان برای ارزیابی برنامه های اصلاح نژادی در این نژاد ضروری است. □

مواد و روش ها

در این پژوهش ۳۲۲۷۷ رکورد وزن بدن گوسفندان مهربان که توسط معاونت امور دام استان همدان در طی سال های ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۹ جمع آوری شده بود برای برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدمثلی ترکیبی شامل میانگین و مجموع وزن تولد در هر زایش، میانگین و مجموع وزن تولد در هر سال، میانگین و مجموع وزن از شیرگیری در هر زایش و میانگین و مجموع وزن از شیرگیری در هر سال مورد استفاده قرار گرفتند. داده ها با کمک نرم افزارهای Excel و Access ویرایش شدند. معنی دار بودن اثرات ثابت شامل گله- سال- فصل و سن میش بر صفات مختلف به وسیله تجزیه مدل های خطی تعمیم یافته و با کمک نرم افزار SAS بررسی شد (۹).

برآورد مولفه های واریانس و پارامترهای ژنتیکی و همچنین ارزش اصلاحی دام ها برای صفات مختلف با استفاده از الگوریتم میانگین اطلاعات بیشترین در دستمایی محدود شده (AIREML) و با کمک مدل حیوانی زیر انجام شد:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2pe + e$$

آن:

y: بردار مشاهدات برای هر یک از صفات مورد استفاده. b: بردار اثر عوامل ثابت (گله- سال- فصل برای همه صفات و سن میش برای صفات میانگین و مجموع وزن تولد در هر زایش، مجموع وزن تولد و میانگین و مجموع وزن شیرگیری در هر سال ، a: بردار اثر عوامل تصادفی ژنتیکی افزایشی، pe: بردار اثرات تصادفی محیط دایمی، e: بردار اثرات تصادفی باقیمانده و Z_1 و Z_2 : ماتریس های طرح می باشند. مدل های حیوانی به صورت تک صفتی تجزیه شدند. برای این منظور نرم افزار WOMBAT مورد استفاده قرار گرفت. روندهای ژنتیکی بر اساس ضریب تابعیت ارزش های اصلاحی از سال تولد برآورد شدند.

نتایج و بحث

نتایج بدست آمده نشان می دهد که روند ژنتیکی برای تمامی صفات به جز صفت میانگین وزن تولد در هر زایش (۰/۱۴-) معنی دار نبوده است (جدول و نمودارهای ذیل).

روند ژنتیکی برآورد شده برای صفات مورد بررسی (گرم در سال)			
صفت	روند ژنتیکی	P	R ²
میانگین وزن تولد در هر زایش	-۰/۱۴	۰/۰۴۴۴	۰/۲۰۶
مجموع وزن تولد در هر زایش	۰/۱۴	۰/۶۲۷۳	۰/۰۱۳۴
میانگین وزن تولد در هر سال	-۰/۰۸	۰/۱۶۵۸	۰/۱۰۳۹
مجموع وزن تولد در هر سال	۰/۰۹	۰/۵۰۲۴	۰/۰۲۵۴
میانگین وزن از شیرگیری در هر زایش	-۱/۴	۰/۱۹۸۹	۰/۰۹۵۱
مجموع وزن از شیرگیری در هر زایش	۰/۶	۰/۷۴۴۱	۰/۰۰۶۴

۰/۰۴۸۵	۰/۳۶۴۹	-۱/۴	میانگین وزن از شیرگیری در هر سال
۰/۰۶۴۹	۰/۲۹۲۵	۲/۶	مجموع وزن از شیرگیری در هر سال

محققین مختلفی نیز غیر معنی دار بودن روند ژنتیکی صفات تولیدمثلی را گزارش کرده اند. از جمله وطن خواه و همکاران در یک تحقیق برای صفات اقتصادی میش درگوسفند لری بختیاری نشان دادند که روند ژنتیکی صفات تولیدمثلی معنی دار نبود (۵). همچنین طی بررسی انجام شده روی گوسفندان مغانی روند ژنتیکی صفات تولید مثلی بسیار کم و نزدیک به صفر گزارش شد (۲). بارفنینگ و همکاران با بررسی تغییرات ژنتیکی میزان تولیدمثل درگوسفندان رامبویه نشان دادند که انتخاب برای یک دوره ۱۸ ساله برای شاخص تولیدمثلی پاسخ مناسبی به انتخاب نشان داد (۶). در بررسی انجام شده طی یک دوره ۲۱ ساله (۱۹۷۷-۱۹۹۸) درگوسفند پلیپی، برای صفات، وزن تولد و وزن از شیرگیری، ارزش اصلاحی برآورد شده روندرو به افزایشی داشته است (۸). نبود روند خاص و معنی دار نبودن روند ژنتیکی بیشتر صفات مورد بررسی نشان دهنده نبود اهداف و معیار انتخاب مشخص در هر یک از صفات مورد بررسی است به عبارت دیگر به نظر می رسد که تاکنون در گوسفندان مهربان برنامه مناسبی در خصوص اصلاح و بهبود ژنتیکی صفات تولید مثلی ترکیبی اجرا نشده است. این نتایج نشان دهنده لزوم طرح ریزی برنامه های اصلاح نژادی در جهت بهبود ژنتیکی مناسب صفات می باشد.

نمودارهای زیر روند تغییرات ارزشهای اصلاحی صفات مختلف را به تفکیک سال تولد نشان میدهند.



منابع:

۱. اسدی خشویی، ا. ۱۳۷۸. برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی صفات تولیدی و معیارانتخاب مناسب درگوسفند لری بختیاری. رساله دکتری علوم دامی. دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس.
۲. ساورسغلی، س.، عباسی، م. ع.، نجاتی جوارمی، ا.، واعظ ترشیزی، ر.، چمنی، م. ۱۳۸۹. برآورد پارامترها و روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولید مثلی درگوسفند مغانی. مجله دانش و پژوهش علوم دامی. جلد ۶.
۳. رشیدی، ا. و اخشی، ح. ۱۳۸۶. برآورد روند ژنتیکی و محیطی صفات رشد در یک گله از گوسفندان نژاد کردی. مجله علوم دامی ایران، دوره ۳۸، شماره ۲، (۳۲۹-۳۳۵).
۴. محمدی، ح. و صادقی، م. ۱۳۸۹. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد و تولید مثل و روند ژنتیکی صفات رشد درگوسفند نژادزل تحت سیستم روستایی. مجله علوم دامی ایران، دوره ۴۱، شماره ۳، (۲۴۱-۲۳۱).
۵. وطن خواه، م.، طالبی، م. ع. و ادیس، م. ع. ۱۳۸۶. بررسی تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی صفات اقتصادی میش دریک گله گوسفند لری بختیاری. مجله علوم فنون کشاورزی و منابع طبیعی، سال ۱۱، شماره ۴۱.
6. Burfening, P. J., S. D. Kachma n, K. J. Hanford and D. Rossi. 1993. Selection for reproductive rate in Rambouillet sheep: Estimated genetic change in reproductive rate. Small Rumin. Res. 10: 317-330.
7. Dimsoski, P., K.M. Irvin and j. Clay. 1994. Effects of management, year, breed and age in litter Size born and weaned in sheep. Proceeding of the Fifth world Congress on Genetics Applied to Livestock Production 18: 119-122.
8. Hanford, K.J., L. D. Van Vleck and G. D. Snowden. 2006. Estimates of genetic parameters and Genetic trend for reproduction, weight, and wool characteristic of polypay sheep. Livestock Scienc. 102: 72-82.
9. SAS Institute, 2003. SAS User's Guide, Version 9.

Estimation of genetic trends for some of composite reproductive traits in Mehraban sheep

R.Asslani^{1*}, p.zamani², A.Ahmedi², A.A.Saki², M.Amirabadi¹

1- Graduate Students of Animal Scienc, Bu-Ali Sina University. Hamedan, 2-Department of

Animal Science, faculty of agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan

* Corresponding E-mail address: r.asslani.57@gmail.com

Abstract

In the present study body the data of weight and reproductive traits of Mehraban sheep, collected during 1994 – 2010 by deputy of livestock affairs, Agricultural Jihad of Hamedan province, were used to estimate the genetic trends for some of composite reproductive traits. The Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) of breeding values for the studied traits were obtained by Average Information algorithm of Restricted Maximum Likelihood (AIREML) using univariate animal models. Genetic trends were estimated based on the regression coefficient of breeding values on birth year. Genetic trends of, mean of birth weights per lambing, sum of birth weights per lambing, mean of birth weights per year, sum of birth weights per year, mean of weaning

weights per lambing, sum of weaning weights per lambing, mean of weaning weight per year and sum of weaning weight per year were estimated as -0.14, 0.14, -0.08, 0.09, -1.4, 0.6, -1.4 and 2.6 g/year, respectively. Genetic trends of all traits were not significant, excluding mean of birth weight per lambing (-0.14 g/year). These results reveal that there is not any appropriate

breeding program for improving reproduction efficiency of Mehraban sheep in the past years.

Key words: Genetic trend - Reproductive traits - Animal model - Mehraban sheep

بررسی اثر سن نخستین زایش بر احتمال وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر در گاوهای هلشتاین ایران

مریم مقدم موسی آبادی^{۱*}، همایون فرهنگ فر^۲ و مسلم باشتنی^۳

* ۱- دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه بیرجند

۲- دانشیار دانشگاه بیرجند

۳- استادیار دانشگاه بیرجند

* نویسنده مسئول: مریم مقدم موسی آبادی. بیرجند- کیلومتر ۵ جاده کرمان- دانشکده کشاورزی دانشگاه بیرجند- گروه علوم

دامی

تلفن تماس: ۰۹۱۵۹۲۸۲۹۳۳ پست الکترونیکی: M.moghadam12@yahoo.com

چکیده

هدف از این تحقیق، بررسی اثر سن زایش بر احتمال وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر گاوهای هلشتاین ایران بود. بدین منظور، از تعداد ۹۳۸۰۴۷ رکورد روز آزمون متعلق به ۱۰۸۰۷۷ رأس گاو شکم اول (۵۱۲۶۳ رأس با سن زایش ۱۸ تا ۲۵ ماه و ۵۶۸۱۴ رأس با سن زایش ۲۵ تا ۳۶ ماه) متعلق به ۴۲۷ گله که طی سال های ۱۳۷۴ تا ۱۳۸۸ زایش داشتند، استفاده شد. بر اساس نسبت درصد چربی به درصد پروتئین برای هر رکورد روز آزمون، متغیر وابسته به صورت دوتایی (کد صفر برای عدم وقوع و کد یک برای وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر) تعریف گردید. برای آنالیز داده های فراوانی از نرم افزار آماری SPSS استفاده شد. آماره های کای مربع پیرسون و نسبت درستنمایی برآورد گردید که هر دوی آنها نشان دادند وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر با سن زایش حیوان ارتباط مثبت معنی دار ($P < 0/011$) آماری داشت. واژگان کلیدی: اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر- سن نخستین زایش- گاو هلشتاین.

مقدمه

چربی یکی از اجزای اصلی شیر می باشد و به علت نقش مهمی که در تغذیه انسان دارد از دیرباز یکی از سازه های مهم در تعیین قیمت شیر بوده است. چربی شیر علاوه بر این که پیچیده ترین جزء شیر محسوب می شود (۳ و ۲) حاوی اجزایی است که نقش مهمی در سلامتی انسان نیز بازی می کند (۵ و ۶). طیف گسترده ای از حیوانات وجود دارد که در ترکیب شیر دارای اختلاف می باشند. برخی از این تغییرات ترکیب شیر در داخل گونه ها، ناشی از سازه هایی مانند نژاد حیوان، مرحله شیردهی، سن زایش، عفونت غدد پستانی، فصل تولید، فصل زایش و شرایط تغذیه ای است. تحقیقات نشان می دهد تولید شیر از دوره شیردهی اول تا پنجم ۳۰ درصد افزایش می یابد و از این به بعد با افزایش سن کاهش می یابد (۴). همچنین نتایج حاصل از مطالعات بیانگر این امر است که ۱۵ تا ۳۰ درصد اختلافات مشاهده شده در تولید و ترکیب شیر گاوهای یک گله مربوط به اختلاف سن گاوها می باشد (۱). هدف از تحقیق حاضر، بررسی اثر سن نخستین زایش بر احتمال وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر گاوهای هلشتاین ایران بود.

مواد و روش ها

داده های مورد استفاده در این تحقیق، در برگیرنده ۹۳۸۰۴۷ رکورد روز آزمون (صفات شیر، چربی و پروتئین) متعلق به ۱۰۸۰۷۷ رأس گاو شیری شکم اول در ۴۲۷ گله بود که در فاصله سال های ۱۳۷۴ تا ۱۳۸۸ زایش داشتند. متوسط تولید شیر، درصد چربی، نسبت چربی به پروتئین و سن هنگام اولین زایش گاوها به ترتیب ۳۰/۰۱ کیلوگرم، ۳/۳۶٪، ۱/۱۰۰ و ۲۵/۷ ماه بود. صفت مورد آنالیز (متغیر وابسته تحقیق) کاهش چربی شیر^{۱۲۴} بود که به صورت یک متغیر دوتایی^{۱۲۵} تعریف شد. با استفاده از رکوردهای روز آزمون درصد چربی و پروتئین در هر ماه شیردهی، ابتدا نسبت آن دو محاسبه گردید (FP_{sample}). در مرحله بعدی، میانگین نسبت مزبور در کل دوره شیردهی هر رأس گاو (که حداقل ۷ رکورد روز آزمون داشت محاسبه شد، $\overline{FP}_{lactation}$). سپس انحراف هر یک از نسبت های محاسبه شده برای هر رکورد روز آزمون از طریق فرمول زیر بدست آورده شد (۷):

$$FP_{deviation} = FP_{sample} - \overline{FP}_{lactation}$$

بر اساس مقدار $FP_{deviation}$ تقسیم بندی دوتایی انجام گردید، بنحوی که اگر $FP_{deviation} \leq -0.12$ بود اختلال کاهش چربی شیر و در صورتی که $FP_{deviation} > -0.12$ بود اختلال مزبور وجود نداشت. $FP_{deviation}$ در حقیقت معیاری از تغییرات فیزیولوژیکی موقت در یک گاو است. مقدار ۰/۱۲- برای $FP_{deviation}$ مربوط به متوسط کاهش درصد چربی شیر به اندازه تقریباً ۰/۴ درصد است (۷). بدین ترتیب متغیر وابسته تحقیق، بصورت دوتایی تعریف شد.

با استفاده از نرم افزار آماری SPSS ارتباط آماری بین متغیر وابسته (در دو سطح وقوع و عدم وقوع) و متغیر مستقل (سن زایش ۱۸ تا ۲۵ ماه و سن زایش ۲۵ تا ۳۶ ماه) بررسی شد. در این تحقیق، تعداد گاوهایی که سن زایش آن ها ۱۸ تا ۲۵ ماه و ۲۵ تا ۳۶ ماه بود در فایل داده ها به ترتیب ۵۱۲۶۳ و ۵۶۸۱۴ رأس بود. با توجه به ماهیت متغیرهای مزبور که در مقیاس اسمی^{۱۲۶} می باشند، از یک جدول پیشابندی^{۱۲۷} استفاده گردید. آزمون های مورد استفاده بر اساس کای مربع پیرسون و نسبت درستنمایی بودند که آماره های آنها بر اساس روابط زیر محاسبه می گردد:

$$\chi^2 = \sum_i \sum_j \frac{(n_{ij} - e_{ij})^2}{e_{ij}}$$
$$G^2 = 2 \sum_i \sum_j n_{ij} [\ln n_{ij} - \ln e_{ij}]$$

که در آن n_{ij} و e_{ij} شمار مشاهده شده و مورد انتظار در ردیف i ام و ستون j ام و G^2 آماره کای مربع نسبت درستنمایی^{۱۲۸} می باشد.

نتایج و بحث

بسامد های مشاهده شده و مورد انتظار متغیر وابسته تحقیق در سطوح مختلف سن زایش در جدول شماره ۱ ارائه گردیده است.

جدول ۱: فراوانی مشاهده شده و مورد انتظار متغیر وابسته تحقیق در سطوح مختلف گروه بندی سن زایش

124- Milk fat depression (MFD)
125- Binary variable
3- Nominal scale
4- Contingency table
128- Likelihood ratio chi-squared statistic

اختلال MFD	بسامد	سن زایش		کل
		۱۸ تا ۲۵ ماه	از ۲۵ بالاتر تا ۳۶ ماه	
عدم وقوع	مشاهده شده	۳۱۸۲۸۷	۳۵۳۸۸۳	۶۷۲۱۷۰
مورد انتظار		۳۱۷۷۲۹/۹	۳۵۴۴۴۰/۱	۶۷۲۱۷۰
وقوع	مشاهده شده	۱۲۵۱۲۱	۱۴۰۷۵۶	۲۶۵۸۷۷
مورد انتظار		۱۲۵۶۷۸/۱	۱۴۰۱۹۸/۹	۲۶۵۸۷۷

با توجه به اطلاعات ارائه شده، در بین تعداد وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر، به ترتیب ۴۷/۱ و ۵۲/۹ درصد از مشاهدات در گاوهای با سن زایش ۱۸ تا ۲۵ ماه و گاوهای با سن زایش ۲۵ تا ۳۶ ماه رخ داده است. این امر نشان دهنده وجود احتمال وقوع بیشتر کاهش چربی شیر در گاوهایی که در موقع زایش سن ۲۵ تا ۳۶ ماه داشته اند است. از آن جایی که با افزایش سن، حیوان به لحاظ فیزیولوژیکی به بلوغ بهتری رسیده و از طرفی پتانسیل تولید آن بهبود می یابد لذا حیوانی که در سنین بالاتر زایمان نماید دارای سطح تولید بالاتری خواهد بود که این امر موجب سخت تر شدن مدیریت تغذیه ای و به دنبال آن وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر بیش تری در گاوهای با تولید بالاتر می گردد. آماره های محاسبه شده برای آزمون ارتباط آماری بین متغیرها، در جدول ۲ ارائه گردیده است.

جدول ۲: آماره ها و سطوح معنی دار برای بررسی ارتباط آماری بین گروه بندی سن زایش و وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر

آزمون	مقدار آماره	درجه آزادی	سطح معنی دار
کای مربع پیرسون	۶/۵۳۶	۱	۰/۰۱۱
نسبت درستنمایی	۶/۵۳۷	۱	۰/۰۱۱

با توجه به دو آماره کای مربع پیرسون و نسبت درستنمایی و همچنین سطح معنی دار مربوط به هر یک از آنها، نتیجه گیری می شود بین متغیر وابسته تحقیق (وقوع یا عدم وقوع کاهش چربی شیر) و سن زایش حیوان (۱۸ تا ۲۵ ماه یا ۲۵ تا ۳۶ ماه)، ارتباط معنی دار آماری وجود داشت.

تشکر و قدردانی

داده‌های مورد استفاده در این تحقیق، توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی (وزارت جهاد کشاورزی) ارائه گردیده است که بدین وسیله مراتب سپاسگزاری خود را از مسئولین محترم آن اعلام می‌نماییم.

منابع

۱. تیموری یانسری، ا. ۱۳۸۵. تولید شیر و فراوری آن. انتشارات آوای مسیح. ۶۶۸ ص
- 2- Christie, W.W. 1995. Composition and Structure of milk lipids, Advanced dairy chemistry, Volume 2, lipids, P.F. Fox (Editor), Chapman & Hall. Pp: 1- 36.
- 3- Fennema, O.R. 1985. Food chemistry, Second Edition, Marcel Dekker, Inc. New York.
- 4- Jenness, R. 1974. The composition of milk. In: B.L. Larson and V.R. Smit (Editors), Lactation. Volume 3. Academic Press, New York. Pp: 3-107.
- 5- Parodi, P.W. 1999. Conjugated linoleic acid and other anticarcinogenic agents of bovine milk fat. Journal of Dairy Science. 82:1339-1349.
- 6- Sofi, F., A. Buccioni., F. Cesari., A.M. Gori., S. Minieri., L. Mannini., A. Casini., G. F. Gensini., R. Abbate and M. Antongiovanni. 2009. Effects of a dairy product (pecorino cheese) naturally rich in cis-9, trans-11 conjugated linoleic acid on lipid, inflammatory and haemorheological variables: A dietary intervention study. Nutr. Met. Card. Dis. (in press). doi:10.1016/j.numecd. 2009.03.004.
- 7- Stoop, W.M., H. Bovenhuis., J. M. L. Heck and J. A. M. van Arendonk. 2009. Effect of lactation stage and energy status on milk fat composition of Holstein-Friesian cows. Journal of Dairy Science. 92 :1469-1478.

The effect of age at first calving of milk fat depression incidence in Iranian Holsteins cows

M. Moghadam Mousa Abadi^{1*}, H. Farhangfar² and M. Bashtani³

1- M.Sc. Student, Department of Animal Science, University of Birjand, Iran

2- Associate Professor, Department of Animal Science, University of Birjand, Iran

3- Assistant Professor, Department of Animal Science, University of Birjand, Iran

* M.moghadam12@yahoo.com

Abstract:

The main objective of the present research was to investigate the effect of age at first calving on incidence of milk fat depression in Iranian Holsteins cows. The data set was comprised of 938,047 test day records belonging to 108,077 first lactation cows distributed in 427 herds and calved between 1995 and 2009. Based on fat% to protein% ratio for individual test day records, dependent variable was defined as a binary variable (0 for non-incidence and 1 for incidence of Milk fat depression). Statistical analysis was carried out by SPSS software package. Pearson chi

square and likelihood ratio statistics were estimated for frequency data and they indicated that the incidence of Milk fat depression was statistically and significantly ($P<0.011$) associated with age at first calving in Iranian Holsteins cows.

Keywords: age at first calving- Milk fat depression- Holstein cow.

مقایسه فنوتیپی صفات رشد گوسفندان نژادهای بلوچی و آرمان

با ایران بلک

هانیه صدقی، علی اصغر اسلمی نژاد، محمدرضا نصیری، مرتضی مرتضوی*، کریم حسن پور

گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد

E-mail: mortezamortazavi@gmail.com نویسنده مسئول*

چکیده

رکوردهای ۵ سال (۱۳۸۳ تا ۱۳۸۷) مربوط به اوزان تولد، یک ماهگی، دو ماهگی، سه ماهگی، چهار ماهگی، شش ماهگی، نه ماهگی و یک سالگی سه نژاد بلوچی، آرمان و ایران بلک مورد مقایسه قرار گرفتند. مقایسه نژادها با رویه GLM نرم افزار SAS انجام شد. نژادهای ایران بلک و آرمان تفاوت چندانی از نظر صفات رشد با نژادهای بلوچی نداشتند و نژاد آرمان نسبت به دو نژاد دیگر در اواخر دوره رشد افزایش وزن بیشتری کسب کرد. متولدین ماه دی در همه صفات رشد نسبت به متولدین ماههای بهمن و اسفند برتری معنی داری داشتند. برهه‌های مادران میان سال (۳ تا ۶ سال سن) تا وزن شش ماهگی وزن بیشتری نسبت به برهه‌های مادران جوان‌تر و مسن‌تر داشتند ولی این برتری در اوزان نه ماهگی به بعد دیده نشد. برهه‌های تک قلو در تمام صفات سنگین‌تر از چندقلوها بودند ولی برهه‌های دوقلو در اوزان بالاتر از ۹ ماهگی تفاوت معنی داری با ۳ قلوها نداشتند. واژگان کلیدی: عوامل محیطی، صفات رشد، نژادهای گوسفند ایرانی

مقدمه

نژادهای ایران بلک و آرمان دو نژاد سنتتیک هستند که به ترتیب از تلاقی گری بلوچی - کیوسی و بلوچی - قزل - کیوسی - سافولک از سال ۱۳۵۴ به بعد در مرکز اصلاح نژاد گوسفند عباس آباد مشهد ایجاد شده‌اند. هر دو نژاد دارای دمبه بوده، سفید رنگ و دو منظوره گوشتی - پشمی می‌باشند و به منظور افزایش بهره‌زایی به وجود آمده‌اند. این نژادها در مناطق خشک و بیابانی و محیط خشن مقاومت خوبی از خود نشان می‌دهند با این حال برای شرایطی که در آن مواد خوراکی کافی در طول سال فراهم باشد، توصیه شده‌اند (۴). نژاد ایران بلک از نظر خصوصیات بهره‌زایی تا حدودی شبیه نژاد کیوسی بوده و از لحاظ جنه و شکل ظاهری نیز مشابه گوسفند نژاد بلوچی (به استثناء ظرافت پشم) می‌باشد. با وجود انتخاب نژاد ایران بلک برای افزایش بهره‌زایی، تغییر احتمالی در صفات رشد آن مطالعه نشده است و هدف از این تحقیق، مطالعه صفات رشد این نژاد در سطح فنوتیپی و مقایسه آن با دو نژاد بلوچی و آرمان می‌باشد.

مواد و روش‌ها

به منظور مقایسه سه نژاد بلوچی، آرمان و ایران بلک برای صفات مربوط به اوزان تولد، یک ماهگی، دو ماهگی، سه ماهگی، چهار ماهگی، شش ماهگی، نه ماهگی و یک سالگی، اثر عوامل محیطی موثر بر صفات ذکر شده مورد مطالعه قرار گرفت. هر کدام از نژادهای آرمان و ایران بلک در یک آغل و نژاد بلوچی در دو آغل در مرکز پرورش و اصلاح نژاد عباس آباد پرورش داده می‌شوند. بنابراین نژاد بلوچی در تجزیه‌ها با پسوند‌های یک و دو مشخص می‌شوند. خلاصه آماری داده‌های مورد استفاده به

تفکیک صفات مذکور در جدول ۱ آورده شده است. این داده‌ها طی سال‌های ۱۳۸۳ تا ۱۳۸۷ توسط ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد عباس آباد مشهد جمع‌آوری شده است. برای برآورد اثر عوامل محیطی و مقایسه نژادها از رویه GLM نرم افزار SAS استفاده شد. مدل مورد استفاده به شرح زیر است.

$$bodyw_{ijklmno} = \mu + breed_j + by_k + bm_l + damage_m + bt_n + sex_o + (breed * bt)_{jn} + e_{ijklmno}$$

که در آن:

i : $bodyw_{ijklmno}$ ؛ آمین مشاهده از هر کدام از صفات (وزن تولد، یک ماهگی، دو ماهگی، سه ماهگی، چهار ماهگی، شش ماهگی، نه ماهگی و یک سالگی)، μ : میانگین کل برای هر کدام از صفات، $breed_j$: آمین نژاد (۴ سطح)، by_k : آمین سال تولد (۵ سطح)، bm_l : آمین ماه تولد (۳ سطح که متولدین فصل بهار در دسته ماه دوازدهم و متولدین فصول تابستان و پاییز در دسته ماه نهم قرار داده شدند)، $damage_m$: آمین رده سنی مادر (در ۳ سطح جوان: کوچکتر از ۳ سالگی، میانسال: ۳ تا ۶ سالگی و مسن، بزرگتر از ۶ سالگی)، bt_n : آمین نوع تولد (۳ سطح که سطوح بالاتر از ۳ در دسته ۳ قرار داده شدند)، sex_o : آمین جنس تولد (۲ سطح)، $(breed * bt)_{jn}$: اثر متقابل بین نژاد و نوع تولد (۱۲ سطح) و $e_{ijklmno}$: اثر باقی‌مانده تصادفی می‌باشند. به غیر از اثر باقی‌مانده، بقیه آثار ثابت در نظر گرفته شده‌اند.

جدول ۱- خلاصه آماری داده‌های مورد استفاده در تجزیه اثر عوامل محیطی برای صفات رشد

صفت	وزن تولد	یک ماهگی	دو ماهگی	سه ماهگی	چهار ماهگی	شش ماهگی	نه ماهگی	یک سالگی
تعداد رکورد	۴۴۳۹	۳۹۳۰	۴۳۲۳	۲۹۱۰	۳۵۶۱	۳۲۱۴	۲۴۲۱	۲۵۱۹
وزن بدن (کیلوگرم)	۴/۱۲	۱۱/۱۵	۱۶/۹۱	۲۱/۹۹	۲۷/۲۲	۳۲/۵۵	۳۶/۶۲	۴۲/۰۳
انحراف معیار	۰/۸۹	۲/۳۵	۳/۵۵	۴/۱۹	۴/۸۵	۵/۱۶	۴/۸۱	۵/۳۵
C.V	۲۱/۵۰	۲۱/۱۰	۲۱/۰۰	۱۹/۰۰	۱۷/۸۰	۱۵/۸۰	۱۳/۱۰	۱۲/۷۰

نتایج و بحث

در برآورد اثر عوامل محیطی و مقایسه سه نژاد مشخص شد که به غیر از اثر متقابل نژاد و نوع تولد بر صفات وزن تولد، یک ماهگی، سه ماهگی و چهار ماهگی بقیه عوامل بر تمام صفات تاثیر معنی‌دار داشتند ($p < 0.01$). میانگین حداقل مربعات صفات مورد مطالعه در سطوح مختلف عوامل نژاد، ماه تولد، رده سنی مادر، نوع تولد و جنس در جدول ۲ نشان داده شده است. میانگین حداقل مربعات اوزان بدنی در سطوح سال‌های تولد آورده نشده است. همان طور که در جدول ۲ مشاهده می‌شود، تفاوت آنچنانی بین نژادها از لحاظ صفات رشد موجود نمی‌باشد که این موضوع علی‌رغم اصلاح نژاد و انتخاب ژنتیکی نژادهای آرمان و ایران بلک برای بهره‌زایی بیشتر و با آگاهی از این که همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی منفی بالایی بین صفات رشد و چندقلو زایی موجود می‌باشد، جالب توجه می‌باشد (۵ و ۲). حتی با افزایش سن تفاوت‌های جزئی موجود در سنین ابتدائی نیز از بین می‌رود که نشان از رشد جبرانی بره‌ها نیز می‌باشد. بره‌های متولد ماه دی بیشترین وزن را در تمام سنین دارا بوده و تفاوت معنی‌داری ($P < 0.01$) با متولدین ماه‌های بهمن و اسفند نشان دادند. پلومی و امانوئیلیدیس (۱۹۹۹) نیز اثر ماه زایش را بر بهره‌زایی معنی‌دار

($P < 0.01$) گزارش کردند. مادران میان سال (۳ تا ۶ سال سن) بره‌های مشابهی را از لحاظ وزن با مادران مسن‌تر (بالا تر از ۶ سال سن) به دنیا آورده‌اند که در مقایسه با مادران جوان‌تر (کمتر از ۳ سال سن) سنگین وزن‌تر بوده‌اند. با این حال بره‌های مادران میان‌سال وزن بیشتری را در سنین بعدی کسب کرده‌اند که نشان از برتری احتمالی مادران میان‌سال به لحاظ تولید شیر و محافظت بهتر از بره‌ها (قابلیت‌های مادری) نسبت به مادران جوان‌تر و مسن‌تر می‌باشد. نشان داده شده است که با افزایش سن میش تا زایش‌های چهارم و پنجم تولید شیر آن افزایش و بعد از آن کاهش می‌یابد و دلیل احتمالی وزن بیشتر بره‌های مادران میان‌سال تغذیه بهتر آنها نسبت به بره‌های میش‌های جوان‌تر و مسن‌تر می‌باشد (۷). در مطالعه مختاری و همکاران (۲۰۰۸) در نژاد کرمانی نیز بره‌های مادران ۴-۶ سال سن نسبت به مادران جوان‌تر و مسن‌تر بیشترین وزن را در صفات رشد بعد از شیرگیری داشته‌اند. بره‌های تک قلو نیز در مقایسه با چندقلوها وزن بیشتری را هم در تولد و هم سنین بعدی دارا بوده‌اند با این حال بره‌های دوقلو تفاوت معنی‌داری با بره‌های سه قلو در سنین انتهایی رشد نداشته‌اند. از لحاظ جنسیت نیز بره‌های نر در تمام صفات برتری معنی‌داری ($P < 0.01$) نسبت به ماده‌ها داشته‌اند. آقایی قمسای و همکاران (۲۰۱۰) در نژاد مهربانی معنی‌دار بودن اثر جنسیت را به تفاوت در نوع کروموزوم‌های جنسی، تفاوت‌های فیزیولوژیکی و سیستم هورمونی (مخصوصاً هورمون‌های جنسی) دو جنس منتسب کردند و علاوه بر اثر جنس، اثر عوامل سال تولد، نوع تولد و گله را نیز بر صفات رشد معنی‌دار ($P < 0.05$) گزارش کردند و نشان دادند که با افزایش سن، اثر نوع تولد بر صفات وزن بره برطرف می‌شود به گونه‌ای که این اثر بر اوزان تا ۹ ماهگی معنی‌دار بوده و بر صفات رشد بعد از نه ماهگی تاثیر نداشته است. این محققین محدود بودن ظرفیت رحمی در طی آبستنی، محدود بودن تغذیه میش در آبستنی مخصوصاً در مراحل انتهایی آن و بعد از زایش و رقابت بره‌ها در اخذ شیر از مادر را از دلایل معنی‌دار بودن اثر نوع تولد بر صفات وزن تولد و اوزان بدن در سنین بعدی ذکر کردند. مختاری و همکاران (۲۰۰۸) در نژاد کرمانی نیز نوع تولد را بر صفات رشد بعد از شیرگیری بی اثر گزارش کردند. نتایج برآورد اثر عوامل جنس، سن مادر و نوع تولد در این مطالعه کاملاً با نتایج (۳) مطابقت دارد.

جدول ۲ میانگین حداقل مربعات صفات اوزان تولد، یک ماهگی، دو ماهگی، سه ماهگی، چهار ماهگی، شش ماهگی، نه

ماهگی و یک سالگی (کیلوگرم) در سطوح مختلف نژاد، ماه تولد، رده سنی مادر، نوع تولد و جنس

عامل	سطح	وزن تولد	۱ ماهگی	۲ ماهگی	۳ ماهگی	۴ ماهگی	۶ ماهگی	۹ ماهگی	۱۲ ماهگی
بلوچی ۱	a۳/۹	a۹/۹	a۱۳/۹	a۱۶/۵	a۲۰/۴	a۲۷/۲	a۳۲/۵	a۳۷/۵	
بلوچی ۲	a۳/۷	b۸/۹	a۱۳/۸	b۱۴/۶	ab۲۱/۴	ab۲۵/۸	ab۳۲/۱	a۳۷/۴	
نژاد آرمان	a۳/۸	a۹/۸	a۱۴/۴	a۱۷/۰	bc۲۲/۰	a۲۷/۸	۳۲/۸	a۳۸/۷	
						abc			
ایران بلک	a۳/۷	b۹/۰	b۱۵/۰	ab۱۵/۷	bc۲۲/۴	ab۲۶/۸	۳۱/۵	a۳۷/۸	

abc								
a _{40/5}	a _{34/9}	a _{30/8}	a _{25/5}	a _{19/7}	a _{18/3}	a _{12/5}	a _{3/8}	دی
b _{38/5}	b _{33/0}	b _{28/0}	b _{22/4}	b _{16/5}	b _{14/9}	b _{9/7}	a _{3/9}	ماه تولد
c _{34/4}	c _{28/9}	c _{21/8}	c _{16/8}	c _{11/7}	c _{9/6}	c _{6/1}	b _{3/6}	اسفند
a _{37/9}	a _{32/4}	a _{26/8}	a _{21/3}	a _{15/7}	a _{13/8}	a _{9/1}	a _{3/6}	جوان
a _{38/1}	a _{32/5}	b _{27/2}	b _{22/0}	b _{16/3}	b _{14/7}	b _{9/7}	b _{3/9}	رده سنی
a _{37/5}	a _{31/8}	ab _{26/7}	ab _{21/4}	ab _{15/8}	ab _{14/3}	a _{9/4}	b _{3/9}	میانسال
								مادر
a _{39/5}	a _{34/1}	a _{29/9}	a _{25/2}	a _{19/3}	a _{17/2}	a _{11/0}	a _{4/4}	مسن
b _{37/1}	b _{31/4}	b _{26/1}	b _{20/6}	b _{15/3}	b _{13/5}	b _{8/9}	b _{3/9}	تک قلو
c _{36/9}	c _{31/3}	c _{24/7}	c _{18/9}	c _{13/3}	c _{12/1}	c _{8/3}	c _{3/0}	نوع تولد
								دو قلو
a _{41/5}	a _{34/8}	a _{29/1}	a _{23/1}	a _{17/1}	a _{14/9}	a _{9/8}	a _{3/9}	سه قلو
b _{34/1}	b _{29/7}	b _{24/7}	b _{20/0}	b _{14/8}	b _{13/7}	b _{9/1}	b _{3/7}	نر
								جنس
								ماده

حروف مشابه نشان دهنده عدم وجود تفاوت معنی دار در سطوح مختلف عوامل ذکر شده می باشد

نتیجه گیری: با توجه به روند رشد سه نژاد مورد مطالعه، علارغم هدف اصلاح ژنتیک نژادهای ایران بلک و آرمان برای صفت برهزایی، برهه های آنها در مقایسه با نژادهای بلوچی دارای رشد مناسب می باشند. به عبارت دیگر نژادهای ایران بلک و آرمان علاوه بر برهزایی قابل ملاحظه ای که دارند، دارای رشد و افزایش وزن قابل مقایسه ای با نژاد بلوچی دارند و به نظر می رسد که توسعه پرورش نژادهای مذکور به خصوص در شرایط متمرکز قابل توصیه باشد.

منابع

- Aghaali Gamasaee, V., S. H. Hafezian, A. Ahmadi, H. Baneh, A. Farhadi and A. Mohamadi. 2010 Estimation of genetic parameters for body weight at different ages in Mehraban sheep. *African Journal of Biotechnology*. 9(32):5218-5223.
- Analla, M., J. M. Montilla and J. M. Serradilla. 1998 Analyses of lamb weight and ewe litter size in various lines of Spanish Merino sheep. *Small Ruminant Research*. 29:255-259.
- Chniter, M., M. Hammadi, T. Khorchani, R. Krit, B. Lahsoumi, M. Ben Sassi, R. Nowak and M. Ben Hamouda. 2011. Phenotypic and seasonal factors influence birth weight, growth rate and lamb mortality in D'man sheep maintained under intensive management in Tunisian oases. *Small Ruminant Research*. 99:166-170

- 11- Farokhad, M. L., H. Roshanfekar, S. Amiri, K. Mohammadi and K. Mirzadeh. 2011. Genetic trends estimation for some of the growth traits in Arman sheep. *Journal of Animal and Veterinary Advances*. 10(14):1801-1803.
- 12- Gavi Hossein Zadeh, N. and M. Ardalan. 2010. Estimation of genetic parameters for body weight traits and litter size of Moghani sheep, using a Bayesian approach via Gibbs sampling. *Journal of Agricultural Science*. 148:363-370.
- 13- Mokhtari, M. S., A. Rashidi and Y. Mohammadi. 2008. Estimation of genetic parameters for post-weaning traits of Kermani sheep. *Small Ruminant Research*. 80:22-27.
- 14- Ploumi, K. and P. Emmanouilidis. 1999. Lamb and milk production traits of Serrai sheep in Greece. *Small Ruminant Research*. 33:289-292.

Phenotypic comparison of growth traits among three Iranian sheep breeds

Haniye Sedghi, Ali Asghar Aslaminejhad, Mohammad Reza Nasiri, Morteza Mortazavi
*,Karim Hasanpur

Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University, Mashhad, Iran.
E-mail: mortezamortazavi@gmail.com

Abstract

A total of five years (2004-2008) growth traits records of three Iranian sheep breeds of Baluchi, Arman and Iran Black were analyzed in this study. The traits were birth weight, monthly weights at first, second, third, fourth, sixth, ninth and yearling weights. The comparisons were made by using GLM procedure of SAS software. Results revealed that Iran black and Arman breeds were not significantly different from Baluchi breed. However, Arman breed gained much weight than other breeds at later ages. The lambs born in January had significantly higher weight than the lambs born in February and March. The lambs born from middle-aged dams (3-6 years old) had higher weight in early growth traits compared with lambs of both younger and older ewes. However, this pattern did not occur for weights of older lambs. In all the traits, Single lambs were superior to twin and triplet lambs. However, the twin lambs were not superior to triplets for 9 month weight and for weights at later ages.

Keywords: Environmental factors- Growth traits- Iranian sheep breeds

برازش مدل‌های ریاضی برای توصیف منحنی تولید شیر بز عدنی ایران

محمدستار ساعدپناه، رسول واعظ ترشیزی* و علی اکبر مسعودی

گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران

*نویسنده مسئول: رسول واعظ ترشیزی، شماره فکس: +۹۸۲۱۴۸۲۹۲۲۰۰، rasoult@modares.ac.ir

چکیده

در این تحقیق به منظور تعیین بهترین مدل توصیف کننده منحنی تولید شیردر بز عدنی ایران، از رکوردهای روز آزمون ۲۵۴ دام متعلق به گله اصلاح نژاد بز عدنی واقع در استان بوشهر، در چهار دوره شیردهی که در فاصله سال‌های ۹۰-۸۷ جمع‌آوری شده استفاده شد. برای این منظور سه مدل گامای ناقص، نمایی و نمایی درجه دوم ارزیابی شدند. تمام توابع با استفاده از نرم افزار آماری SAS برازش شده و سپس براساس معیارهای ضریب تعیین تصحیح شده (R^2_{adj}) و انحراف معیار باقیمانده (RSD)، با هم مقایسه شدند. نتایج حاصل از این تحقیق نشان می‌دهد که هر سه تابع با یک ضریب تعیین تصحیح شده بالا ($R^2_{adj} > 0.94$) منحنی تولید شیر را برازش می‌کنند. با مقایسه چهار دوره شیردهی، توابع در شیردهی دوم توانایی بیشتری در توصیف منحنی داشتند. در هر چهار دوره شیردهی مدل گامای ناقص، با دارا بودن ضریب تعیین تصحیح شده بالاتر و انحراف معیار باقیمانده پایین‌تر نسبت به مدل‌های دیگر به نحو مطلوب‌تری منحنی تولید شیر را توصیف می‌کند و می‌توان آن را جهت اهداف اصلاح نژادی و مدیریتی بکار برد.

واژه های کلیدی: تولید شیر- منحنی شیردهی- مدل‌های ریاضی- بز عدنی ایران

مقدمه

تولید شیر در بز یکی از صفات مهم اقتصادی است که مقدار آن در طول دوره شیردهی از یک منحنی خاص تبعیت می‌کند، به این صورت که تولید بعد از زایمان شروع شده و تا ۴ تا ۸ هفتگی به اوج رسیده و سپس به تدریج تا پایان دوره شیردهی کاهش می‌یابد. منحنی تولید شیر نمایش گرافیکی محصول شیر روزانه می‌باشد که می‌توان با استفاده از مدل‌های ریاضی آن را توصیف کرد. هدف از مدل‌سازی منحنی تولید شیر پیش‌بینی محصول در هر روز از شیردهی با حداقل اشتباه و شفاف سازی الگوی اساسی تولید شیر در حضور تغییرات محیطی است (۳). با استفاده از اطلاعات منحنی تولید و در اختیار داشتن یک رکورد روز آزمون یا چندین رکورد روز آزمون اولیه، کل تولید شیر دوره پیش‌بینی می‌شود. همچنین مطالعه خصوصیات ریاضی منحنی، اطلاعاتی مفید درباره تولید شیر را فراهم کرده که جهت اتخاذ تصمیمات مدیریتی از قبیل مراقبت از سلامتی، تغذیه انفرادی و تعیین استراتژی‌های مناسب برای جایگزینی و تلقیح، سودمند است (۷). علاوه بر این مدل‌های ریاضی در آنالیز ژنتیکی رکوردهای روز آزمون، جهت محاسبه تاثیر مرحله شیردهی و ارزیابی‌های ژنتیکی، مفید می‌باشند (۴). برای توصیف منحنی تولید شیر در دام‌های شیری توابع ریاضی مختلفی پیشنهاد شده است. هدف از این مطالعه مقایسه سه مدل ریاضی جهت توصیف منحنی تولید شیر در بز عدنی ایران و انتخاب بهترین مدل می‌باشد.

مواد و روش‌ها:

در این تحقیق رکوردهای تولید شیر ماهانه‌ی چهار دوره شیردهی ۲۵۴ دام گله‌ی مرکز اصلاح نژاد بز عدنی، که در فاصله سال‌های ۱۳۸۷ تا ۱۳۹۰ جمع‌آوری شده بود، مورد استفاده قرار گرفت. جهت برازش مدل‌ها، تعیین پارامترهای هر تابع و برخی آماره‌ها برای مقایسه توابع، از رویه NLIN نرم‌افزار آماری SAS (۶)، استفاده شده است. سه تابع مورد استفاده عبارت از تابع گامای ناقص (۹)، تابع نمایی (۱) و تابع نمایی درجه دوم، که یک اصلاح غیرخطی از مدل گامای ناقص است (۲)، بودند. این توابع در جدول ۱ ارائه شده‌اند.

جدول ۱ - توصیف مدل‌های تحت آنالیز

نام مدل	منبع	تابع	تعداد پارامتر
(WD) گامای ناقص	Wood (1967)	$Y_t = at^b e^{-ct}$	۳
(CL) نمایی	Cobby and Le Du (1978)	$Y_t = a - bt - ae^{-ct}$	۳
(CB) نمایی درجه دوم	Cappio-Borlino et al. (1995)	$Y_t = at^{be(-ct)}$	۳

Y_t ، تولید شیر در زمان t ؛ a ، پارامتری در ارتباط با تولید اولیه؛ b ، پارامتر شیب افزایشی منحنی؛ c ، پارامتر شیب کاهشی منحنی است.

مقایسه‌ی مدل‌ها با استفاده از معیارهای، ضریب تعیین تصحیح شده (معادله ۱) و انحراف معیار باقیمانده (معادله ۲)، انجام شد.

$$R^2_{adj} = \frac{1-(n-1)}{(n-p)(1-r^2)} \quad [\text{معادله ۱}]$$

$$RSD = \sqrt{RSS} / \sqrt{(n-p)} \quad [\text{معادله ۲}]$$

در این معادلات، R^2_{adj} ، ضریب تعیین تصحیح شده؛ p ، شمار پارامترهای مدل؛ n ، تعداد مشاهدات؛ r^2 ، ضریب تعیین مدل و RSD ، انحراف معیار باقیمانده؛ p ، شمار پارامترهای مدل؛ n ، تعداد مشاهدات و RSS ، مجموع مربعات باقیمانده است. ضریب تعیین مدل نیز از رابطه‌ی $(1-(RSS/TSS))$ ، که، TSS ، مجموع مربعات کل و RSS ، مجموع مربعات باقیمانده است، محاسبه می‌شود.

نتایج و بحث

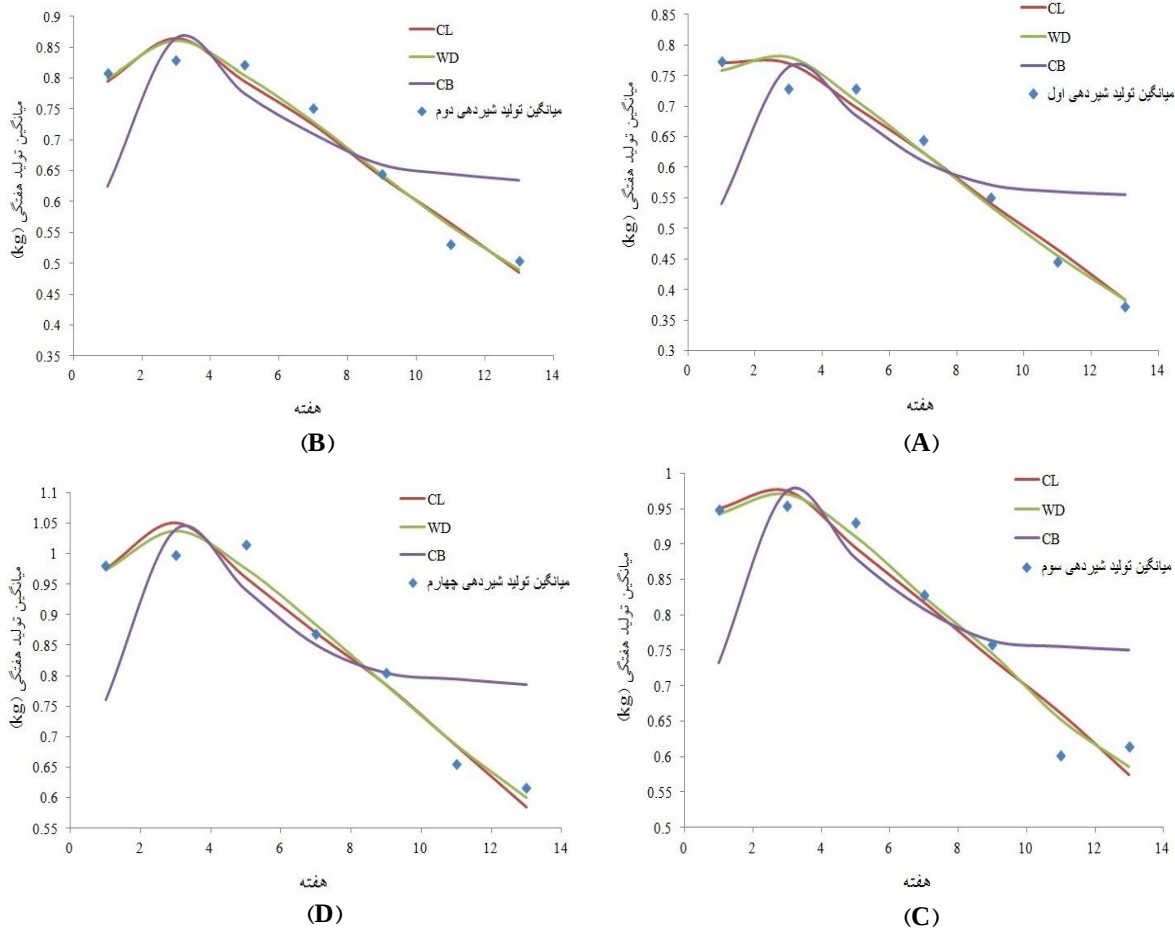
پارامترهای توابع برازش شده با رکوردهای هفتگی تولید شیر به همراه ضریب تعیین تصحیح شده و انحراف معیار باقیمانده در جدول ۲ درج گردیده است. ضریب تعیین تصحیح شده توابع برای شیردهی اول بین ۰/۹۴ تا ۰/۹۹۸، در شیردهی دوم بین ۰/۹۷۱ تا ۰/۹۹۹، شیردهی سوم بین ۰/۹۷۲ تا ۰/۹۹۸ و در شیردهی چهارم بین ۰/۹۶ تا ۰/۹۹۸ بدست آمد. مقایسه مدل‌های مختلف نشان می‌دهد، مدل گامای ناقص با ضریب تعیین تصحیح شده بیشتر در هر چهار دوره شیردهی، برازش مناسب‌تری برای

منحنی تولید شیر ارائه می‌دهد. مدل نمایی با اختلافی اندک، نتایجی مشابه با مدل گامای ناقص نشان می‌دهد در صورتی که مدل نمایی به علت مقدار کمتر ضریب تعیین تصحیح شده، توصیف مناسبی از منحنی تولید شیر ندارد.

جدول ۲ - پارامترها، ضریب تعیین تصحیح شده و انحراف معیار باقیمانده توابع برازش شده برای میانگین تولید شیر هفتگی

مدل	شیردهی	a	b	c	R^2_{adj}	RSD
گامای ناقص (WD)	۱	۰/۸۳۸	۰/۱۹۷	۰/۰۹۸	۰/۹۹۸	۰/۰۳۲
	۲	۰/۸۷۴	۰/۲۲۴	۰/۰۸۹	۰/۹۹۹	۰/۰۲۷
	۳	۱/۰۲	۰/۱۶۲	۰/۰۷۵	۰/۹۹۸	۰/۰۳۶
	۴	۱/۲۱	۰/۱۶۲	۰/۰۸۵	۰/۹۹۸	۰/۰۳۶
نمایی (CL)	۱	۰/۸۹۱	۰/۰۳۹	۲/۴۱	۰/۹۹۷	۰/۰۳۳
	۲	۰/۹۸۱	۰/۰۳۷	۱/۹۶	۰/۹۹۸	۰/۰۳۲
	۳	۱/۰۹۷	۰/۰۳۹	۲/۳۱	۰/۹۹۸	۰/۰۰۴
	۴	۱/۷۹	۰/۰۴۴	۲/۰۲	۰/۹۹۷	۰/۰۴۳
نمایی درجه دوم (CB)	۱	۰/۵۴۰	۱/۰۹	۰/۴۱۸	۰/۹۴	۰/۱۶
	۲	۰/۶۲۳	۰/۹۵۵	۰/۳۹۴	۰/۹۷۱	۰/۱۳
	۳	۰/۷۳۲	۰/۹۹۳	۰/۴۳۹	۰/۹۷۲	۰/۱۴۸
	۴	۰/۷۶	۰/۹۳۹	۰/۳۹۹	۰/۹۶	۰/۱۶

میزان R^2 بدست آمده در تحقیق حاضر برای مدل‌های گامای ناقص و نمایی اندکی بالاتر و برای مدل نمایی درجه دوم اندکی پایین‌تر از R^2 های گزارش شده توسط دیگر محققین بود (۳). در یک بررسی، گزارش شد که براساس معیار R^2_{adj} مدل گامای ناقص، مدل مناسبی جهت توصیف منحنی تولید شیر در بزهای بومی اسپانیا در مراحل مختلف شیردهی است (۵)، که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت دارد. در بررسی دیگر مشخص شد که مدل نمایی درجه دوم بخوبی منحنی تولید شیر را توصیف می‌کند (۸)، در حالی که مدل ذکر شده در تحقیق حاضر بدترین مدل جهت برازش منحنی می‌باشد. در بین داده‌های ۴ دوره‌ی شیردهی، تابع گامای ناقص، برازش مناسب‌تری را برای تولید شیردهی دوره‌ی دوم داشت. برای تمام دوره‌های شیردهی، شیب افزایشی تابع گامای ناقص بیشتر از تابع نمایی بود، در حالی که پارامتر شیب کاهش‌ی تابع نمایی بیشتر از تابع گامای ناقص بود (شکل ۱).



شکل ۱- برازش منحنی تولید شیر در شیردهی اول (A) شیردهی دوم (B) شیردهی سوم (C) و شیردهی چهارم (D)

گزارش شده که انحراف معیار باقیمانده نسبت به ضریب تعیین تصحیح شده شاخص مناسب‌تری جهت مقایسه مدل‌های ریاضی در توصیف منحنی تولید شیر می‌باشد (۳). در تحقیق حاضر نتایج بدست آمده بر اساس معیار RSD مشابه نتایج ذکر شده برای معیار R^2_{adj} است، به طوری که مدل گامای ناقص با دارا بودن میزان RSD پایین‌تر نسبت به مدل‌های نمایی و نمایی درجه دوم توانایی بیشتری در برازش منحنی تولید شیر در شیردهی‌های مختلف دارد. بر اساس این معیار مدل نمایی نسبت به مدل نمایی درجه دوم عملکرد بهتری در توصیف منحنی تولید شیر نشان می‌دهد (جدول ۲). این نتایج با یافته‌های دیگر محققین، که گزارش کرده‌اند، براساس معیار RSD تابع گامای ناقص نسبت به مدل نمایی و نمایی درجه دوم توصیف مناسب‌تری از منحنی تولید شیر ارائه می‌دهد (۳)، مطابقت دارد. نتایج حاصل از این مطالعه نشان داد که تابع گامای ناقص نسبت به سایر توابع به نحو مطلوب‌تری منحنی تولید شیر را توصیف کرده و می‌توان از آن برای بهبود اهداف اصلاح‌نژادی و مدیریتی گله استفاده نمود.

منابع

1. Cabby, J. M., and Le Du, Y.L.P. 1978. On fitting curves to lactation data. Animal Production. 26: 127-133.

2. Cappio-Borlino, A., Pulina, G., and Rossi, G. 1995. A non-linear modification of Wood's equation fitted to lactation curves of sardinian dairy ewes. *Small Ruminant Research*. 18: 75-79.
3. Fernandez, C., Sanchez, A., and Garces, C. 2002. Modeling the lactation curve for test-day milk yield Murciano-Granadina goats. *Small Ruminant Research*. 46: 29-41.
4. Macciotta, N. P. P., Vicario, D., and Cappio-Borlino, A. 2005. Detection of different shapes of lactation curve for milk yield in dairy cattle by empirical mathematical models. *Journal of Dairy Science*. 88: 1178-1191.
5. Rota, A.M., Gonzalo, C., Rodriguez, P.L., Rojas, A.I., Martin, L., Tovar, J.J. 1993. Effect of stage of lactation and parity on somatic cell counts in milk of Verata goats and algebraic models of their lactation curves. *Small Ruminant Research*. 12: 211-219.
6. SAS/STAT (2002-2003): Version 9.1. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
7. Silvestre, M., Petim-Batista, F., and Colac, J. 2006. The accuracy of seven mathematical functions in model dairy cattle lactation curves based on test-day records from varying sample schemes. *Journal of Dairy Science*. 89: 1813-1821.
8. Todaro, M., Madonia, G., Montalbano, L., Genna, G., Giaccone, P. 2000. A non-linear modification of the Wood model to estimate lactation curves of Girgetana goats. In : *Proceeding of the 7th International Conferences on Goats*. Tours, France.
9. Wood, P.D.P. 1967. Algebraic model of the lactation curve in cattle. *Nature (Lond)*. 216: 164-165.

Mathematical Models to Describe Lactation Curve in Iranian Adani Goats

Mohammad Sattar Saedpanah, Rasoul Vaez Torshizi* and Ali Akbar Masoudi
Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares University, Iran

*Email: rasoult@modares.ac.ir

Abstract

The aim of this study is determination of the best mathematical model for describing milk production curve in Iranian Adani goats. Test day records from 254 does on the four consecutive parities, collected by the Adani goats breeding station during 2008 to 2010, located in Bousher province, were used to fit the models. Three models, including incomplete gamma, exponential and bi-exponential were implemented. All functions were analysed using SAS software and the comparisons of the models were carried out based on the criteria of the adjusted multiple coefficient of determination (R^2_{adj}) and residual standard deviation (RSD). Results indicated that all three functions were fitted to the lactation curve with high coefficient of determination ($R^2_{adj} > 0.94$). The best fitted function was observed on the second parity records. Also, in all parities, the incomplete gamma function revealed higher coefficient of determination and lower residual standard deviation, indicating that this model had the best ability to describe the milk production curve in Adani goats, and thus can be used to optimise breeding and management objectives.

Keywords: Milk Production – Lactation Curve - Mathematical Models - Iranian Adani Goats.

برآورد روند همخونی و اثر آن بر صفات رشد، ماندگاری و درجه پوست گوسفند قره گل
فاطمه بحری بیناباج^۱، هادی فرجی آروق^{۱*}، محمد رکوعی^۲، مجید جعفری^۳، آرزو محمد هاشمی^۱
^۱ دانشگاه فردوسی مشهد، دانشکده کشاورزی، گروه علوم دامی
^۲ دانشگاه زابل
^۳ مرکز اصلاح نژاد دام شمالشرق کشور (عباس آباد)

چکیده

در این تحقیق از اطلاعات شجره ۷۳۴۸ راس گوسفند که بین سال های ۱۳۶۳ تا ۱۳۸۷ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند قره گل در سرخس متولد شده اند استفاده شد. ضریب همخونی مادر و حیوان به عنوان متغیر کمکی در مدل حیوانی برازش شد. متوسط ضریب همخونی برای کل جمعیت ۱/۵۲ درصد، با حداقل همخونی صفر و حداکثر ۳۷/۵ درصد برآورد گردید. ۳۶/۶۴ درصد از جمعیت همخون بودند و متوسط ضریب همخونی برای حیوانات همخون ۴/۱۵ درصد بود. افت هم خونی برای صفات وزن تولد، وزن ۳، ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی، ماندگاری و درجه پوست به ترتیب، -۴، -۳۸، -۱۳۹، -۱۵۰ و -۱۷۸- گرم و ۵/۴۳- روز و ۰/۰۰۲ درصد به ازای یک درصد افزایش همخونی بود. این کاهش به ازای افزایش یک درصد هم خونی مادر برای صفات فوق به ترتیب صفر، -۴۹، -۴۴، -۳۴ و -۴۴- گرم، ۵/۱۸- روز و ۰/۰۰۹- درصد بود.

واژه های کلیدی: روند همخونی، گوسفند قره گل، صفات رشد، درجه پوست.

مقدمه

همخونی به معنی آمیزش افرادی است که قرابت آنها با یکدیگر بیشتر از متوسط خویشاوندی در جامعه مورد بررسی باشد (۶). نتیجه همخونی افزایش تعداد لوکوس هایی است که دو آلل آن بر اثر جد مشترک مشابه^{۱۲۹} هستند (هموزیگوسیتی) و باعث افزایش فراوانی ژن های مغلوب نامطلوب می شود. افت همخونی^{۱۳۰}، اصطلاحی است که دیکرسون (۱۹۶۳) پیشنهاد داد این اصطلاح به صورت کاهش در میانگین عملکرد رشد، تولید، سلامت، باروری و بقاء حیوانات جامعه نمود پیدا می کند (۲). برنامه های اصلاح نژادی مدرن که از برآوردهای دقیق ارزش های ارثی حیوانات برای صفات مختلف و همچنین روش های تولید مثلی پیشرفته سود می برند منجر به پیشرفت ژنتیکی سریع و افزایش همخونی ناشی از انتخاب تعداد افراد و خانواده های محدود، می شوند (۱۱). این واقعیت مورد توجه بسیاری از محققین در سرتاسر جهان بوده و تلاش آنها بر آن است تا میزان اثر مخرب همخونی بر عملکرد حیوانات را تعیین نموده و راهی برای غلبه بر آن پیدا کنند (۵ و ۷).

در برخی مطالعات اثر همخونی بر صفات مختلف در گوسفند مورد بررسی قرار گرفته است (۹ و ۱۰). در اکثر این مطالعات با افزایش این اثر کاهش عملکرد را گزارش نموده اند (۳ و ۱). برای گوسفند نژاد قره گل هیچ مطالعه ای در زمینه روند همخونی و اثر آن بر صفات تولیدی گزارش نشده است. بنابراین هدف بررسی حاضر محاسبه همخونی و اثر آن بر صفات وزن تولد، وزن ۳، ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی، میزان ماندگاری و درجه پوست است.

مواد و روشها

اطلاعات شجره ۷۳۴۸ رأس گوسفند نژاد قره گل که در طی سالهای ۱۳۶۳ تا ۱۳۸۷ توسط ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند قره گل در سرخس جمع آوری شده بود مورد استفاده قرار گرفت. ضریب همخونی حیوانات با استفاده از نرم افزار

¹²⁹ Identical- by-descent

¹³⁰ Inbreeding depression

CFC محاسبه شد (۸). با توجه به عدم وجود اطلاعات از والدین بره های متولد شده در سال ۱۳۷۰، این سال به عنوان سال پایه و جمعیت آن به دلیل نامعلوم بودن والدین آنها به عنوان جمعیت پایه در نظر گرفته شد. از کل حیوانات شجره، ۹۲/۹ درصد حیوانات دارای پدر معلوم، ۹۳/۱ درصد دارای مادر معلوم و ۹۳/۱ درصد دارای پدر و مادر معلوم بودند. بر مبنای ضرایب همخوانی محاسبه شده، آماره های توصیفی آن در کل جمعیت، جمعیت هم خون و تابعیت ضریب همخوانی از سال تولد محاسبه شدند. محاسبه افت همخوانی با استفاده از ۶۸۴۲ رکورد وزن تولد، ۵۹۷۱ رکورد ۳ ماهگی، ۴۰۶۶ رکورد ۶ ماهگی، ۳۵۱۰ رکورد ۹ ماهگی، ۳۳۳۷ رکورد ۱۲ ماهگی، ۶۷۸۱ رکورد ماندگاری و ۶۱۲۵ رکورد درجه پوست طبق مدل آماری زیر انجام گرفت:

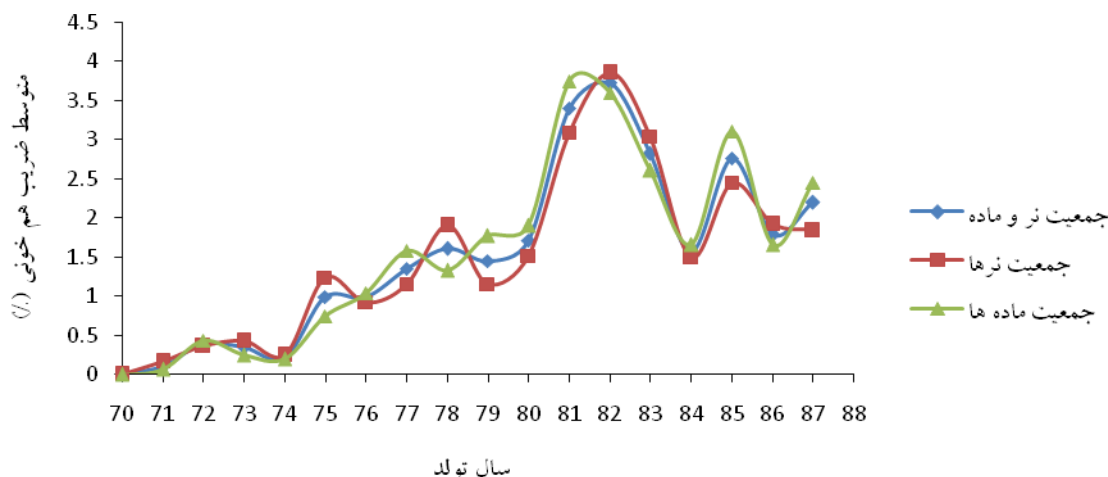
$$y = \mu + Y + M + S + T + D + b_1(AF) + b_2(DF) + a + e$$

که، y مشاهده عملکرد، Y سال تولد، M ماه تولد، S جنس، T نوع تولد، D سن مادر، AF همخوانی حیوان، DF همخوانی مادر، a اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و e اثر باقیمانده است. همچنین، b_1 و b_2 به ترتیب ضرایب تابعیت عملکرد از همخوانی حیوان و همخوانی مادر بود. ضرایب تابعیت صفات تولیدی براساس مدل فوق با استفاده از نرم افزار ASReml برآورد شد (۴). این ضرایب، مقدار تغییر صفات مورد نظر را به ازای یک درصد افزایش همخوانی نشان می دهند.

نتایج و بحث

متوسط ضریب همخوانی کل جمعیت، نرها و ماده ها به ترتیب ۱/۵۲، ۱/۵۸ و ۱/۴۷ درصد بود. حیوانات نر متوسط ضریب همخوانی بیشتری نسبت به حیوانات ماده داشتند (۱/۵۸ در مقایسه با ۱/۴۷) تعداد افراد ماده با پدر و مادر نا مشخص بیشتر از افراد نر با پدر و ماد نامشخص می باشد این می تواند یکی از دلایل بالا بودن متوسط همخوانی در افراد نر باشد. حداکثر و حداقل همخوانی گله به ترتیب ۳۷/۵ و صفر درصد بود. متوسط ضریب همخوانی برآورد شده در این تحقیق نسبت به برآوردهای انجام شده در گوسفند نژادهای زندی و مغانی بیشتر بوده اما نسبت به گزارشات وان ویک و همکاران (۲۰۰۹) کمتر می باشد (۱۰). پایین بودن ضریب همخوانی گله می تواند ناشی از نامعلوم بودن شجره برخی حیوانات و تا حدی ممانعت از آمیزش های خویشاوندان نزدیک باشد. از کل حیوانات شجره حدود ۳۶/۶۴ درصد آن ها همخون بوده متوسط ضریب همخوانی آن ها ۴/۱۵ درصد بود.

تغییرات میانگین هم خونی جمعیت گوسفندان ماده و نر، گوسفندان ماده، و گوسفندان نر طی سال های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۷ در نمودار ۱ نشان داده شده است. سال ۱۳۸۲ بالاترین میزان همخوانی را دارد بعد از آن روند نامنظم همخوانی دیده می شود. تابعیت روند تغییرات همخوانی برای کل جمعیت گوسفند ماده و نر، جمعیت گوسفندان ماده و جمعیت گوسفندان نر در فاصله زمانی سال های مختلف به ترتیب ۰/۱۷، ۰/۱۸ و ۰/۱۵ درصد به ازای هر سال بود. این میزان افزایش همخوانی نسبت به گزارشات در ایران بیشتر است. دلیل تفاوت در متوسط همخوانی می تواند ناشی از تفاوت نژادی، اندازه جمعیت، سیستم رکوردگیری و مدیریت آمیزش در گله ها باشد.



نمودار ۱- میانگین هم خونی جمعیت گوسفندان نژاد قره گل در سال های مختلف

در جدول ۱ ضرایب تابعیت صفات مورد مطالعه از همخونی نشان داده شده است. همانطور که دیده می شود برای همه صفات افزایش همخونی باعث کاهش عملکرد شده است (به استثنای درجه پوست). در مطالعات انجام شده در زمینه بررسی اثر همخونی بر صفات تولیدی گوسفند، نتایج متفاوتی گزارش شده است. افت همخونی برای گوسفندان زندی به ترتیب ۹، ۲۹، ۹۷، ۸۵ و ۱۰۷ گرم و برای گوسفند مغانی به ترتیب ۷، ۲۹۱، ۲۶، ۱۹ و ۴۲ گرم برای صفات وزن تولد، وزن ۳، ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی گزارش شده است (۳۱). همچنین در مطالعه ای که وان ویک و همکاران (۲۰۰۹) روی گوسفندان نژاد دورمر انجام دادند، ضرایب تابعیت وزن تولد و وزن از شیرگیری از ضریب همخونی را به ترتیب ۶۴- و ۹۲- گرم گزارش کردند (۱۰). همخونی اثر منفی بر ماندگاری گوسفندان در گله مورد بررسی داشت و ۵/۴۳ روز به ازای ۱ درصد همخونی حیوان از ماندگاری آن در گله کاسته می شود. اثر همخونی بر درجه پوست تقریباً نزدیک به صفر می باشد.

جدول ۱- ضرایب تابعیت صفات مورد مطالعه از همخونی

افت همخونی		صفت
مادر	فرد	
۰	-۴	وزن تولد (گرم)
-۴۹	-۳۸	۳ ماهگی (گرم)
-۴۴	-۱۳۹	۶ ماهگی (گرم)
-۳۴	-۱۵۰	۹ ماهگی (گرم)
-۴۴	-۱۷۸	۱۲ ماهگی (گرم)
-۵/۱۸	-۵/۴۳	ماندگاری (روز)
-۰/۰۰۹	۰/۰۰۲	درجه پوست (درصد)

افت همخونی برآورد شده در این تحقیق نسبت به برآورد های سایر نژاد ها در ایران بیشتر است این می تواند ناشی از سطوح بالای همخونی، تفاوت نژادی، مدل مورد استفاده و کامل بودن بودن شجره باشد. با توجه به افت همخونی بالای صفات رشد و

بالا بودن ضریب همخوانی گوسفند قره گل پیشنهاد می شود از آمیزش های نزدیک در این گله جلوگیری شود و با برآزش آن در مدل های آماری مورد استفاده برای برآورد ارزش های اصلاحی، اثر آن برای تصحیح عملکرد در نظر گرفته شود. با توجه به متوسط همخوانی در این گله، باید سیستم های آمیزشی طراحی گردد که متوسط میزان همخوانی در این گله را در سطح قابل قبولی نگه دارد. با توجه به اثرات معنی دار همخوانی در روی صفات وزن، توصیه می شود که از آمیزش های خیلی نزدیک در این گله ها جلوگیری شود.

منابع

۱. عادلای خواه، م. ح.، واعظ ترشیزی، ر.، رکوعی، م و توحیدی، د. ۱۳۸۷. هم خونی و اثر آن بر صفات تولیدی گوسفند زندی ایران. سومین کنگره علوم دامی مشهد.
2. Dickerson, G.E. 1963. Experimental evaluation of selection theory in poultry. Genetics Today. Int. Congress of Genetics, vol. 11. Proceedings, The Hague, Holand, pp. 747-761.
3. Dorostkar, M., H. Faraji Arough, J. Shodja, S.A. Rafat, M. Rokouei and H. Esfabyari. 2012. Inbreeding and inbreeding depression in Iranian Moghani sheep breed. Journal of Agriculture Science and Technology, 14: 549-556.
4. Gilmour, A.R., B.R. Cullis, S.J. Welham, and R. Thompson. 2007. ASREML Reference manual. Available from: <http://www.ftp.res.bbsrc.ac.uk> in pub/aar.
5. Gómez, M.D., M. Valera, A. Molina, J.P. Gutiérrez, and F. Goyache. 2008. Assessment of inbreeding depression for body measurements in Spanish Purebred (Andalusian) horses. Livestock Science, 122: 149-155.
6. Lush, J.L., 1945. Animal breeding plans. Iowa State College, Ames, 443 pp.
7. Queiroz, S.A., Albuquerque, L.G., Lanzoni, L.A. 2000. Inbreeding effects on growth traits of Gyr cattle in Brazil. Brazilian Journal of Animal Science, 4: 1014-1019.
8. Sargolzaei, M., H. Iwaisaki, and J.J. Colleau. 2006. A tool for monitoring genetic diversity, comm. 27-28 in proceeding of the 8th World Congr. Genet Appl. Livest. Pro Belo Horizonte, Brazil.
9. Selvaggi, M., C. Dario, V. Peretti, F. Ciotola, D. Carnicella, and M. Dario. 2010. Inbreeding depression in Lecce sheep. Small Ruminant Research, 89: 42-46.
10. Van Wyk, J. B., M.D. Fair, and S.W.P. Cloete. 2009. Case Study: The effect of inbreeding on the production and reproduction traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. Livestock Science, 120(3): 218-224.
11. Weigel, K.A., 2001. Controlling inbreeding in modern breeding programs. Journal of Dairy Science, 84: E177-E184 E. Suppl.

Estimation of Inbreeding Trend and Its Effect on Growth Traits, Longevity and Skin score of Karakul Sheep Breed

F. Bahri Binabaj¹, H. Faraji Arough^{1*}, M. Rokouei², M. Jafari³, A. Mohammad Hashemi¹

¹ Ferdowsi University of Mashhad, department of agriculture, faculty of animal science.

² University of Zabol

³ Animal breeding center of north-east of Iran (Abasabad)

* Corresponding E-mail address hadifaraji.um@gmail.com

Abstract

In this study, pedigree of 7348 Karakul sheep that were collected in Sarakhs breeding station from 1984 to 2008, were used. Dam and animal inbreeding coefficient were fitted in an animal model as covariates. Average inbreeding coefficient in the population was 1.52%, with a range of 0 to 37.5%. 36.64 percent of the population was inbred with average inbreeding coefficient of 4.15% for inbred animals. Inbreeding depressions per 1% increasing of individual inbreeding were -0.004, -0.038, -0.139, -0.150, -0.178 gr, - 5.43 day and 0.002 % for body weight at birth, 3,6,9,12 months of age, longevity and skin score, respectively. Inbreeding depression for these traits for 1% increasing of dam inbreeding were 0, -0.049, -0.044,-0.034, -0.044, -5.18 and 0.009%,

Key words: Inbreeding trend, Karakul sheep, growth traits, skin score.

برآورد مولفه‌های واریانس و تخمین پارامترهای ژنتیکی تولید شیر در گاوهای براون سوئیس خراسان رضوی

سونیا زکی‌زاده^{۱*}، هما شهیدی^۲، رضا زرقی^۳

^۱ استادیار مجتمع آموزش جهادکشاورزی خراسان رضوی، ^۲ کارشناس ثبت مشخصات و رکوردگیری معاونت بهبود تولیدات دامی

خراسان رضوی، ^۳ مسوول گاوداری مجتمع آموزش جهادکشاورزی خراسان رضوی

نویسنده مسئول: سونیا زکی‌زاده، مجتمع آموزش جهادکشاورزی خراسان رضوی، Sonia_zaki@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق، اطلاعات تولید شیر و شجره گاوهای براون سوئیس استان خراسان رضوی که بین سالهای ۱۳۴۵ تا ۱۳۸۷ جمع آوری شده بود، برای برآورد مولفه‌های واریانس و تخمین پارامترهای ژنتیکی تولید شیر استفاده شد. اثر عوامل محیطی با رویه GLM نرم افزار SAS نسخه ۹٫۱ و پارامترهای ژنتیکی و ارزش اصلاحی با استفاده از مدل تکرارپذیری تک صفتی و با استفاده از الگوریتم بی‌نیاز از مشتق‌گیری DFREML برآورد شدند. متوسط تولید شیر دوره $5693/98 \pm 2219/48$ کیلوگرم، به دست آمد و اثر دوره شیردهی، گله، سال زایش و اثر متقابل گله-فصل-سال زایش بر تولید شیر معنی‌دار بود ($P < 0/05$). وراثت‌پذیری و تکرارپذیری تولید شیر به ترتیب $0/23$ و $0/29$ برآورد شدند. از آنجا که همبستگی ژنتیکی بین دوره‌های شیردهی یا رکوردهای تکراری باید ۱ باشد تا از مدل تکرارپذیر استفاده شود، بهتر است از رکوردهای روزآزمون با مدل رگرسیون تصادفی برای آنالیزها استفاده گردد تا تغییرات محیطی بهتر نشان داده شود.

واژگان کلیدی: براون سوئیس - عوامل محیطی - وراثت‌پذیری - تولید شیر.

مقدمه

گاو براون سوئیس در کوه‌های سوئیس با تاکید بیشتر برای تولید شیر زیاد با در صد چربی کم و برای تولید پنیر اصلاح شده است (۳). در کشور ایران نیز این نژاد در برخی استان‌ها پرورش داده می‌شود، از جمله استان خراسان رضوی جزء استان‌هایی است که دارای دو گله اصیل نژاد براون می‌باشد. از آنجا که این نژاد تولید شیر مناسب داشته و نقش مهمی در تامین شیر و فرآورده‌های لبنی کشور می‌تواند داشته باشد، بهبود عملکرد آن از طریق عملیات اصلاح نژادی موثر واقع خواهد شد؛ لذا انتخاب ژنتیکی برای این صفت نیازمند آگاهی از پارامترهای ژنتیکی می‌باشد. مقدار تولید شیر علاوه بر اثر ژنتیکی، تحت تاثیر عوامل محیطی نظیر ماه، سال زایش، طول دوره شیردهی، منطقه جغرافیایی، سطح تولید گاو، سن اولین زایش، دوره فحلی و تعداد دفعات دوشش در روز می‌باشد (۵). برآورد مؤلفه‌های واریانس در برنامه‌های اصلاح نژاد اهمیت فراوانی دارد، چون با برآورد کردن واریانس‌های افزایشی و غیرافزایشی (در صورت امکان) می‌توان مقدار توارث‌پذیری یک صفت را پیش‌بینی کرد، پارامترهای ژنتیکی لازم را برآورد و ارزش اصلاحی حیوانات برای طراحی برنامه‌های اصلاح نژاد را محاسبه کرد. وراثت‌پذیری مقدار تولید شیر روزآزمون در این نژاد از $0/09$ تا $0/14$ (۴) تولید شیر $0/28$ تا $0/3$ (۱)، درصد چربی $0/2$ ، تداوم شیردهی $0/11$ ، فاصله دو زایش $0/05$ ، تعداد روزهای آبستنی $0/12$ و سن اولین زایش $0/36$ برآورد شده است (۱، ۴).

هدف از این مطالعه بررسی عوامل محیطی موثر بر تولید شیر نژاد براون سوئیس و برآورد مولفه‌های واریانس و تخمین پارامترهای ژنتیکی در استان خراسان رضوی بود.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از اطلاعات تولیدی و شجره گاوهای براون سوئیس استان خراسان رضوی که بین سال‌های ۱۳۴۵ تا ۱۳۸۷ جمع‌آوری شده بود، استفاده گردید. داده‌ها با استفاده از نرم افزار FOXpro و اعمال محدودیت‌هایی از قبیل سن اولین زایش کمتر از ۳۶ ماه، ویرایش شدند. از آنجا که تولید شیر جزء صفات کمی بوده و تحت کنترل چندین ژن قرار دارد، عوامل محیطی روی این صفت تأثیر می‌گذارند؛ لذا باید کلیه عوامل محیطی تأثیرگذار قبل از تخمین پارامتر در مدل حیوانی وارد شوند. به همین علت، برای تصحیح عوامل محیطی از رویه GLM نرم افزار SAS نسخه ۹٫۱ استفاده گردید. عوامل محیطی طبق مدل زیر بررسی شدند.

$$y_{ijklmn} = \mu + H_i + Y_j + S_k + A_l + I_m + HYS_{ijk} + e_{ijklmn}$$

بردار y رکوردهای تولید شیر ۳۰۵ روز، H_i اثر گله، Y_j اثر سال زایش، S_k اثر فصل زایش، A_l اثر سن زایش، I_m اثر دوره شیردهی، HYS_{ijk} اثر متقابل گله-سال-فصل زایش، و e_{ijklmn} اثرات باقیمانده. به منظور تخمین پارامترهای ژنتیکی (تکرار پذیری و وراثت پذیری) و برآورد ارزش اصلاحی گاوها از مدل تکرارپذیر و با استفاده از الگوریتم بی‌نیاز از مشتق گیری DFREML استفاده شد. مدل ماتریسی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی به صورت زیر می‌باشد:

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

y بردار مشاهدات، b بردار اثرات ثابت، a بردار اثرات ژنتیک افزایشی، p بردار اثرات محیطی دائمی و e بردار اثرات باقیمانده است. ماتریس X ، Z و W نیز ماتریس‌های طرحی است که رکوردها را به ترتیب به اثرات ثابت، حیوانات و محیط دائمی مرتبط می‌نماید (مروود، ۲۰۰۵).

نتایج و بحث

تولید شیر برای گاوهای براون سوئیس استان خراسان رضوی در دامنه ۴۰۳/۲ تا ۱۲۸۴۰٫۶۵ کیلوگرم با میانگین ۵۶۹۳/۹۸±۲۲۱۹/۴۸ کیلوگرم قرار داشت. ضریب تغییرات این صفت در گاوهای براون سوئیس استان خراسان رضوی (۳۵/۲) درصد) محاسبه شد. از نتایج آنالیز واریانس اثرات محیطی روی تولید شیر (جدول ۱) مشخص شد که تأثیر دوره شیردهی، گله و سال زایش و اثر متقابل گله-فصل-سال زایش بر تولید شیر معنی‌دار بود.

میانگین حداقل مربعات و خطای معیار برای سطوح مختلف دوره شیردهی برای تولید شیر نشان داد بیشترین و کمترین میانگین حداقل مربعات به ترتیب در دوره شیردهی چهارم و نهم بود. نتایج حاکی از این مطلب است که تولید شیر برای گاوهای براون سوئیس استان خراسان رضوی (میانگین ۵۶۹۳/۹۸±۲۲۱۹/۴۸ کیلوگرم) در مقایسه با متوسط تولید شیر گاوهای براون سوئیس گلپایگان (۴۴۰۱±۱۹۶۳ کیلوگرم) بیشتر است. همچنین ضریب تغییرات تولید شیر گاوهای براون سوئیس استان خراسان رضوی (۳۵/۲ درصد) نسبت به ضریب تغییرات گزارش شده برای براون سوئیس‌های گلپایگان (۴۴/۶ درصد) نیز کمتر بود (۲). این محققین اثرات سال، فصل زایش، تعداد دوره‌های شیردهی و طول دوره شیردهی بر تولید شیر را معنی‌دار گزارش نموده بودند و عنوان داشتند که بیشترین تولید شیر مربوط به شکم چهارم و در فصل پاییز و بهار بود.

نتایج حاصل از مدل تکرارپذیری برای صفات تولید شیر در جدول (۲) ارائه شده است. در این مدل هر یک از رکوردهای مربوط به دوره‌های شیردهی به عنوان یک رکورد تکرار شده این صفات در نظر گرفته شدند و فرض بر این بود که همبستگی ژنتیکی مابین رکوردها ۱ است (۶). هر رکورد مربوط به دوره شیردهی منوط به این بود که رکورد برای دوره شیردهی قبلی وجود دارد. وراثت‌پذیری و تکرارپذیری این صفت به ترتیب 0.23 و 0.29 برآورد شد. وراثت‌پذیری و تکرارپذیری تولید شیر گاوهای براون سوئیس ترکیه به ترتیب 0.28 ± 0.09 و 0.31 ± 0.01 گزارش شده است (۷)، این در حالی است که متوسط تولید شیر و فاصله گوساله‌زایی براون سوئیس ایتالیا به ترتیب $22/3$ کیلوگرم در روز و 421 روز و وراثت‌پذیری آنها 0.14 و 0.05 و همبستگی ژنتیکی 0.56 گزارش شده است (۴).

مقدار وراثت‌پذیری تخمین زده شده تولید شیر نشان دهنده این امر است که انتخاب برای این صفت در گاوهای براون سوئیس می‌تواند موثر باشد و به دلیل بالا بودن تکرارپذیری تولید شیر، بالا بودن تولید شیر در یک دوره می‌تواند در دوره‌های بعد نیز تکرار شود. در این تحقیق وراثت‌پذیری و تکرارپذیری شیر با استفاده از مدل تکرارپذیر آنالیز شد، اما از آنجا که همبستگی ژنتیکی بین دوره‌های شیردهی یا رکوردهای تکراری باید ۱ باشد تا از این مدل استفاده شود، بهتر است از رکوردهای روزآزمون با مدل رگرسیون تصادفی برای آنالیزها استفاده گردد تا تغییرات محیطی بهتر نشان داده شود.

جدول ۱- اثر عوامل محیطی بر صفت تولید شیر

عوامل موثر	تولید شیر (P- Value)
دوره شیردهی	0.0001^{**}
گله	0.0191^{*}
سال زایش	0.0001^{**}
فصل زایش	0.0507^{ns}
گله- فصل- سال زایش	0.0019^{**}
سن زایش	0.9369^{Ns}

** معنی‌دار در سطح احتمال $P < 0.01$ ، * معنی‌دار در سطح احتمال $P < 0.05$ ، ns بی‌معنی

جدول ۲- نتایج حاصل از مدل تکرارپذیری برای صفات مورد مطالعه

صفت	σ_e^2	σ_a^2	σ_{pe}^2	σ_p^2	h^2	c^2	R
تولید شیر	$102270.5/68$	$326548/12$	$86122/58$	$1435376/39$	0.23	0.06	0.29

σ_e^2 = واریانس باقیمانده، σ_a^2 = واریانس ژنتیک افزایشی، σ_{pe}^2 = واریانس محیطی دائم، σ_p^2 = واریانس فتوتیپی، h^2 = وراثت‌پذیری، c^2 = نسبت واریانس محیطی دائم به واریانس فتوتیپی، R = تکرارپذیری

منابع

۱. حیدرپور، م. ۱۳۷۴. مطالعه و تخمین پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصادی در گاوهای نژاد براون سوئیس با اجداد مادری بومی. دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس. پایان نامه کارشناسی ارشد.
۲. دادار، م.، گلمحمدی، ح. ع. ۱۳۸۰. مقایسه عملکرد تولید شیر و صفات تولید مثلی گاو نژاد هلشتاین و براون سوئیس در شرایط پرورش صنعتی. مرکز پژوهش های کشاورزی و منابع طبیعی.
۳. قربانی، غ. ر. و خسروی نیا، ح. ا. ۱۳۸۸. اصول پرورش گاوهای شیرده. مرکز نشر دانشگاه صنعتی اصفهان.
4. Dal Zotto, R., M. De Marchi., C. Dalvit., M. Cassandro., L. Gallo., P. Carnier, and G. Bittante. 2007. Heritabilities and genetic correlations of body condition Score and calving interval with yield, somatic cell score, and linear type traits in Brown Swiss cattle. J. Dairy Sci. 90:5737-5743.
5. Dechow, C. D., G. W. Rogers, J. B. Cooper, M. I. Phelps, A. L. Mosholder. 2007. Milk, fat, protein, somatic cell score, and days open among Holstein, Brown Swiss, and their crosses. J. Dairy Sci. 90: 3542- 3549
6. Mrode, R. A. 2005. Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values. C.A.B international.
7. Zulkadir, U., I. Aytekin. 2009. Genetic analysis of test day milk yields of Brown Swiss cattle raised at Konuklar state farm in Turkey, using MTDFREML. South African J. Anim. Sci. 39(1): 10-14.

Variance component and genetic parameter estimation of milk production in Brown Swiss cattle of Khorasan-Razavi

Sonia zakizadeh^{1*}, H. Shahidi², R. Zarghi¹

¹ Higher Educational of Jihad-Agriculture Complex, ² Registration and record officer of Khorasan Razavi improvement production organization

* Corresponding author: Sonia Zakizadeh, Sonia_zaki@yahoo.com

Abstract

In this study, milk production and pedigree information of Brown Swiss cattle recorded 1345-1387 were used for variance component and milk production genetic parameters. Environmental factors were estimated by GLM procedure of SAS software (V. 9.1) as well as genetic parameters and breeding values prediction by repeatable model of DFREML. Average milk production was 5693.98 ± 2219.48 and lactation number, herd, year of calving and herd-year-season of calving were significant on milk production ($p < 0.05$). Heritability and repeatability of milk production were 0.23 and 0.29. As the genetic correlation between

records should be 1 to use repeatable model, it is better to use test-day records and regression models for data analysis to show environmental effects better.

Key words: Brown Swiss- environmental effects- heritability- milk production

شناسایی چند شکلی‌های تک نوکلئوتیدی در ناحیه پروموتور ژن اینترلوکین-۲ در مرغ‌های مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران

الهه قاسمیان سوربنی^{*}، قدرت رحیمی میانجی، زریخت انصاری پیرسرایی، حامد کاظمی، محمد رضایی
آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام، گروه علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
^{*}Elaheh.ghasemian@yahoo.com

چکیده

اینترلوکین-۲ باعث تکثیر و تقسیم لنفوسیت‌های نوع T که یکی از اجزای اصلی واکنش‌های سیستم ایمنی هستند می‌شود. همچنین بر لنفوسیت‌های نوع B اثر گذاشته، رشد آنها را تقویت نموده و سنتز مقدار محدودی از ایمونوگلوبین‌ها را نیز موجب می‌شود. به منظور شناسایی چند شکلی ژن IL-2 از ۱۰۰ قطعه مرغ‌های مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران خون گیری به عمل آمد. استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته و تکثیر یک قطعه ۶۵۹ جفت بازی از ناحیه پروموتور این ژن توسط واکنش زنجیره‌ای پلی مرز (PCR)، با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی انجام گرفت. در تعیین ژنوتیپ نمونه‌ها از آنزیم برشی MnlI استفاده شد. در پژوهش حاضر دو آلل A و G هر یک به ترتیب با فراوانی ۶۴ و ۳۶ درصد و سه ژنوتیپ AA، AG و GG هر یک به ترتیب با فراوانی ۴۳، ۴۱ و ۱۶ درصد مشاهده شد. با توجه به چند شکل بودن جایگاه نشانگر در بخش تنظیمی ژن IL-2 و از طرفی نقش مهم این ژن در فعالیت‌های مرتبط با سیستم ایمنی، شاید بتوان از این جایگاه نشانگری در برنامه‌های اصلاحی انتخاب به کمک نشانگرها در افزایش مقاومت به بیماری در صنعت پرورش طیور استفاده نمود.

واژگان کلیدی: اینترلوکین ۲- پروموتور- مرغ بومی- چند شکلی- PCR-RFLP

مقدمه

سیستم ایمنی در حفاظت از طیور در برابر بیماری‌ها نقش مهمی دارد. مقاومت به بیماری در طیور با غلظت بالای آنتی بادی علیه پاتوژن‌های اختصاصی هم بسته است. درک هر چه بیشتر ساز و کار کنترل ژنتیکی تولید آنتی بادی‌ها فرصت مناسبی را برای شناسایی ژن‌های کاندیدا و راهی منطقی برای فهم هر چه بیشتر ارتباط این ژن‌ها با ساز و کار تولید آنتی بادی فراهم می‌آورد (۵). تشخیص و بررسی ژن‌های کاندیدی که مقاومت به بیماری را کنترل می‌کنند و همچنین ارتباط این ژن‌ها با صفات تولیدی، دانش ما را در مورد مقاومت ژنتیکی به بیماری‌ها افزایش می‌دهد (۱). کایسر و همکاران (۱۹۹۹)، با بررسی توالی اگزون، اینترون و پروموتور ژن اینترلوکین-۲ نشان دادند که سایتوکین موجود در جوجه‌ها که فعالیت تکثیر سلولهای T را به عهده دارد اینترلوکین-۲ است نه اینترلوکین-۱۵. ساختار اگزون و اینترون ژن اینترلوکین-۲ در جوجه‌ها با اندکی تفاوت شبیه به همولوگ آن در پستانداران است به طوری که اگزون ۲ و اینترون ۲ و ۳ در جوجه‌ها کوچک تر است. اینترلوکین-۲ در جوجه‌ها دارای ۴ اگزون و ۳ اینترون است (۲). این ژن روی کروموزوم شماره ۴ قرار دارد (۴ و ۵). زو و همکاران (۲۰۰۱)، چند شکلی‌های پروموتور ژن‌های کاندید IFN- γ ، IL-2 و IgL و همچنین روند پاسخ ایمنی در جوجه‌ها را بررسی کردند. در پژوهش مذکور لاین‌های لگهورن G-B1 و فایومی^{۱۳} M15.2 و M5.1 به عنوان لاین اجدادی استفاده شدند. برای جایگاه ژن IL-2 یک قطعه ۶۵۹ جفت بازی از ناحیه پروموتور این ژن از هر لاین توالی یابی شد که یک جهش A/G در موقعیت نوکلئوتیدی ۴۲۵- بین

لاین های لگهورن و فایومی M15.2 تشخیص داده شد اما هیچ جهش یافته ای بین لگهورن و فایومی M5.1 دیده نشد. آنزیم برش دهنده ی اختصاصی برای این ژن، آنزیم MnlI بود. در آن پژوهش اثر فرم های مختلف آللیک ژن های کاندید بر پاسخ آنتی بادی اولیه و ثانویه مورد مطالعه قرار گرفته بود (۵). پراکاش و همکاران در سال ۲۰۱۰، چند شکلی جایگاه پروموتور ژن IL-2 و ارتباط آن با صفات مربوط به شیر را در گاو های دورگ هندی مورد مطالعه قرار دادند و ارتباط معنی داری بین فراوانی ژنوتیپ ها با تولید شیر کل، مدت شیر دهی، تولید شیر روزانه و پیک تولید پیدا کردند (۳). با توجه به اهمیت موضوع مقاومت به بیماری ها در طیور و از طرفی نقش جایگاه ژنی ایتترلوکین ۲ در سیستم ایمنی، مطالعه حاضر به منظور شناسایی چند شکلی آللی در ناحیه پروموتور این جایگاه ژنی در جمعیت مرغ های مولد بومی ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران انجام گرفت.

مواد و روش ها

نمونه برداری، استخراج DNA، تکثیر جایگاه مورد نظر و تعیین ژنوتیپ

در این پژوهش، از سیاهرگ بالی ۱۰۰ قطعه مرغ های مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران، خونگیری به عمل آمد. برای استخراج DNA از مقدار ۲ میلی لیتر خون و برای جلوگیری از انعقاد خون از محلول EDTA استفاده شد. نمونه ها بلافاصله با حفظ شرایط زنجیره سرد به آزمایشگاه منتقل و در دمای ۲۰- درجه سانتی گراد تا زمان استخراج DNA، نگهداری شدند. برای استخراج DNA، از پروتکل استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته و برای تعیین ویژگی های کمی و کیفی DNA از الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد. در این مطالعه قطعه ای به طول ۶۵۹ جفت باز از ناحیه پروموتور جایگاه ژنی IL-2 با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی (جدول ۱) و واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) تکثیر شد.

جدول شماره ۱- آغازگرهای اختصاصی مورد استفاده برای ناحیه پروموتور

نام جایگاه ژنی	موقعیت روی ژن	توالی آغازگر (3'-5')	اندازه قطعه (bp) تکثیری	منبع
IL-2	پروموتور	F: TGCTTTTAACCGTCTTTG R: GATGCTCCATAAGCTGTAGT	۶۵۹	۵

واکنش زنجیره ای پلی مرز در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ۲/۵ میکرولیتر بافر PCR (10x)، ۱ میکرولیتر از هر آغازگر، ۰/۵ میکرولیتر dNTPs، ۰/۲ میکرولیتر Taq polymerase، ۱/۵ میکرولیتر DNA ژنومی و ۱ میکرولیتر $MgCl_2$ که در نهایت با آب مقطر به حجم ۲۵ میکرولیتر رسیده است، انجام گرفت. سپس چرخه های PCR با برنامه حرارتی شامل: ۹۴ درجه سانتی گراد برای واسرشت اولیه DNA به مدت ۲۴۰ ثانیه، واسرشت ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۶۰ ثانیه، دمای ۵۳ درجه سانتی گراد برای اتصال آغازگرها به مدت ۶۰ ثانیه، دمای ۷۲ درجه سانتی گراد بسط آغازگرها به مدت ۶۰ ثانیه به تعداد ۳۵ چرخه و بسط نهایی به مدت ۳۰۰ ثانیه در ۷۲ درجه سانتی گراد انجام شد. برای تعیین کیفیت محصول PCR از ژل آگارز ۱ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید و برای آزمون صحت اندازه قطعه تکثیری از نشانگر وزنی M100 شرکت فرمتاز استفاده شد. برای تفکیک آللی و تعیین ژنوتیپ هر حیوان از تکنیک PCR-RFLP و الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد. پس از هضم آنزیمی نمونه ها توسط آنزیم MnlI برای مشاهده باندها از ژل آگارز ۳ درصد استفاده شد. اگر در اثر برش آنزیم ۴

قطعه ۲۵۱، ۱۶۵، ۱۱۵ و ۱۹ جفت بازی ایجاد شود آل A و اگر ۵ قطعه ۱۶۵، ۱۳۹، ۱۱۵، ۱۱۲ و ۱۹ جفت بازی ایجاد شود آل G ایجاد شده و سه ژنوتیپ AA، AG و GG مشاهده می شود.

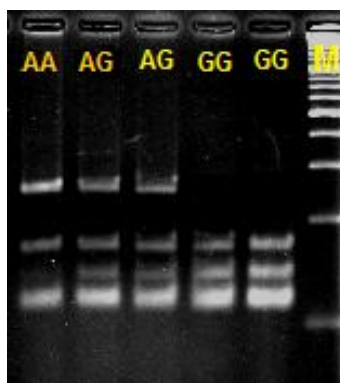
نتایج و بحث

در این پژوهش با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی، قطعه مورد نظر از جایگاه ژنی IL-2 شامل ناحیه پروموتور به طول ۶۵۹ جفت باز تکثیر شد. نمونه‌ای از محصولات PCR تکثیر شده در نگاره ۱ آمده است.



نگاره ۱- محصول PCR ناحیه پروموتور ژن IL-2 با اندازه ۶۵۹ جفت باز

همان طور که در نگاره ۲ نشان داد در پژوهش حاضر با استفاده از آنزیم برشی MnlI در جایگاه مورد مطالعه قطعات ۲۵۱، ۱۶۵، ۱۱۵ و ۱۹ جفت بازی برای آل A و قطعات ۱۶۵، ۱۳۹، ۱۱۵، ۱۱۲ و ۱۹ جفت بازی برای آل G ایجاد شد. در نتیجه سه ژنوتیپ AA، AG و GG مشاهده شد که فراوانی هر یک از ژنوتیپ ها به ترتیب برابر با ۴۳، ۴۱ و ۱۶ درصد و فراوانی هر یک از آل های A و G به ترتیب برابر با ۶۴ و ۳۶ درصد برآورد شد.



نگاره ۲- تیمار قطعه تکثیری با آنزیم MnlI و ژنوتیپ های حاصل از هضم آنزیمی

یه و همکاران (۲۰۰۶)، ارتباط بین چند شکلی های تک نوکلئوتیدی ۱۲ ژن مرتبط با ایمنی از جمله ژن های IL-2 و IFN- γ را با صفات رشد، مرگ و میر، تولید و سایر صفات مرتبط، در محیطی با بهداشت بالا (^{132} HH) و محیطی با بهداشت پایین (^{133} LH) و در سه لاین گوشتی مورد مطالعه قرار دادند. در ژن IL-2 با استفاده از آنزیم برشی اختصاصی MnlI چند شکلی تک نوکلئوتیدی A/C تشخیص داده شد. جایگزینی آل اول به جای آل دوم (A به جای C) در ژن IL-2 آثار منفی بر رشد و

طول عمر در هر سه لاین در محیط با بهداشت بالا و همچنین آثار منفی بر رشد سریع (وزن بدن تا ۷ روزگی^{۱۳۴}) در هر دو محیط در لاین Y داشته است. آلل ۱ (آلل A) اثر منفی بر ضریب تبدیل غذایی (FCR^{۱۳۵}) در لاین ها را به دنبال داشته اما این اثر فقط در لاین Y معنی دار بود. اثر منفی این جایگزینی بر مرگ و میر قبل از ۱۴ روزگی (EMORT^{۱۳۶}) در محیط های HH و LH نیز مشاهده شد (۴). با توجه به چند شکل بودن آلل ها در جایگاه ناظم ژن IL-2 و نیز موثر بودن آن در فعالیت های مختلف سیستم ایمنی، احتمالاً بتوان در برنامه های اصلاحی مرتبط به افزایش مقاومت به بیماری ها در طیور از این جایگاه نشانگری بهره گرفت.

منابع

- 1- Ghebremicael, S.B., J.R. Hasenstein, and S.J. Lamont. 2008. Association of interleukin-10 cluster gene and salmonella response in the chicken. *Poult. Sci.* 87: 22-26.
- 2- Kaiser, P., and P. Mariani. 1999. Promoter Sequence, exon-intron structure, and synteny of genetic location show that a chicken cytokine with T-cell proliferation activity is IL-2 and not IL-15. *Immunogenetics.* 49: 26-35.
- 3- Prakash, V., T.K. Bhattacharya, and O.P. Pandey. 2010. Genetic polymorphism study of promoter region of interleukin-2 gene and its association with certain milk associated traits in indian crossbred cattle. *J. Mol. Genet.* 2: 15-19.
- 4- Ye, X., S. Avendano, J.C.M. Dekkers, and S.J. Lamont. 2006. Association of twelve immune-related gene with performance of three broiler lines in two different hygiene environments. *J. Poult. Sci.* 85: 1555-1569.
- 5- Zhou, H., A.J. Buitenhuis, S. Weigend, and S.J. Lamont. 2001. Candidate gene promoter polymorphisms and antibody response kinetics in chicken: Interferon- γ , Interleukin-2, and Immunoglobulin light chain. *Poult. Sci.* 80: 1679-1689.

Identification of Single Nucleotide Polymorphisms in Promoter Site of IL-2 Gene In Breeder Hens Of Mazandaran Native Fowls Breeding Station

E. Ghasemiansurboni*, h. Rahimimianji, Z. Ansaripirsaraei, H. Kazemi, M. Rezaei

*Email: elaheh.ghasemian@yahoo.com

Abstract :

Interleukin-2 multiplies and divides the T-type lymphocytes, which are one of the main components of the immune responses. It also affects the type B lymphocytes, stimulates their growth and also causes the synthesis of a limited amount of immunoglobulins. In order to identify IL-2 gene polymorphism blood samples were collected from 100 breeder hens from

^۱-BW7

^۲-Feed Conversion Ratio (FCR)

^۳-Early Mortality (Mortality Prior to 14 day)

Mazandaran native fowl breeding station. DNA extracted using modified salting out method and a fragment of 659bp from the promoter site of this gene was amplified by a specific primer pairs via polymerase chain reaction(PCR). Genotyping of each sample was performed using restriction enzyme MnlI. In the present study, we have observed two alleles of A and G with the frequency of 64 and 35%, respectively. Three genotypes of AA, AG and GG were detected with the frequency of 43, 41 and 16%, respectively. Considering the polymorph nature of this marker site in the regulatory region of IL-2 locus and the main role of this gene in relation to immune system activity, it may be used in breeding programs based on marker assisted for increasing of disease resistance in poultry breeding industry.

Keywords : Interleukin-2, Promoter site, Native fowls, Polymorphism, PCR-RFLP

استفاده از نشانگر آنزیمی Tsp509I برای شناسایی چند شکلی‌های تک نوکلئوتیدی در ناحیه پروموتور ژن اینترفرون گاما در مرغ های مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران

الهه قاسمیان سوربني^{*}، قدرت رحيمي ميانجي، زريخت انصاري پيرسرايي، محمد رضايي، حامد کاظمي
آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام، گروه علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
^{*}Elaheh.ghasemian@yahoo.com

چکیده

اینترفرون گاما از سایتوکین های مهمی است که پاسخ ایمنی اولیه و ایمنی سلولی را کنترل می کند. این سایتوکین فعالیت سلول های کشنده طبیعی را تقویت، ماکروفاژ ها را فعال می سازد و بیان مولکول های عمده ی سازگاری بافتی کلاس I و کلاس II که پاسخ های ایمنی را تعدیل می کنند، افزایش می دهد. به منظور شناسایی چند شکلی ژن IFN- γ از ۱۰۰ قطعه مرغان مولد بومی ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران خون گیری به عمل آمد. استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته و تکثیر یک قطعه ۶۷۰ جفت بازی از ناحیه پروموتور این ژن توسط PCR با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی صورت گرفت. تعیین ژنوتیپ هر یک از نمونه ها با استفاده از آنزیم برشی Tsp509I انجام شد. در پژوهش حاضر دو آلل A و G با فراوانی هر یک به ترتیب ۵۳ و ۴۷ درصد و سه ژنوتیپ AA، AG و GG با فراوانی هر یک به ترتیب ۳۱، ۴۴ و ۲۵ درصد مشاهده شد. با توجه به چند شکل بودن این جایگاه نشانگری در بخش تنظیمی ژن IFN- γ و از طرفی نقش مهم این ژن در فعالیت های مرتبط به سیستم ایمنی، شاید بتوان از این جایگاه نشانگری در برنامه های اصلاحی مبتنی بر کمک از نشانگرها در افزایش مقاومت به بیماری ها در صنعت پرورش طیور استفاده نمود.

واژگان کلیدی: چندشکلی - اینترفرون گاما- مرغ بومی مازنداران- Tsp509I

مقدمه

امروزه تمایل بر این است که در صنعت تولید گوشت استفاده از آنتی بیوتیک ها را کاهش دهند یا متوقف سازند. به همین دلیل استراتژی های جدیدی برای افزایش سطح مقاومت طبیعی به بیماری ها در طیور با استفاده از برنامه های اصلاح نژادی شکل گرفته است (۱). کایسر و همکاران (۱۹۹۸)، ساختار ژن اینترفرون گاما (IFN- γ) را در لاین های مختلف مرغ لگهورن سفید بررسی و آن را با همولوگ مورد نظر در پستانداران مقایسه کردند. این ژن دارای ۴ اگزون بوده که در مقایسه با پستانداران تعدادی از اسید های آمینه مشابه را کد می کند که تنها در اگزون ۲ این شباهت معنی دار می باشد. اولین اگزون، تعداد ۴۰ اسید آمینه و همچنین بخش UTR در ناحیه ی ۵' را کد می کند. اگزون ۲، تعداد ۲۳ اسید آمینه، اگزون ۳، تعداد ۶۰ اسید آمینه و اگزون ۴، تعداد ۴۰ اسید آمینه و همچنین کدون پایانی^{۱۳۷} و بخش UTR در ناحیه ی ۳' را نیز کد می کند. آنها همچنین گزارش کردند IFN- γ دارای ۳ اینترون است که اینترون ۱ و ۲ در جوجه ها بلندتر از اینترون همولوگ آن در پستانداران می باشد اما اینترون ۳ به طور محسوسی در جوجه ها کوچک تر است. در مقایسه با پستانداران، در جوجه ها IFN- γ یک ژن تک کپی است که محتوای C+G این ژن در جوجه ها از ۵' به ۳' یک روند صعودی دارد (۲). اینترفرون گاما در جوجه ها روی کروموزوم شماره ۱ قرار دارد

۱- Stop codon

(۳و۴). کایسر و همکاران (۱۹۹۸)، اعلام کردند ژن IFN- γ به شدت حفظ شده است و پژوهشگران نتوانستند هیچ چند شکلی با استفاده از روش های RFLP و SSCP در نواحی کد شونده ی این ژن گزارش نمایند. اما چند شکلی های توالی پرموتور این ژن در داخل لاین های نژاد لگهورن سفید شناسایی شده که با مقاومت به بیماری ها مرتبط بوده است (۲). با توجه به اهمیت موضوع مقاومت به بیماری ها در طیور و از طرفی نقش جایگاه ژنی اینترفرون گاما در سیستم ایمنی، مطالعه حاضر به منظور شناسایی چند شکلی آللی در ناحیه پرموتور این جایگاه ژنی در جمعیت مرغ های مولد بومی ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران انجام گرفت.

مواد و روش ها

در این پژوهش، از سیاهرگ بالی ۱۰۰ قطعه مرغ های مولد بومی ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران، خونگیری به عمل آمد. برای جلوگیری از انعقاد خون از محلول EDTA استفاده شد. نمونه ها بلافاصله با حفظ شرایط زنجیره سرد به آزمایشگاه منتقل شده و در دمای ۲۰- درجه سانتی گراد، تا زمان استخراج DNA، نگهداری شدند. استخراج DNA با استفاده از ۲ میلی لیتر خون و به روش نمکی بهینه یافته صورت گرفت. برای تعیین ویژگی های کمی و کیفی DNA از الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد. ناحیه پرموتور جایگاه ژنی IFN- γ انتخاب و با یک جفت آغازگر اختصاصی (جدول ۱) قطعه ای به طول ۶۷۰ جفت باز تکثیر شد.

جدول ۱- آغازگرهای اختصاصی مورد استفاده

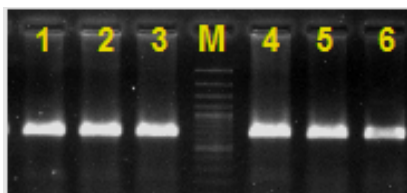
نام جایگاه ژنی	موقعیت روی ژن	توالی آغازگر	اندازه قطعه (bp)	منبع
IFN- γ	پرموتور	F: GTAAGGAACTTCAGCCATTG R: GACGAATGAACTTCATCTGCC	۶۷۰	۵

واکنش زنجیره ای پلی مرز در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ۲/۵ میکرولیتر بافر PCR (10x)، ۱ میکرولیتر از هر آغازگر، ۰/۵ میکرولیتر dNTPs، ۰/۲ میکرولیتر آنزیم Taq پلیمرز، ۱/۵ میکرولیتر DNA ژنومی و ۰/۶ میکرولیتر $MgCl_2$ انجام گرفت. سپس چرخه های PCR با برنامه حرارتی شامل: ۹۴ درجه سانتی گراد برای واسرشت اولیه DNA به مدت ۳۰۰ ثانیه، واسرشت ثانویه و در ادامه برنامه های حرارتی در داخل چرخه به صورت تاج دان^{۱۳۸} شامل ۱۰ چرخه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۴۵ ثانیه برای واسرشت سازی، دمای ۷۰ درجه سانتی گراد و ۶۵ درجه سانتی گراد هر یک به ترتیب برای اتصال آغازگرها به مدت ۴۵ ثانیه، دمای ۷۲ درجه سانتی گراد جهت بسط آغازگرها به مدت ۱۲۰ ثانیه انجام گرفت. در ادامه ۲۵ چرخه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۴۵ ثانیه برای واسرشت سازی، دمای ۶۴ درجه سانتی گراد برای اتصال آغازگرها به مدت ۴۵ ثانیه، دمای ۷۲ درجه سانتی گراد برای بسط آغازگرها به مدت ۱۲۰ ثانیه انجام گرفت. بسط نهایی به مدت ۳۰۰ ثانیه در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد انجام گرفت. برای تعیین کیفیت محصول PCR از ژل آگارز ۱ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید و برای آزمون

صحت اندازه قطعه تکثیری از نشانگر وزنی M100 شرکت فرمتاز استفاده شد. برای تفکیک آللی و تعیین ژنوتیپ هر حیوان از تکنیک PCR-RFLP و الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد. بعد از هضم آنزیمی نمونه‌ها توسط آنزیم Tsp509I برای مشاهده باند ها از ژل اکریل آمید ۱۳ درصد استفاده شد. اگر در ناحیه پرموتور ژن IFN- γ (قطعه ۶۷۰ جفت بازی) جایگاه آنزیم Tsp509I وجود داشته باشد در اثر برش آنزیم دو آلل A و G و سه ژنوتیپ AA، AG و GG حاصل می شود. اگر در اثر برش آنزیم ۹ قطعه ۱۲۳، ۱۰۴، ۹۹، ۸۸، ۶۴، ۵۶، ۵۵، ۵۳ و ۲۸ جفت بازی ایجاد شود آلل A و اگر ۸ قطعه ۱۶۸، ۱۲۳، ۹۹، ۸۸، ۵۶، ۵۵، ۵۳ و ۲۸ جفت بازی ایجاد شود آلل G ایجاد می شود.

نتایج و بحث

در این پژوهش با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی، قطعه مورد نظر از جایگاه ژنی IFN- γ شامل ناحیه پرموتور به طول ۶۷۰ جفت باز تکثیر شد. نمونه‌ای از محصولات PCR تکثیر شده در نگاره ۱ آمده است.



نگاره ۱- محصول PCR ناحیه پرموتور ژن IFN- γ با اندازه ۶۷۰ جفت باز

همان طور که در نگاره ۲ نشان داده شده است در پژوهش حاضر با استفاده از آنزیم برشی Tsp509I در جایگاه مورد مطالعه قطعات ۱۲۳، ۱۰۴، ۹۹، ۸۸، ۶۴، ۵۶، ۵۵، ۵۳ و ۲۸ جفت بازی برای آلل A و قطعات ۱۶۸، ۱۲۳، ۹۹، ۸۸، ۵۶، ۵۵، ۵۳ و ۲۸ جفت بازی برای آلل G ایجاد شد و در نتیجه سه ژنوتیپ AA، AG و GG مشاهده شد که فراوانی هر یک از ژنوتیپ ها به ترتیب برابر با ۳۱، ۴۴ و ۲۵ درصد و فراوانی هر یک از آلل های A و G به ترتیب برابر با ۵۳ و ۴۷ درصد برآورد شد.



نگاره ۲- تیمار قطعه تکثیری با آنزیم Tsp509I و ژنوتیپ های حاصل از آن

یه و همکاران (۲۰۰۶)، عملکرد ۱۲ ژن مرتبط با ایمنی از جمله ژن های IL-2^{۱۳۹} و IFN- γ را در سه لاین گوشتی (لاین های X، Y و Z) و در دو محیط با شرایط بهداشتی متفاوت مورد مطالعه قرار دادند. در این مطالعه ارتباط بین چند شکلی های تک نوکلئوتیدی ۱۲ ژن با صفات رشد، مرگ و میر، تولید و سایر صفات مرتبط، در محیطی با بهداشت بالا و محیطی با بهداشت

پایین بررسی شد. در ژن IFN- γ با استفاده از آنزیم برشی اختصاصی Tsp509I چند شکلی تک نوکلئوتیدی G/A تشخیص داده شد. در ژن IFN- γ جایگزینی آلل اول (آلل G به جای آلل A) اثر منفی روی ضریب تبدیل غذایی در هر سه لاین و در محیط با بهداشت بالا به همراه داشت که البته در لاین های X و Z این جا به جایی معنی دار بود. در لاین Y نرهای دارای آلل G به طور معنی داری در چهل روزگی وزن بیشتر و بین ۱۴ تا ۴۲ روزگی مرگ و میر کم تری در محیط با بهداشت بالا در مقایسه با دیگر ژنوتیپ ها داشتند (۴). زو و همکاران (۲۰۰۱)، چند شکلی های پروموتور ژن های کانید IFN- γ ، IL-2 و IgL^{۱۴۰} و همچنین روند پاسخ ایمنی در جوجه را بررسی کردند. در این پژوهش لاین های لگهون G-B1 و فایومی^{۱۴۱} M15.2 و M5.1 به عنوان لاین های اجدادی استفاده شدند. برای پروموتور ژن IFN- γ یک قطعه ۶۷۰ جفت بازی توالی یابی شد که تعداد ۳ جفت باز جهش شامل جا به جایی بازهای A و G در مکان ۲۷۷-، جا به جایی بازهای C و T در مکان ۳۱۷- و جا به جایی بازهای A و G در مکان ۳۱۸- بین لگهون و دو لاین فایومی با استفاده از آنزیم برشی Tsp509 I ردیابی شد. نتایج پژوهش آنها نشان داد چند شکلی ژن IFN- γ در ایجاد پاسخ آنتی بادی اولیه و ثانویه به دو نوع آنتی ژن معنی دار است (۵). با توجه به چند شکل بودن آلل ها در جایگاه ناظم ژن IFN- γ و نیز موثر بودن آن در فعالیت های مختلف سیستم ایمنی، احتمالاً بتوان در برنامه های اصلاحی مرتبط به افزایش مقاومت به بیماری ها در طیور از این جایگاه نشانگری بهره گرفت.

منابع

1. Ghebremicael, S.B., J.R. Hasenstein, and S.J. Lamont. 2008. Association of interleukin-10 cluster gene and salmonella response in the chicken. *Poult. Sci.* 87: 22-26.
2. Kaiser, P., H.M. Wain, and L. Rothwell. 1998. Structure of chicken interferon- γ gene, and comparison to mammalian homologues. *J. Gene.* 207: 25-32.
3. Savan, R., S. Ravichandran, J.R. Collins, S. Masahiro, and H.A., Young. 2009. Structural conservation of interferon gamma among vertebrates. *Cytokine and Growth Factor Reviews.* 20: 115-124.
4. Ye, X., S. Avendano, J.C.M. Dekkers, and S.J. Lamont. 2006. Association of twelve immune-related genes with performance of three broiler lines in two different hygiene environments. *J. Poult. Sci.* 85: 1555-1569.
5. Zhou, H., A.J. Buitenhuis, S. Weigend, and S.J. Lamont. 2001. Candidate gene promoter polymorphisms and antibody response kinetics in chicken: Interferon- γ , Interleukin-2, and Immunoglobulin light chain. *Poult. Sci.* 80: 1679-1689.

Using Enzyme Marker Tsp509I for detection of Single Nucleotide Polymorphisms in Promoter Site of IFN- γ Gene in Breeder Hens of Mazandaran Native Fowls Breeding Station

E. Ghasemiansurboni*, h. Rahimimianji, Z. Ansaripirsaraei, M. Rezaei, H. Kazemi

*Email: elaheh.ghasemian@yahoo.com

۱- Immunoglobulin Light Chain

۲-Fayoumi

Abstract:

Interferon Gamma is an important cytokine that controls initial immune response and cellular immunity. This cytokine enhances natural killer cell activity, makes macrophage activation and also increases expression of major histocompatibility complex class I and II that modulate the immune response. In order to identify IFN- γ gene polymorphism, blood sample were collected from 100 breeder hens from Mazandaran native fowl breeding station. DNA was extracted using modified salting out method and a 670bp length fragment of promoter site in IFN- γ gene was amplified by a specific primer pairs in PCR. Genotyping of each sample was performed using Tsp509I restriction enzyme. In the present study, we have observed two alleles of A and G with the frequency of 53 and 47%, respectively. Three genotypes of AA, AG and GG were also detected with the frequency of 31, 44 and 25%, respectively. Considering the polymorph nature of this marker site in the regulatory region of IFN- γ locus and the main role of this gene in relation to immune system activity, it could be used in breeding programs based on marker assisted for increasing of disease resistance in poultry breeding industry.

Keywords: Polymorphism- Interferon gamma- Mazandaran Native fowl- Tsp509I

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن در گوسفند نژاد قره گل

جلال زارع^{*}، سید ضیاءالدین میرحسینی^۱، نوید قوی حسین زاده^۱، غلامرضا ژیان^۲

۱- دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان، ۲- ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند قره گل - سرخس

نویسنده مسئول: جلال زارع، jalal.zare65@gmail.com

چکیده

در این مطالعه پارامترهای ژنتیکی و باقیمانده برای صفات: وزن تولد و اوزان ۳، ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی ۳۷۴۴ بره که حاصل آمیزش ۱۳۰ نر و ۱۲۹۹ ماده بودند، برآورد شد. داده‌ها در طی ۱۰ سال (۷۳ تا ۸۲) در ایستگاه اصلاح نژاد سرخس جمع‌آوری شده بود. وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و باقیمانده با استفاده از مدل حیوان برای هر صفت برآورد شد. جنس، تیپ تولد، سن مادر، ماه زایش و سال تولد اثرات ثابتی بودند که ارتباط معنی داری با وزن در سنین مختلف داشتند. وراثت‌پذیری مستقیم برای هر یک از صفات وزن تولد و اوزان ۳، ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی به ترتیب برابر 0.37 ± 0.03 ، 0.37 ± 0.03 ، 0.28 ± 0.03 ، 0.19 ± 0.03 ، 0.25 ± 0.04 و 0.19 ± 0.04 برآورد شد. همبستگی ژنتیکی بین وزن ۶ و ۹ ماهگی بالاترین (0.99) و همبستگی ژنتیکی وزن تولد با وزن یک سالگی کمترین بود. همچنین، همبستگی محیطی بین صفات وزن بدن از 0.27 تا 0.84 متفاوت بود.

واژه‌های کلیدی: پارامترهای ژنتیکی - صفات وزن - وراثت‌پذیری - همبستگی ژنتیکی

مقدمه

گوسفند قره گل مهمترین نژاد پوستی جهان است. این نژاد در ایران در منطقه سرخس مهمترین نژاد بومی محسوب می‌شود. در ایران بدلیل مقرون به صرفه نبودن پرورش این نژاد برای تولید پوست، این نژاد بیشتر برای تولید گوشت در بین دامداران این منطقه پرورش می‌یابد.

بیشتر برنامه‌های رکوردبرداری در گوسفند بر روی صفات رشد متمرکز شده است، زیرا وراثت‌پذیری آن متوسط رو به بالا و اندازه‌گیری آن بسیار آسان است (۲). طراحی و انجام برنامه‌های اصلاح نژادی بر روی گوسفند برای بهبود صفات تولیدی به خصوص تولید گوشت مقرون به صرفه است. در بیشتر کشورها، بهبود ژنتیکی صفات رشد هدف اصلی برنامه‌های اصلاح نژادی محسوب می‌شود. از این رو برای طراحی مناسب برنامه‌هایی که با هدف بهبود ژنتیکی انجام می‌شوند، برآورد پارامترهای ژنتیکی و همبستگی میان صفات رشد دارای اهمیت بالایی هستند (۵).

وراثت‌پذیری پارامتر جمعیتی بسیار مهمی است زیرا نشان می‌دهد که احتمال ایجاد پیشرفت بر روی یک صفت از طریق انتخاب وجود دارد یا خیر (۸). مطالعات زیادی بر روی صفت وزن گوسفندان در سنین مختلف انجام شده است که دامنه وراثت‌پذیری صفات را از 0.07 تا 0.22 گزارش نموده‌اند (۱۵). هدف از این مطالعه، برآورد پارامترهای ژنتیکی و باقیمانده صفات وزن بدن در سنین مختلف گوسفندان قره گل با استفاده از تجزیه و تحلیل تک صفتی و چند صفتی تحت مدل حیوان است.

مواد و روش‌ها

از رکوردهای صفات وزن بدن در سنین مختلف و اطلاعات شجره گوسفند قره گل که در ایستگاه اصلاح نژاد قره گل در سرخس طی ۱۰ سال (۷۳-۸۲) ثبت شده بود استفاده شد. اطلاعات ثبت شده برای صفات وزن تولد، ۳، ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی به ترتیب دارای ۳۷۷۴، ۳۲۱۳، ۲۱۱۱، ۱۵۸۶ و ۱۷۰۳ رکورد بودند و از آمیزش ۱۳۰ نر و ۱۲۹۸ ماده بدست آمده بودند. برای بررسی اثر عوامل ثابت موثر بر اوزان بدن از رویه GLM نرم افزار SAS استفاده شد (۴). اثرات ثابت شامل سال تولد در ۱۰ کلاس (۷۳-۸۲)، اثر جنس در ۲ کلاس (نر و ماده)، تیپ تولد در ۴ کلاس (۱، ۲، ۳ و ۴ قلو)، ماه زایش در ۶ کلاس (۱، ۲، ۳، ۴، ۵، ۶، ۷، ۸، ۹، ۱۰، ۱۱ و ۱۲) و سن مادر در ۸ کلاس (۲-۹ سال).

برای برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات مختلف از مدل‌های حیوانی تک صفتی و چند صفتی و از نرم افزار MATVEC (۱۷) استفاده شد.

مدل مورد استفاده برای تجزیه و تحلیل داده‌ها به شکل زیر بود: $y = Xb + Za + e$

در مدل فوق: y بردار مشاهدات برای صفات وزن، b بردار اثرات ثابت، a بردار اثر ژنتیک افزایشی و e بردار اثرات باقیمانده است. X ماتریس ارتباط دهنده مشاهدات به اثرات ثابت و ماتریس Z ارتباط دهنده مشاهدات به اثرات تصادفی است.

نتایج و بحث

خلاصه اطلاعات آماری صفات مورد مطالعه در جدول ۱ ذکر شده است. اثرات ثابت بر روی تمام صفات معنی دار بود ($P < 0.05$). بره‌های نر در تمام سنین سنگین‌تر از بره‌های ماده بودند. تفاوت در کروموزوم‌های جنسی، ویژگی‌های فیزیولوژیکی و سیستم هورمونی می‌تواند منجر به ایجاد تفاوت بین دو جنس شود. اثر تیپ تولد نیز در تمام سنین معنی دار بود ($P < 0.05$) که می‌تواند به فضای محدود رحمی و تغذیه در طی آبستنی و تولید شیر کم به ازای هر بره در طی دوره شیردهی مربوط شود. اثر معنی دار سال و ماه زایش نیز مربوط به سیستم مدیریت، کمیت و کیفیت علوفه و شرایط آب و هوای مربوط است. اثر سنین مختلف مادر در هنگام زایش بر روی صفات مختلف وزن مربوط به رشد جسمی و فیزیولوژیکی مادر است که قبل از شیرگیری تاثیر بالایی بر سرعت رشد دارد. نتایج این بررسی با نتایج گزارش شده در سایر نژادهای ایرانی مطابقت دارد (۴، ۱۲ و ۱۶).

جدول ۱- توصیف آماری صفات مورد مطالعه در جمعیت گوسفند قره گل

صفت	تعداد مشاهدات	میانگین (kg)	انحراف معیار (kg)	ضریب تغییرات (%)
وزن تولد	۳۷۷۴	۵/۱۸	۰/۸۱	۱۵/۶۳
وزن ۱ ماهگی	۳۲۱۳	۲۴/۵۲	۴/۸۷	۱۹/۸۶
وزن ۶ ماهگی	۲۱۱۱	۳۳/۲۱	۵/۵۷	۱۶/۷۶
وزن ۹ ماهگی	۱۵۸۶	۳۹/۳۳	۶/۳۸	۱۶/۲۳
وزن یکسالگی	۱۷۰۳	۴۶/۱۹	۷/۴۳	۱۶/۰۹

وراثت‌پذیری برای ۵ صفت وزن تولد، سه ماهگی، شش ماهگی، نه ماهگی و یک‌سالگی به ترتیب برابر با 0.37 ± 0.03 ، 0.19 ± 0.04 ، 0.25 ± 0.04 ، 0.19 ± 0.04 و 0.19 ± 0.04 برآورد شد. مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده برای وزن تولد در این بررسی متوسط بود و در مقایسه با سایر سنین بالاترین مقدار را به خود اختصاص داد. مقدار وراثت‌پذیری وزن تولد مشابه نتایج گزارش شده در نژادهای هندی است (۷، ۶). وراثت‌پذیری وزن ۳ ماهگی 0.19 ± 0.03 برآورد شد که با بررسی صورت گرفته بر روی نژادهای پشمی مطابقت دارد (۱۳). این برآورد، بالاتر از مقدار گزارش شده در نژادهای اروپایی و آفریقایی (0.15 و 0.03) است (۱۰، ۹). وراثت‌پذیری اوزان ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی به ترتیب 0.25 ± 0.04 ، 0.25 ± 0.04 و 0.19 ± 0.04 برآورد شد که به ترتیب با نتایج سایر بررسی‌ها مطابقت داشت (۷، ۳ و ۱). اختلاف بین مقدار وراثت‌پذیری در این بررسی با سایر گزارشات به مدل‌های به کار رفته برای آنالیز و اختلاف ژنتیکی نژادها مربوط است. با افزایش سن مقدار وراثت‌پذیری مستقیم افزایش می‌یابد، اما در این بررسی وراثت‌پذیری در سن یک سالگی کمتر از ۹ ماهگی است که علت آن می‌تواند به مصادف شدن با فصول خشک باشد که مراتع ضعیف بوده و دام نمی‌تواند اثر ژنتیک افزایشی خود را بروز دهد.

جدول ۲- برآوردهای وراثت‌پذیری (روی قطر)، همبستگی ژنتیکی (بالای قطر) و همبستگی باقیمانده (پایین قطر) صفات وزن در گوسفندان قره‌گل

صفت	وزن تولد	وزن ۳ ماهگی	وزن ۶ ماهگی	وزن ۹ ماهگی	وزن یکسالگی
وزن تولد	$0.37 (0.03)$	0.53	0.16	0.21	0.16
وزن ۳ ماهگی	0.45	$0.19 (0.03)$	0.80	0.81	0.80
وزن ۶ ماهگی	0.38	0.64	$0.25 (0.04)$	0.99	0.94
وزن ۹ ماهگی	0.35	0.53	0.70	$0.25 (0.04)$	0.93
وزن یکسالگی	0.27	0.42	0.59	0.84	$0.19 (0.04)$

برآوردهای همبستگی ژنتیکی و باقیمانده نیز در جدول ۲ ارائه شده است. همبستگی ژنتیکی از 0.16 (وزن تولد با ۶ ماهگی و یک سالگی) تا 0.99 (۶ ماهگی با ۹ ماهگی) متغیر بود که با نتایج صفری و همکاران در انطباق بود (۱۳). کمترین همبستگی ژنتیکی بین وزن تولد با وزن ۶ ماهگی و یک سالگی است (0.16). در این بررسی مشاهده شد که با افزایش سن، همبستگی ژنتیکی بین صفات وزن کاهش می‌یابد که نشان دهنده نفوذ اثرات محیطی بیشتر در سنین بالاتر است.

همبستگی باقیمانده بین صفات مختلف از 0.25 (بین وزن ۱ ماهگی با وزن یک سالگی) تا 0.84 (بین وزن یک ماهگی با وزن یک سالگی) متفاوت بود همبستگی باقیمانده این صفات نیز نسبتاً بالا بود که با نتایج سایر تحقیقات مطابقت دارد (۱۱). با بررسی همبستگی باقیمانده در سنین مختلف مشخص شد که با افزایش سن همبستگی بین صفات وزن افزایش می‌یابد.

با توجه به همبستگی ژنتیکی مثبت بین صفات وزن، انتخاب بر اساس وزن به خصوص وزن سه ماهگی باعث پیشرفت ژنتیکی و بهبود فنوتیپی صفات وزن می‌شود.

منابع

۱. وطن‌خواه م. مرادی شهربابک م. نجاتی جوارمی ا. واعظ ترشیزی ر. میرائی آشتیانی س ر. ۱۳۸۴. بررسی پارامترهای صفات رشد برای برخی از نژادهای گوسفند ایرانی. مجله پژوهش و سازندگی. جلد ۱۸، شماره ۶۹: ۲۸-۱۹
2. Abegaz, S., J.B. VanWyk, J.J. Olivier. 2005. Model comparisons and genetic and environmental parameter estimates of growth and the Kleiber ratio in Horro sheep. *African journal animal science*. 35:30-40.
3. Bahreini Behzadi, M.R., F.E. Shahroudi, L.D. Van Vleck. 2007. Estimates of genetic parameters for growth traits in Kermani sheep. *Journal of Animal breeding and genetics*. 124:296-301.
4. Baneh, H., SH. Hafezian. 2009. Effects of environmental factors on growth traits in Ghezel sheep. *African Journal of biotechnology*. 12:2903-2907.
5. Duguma, G., S.J. Schoeman, S.W.P. Cloete and, G.F. Jordaan. 2002. Genetic parameters estimates of early growth traits in the Tygerhoek Merino flock. *South African journal animal science*. 32:66-75.
6. Kumar, R., C.V Singh, B.S. Mehta. 2005 Genetic parameter estimates for the weight and fleece traits in Chokla sheep. *Indian journal animal science*. 75:1073-1079
7. Kushwaha B.P., A. Mandal, A.L. Arora, R. Kumar, S. Kumar, D.R. Notter. 2007. Direct and maternal (co) variance components and heritability estimates for body weights in Chokla sheep. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. ISSN 0931-2668
8. Lobo, R.N.B., S.V. Luiz, A.A. De Oliveira, E.N. Muniz, J.M. De Silva. 2009. Genetic parameters for faecal egg count, packed-cell volume and body-weight in Santa Ines Lambs. *Genetics and molecular Biology*. 32: 2.
9. Matika, O., J.B. Van Wyk, G. J. Erasmus, R. L. Baker. 2003 Genetic parameter estimates in Sabi sheep. *Livestock production Science*. 79:17-28.
10. Ozcan, M., B. Ekiz, A. Yilmaz, A. Ceyhan. 2005. Genetic parameter estimates for lamb growth traits and greasy fleece weight at first shearing in Turkish Merino sheep. *small rumin research*. 56:215-222
11. Pollott, G. E., O. Gursoy, K. Kirk. 1998. The genetics of meat and milk production in Turkish Awassi sheep. *Proc 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. 12-16, Jan. Armidale, NSW Australia. 24:177-180.
12. Rashidi, A., M.S. Mokhtari, A. Safi Jahanshahi, M.R. Mohammad Abadi. 2008. Genetic parameter estimates of pre-weaning growth traits in Kermani sheep. *small rumin research*. 74: 165-171.
13. Safari, E., N.M. Fogarty, A.R. Gilmour. 2005. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science*. 92:271-289.
14. SAS, 2002. SAS User's guide v. 9.1: Statistics. SAS Institute, Inc, Cary, NC.
15. Tosh, J.J., R.A. Kemp. 1994. Estimated of variance components for lamb weights in three sheep population. *journal animal science*. 72:1184-1190.
16. Vatankhah, M., M.A Talebi. 2008. Genetic parameters of body weight and fat-tail measurements in lambs. *Small Rumin Res*. 75: 1-6.
17. Wang, T., Fernando, R.I., Kachman, D.S., 2001. MATVEC user's guide.

Estimation of genetic parameters for body weight traits in Karakul sheep

Zare J.^{1*}, Mirhosseini S. Z¹, GHavi hossein-zadeh N¹, zhianGH.

1-Faculty of Agriculture Guilan University. 2- Breeding station of Karakul sheep in Sarakhs.

*- Corresponding E-mail address: jalal.zare65@gmail.com

abstract

In this study genetic and phenotypic parameters of 3744 lambs from 130 males and 1299 females were estimated for five growth traits: birth weight and weights at 3, 6, 9 and 12 months of age. Data for this study was collected by the breeding station of Karakul sheep in Sarakhs over 10 years from 1993 to 2002. Heritability estimates and genetic and residual correlations for each trait were calculated using an animal model. Sex, type of birth, maternal age, month of birth and birth year were fixed effects that significantly affected on weight at different ages. Direct heritabilities for birth weight and weights at 3, 6, 9 and 12 months of age were estimated as 0.37 ± 0.03 , 0.28 ± 0.03 , 0.19 ± 0.03 , 0.25 ± 0.04 , 0.25 ± 0.04 and 0.19 ± 0.04 , respectively. The genetic correlation between weight 6 and 9 months was the highest (0.99) and the genetic correlation of birth weight with weight at 12 months of age was the lowest. The range of residual correlations varied from 0.27 to 0.84 between different weight traits.

Keywords: genetic parameters-growth traits- heritability-genetic correlations

اثر سن اولین زایش بر برخی عملکردهای تولیدی و تولیدمثلی گاوهای هلشتاین استان قزوین

آرش چگینی^۱، محمد ملک‌خواهی^۲، عبدالاحد شادپرور^۱، نوید قوی‌حسین‌زاده^۱

۱- بترتیب دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، دانشیار و استادیار ژنتیک و اصلاح دام دانشگاه گیلان، ۲- دانشجوی دکتری تغذیه

نشخوارکنندگان دانشگاه فردوسی مشهد

• نویسنده مسئول: محمد ملک‌خواهی، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، کدپستی: ۱۱۶۳-

Mmalekkehahi@gmail.com ۹۱۷۷۵

چکیده

تحقیقات اندکی در مورد تاثیر سن اولین زایش روی عملکردهای تولیدی و تولیدمثلی گاوهای شیری صورت گرفته است. هدف از پژوهش حاضر برآورد ارتباط بین سن اولین زایش و تولید شیر تصحیح شده ۳۰۵ روز دوره، طول دوره شیردهی، فاصله زایش و میانگین تولید شیر روزانه در سراسر دوره شیردهی و نیز برآورد یک تابع پیش‌بینی کننده از صفات فوق براساس سن اولین زایش در گاوهای هلشتاین استان قزوین بود. در این تحقیق از تعداد ۶۹۱۷ رکورد اولین زایش از ۵۵ گله گاو هلشتاین در استان قزوین که طی ۲۳ سال (۱۳۸۷-۱۳۶۵) توسط مرکز اصلاح نژاد کشور جمع‌آوری شده بود، استفاده شد. میانگین سن اولین زایش ۲۶/۱ ماه بود. با استفاده از رویه reg نرم‌افزار SAS بهترین توابع پیش‌بینی کننده از صفات مذکور براساس سن اولین زایش محاسبه شدند و با استفاده از رویه COIT همبستگی بین صفات بدست آمد. به جز فاصله زایش، ارتباط سن اولین زایش با دیگر صفات غیرخطی بود. با افزایش سن اولین زایش، تولید شیر تصحیح شده ۳۰۵ روز دوره و میانگین تولید شیر روزانه کاهش و فاصله زایش افزایش می‌یابد. هر ماه افزایش در سن اولین زایش، ۱/۳۴ روز فاصله زایش را افزایش می‌دهد.

واژه‌های کلیدی: سن اولین زایش، طول دوره شیردهی، گاو هلشتاین، همبستگی.

مقدمه

سن اولین زایش یکی از عواملی است که با تاثیر مستقیم هزینه‌های پرورش تلیسه و همچنین اثر آن بر عملکرد، سودآوری را تحت تاثیر قرار می‌دهد (۷، ۱۰). سن اولین زایش کمتر بدلیل اینکه هزینه‌های پرورش را کاهش داده و برگشت سرمایه را تسریع می‌کند مطلوب است، با این وجود هزینه‌های پرورش می‌تواند با تلاش برای دستیابی به سن زایش کمتر، افزایش یابد (۱۰). از سوی دیگر ارتباط مثبتی بین سن اولین زایش و عملکرد دوره متعاقب آن در پژوهش‌های اخیر گزارش شده است (۲) که می‌تواند بر پتانسیل سودآوری زایش زودتر تاثیر بگذارد. در پژوهشی ارتباط غیرخطی‌ای بین سن اولین زایش و تولید شیر اولین دوره گزارش شد و دیده شد تلیسه‌هایی که در ۲۴ ماهگی زایش دارند حداکثر تولید را دارا هستند (۷). تحقیقی دیگر در ایتالیا افزایش تولید شیر در صورت زایش بین ۲۰ و ۳۶ ماهگی را گزارش کرد (۸). همچنین نشان داده شده است که سن اولین زایش بر عملکرد تولیدمثلی تاثیر می‌گذارد (۴). هدف از این پژوهش برآورد ارتباط بین سن اولین زایش و تولید شیر تصحیح شده ۳۰۵ روز دوره، طول دوره شیردهی، فاصله زایش و میانگین تولید شیر روزانه در سراسر دوره شیردهی و برآورد یک تابع پیش‌بینی کننده از صفات فوق براساس سن اولین زایش در گاوهای هلشتاین استان قزوین بود. نتیجه حاصل از این تحقیق برای پیشنهاد به دامداران در انتخاب سن اولین زایش بهینه مفید خواهد بود.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از تعداد ۶۹۱۷ رکورد اولین زایش از ۵۵ گله گاو هلستاین در استان قزوین که طی ۲۳ سال (۱۳۶۵-۱۳۸۷) توسط مرکز اصلاح نژاد کشور جمع‌آوری شده بود استفاده شد. سن اولین زایش به ۹ دسته تقسیم شد. سن اولین زایش کمتر از ۱۸/۵ ماه و بیشتر از ۴۰ ماه و فاصله زایش کمتر از ۲۹۰ روز و بیشتر از ۶۵۰ روز حذف شدند. میانگین تولید شیر روزانه از تقسیم کردن تولید تصحیح نشده کل دوره بر طول دوره شیردهی بدست آمد. با استفاده از رویه COIT همبستگی بین صفات بدست آمد و با استفاده از رویه reg نرم‌افزار SAS بهترین توابع پیش‌بینی کننده از صفات مذکور براساس سن اولین زایش محاسبه شدند. انتخاب بهترین توابع بر مبنای ضریب تبیین و میانگین مربعات اشتباه و همچنین معنی‌دار بودن ضرایب تابع استوار بود.

نتایج و بحث

آمار توصیفی صفات مورد مطالعه در جدول ۱ نشان داده شده است.

جدول ۱ - آمار توصیفی صفات مورد مطالعه

سن اولین زایش	میانگین دسته (ماه)	تولید شیر تصحیح شده دوره (کیلوگرم)	طول دوره شیردهی (روز)	تولید شیر روزانه (کیلوگرم)	فاصله زایش (روز)	تعداد داده
< ۲۳	۲۲/۲۲	۷۱۳۴	۲۷۴/۳	۲۸/۶	۳۶۹	۱۱۸
۲۳ - ۲۴	۲۳/۶۲	۷۵۱۰	۳۱۷/۴	۲۹/۵	۳۷۱/۵	۸۰۱
۲۴ - ۲۵	۲۴/۴۸	۷۳۰۵	۳۲۳/۳	۲۸/۶	۳۶۹/۶	۱۸۱۶
۲۵ - ۲۶	۲۵/۴۷	۷۱۶۹	۳۲۴/۹	۲۸	۳۷۴/۷	۱۵۲۴
۲۶ - ۲۷	۲۶/۴۴	۷۰۷۸	۳۲۰/۳	۲۷/۷	۳۶۸	۱۰۵۴
۲۷ - ۲۸	۲۷/۴۴	۷۰۰۷	۳۲۶/۷	۲۷/۴	۳۷۴/۳	۵۸۰
۲۸ - ۲۹	۲۸/۴۱	۷۰۱۰	۳۲۱	۲۷/۴	۳۷۶	۳۲۶
۲۹ - ۳۰	۲۹/۴۳	۷۲۱۳	۳۲۰/۱	۲۸/۲	۳۷۷	۲۱۹
> ۳۰	۳۲/۵۸	۷۳۱۰	۳۱۷/۶	۲۸/۶	۳۸۳/۷	۴۷۹
کل	۲۶/۱	۷۲۲۰	۳۲۱	۲۸/۳	۳۷۳	۶۹۱۷

تولید شیر در دو حالت زایش بین ۲۳ تا ۲۴ ماهگی و بعد از ۲۹ ماهگی حداکثر می‌شود. تولید شیر روزانه نیز از روند مشابهی تبعیت می‌کند. احتمالاً در گله‌های با سطح مدیریت بالا تلیسه‌های با سن ۲۳ تا ۲۴ ماه و در گله‌های با سطح مدیریت پایین تلیسه‌های با سن بیشتر از ۲۹ ماه از نظر تولیدی موفق‌ترند. دلیل کمتر بودن تولید گروه سنی بین ۲۴ تا ۲۹ ماه می‌تواند این باشد که این تلیسه‌ها دیرتر به وزن بهینه‌ی تلقیح رسیده‌اند یا تجربه‌ی سقط داشته و در فرصت بیشتر نسبت به گروه قبل رشد قابل ملاحظه‌ای که بتواند افزایش تولید در پی داشته باشد را نداشته‌اند (۲). در تحقیقی (۱) گزارش شده است که یک اوج تولید بزرگ در ۲۴ ماهگی و اوج تولید کوچکتری در ۳۶ ماهگی واقع می‌شود که نتایج حاضر را تایید می‌کند. بدلیل عدم وجود تفاوت معنی‌دار بین

طول دوره شیردهی در دسته‌های متفاوت سن اولین زایش، تابعی برای آن در نظر گرفته نشد. تابعی خطی برای توجیه رابطه بین سن اولین زایش و فاصله زایش کافی به نظر می‌رسد و نشان می‌دهد به ازای هر ماه افزایش در سن اولین زایش، فاصله زایش ۱/۳۴ روز افزایش می‌یابد.

$$\begin{aligned} \text{Milk2x} &= -1082939 + 162045 \text{ AFC} - 8968.4 \text{ AFC}^2 + 219 \text{ AFC}^3 - 1.99232 \text{ AFC}^4 & R^2 &= 0.948 \\ \text{Daily Milk Yield} &= -3718 + 559.7 \text{ AFC} - 31.1 \text{ AFC}^2 + 0.763 \text{ AFC}^3 - 0.00696 \text{ AFC}^4 & R^2 &= 0.953 \\ \text{Calving Interval} &= 337.98 + 1.34 \text{ AFC} & R^2 &= 0.757 \end{aligned}$$

همبستگی فنوتیپی صفات مورد مطالعه در جدول ۲ نشان داده شده است.

جدول ۲ - همبستگی فنوتیپی صفات مورد مطالعه

صفت	تولید شیر تصحیح شده دوره	طول دوره شیردهی	تولید شیر روزانه	فاصله زایش
سن اولین زایش	-۰/۰۳۸ ^a	۰/۰۱ ^{ns}	-۰/۰۴ ^a	۰/۰۴ ^a
تولید شیر تصحیح شده دوره		۰/۲۱ ^a	۰/۹۶ ^a	۰/۱۷ ^a
طول دوره شیردهی			-۰/۰۳ ^{ns}	۰/۸۵ ^a
تولید شیر روزانه				-۰/۰۰۴ ^{ns}

^a اختلاف در سطح $p < 0.01$ معنی دار، ^{ns} اختلاف بی معنی

همبستگی بین سن اولین زایش و فاصله زایش ۰/۰۴ بدست آمد که این مقدار کمتر از تحقیقات پیشین بود (۵). همبستگی بین سن اولین زایش و تولید شیر در دامنه (۰/۲- تا ۰/۱۶) پژوهش‌های انجام شده بود (۹) که نشان می‌دهد با افزایش سن زایش، تولید شیر روزانه و تولید کل دوره کاهش می‌یابد. همچنین همبستگی تولید شیر دوره با فاصله زایش و طول دوره شیردهی (به ترتیب ۰/۱۷ و ۰/۲۱) مشابه تحقیقات پیشین بوده (۳ و ۶) نشان می‌دهد که با افزایش تولید شیر، فاصله زایش و طول دوره شیردهی افزایش می‌یابد.

منابع

1. Berry, D.P. and A.R.Cromie. 2009. Associations between age at first calving and subsequent performance in Irish spring calving Holstein-Friesian dairy cows. *Livestock Science*. 123: 44-54.
2. Dobos, R.C., K.S.Nandra, K.Riley, W.J.Fulkerson, A.Alford and I.J.Lean. 2004. Effects of age and live-weight of dairy heifers at first calving on multiple lactation production. *Australian Journal of Experimental Agriculture*. 44: 969-974.
3. El-Saied, U.M., J.A.Carriedo, J.A.Barro, L.F.De Le Fuente and F.San Primitivo. 1998. Genetic correlations and heritabilities for milk yield and lactation length of dairy sheep. *Small Ruminant Research*. 27: 217-221.

4. Ettema, J.F and J.E.P.Santos. 2004. Impact of age at calving on lactation, reproduction, health, and income in first-parity Holsteins on commercial farms. *Journal of Dairy Science*. 87: 2730-2742.
5. Gutierrez, J.P., I.Alvarez, I.Fernandez, L.J.Royob, J.Diez and F.Goyache. 2002. Genetic relationships between calving date, calving interval, age at first calving and type traits in beef cattle. *Livestock Production Science*. 78: 215-222.
6. Haile-Mariam, M., P.J.Bowman and M.E.Goddard. 2003. Genetic and environmental relationships among calving interval, survival, persistency of milk yield and somatic cell count in dairy cattle. *Livestock Production Science*. 80: 189-200.
7. Nilforooshan, M.A and M.A.Edriss. 2004. Effect of age at first calving on some productive and longevity traits in Iranian Holsteins of the Isfahan province. *Journal of Dairy Science*. 87: 2130-2135.
8. Pirlo, G., F.Miglior and M.Speroni. 2000. Effect of age at first calving on production traits and on different between milk yield returns and rearing costs in Italian Holsteins. *Journal of Dairy Science*. 83: 603-608.
9. Ruiz-Sánchez, R., R.W.Blake, H.M.A.Castro-Gómez, F.Sánchez, H.H.Montaldo and H.Castillo-Juárez. 2007. Changes in the association between milk yield and age at first calving in Holstein cows with herd environment level for milk yield. *Journal of Dairy Science*. 90: 4830-4834.
10. Tozer, P.R and A.J.Heinrichs. 2001. What affects the costs of raising replacement dairy heifers: a multi-component analysis. *Journal of Dairy Science*. 84: 1836-1844.

Effect of age at first calving on some productive and reproductive performance of Holstein cows in Qazvin province

Arash Chegini¹, Mohammad Malekkhahi², Abdol-Ahad Shadparvar¹, Navid Ghavi Hosseini-Zadeh¹

1. Graduate, assistant and associated professor in animal breeding and genetic from university of Guilan
 2. Student in ruminants nutrition from Ferdowsi university of Mashhad
- Corresponding E-mail address: Mmalekkhahi@gmail.com

Abstract

A few researches conducted about the effect of age at first calving on productive and reproductive performance of dairy cows. The objective of this study was to estimate the correlation between age at first calving and 305-day corrected milk yield, lactation length, calving interval and average daily milk yield throughout lactation as well as estimate a predicting function for aforementioned traits based on age at first calving in Holstein cows of Qazvin province. In this research a total of 6917 calving records from 55 herds from 1986 to 2008 in Qazvin province that collected by the Animal Breeding Center were used. Mean of age at first calving was 26.1 month. With use of reg procedure in SAS software the best predictor functions

for aforementioned traits based on age at first calving were calculated and with use of corr procedure correlation between traits was calculated. Except calving interval, the relationship between age at first calving with other traits was nonlinear. Increase in age at first calving lead to decrease in 305-day corrected milk yield and average daily milk yield and increase in calving interval. Each month increase in age at first calving leads to increase 1.34 day in calving interval.

Keywords: age at first calving-lactation length-Holstein cow-correlation.

اثر جنسیت گوساله بر تولید شیر، تداوم شیردهی و طول دوره شیردهی

آرش چگینی^۱، محمد ملک‌خواهی^۲، عبدالاحد شادپرور^۱، نوید قوی‌حسین‌زاده^۱

۱- بترتیب دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، دانشیار و استادیار ژنتیک و اصلاح دام دانشگاه گیلان، ۲- دانشجوی دکتری تغذیه

دانشگاه فردوسی مشهد

• نویسنده مسئول: محمد ملک‌خواهی، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، کدپستی: ۱۱۶۳-

Mmalekkehahi@gmail.com ۹۱۷۷۵

چکیده

در این تحقیق از تعداد ۲۲۵۶۶ رکورد زایش از ۵۵ گله گاو هلشتاین در استان قزوین که طی ۲۴ سال (۱۳۶۴-۱۳۸۷) توسط مرکز اصلاح نژاد کشور جمع‌آوری شده بود، بمنظور بررسی اثر جنسیت گوساله بر روی تولید شیر، تداوم شیردهی و طول دوره شیردهی استفاده شد. با استفاده از رویه t -test نرم‌افزار SAS تاثیر جنسیت گوساله بر صفات مورد مطالعه، بررسی شد. دو معیار تولید ۱۰۰ روز دوم بر ۱۰۰ روز اول دوره شیردهی و تولید ۱۰۰ روز سوم بر ۱۰۰ روز اول دوره برای تداوم شیردهی در نظر گرفته شد. جنسیت گوساله بر کلیه صفات به غیر از تولید ۱۰۰ روز دوم بر ۱۰۰ روز اول دوره شیردهی تاثیر بسیار معنی‌دار داشت ($p < 0.0001$). تولد گوساله نر باعث افزایش طول دوره شیردهی به میزان ۷/۳۳۱۵ روز می‌شود در صورتیکه موجب کاهش تداوم شیردهی در مقایسه با تولد گوساله ماده می‌شود، به طور کلی این امر بدین معناست که تولید شیر روزانه گاو در صورت زایش گوساله نر در سطح پائین‌تری نسبت به زایش گوساله ماده قرار دارد. داده‌های مورد استفاده در این تحقیق حاکی از افزایش ۱/۸۶ کیلوگرمی تولید شیر در سراسر دوره شیردهی در صورت تولد گوساله ماده است. با توجه به نتایج بدست آمده، در نظر گرفتن تاثیر جنسیت گوساله روی صفات فوق در گزینش استفاده از اسپرم تعیین جنسیت شده یا اسپرم معمولی ضروری به نظر می‌رسد.

واژه‌های کلیدی: تداوم شیردهی، جنسیت گوساله، طول دوره شیردهی، گاو هلشتاین

مقدمه

منبع اصلی درآمد پرورش‌دهندگان گاو شیری، تولید شیر و ترکیبات آن است. با این وجود سودآوری پرورش گاوهای شیری تحت تاثیر عملکرد تولیدمثل آنها نیز قرار دارد (۶). برای حداکثر نمودن سود در واحدهای گاوداری می‌توان هزینه‌های پرورش، تغذیه و مدیریت را از طریق افزایش تولید شیر سرانه گاوها کاهش داد. مقدار تولید شیر روزانه و همچنین ترکیبات آن تحت تاثیر عوامل متعددی مثل عوامل فیزیولوژیکی، توارثی و غیرتوارثی (سن، دوره شیردهی، آبستنی و...) و عوامل محیطی (دما، رطوبت، فصل و...) است (۱). در تحقیقات پیشین (۵، ۸) تاثیر عوامل مختلف بر سخت‌زایی و متعاقبا اثر سخت‌زایی بر عملکرد گاوهای شیری مورد بررسی قرار گرفته است. نشان داده شده که سخت‌زایی به طور معنی‌داری باعث کاهش تولید شیر کل دوره شیردهی می‌شود (۵، ۸). تاکنون تاثیر عوامل زیادی بر تولید شیر مورد بررسی قرار گرفته است ولی اثر جنسیت گوساله متولد شده بر روی تولید شیر و بالاخص تداوم شیردهی کمتر مورد توجه بوده است. هدف از پژوهش حاضر مطالعه اثر جنسیت گوساله بر روی تولید شیر، تداوم شیردهی و طول دوره شیردهی در گاوهای هلشتاین بود.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از تعداد ۲۲۵۶۶ رکورد زایش از ۵۵ گله گاو هلشتاین در استان قزوین که طی ۲۴ سال (۱۳۶۴-۱۳۸۷) توسط مرکز اصلاح نژاد کشور جمع‌آوری شده بود استفاده شد. اثر جنسیت گوساله بر صفات تولید شیر ۳۰۵ روز، تولید شیر ۳۰۵ روز تصحیح شده، طول دوره شیردهی، تولید ۱۰۰ روز اول دوره شیردهی، تولید ۱۰۰ روز دوم دوره شیردهی، تولید ۱۰۰ روز سوم دوره شیردهی، تولید ۱۰۰ روز دوم بر ۱۰۰ روز اول و تولید ۱۰۰ روز سوم بر ۱۰۰ روز اول مورد مطالعه قرار گرفت. داده‌ها در نرم‌افزار اکسل ذخیره شد و برای هر نوبت تجزیه و تحلیل، داده‌های مورد نظر از بانک اطلاعاتی مربوط استخراج می‌گردید. هیچ نوع محدودیتی از نظر دامنه‌ای اعمال نشد تنها ویرایش داده‌ای در مورد دامهایی که تولید ۱۰۰ روز دوم دوره شیردهی و تولید ۱۰۰ روز سوم دوره شیردهی‌شان ثبت نشده بود صورت گرفت و حذف شدند. تعداد ۳۰۶۱ تولد گوساله نر و ۱۹۵۰۵ تولد گوساله ماده در بانک اطلاعاتی موجود بود. با توجه به احتمال ناهمگنی واریانس‌ها تجزیه و تحلیل داده‌ها با استفاده از رویه t-test نرم‌افزار SAS صورت گرفت.

نتایج و بحث

آمار توصیفی کل داده‌های مورد بررسی (بدون تفکیک جنسیت) در جدول ۱ نشان داده شده است.

جدول ۱- آمار توصیفی کل داده‌های مورد بررسی

صفت	میانگین	حداقل	حداکثر
تولید شیر ۳۰۵ روز (کیلوگرم)	۹۰۸۶/۷	۴۴۱	۲۷۶۹۷
تولید شیر ۳۰۵ روز تصحیح شده (کیلوگرم)	۷۶۹۴/۳	۷۹۸	۱۴۵۳۰
طول دوره شیردهی (روز)	۳۰۷/۵	۶۹	۸۳۲
تولید ۱۰۰ روز اول دوره شیردهی (کیلوگرم)	۲۹۲۰/۹	۱۰۰	۵۸۸۴
تولید ۱۰۰ روز دوم دوره شیردهی (کیلوگرم)	۲۶۸۶/۶	۲۹۲	۵۲۵۵/۹
تولید ۱۰۰ روز سوم دوره شیردهی (کیلوگرم)	۲۰۸۶/۸	۴۳۱/۳	۴۳۴۹/۱
تولید ۱۰۰ روز دوم بر ۱۰۰ روز اول	۰/۹۲۵۲	۰/۳۰۰۲	۲/۳۷۵۷
تولید ۱۰۰ روز سوم بر ۱۰۰ روز اول	۰/۷۵۲۲	۰/۱۱۲۲	۲/۹۴۴۷

همچنین آمار توصیفی داده‌های مورد بررسی به تفکیک جنسیت در جدول ۲ آورده شده است.

جدول ۲- آمار توصیفی داده‌های مورد بررسی به تفکیک جنسیت

صفت	گوساله نر	گوساله ماده	اختلاف
تولید شیر ۳۰۵ روز (کیلوگرم)	۸۷۶۹/۹	۹۱۳۶/۴	۳۶۶/۵***
تولید شیر ۳۰۵ روز تصحیح شده (کیلوگرم)	۷۲۸۸/۷	۷۷۵۸	۴۶۹/۳***
طول دوره شیردهی (روز)	۳۱۳/۸۸	۳۰۶/۵۵	۷/۳۳۱۵***
تولید ۱۰۰ روز اول دوره شیردهی (کیلوگرم)	۲۷۷۸	۲۹۴۳/۵	۱۶۵/۵***

تولید ۱۰۰ روز دوم دوره شیردهی (کیلوگرم)	۲۵۵۶	۲۷۰۷/۴	۱۴۷/۴***
تولید ۱۰۰ روز سوم دوره شیردهی (کیلوگرم)	۲۰۱۱/۱	۲۱۹۲/۵	۱۸۱/۴***
تولید ۱۰۰ روز دوم بر ۱۰۰ روز اول	۰/۹۲۷۲	۰/۹۲۴۹	۰/۰۰۲۳ ^{ns}
تولید ۱۰۰ روز سوم بر ۱۰۰ روز اول	۰/۷۳۲۹	۰/۷۵۵۴	۰/۰۲۲***

*** اختلاف معنی دار در سطح (P < ۰/۰۰۰۱)، ^{ns} عدم معنی داری اختلاف

همانطور که نشان داده شده است تولید شیر ۳۰۵ روز تصحیح شده در تولد گوساله نر ۴۶۹/۳ کیلوگرم نسبت به تولد گوساله ماده بیشتر است که با نتایج برخی از تحقیقات پیشین (۲،۳،۴،۷،۱۱) که روی تعداد داده‌ی کمتری صورت گرفته بودند متفاوت بود. بعضی از محققین (۲،۴،۱۱) گزارش کردند تولید شیر تحت تاثیر جنسیت گوساله قرار نمی‌گیرد و برخی دیگر (۳، ۷) اظهار کردند تولید شیر زمانی که گوساله متولد شده نر باشد افزایش معنی داری نشان می‌دهد. همچنین نتایج برخی پژوهش‌ها (۵، ۸) نشان می‌دهد که تولد گوساله نر منجر به افزایش سخت‌زائی می‌شود که متعاقباً موجب کاهش تولید شیر کل دوره می‌شود که با نتایج حاصل از تحقیق حاضر در توافق است. طول دوره شیردهی در مورد تولد گوساله نر افزایش معنی داری نشان می‌دهد که با نتایج سایر محققین همخوانی دارد (۴، ۷) این افزایش می‌تواند به دلیل افزایش دوره انتظار اختیاری به منظور برگشت رحم به وضعیت عادی و بیشتر بودن روزهای باز در حالت تولد جنس نر باشد (۸، ۱۰). تجزیه و تحلیل داده‌های مورد استفاده در این تحقیق نشان داد در صورت تولد گوساله ماده میانگین تولید شیر روزانه ۱/۸۶ کیلوگرم در سراسر دوره شیردهی افزایش می‌یابد که با سایر تحقیقات همخوانی دارد (۸). علاوه بر موارد فوق تولید در تمام دامنه‌های ۱۰۰ روزه دوره‌ی شیردهی در تولد گوساله ماده بیشتر است اما اختلاف مشاهده شده در ۱۰۰ روز دوم کمتر می‌باشد (۱۴۷/۴ کیلوگرم) که تایید میکند گاوها در اواسط دوره شیردهی کمتر تحت تاثیر عوامل غیرژنتیکی قرار می‌گیرند و وراثت‌پذیری تولید شیر در اواسط دوره بیشتر است (۹). محقق (۴) گزارش کرده تولید اولیه در مورد تولد گوساله ماده بیشتر است که با پژوهش حاضر مطابقت دارد. تحقیقی در مورد تاثیر جنس گوساله متولد شده بر تداوم شیردهی صورت نگرفته است. نتیجه این تحقیق بیانگر اینست که علاوه بر تولید شیر، تداوم شیردهی نیز در صورت زایش گوساله نر در سطح پایین‌تری قرار دارد. کاهش تولید در قسمت انتهایی دوره‌ی شیردهی محسوس‌تر است. با توجه به پژوهش حاضر در نظر گرفتن جنس گوساله در ارزیابی گاوهای شیری و در تصمیم‌گیری در مورد میزان استفاده از اسپرم تعیین جنسیت شده ضروری به نظر می‌رسد.

منابع

۱. چگینی آ. ۱۳۸۹. برآورد ارتباط بین تولید شیر، تداوم شیردهی، تعداد سلولهای سوماتیک شیر و فاصله گوساله زائی گاوهای هلشتاین در ایران. پایان‌نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی. دانشگاه گیلان ۷۰ صفحه.
2. Afzal, M., M.Anwar and M.A.Mirza. 2007. Some factors affecting milk yield and lactation length in Nili Ravi Buffaloes. Pakistan Veterinary Journal. 27(3): 113-117.
3. Alphonsus, C. 2008. The relationship of udder and body conformation traits with milk yeild and their inheritance in Bunaji and Friesian x Bunaji cows. MSc Thesis. Ahmadu Bello University.
4. Alphonsus, C., I.C.Essien, G.N.Akpa and P.P.Barje. 2011. Factors Influencing Milk Yield Characteristics in Bunaji and Friesian x Bunaji Cows in Northern Nigeria. Animal Production 13(3):143-149.

5. Berry, D.P., J.M.Lee., K.A.Macdonald., and J.R.Roche. 2007. Body condition score and body weight effects on dystocia and stillbirths and consequent effects on postcalving performance. *Journal of Dairy Science*. 90:4201–4211.
6. Castillo-Juarez, H., P.A.Oltenacu., R.W.Blake., C.E.McCulloch., and E.G.Cienfuegos-Rivas. 2000. Effect of herd environment on genetic and phenotypic relationships among milk yield, conception rate and somatic cell score in Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*. 83: 807-814.
7. Chaudhry, M.A. 1992. Factors affecting the lactation length and milk yield in Nili-Ravi Buffaloes. *Asian Journal of Animal Science*. Volume 5 (No. 2) 375-382.
8. Gaafar, H.M.A., Sh.M.Shamiah, M.A.Abu El-Hamd, A.A.Shitta, and M.A. Tag El-Din. 2011. Dystocia in Friesian cows and its effects on postpartum reproductive performance and milk production. *Tropical Animal Health and Production*. 43(1): 229–234.
9. Jensen, J. 2001. Genetic Evaluation of Dairy Cattle Using Test-Day Models. *Journal of Dairy Science*. 84:2803–2812
10. Lopez de Maturana, E., A.Legarra, L.Varona and E.Ugarte. 2007. Analysis of Fertility and Dystocia in Holsteins Using Recursive Models to Handle Censored and Categorical Data. *Journal of Dairy Science*. 90:2012–2024.
11. Rahnefeld, G.W., G.M.WEISS and H.T.Fredeeen.1990. Milk yield and composition in beef cows and their effect on cow and calf performance in two environments. *Canadian Journal of Animal Science*. 70:409-423.

Effect of calf sex on milk yield, persistency of milk yield and lactation length
Arash Chegini¹, Mohammad Malekhhahi², Abdol-Ahad Shadparvar¹, Navid Ghavi Hossein-Zadeh¹

1. Graduate, assistant and associated professor in animal breeding and genetic from university of Guilan

2. Student in ruminants nutrition from Ferdowsi university of Mashhad

Corresponding E-mail address: Mmalekhhahi@gmail.com

Abstract

In this research total of 22566 calving records from 55 herds from 1985 to 2008 in Qazvin province that collected by the Animal Breeding Center were used. The goal was to investigate the effect of calf sex on milk yield, persistency of milk yield and lactation length. With use of t-test procedure in SAS software effect of calf sex on aforementioned traits was investigated. Two criteria for persistency of milk yield considered, including: the ratios of total milk yield in the second and third 100 days to the first 100 days of lactation. Calf sex had very significant effect for all traits ($p < 0.0001$) except the ratios of total milk yield in the second 100 days to the first 100 days of lactation. Born of male calf leads to 7.3315 days increase in lactation length whereas leads to decrease in persistency of milk yield in comparison with born of female calf, in general, it implies that daily milk yield of cows that give birth to male calves are in lower level. Result of this study shows that daily milk production will increase 1.86kg throughout lactation in case of birth to female calf relative to birth to male calf. Regarding to the results of this study, it seems necessary to consider the effect of calf sex on aforementioned traits when making decision to use sexed semen or conventional semen.

Keywords: persistency of milk yield-calf sex-lactation length-Holstein cow

همبستگی فنوتیپی بین وزن بدن در سن چهار هفتگی با صفات تولیدی و تولیدمثلی در بلدرچین ژاپنی

راحله صادقی^{۱*}، عباس پاکدل^۲، محمد مرادی شهر بابک^۳

۱ و ۲ به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد و عضو هیات علمی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران

*نویسنده مسئول: راحله صادقی، raheleh.sadeghi2@gmail.com

چکیده

انتخاب برای بهبود یک صفت خاص به دلیل وجود اثرات ژنتیکی، محیطی و اثرات متقابل بین صفات همبسته موجب تغییر در صفاتی که انتخاب نشده‌اند نیز می‌گردد. همبستگی صفات از این جهت حائز اهمیت است که بدانیم اصلاح یک صفت چه تغییراتی را در صفات دیگر باعث می‌شود. مطالعه حاضر تحقیقی است برای برآورد همبستگی فنوتیپی بین وزن بدن در سن چهار هفتگی با صفات مربوط به رشد، صفات تولیدی و تولیدمثلی در دو لاین بلدرچین ژاپنی که به صورت واگرا انتخاب شدند (HW: لاین انتخاب شده برای افزایش وزن بدن و LW: لاین انتخاب شده برای کاهش وزن بدن در سن چهار هفتگی) و لاین کنترل (C) که از جمعیت پایه به طور تصادفی مشتق شده بود. با توجه به نتایج حاصل از این تحقیق، همبستگی فنوتیپی بین وزن بدن در سن چهار هفتگی (BW4) به ترتیب با سن بلوغ جنسی مثبت (۰/۳۱)، با کل تخم تولیدی منفی (۰/۴۲)، با باروری منفی (۰/۱۱)، با قابلیت هچ شدن منفی (۰/۲۵) بود ($P < 0/01$). نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که صرف نظر از اثر لاین همبستگی بین وزن بدن در سن چهار هفتگی با اکثر صفات مثبت ولی با تعداد تخم و صفات تولیدمثلی مانند باروری و قابلیت هچ شدن منفی بود.

کلمات کلیدی: بلدرچین ژاپنی، همبستگی فنوتیپی، صفات تولیدی، صفات تولیدمثلی

مقدمه

رشد جزء صفاتی است که در صنعت طیور توجه زیادی به آن شده است. از طرفی بلدرچین ژاپنی جزو گونه‌های کوچک پرندگانی است که برای تولید تخم و گوشت مورد توجه است و در مطالعات اصلاح نژادی در طیور به عنوان یک پرنده راهنما مورد استفاده قرار گرفته و در سراسر دنیا به عنوان یک حیوان آزمایشگاهی مهم مدنظر است (عبدالمنصف، ۲۰۰۵). مزیت روش‌های انتخاب برای بهبود صفات تولیدی و یا تولید مثلی تنها به پاسخ به انتخاب مستقیم وابسته نیست، بلکه ممکن است موجب تغییر در دیگر صفات مهم بیولوژیکی و اقتصادی، به دلیل پاسخ همبسته به انتخاب نیز شود، چراکه انتخاب برای بهبود یک صفت ممکن است به دلیل همبستگی میان صفات (ممکن است محیطی، ژنتیکی و یا هر دو را داشته باشد) منجر به پاسخ همبسته‌ای برای صفات انتخاب نشده نیز گردد (فالكونر، ۱۹۸۱). برخی از ضرایب همبستگی فنوتیپی بین صفات مختلف در جدول ۱ نشان داده شده است. در این تحقیق همبستگی فنوتیپی بین وزن بدن در سن چهار هفتگی با صفات تولیدی و تولید مثلی در بلدرچین ژاپنی بررسی شده است.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش به منظور برآورد همبستگی فنوتیپی بین وزن بدن در سن چهار هفتگی و صفات مختلف، از بلدرچین‌های موجود در ایستگاه تحقیقاتی گروه علوم دامی دانشگاه تهران که به مدت ۸ نسل و به صورت واگرا برای افزایش و کاهش وزن چهار هفتگی (به عنوان لاین‌های HW و LW) انتخاب شده بودند همراه با لاین کنترل استفاده شد. تعداد ۱۰۰ پرنده ماده و ۱۵۰ پرنده نر در سن چهار هفتگی انتخاب و شماره گذاری شدند و در قفس‌های انفرادی قرار داده شدند و نرها به صورت یک روز در میان بین قفس‌ها جابجا شدند. بعد از جمع آوری داده‌ها همبستگی فنوتیپی بین صفات مختلف برآورد گردید.

همبستگی بین وزن بدن در سن چهار هفتگی و صفات تولیدی

با توجه به جدول ۲ همبستگی فنوتیپی بین وزن بدن در سن چهار هفتگی با تعداد تخم در لاین LW و HW منفی ولی در لاین کنترل مثبت بود. چون رکوردهای هر پرنده به صورت انفرادی ثبت می‌شد ممکن است تعداد پرنده‌هایی که در این لاین وزن چهار هفتگی‌شان نسبت به سایر پرندگان بالاتر بوده و همچنین تولید تخم آنها هم بیشتر بوده، بیشتر از پرنده‌هایی بوده باشد که وزن بدن بیشتری داشتند و تولید تخم کمتر، البته این مقدار همبستگی ناچیز بود (۰/۰۲) و اختلاف بین وزن‌ها هم در حد دهم و صدم گرم بود. به طور کلی، در کل جمعیت همبستگی بین BW4 با تعداد تخم منفی (۰/۴۲-) و معنی دار (P≤۰/۰۱) بود که نشان می‌دهد با افزایش وزن بدن در بلدرچین ژاپنی تولید تخم کاهش می‌یابد و اگر هدف افزایش تولید باشد بلدرچینهای لاین LW مناسب‌ترند. همبستگی بین وزن بدن در سن چهار هفتگی (BW4) با وزن بلوغ جنسی در همه لاین‌ها مثبت و معنی دار بود (P≤۰/۰۱) (جدول ۲) و در کل جمعیت هم مثبت (۰/۳۱) و معنی دار بود (P≤۰/۰۱). همبستگی بین BW4 با وزن کل تخم‌های تولیدی در کل جمعیت مثبت (۰/۸۴) و معنی دار بود (P≤۰/۰۱).

همبستگی بین تعداد کل تخم تولیدی با سن بلوغ جنسی، وزن بلوغ جنسی و وزن کل تخم‌های تولیدی منفی بود (جدول ۳) که مطابق با گزارشات (کمال ۲۰۱۰) و عبدالمصنف (۲۰۰۵) بود که همبستگی بین تعداد تخم و وزن تخم گزارش را منفی گزارش کرده‌اند. با توجه به این نتایج می‌توان نتیجه گرفت که با افزایش سن بلوغ جنسی، تعداد تخم در طی دوره مشخص (در این تحقیق ۹۰ روزه) کاهش می‌یابد، همچنین بلدرچین‌هایی که دیرتر به سن بلوغ جنسی می‌رسند وزن بدن سنگین‌تری دارند و بنابراین وزن تخم تولیدی آنها بیشتر است.

همبستگی بین وزن بدن در سن چهار هفتگی و صفات تولیدمثلی همبستگی فنوتیپی بین BW4 و درصد باروری ۰/۱۱- و معنی دار بود (P≤۰/۰۵) (جدول ۲). این نتایج مشابه با گزارشات مارکس (۱۹۹۶) بود که گزارش کرد انتخاب برای افزایش وزن بدن در سن چهار هفتگی اثرات منفی بر روی درصد باروری تخم‌ها دارد. همچنین سودا و همکاران (۲۰۰۳) گزارش کرده‌اند که انتخاب برای کاهش وزن بدن، باروری را در لاین انتخاب شده برای کاهش وزن نسبت به لاین کنترل کاهش می‌دهد.

همبستگی فنوتیپی بین BW4 و درصد قابلیت هچ شدن تخم‌های گذاشته شده در دستگاه منفی (۰/۲۵) و معنی دار بود (P≤۰/۰۵) (جدول ۲). این نتایج مشابه با گزارشات مارکس (۱۹۹۶) بود که گزارش کرد انتخاب برای افزایش وزن بدن در سن چهار هفتگی اثرات منفی بر روی قابلیت هچ شدن تخم‌ها دارد. همچنین سودا و همکاران (۲۰۰۳) گزارش کرده‌اند که انتخاب برای کاهش وزن بدن قابلیت هچ شدن را در لاین انتخاب شده برای کاهش وزن نسبت به لاین کنترل کاهش می‌دهد.

جدول ۱- ضرایب همبستگی فنوتیپی گزارش شده بین برخی صفات مطالعه شده در بلدرچین ژاپنی (بهی الدین، ۱۹۹۱)

سال	سن	همبستگی فنوتیپی
Abdel-Mounsef ۲۰۰۵	وزن بدن در زمان هچ و سن بلوغ جنسی	-۰/۳۳
	وزن بدن در زمان هچ با تعداد کل تخم تولیدی در ۱۰ هفته	-۰/۲۹
	وزن بدن در زمان هچ با وزن کل تخم تولیدی در ۱۰ هفته	-۰/۳۶

-۰/۲۶	وزن بدن در زمان هچ با درصد باروری		
-۰/۲۱	وزن بدن در زمان هچ با درصد قابلیت هچ شدن		
-۰/۰۲	تعداد تخم و وزن تخم	۱۹۹۱	Bahie El-Deen
-۰/۱۱	تعداد تخم و وزن تخم	۱۹۹۴	Bahie El-Deen
-۰/۱۱	سن بلوغ جنسی و تعداد کل تخم تولیدی در ۱۰ هفته	۲۰۰۵	Abdel-Mounsef
۰/۱۴	سن بلوغ جنسی و وزن کل تخم تولیدی در ۱۰ هفته		
۰/۱۸	درصد قابلیت هچ شدن و درصد قابلیت باروری		
۰/۵۸	تعداد کل تخم تولیدی با وزن کل تخم تولیدی در دوره ۱۰ هفته	۲۰۰۱	Aboul-Hassan
-۰/۵۲	سن بلوغ جنسی با کل تخم تولیدی در ۱۰ هفته		

جدول ۲- همبستگی فنوتیپی بین وزن بدن در سن چهار هفتگی با صفات تولیدی و تولیدمثلی

قابلیت هچ شدن	قابلیت باروری	وزن کل تخم تولیدی	وزن بلوغ جنسی	سن بلوغ جنسی	تعداد تخم	لاین	
-۰,۲۷*	-۰,۱۳*	-۰/۰۱**	۰,۰۲ **	- ۰,۲۰**	-۰,۰۷**	HW	BW4
۰,۳۲*	۰,۱۰*	-۰/۱۷*	۰,۳۴ **	۰,۲۰ **	۰,۰۲*	C	
-۰,۲۴*	-۰,۱۲*	۰,۱۱	۰,۳۰ **	۰,۲۲**	-۰,۰۸**	LW	
-۰/۲۵*	-۰/۱۱*	۰/۸۴**	۰/۸۹**	۰/۳۱**	-۰/۴۲**	کل	

جدول ۳- همبستگی فنوتیپی بین صفات تولیدی در بلدرچین ژاپنی در کل جمعیت

صفات	وزن بلوغ جنسی	سن بلوغ جنسی	وزن کل تخم های تولیدی	تعداد تخم
وزن بلوغ جنسی	۱			
سن بلوغ جنسی	۰/۴۴**	۱		
وزن کل تخم تولیدی	۰/۵۱۳**	۰/۷۹**	۱	
تعداد تخم تولیدی	-۰/۷۰۶**	-۰/۳۷**	-۰/۱۴**	۱

References

1. Abdel-Mounsef, N. A. (2005). Non genetic factors affecting some productive traits in Japanese quail. M.Sc. Thesis Fac. Agric. Al-Azhar Univ. Cairo, Egypt.
2. Bahie El-Deen, M. (1991). Selection and correlated response for dressing percentage in Japanese quail. M. Sc. Thesis, Fac. Agric., Alex. Univ., Egypt.
3. Falconer, Introduction to Quantitative Genetics John Wiley and Sons Inc; NY. 2nd Ed, 1981.

4. Kemal KARABAĞ, The Differences in Some Production and Clutch Traits in Divergently Selected Japanese Quails. Kafkas Univ Vet Fak Derg, 2010. 16: p. 5.
5. Marks, H. L. (1996). Long-term selection for body weight in Japanese quail under different environments. Poult. Sci. 75: 1198-1203.
6. Suda, Y. and Okamoto, S. (2003). Long-term selection for small body weight in Japanese quail. 2: changes in reproductive traits from 60 to 65th generations. Japanese Poult. Sci. 40: 30-38.

The phenotypic correlation between four week body weight with productive and reproductive traits

R. Sadeghi , A. Pakdel, M. Moradi

Tehran University, Animal Science Group, P O Box 4111, Karaj, Iran

* Corresponding E-mail address: raheleh.sadeghi2@gmail.com

Abstract

Selection for a particular trait due to genetic and environmental effects and the interactions between the characteristics of the correlated changes in traits that are not selected. The correlation of these traits is important to know what to modify a trait in the other traits can be. Purpose of this research is to estimate the phenotypic correlation between body weight at the age of four weeks with growth traits, productive and reproductive traits in the two divergent lines of Japanese quail were selected (HW: selected line to increase four body weight and LW: selected line to decrease four body weight) and control line that derivate from base population. The result of this study revealed that, the phenotypic correlation between four week body weight with age of sexual maturity was positive(0.31), with total egg number was negative(0.42), with fertility was negative(-0.11) and with hatchability was negative(-0.25)($p \leq 0.01$). Generally, the result of this study showed that phenotypic correlation between four week body weights with most of traits was positive but with egg number and reproductive traits such as fertility and hatchability was negative.

Keywords: Japanese quail, phenotypic correlation, productive traits, reproductive traits.

بررسی اثر انتخاب واگرا و دوره ذخیره سازی تخم ها بر صفات تولید مثلی بلدرچین ژاپنی

راحله صادقی^{۱*}، عباس پاکدل^۲، محمد مرادی شهربابک^۳

۱ و ۲ به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد و عضو هیات علمی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران

*نویسنده مسئول: راحله صادقی، raheleh.sadeghi2@gmail.com

چکیده

مطالعه اخیر به منظور بررسی اثرات انتخاب واگرا برای وزن بدن در سن چهار هفتگی و همچنین دوره ذخیره سازی تخمها قبل از انکوباسیون بر باروری و قابلیت هج شدن بلدرچین ژاپنی بوده است. لاین هایی که تحت انتخاب واگرا قرار گرفتند (HW: لاین انتخاب شده برای افزایش و LW: لاین انتخاب شده برای کاهش وزن بدن در سن چهار هفتگی) پس از ۹ نسل انتخاب از جامعه پایه بدست آمدند. تعداد ۸۲۲ تخم از ۳۰۰ بلدرچین (۱۰۰ بلدرچین در هر لاین) و همگی در سن ۱۳ هفتگی جمع آوری شدند. متوسط وزن تخم در لاین HW ۱۴/۱۹، کنترل ۱۲/۰۲ و LW ۱۰/۲ گرم بود. بر اساس دوره ذخیره سازی، تخم ها به سه گروه تقسیم شدند گروه ۱ (۷-۱ روز)، گروه ۲ (۸-۱۴ روز) و گروه سوم (۱۵-۲۱ روز). با توجه به نتایج حاصل از این تحقیق تفاوت بین لاین ها از نظر باروری و قابلیت هج شدن معنی دار بود ($p \leq 0.01$). همچنین قابلیت هج شدن تخمها تحت تاثیر دوره ذخیره سازی تخم ها قرار گرفت ($p \leq 0.01$). همچنین اثر متقابل لاین و دوره ذخیره سازی بر قابلیت هج شدن تخمهای بارور معنی دار بود ($p \leq 0.01$) و بالاترین درصد هج شدن مربوط به لاین C (کنترل) و گروه اول بود. نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که افزایش دوره ذخیره سازی تخم ها قبل از انکوباسیون مخصوصا بعد از ۷ روز قابلیت هج شدن تخم های بارور را کاهش می دهد و نرخ باروری و قابلیت هج شدن بهینه در لاین کنترل و در حالتی بود که تخم ها به مدت ۷ روز نگهداری می شدند. کلمات کلیدی: انتخاب واگرا- دوره ذخیره سازی- صفات تولید مثلی- بلدرچین ژاپنی.

مقدمه

صفات تولید مثلی در طیور مانند نرخ باروری، قابلیت هج شدن تحت تاثیر فاکتورهای زیادی از قبیل نسبت نر به ماده، ژنتیک، سن والدین، تغذیه، شرایط نگهداری و دوره ذخیره سازی تخم ها، کیفیت و وزن تخم ها و شرایط انکوباسیون قرار می گیرد (۶). اودین و همکاران (۱۹۹۴) اثر وزن تخم (۸/۵۹، ۹/۵۲، ۱۰/۵۶ گرم) و دوره نگهداری (۷، ۴، ۱، ۱۰ روز) را بر پارامترهای مربوط به هج شدن تخم ها بررسی و گزارش کردند که به استثنای باروری، همه پارامترها تحت تاثیر وزن تخم قرار می گیرد ($P < 0.05$) و هیچ ارتباط معنی داری بین وزن تخم و مدت زمان نگهداری تخم ها را گزارش نکرده اند. همچنین همبستگی بین وزن تخم و نرخ باروری را منفی گزارش کرده اند. این محققان نتیجه گرفته اند که تخم های با اندازه متوسط (۹/۱-۱۰/۰ گرم) در هر فصلی اگر ۴ تا ۷ روز قبل از انکوباسیون نگهداری شوند، قابلیت هج شدن بهینه ای را خواهند داشت (۱۸). هدف از این مطالعه بررسی اثر انتخاب واگرا (وزن تخم) و دوره نگهداری تخم های بلدرچین ژاپنی بر قابلیت باروری، هج شدن بلدرچین ژاپنی می باشد.

مواد و روش ها

در این پژوهش به منظور برآورد تاثیر انتخاب واگرا و دوره ذخیره سازی تخم ها، از بلدرچین های موجود در ایستگاه تحقیقاتی گروه علوم دامی دانشگاه تهران که به مدت ۸ نسل و به صورت واگرا برای افزایش و کاهش وزن چهار هفتگی (به عنوان لاین های HW و LW) انتخاب شده بودند همراه با لاین کنترل استفاده شد. تعداد ۳۰۰ پرنده ماده و ۱۵۰ پرنده نر در سن چهار هفتگی

انتخاب و شماره گذاری و در قفس های انفرادی در سالن تخمگذاری قرار داده شدند همچنین نسبت ماده به نر ۲ به ۱ بود که نرها به صورت یک روز در میان بین قفس ها جابجا شدند. جیره دوره تخم گذاری شامل ۲۰٪ پروتئین و ۲۹۰۰ کیلو کالری بر کیلوگرم انرژی قابل سوخت و ساز بود که همراه با آب به طور آزاد در دسترس پرند ها قرار گرفت. طول دوره روشنایی در دوره تخمگذاری ۱۶ ساعت در نظر گرفته شد. در این مطالعه ۸۲۲ تخم بلدرچین ژاپنی استفاده شد. تخمها از ۳۰۰ بلدرچین ماده در سه لاین و همگی در سن ۱۳ هفتگی جمع آوری شدند. تخم ها در هر لاین روزانه جمع آوری و با استفاده از ترازوی دیجیتالی وزن شدند که وزن تخم ها در هر سه دوره مربوط به نگهداری تخم ها در لاین HW (۱۴/۱۲-۱۴/۳۱ گرم)، در لاین کنترل (۱۲/۰۳-۱۲/۱۱ گرم) و در لاین LW (۱۰/۱۶-۱۰/۲۴ گرم) بود. تخم ها در دمای ۱۶-۱۸ درجه سانتی گراد در اتاق مربوط به نگهداری تخم با سیستم خنک کننده نگهداری شدند. بر اساس طول دوره نگهداری، تخم ها به ۳ گروه تقسیم شدند گروه ۱ (۰-روز)، گروه ۲ (۸-۱۴ روز)، گروه ۳ (۱۵-۲۱ روز) تقسیم شدند. تخم ها بعد از جمع آوری کامل، به دستگاه انکوباتور منتقل شدند. دمای انکوباسیون برای ۱۴ روز اول انکوباسیون ۳۷/۷ درجه سانتی گراد، و در سه روز آخر ۳۷/۵ درجه بود، همچنین رطوبت نسبی ۶۰-۶۵٪ برای ۱۴ روز اول انکوباسیون و ۷۰٪ برای سه روز باقی مانده تا هچ شدن جوجه ها بود. برای محاسبه تخم های بارور بعد از هچ شدن جوجه ها، تمامی تخم ها شکسته و تعداد تخم های بارور مشخص شد. پارامترهای مربوط به هچ با استفاده از فرمول های زیر محاسبه شد:

$$\text{درصد باروری} = \frac{\text{کل تخم های بارور}}{\text{کل تخم ها}} \times 100$$

$$\text{درصد قابلیت هچ شدن} = \frac{\text{تعداد جوجه های هچ شده}}{\text{تعداد کل تخم های بارور}} \times 100$$

جهت تجزیه و تحلیل آماری صفات در این مطالعه از فرمول زیر استفاده شد:

$$y_{ijk} = \mu + L_i + P_j + L_i(P_j) + e_{ij}$$

که y_{ijkl} مشاهده مربوط به هر یک از صفات مورد مطالعه، μ میانگین صفت مورد نظر، L_i اثر i امین جهت انتخاب (لاین)، P_j اثر j امین دوره نگهداری تخم ها قبل از انکوباسیون، $L_i(P_j)$: اثر متقابل لاین $\times$ دوره، e_{ij} اثر باقیمانده می باشد، همچنین جهت تجزیه تحلیل داده ها از نرم افزار SAS استفاده شد.

نتایج

نتایج مربوط به اثرات دوره ذخیره سازی تخم ها قبل از انکوباسیون و لاین بر نرخ باروری و قابلیت هچ شدن تخم ها و تفاوت بین گروه های مربوط به دوره ذخیره سازی تخم ها و همچنین تفاوت بین لاین ها در جدول ۱ نشان داده شده است. با توجه به جدول ۱ نتایج حاصل از بررسی اثر مدت زمان نگهداری تخم ها نشان می دهد که نرخ باروری در گروه دوم و سوم تفاوت معنی داری با همدیگر ندارند، در صورتی که گروه اول با هر دو گروه تفاوت معنی داری داشت ($P < 0.05$). قابلیت هچ شدن تخم های بارور با توجه به جدول ۱ در هر سه گروه تفاوت معنی داری با همدیگر داشتند ($P < 0.01$). اثر لاین بر نرخ باروری، قابلیت هچ شدن تخم های بارور هم معنی دار بود ($P < 0.01$). همچنین اثر متقابل بین دوره نگهداری و وزن تخم بر هچ شدن تخم های بارور نیز معنی دار بود ($P < 0.01$). با توجه به نتایج جدول ۱ بالاترین نرخ باروری و قابلیت هچ شدن تخم ها مربوط به گروه اول بود و با افزایش مدت زمان نگهداری تخم ها کاهش می یابد. همچنین به استثنای گروه اول که نرخ باروری در لاین

HW و C و همچنین قابلیت هج شدن در لاین LW و HW تفاوت معنی داری نداشتند در صورتی که در سایر گروه ها تفاوت بین لاین ها معنی دار بود ($P < 0.01$) و لاین کنترل بالاترین نرخ باروری و قابلیت هج شدن را داشت. تفاوت های معنی داری بین گروه های مربوط به دوره نگهداری تخم ها بر قابلیت هج شدن تخم های بارور مشاهده شد که بیشترین درصد هج شدن مربوط به دوره نگهداری اول بود. با توجه به نتایج حاصل از این مطالعه، بیشترین نرخ باروری در لاین کنترل (۸۸/۱۳٪) و کمترین درصد باروری در لاین LW (۷۱/۳۳٪) بود. همچنین بالاترین قابلیت هج شدن تخم ها در لاین کنترل (۶۴/۷۵٪) و کمترین آن در لاین HW (۴۷/۹۲٪) بود. بالا بودن نرخ باروری در لاین HW و کمتر بودن قابلیت هج شدن تخم ها در این لاین ممکن است به دلیل افزایش تخم های دو زرده در این لاین نسبت به لاین های دیگر باشد.

بحث و نتیجه گیری

اثر دوره ذخیره سازی و لاین بر پارامترهای قابلیت هج شدن تخم های بلدرچین ژاپنی در مطالعه حاضر مورد بررسی قرار گرفت. قابلیت هج شدن تخم ها به طور معنی داری تحت تاثیر دوره ذخیره سازی تخم ها قرار گرفت. این درصد ها ۸۱/۶۲٪، ۵۱/۹۷٪، ۳۴/۶۹٪ به ترتیب برای دوره نگهداری اول تا سوم بود. به طور کلی، با افزایش دوره ذخیره سازی، قابلیت هج شدن تخم های بارور کاهش یافت. این نتایج مشابه با نتایج گزارش شده توسط سوسکوپس و تانیپیات (۱۹۹۱) بود که گزارش کردند که دوره ذخیره سازی بیشتر از ۸-۱۰ روز قبل از انکوباسیون منجر به کاهش قابلیت هج شدن تخم های انکوبه شده می گردد (۵). به علاوه، سینیواسایا و راماپا (۱۹۸۸) گزارش کردند که تغییرات در قابلیت هج شدن تخم های بارور بعد از ۹ روز ذخیره کردن اتفاق می افتد (۴). پارامتر مهم دیگری که در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفت اثر بود. نرخ باروری در لاین HW، C و LW به ترتیب ۸۱/۸۹٪، ۸۸/۱۳٪ و ۷۱/۳۳٪ بود که نشان می دهد در لاین HW که وزن تخم ها نسبت به لاین LW بیشتر بوده نرخ باروری افزایش یافته است. چنین ارتباطی همچنین توسط ساچدو و همکاران (۱۹۸۵) در بلدرچین های ژاپنی گزارش شده است (۲). با توجه به نتایج تحقیق حاضر، باروری به طور معنی داری تحت تاثیر اثر لاین قرار گرفت که این نتیجه متضاد با نتایج اسن و اوسلیک (۲۰۰۲) بود (۱). اگرچه، این تضاد ممکن است در نتیجه تفاوت در طرح های آزمایشی باشد. در مطالعه حاضر نرخ هج شدن تخم های بارور در لاین های مختلف به اینصورت بود که برای لاین HW ۴۷/۹۲٪، لاین C ۶۴/۷۵٪ و LW ۵۵/۲۰٪ بود. همچنین با توجه به نتایج حاصل از این مطالعه، قابلیت هج شدن تخم های بارور در لاین HW نسبت به لاین C و LW کاهش یافت. به طور مشابه، ساریا و سولی (۱۹۹۵) گزارش کردند که بالاترین قابلیت هج شدن در تخم های با وزن حدود ۱۱/۶ گرم می باشد (۳). در این مطالعه، قابلیت هج شدن تخم های بارور به طور معنی داری در لاین های مختلف متفاوت بود و بیشترین نرخ باروری در لاین کنترل بود به طور مشابه، ساچدو و همکاران (۱۹۸۵) گزارش کرده اند که نرخ هج شدن تخم های بارور در تخم های با وزن سنگین (۱۰/۱-۱۱/۰ گرم) بلدرچین ژاپنی نسبت به گروه های با وزن سبک (۷/۱-۸/۹ گرم) بیشتر است (۲). به طور خلاصه، نتایج مطالعه حاضر نشان داد که افزایش دوره ذخیره سازی تخم ها قبل از انکوباسیون، به خصوص بعد از ۷ روز، قابلیت هج شدن تخم های بارور را کاهش می دهد. بهترین عملکرد برای نرخ باروری و قابلیت هج شدن تخم های بارور برای تخم های نگهداری شده به مدت ۷ روز بدست آمد. نرخ باروری بهینه و قابلیت هج شدن تخم های بارور در تخم های لاین کنترل که متوسط وزن تخم در این لاین حدود ۱۲/۰۲ گرم بود، بدست آمد.

جدول ۱- تاثیر لاین و دوره ذخیره کردن تخم ها قبل از انکوباسیون بر باروری و قابلیت هج شدن تخم های بلدرچین ژاپنی

دوره ذخیره کردن تخمها	لاین	کل تخم ها	وزن تخم $x \pm sx$	باروری (%)	قابلیت هج شدن (%)

۷۳/۵۶ ^y	۹۰/۸۰ ^x	۱۴/۱۲±۰/۰۸	۸۷	HW	گروه اول(۱-۷ روز)
۹۲/۳۹ ^x	۹۴/۵۷ ^x	۱۲/۰۷±۰/۰۲	۹۲	C	
۷۸/۴۹ ^y	۷۹/۵۷ ^y	۱۰/۱۶±۰/۰۴	۹۳	LW	
۸۱/۶۲ ^A	۸۸/۲۴ ^A	۱۲/۰۷±۰/۰۵	۲۷۲	کل	
۴۴/۴۴ ^z	۷۶/۶۷ ^y	۱۴/۳۱±۰/۰۶	۹۰	HW	گروه دوم(۸-۱۴اروز)
۶۰/۰۰ ^x	۸۷/۳۷ ^x	۱۲/۱۱±۰/۰۳	۹۵	C	
۵۱/۰۶ ^y	۶۹/۱۵ ^z	۱۰/۲۴±۰/۰۶	۹۴	LW	
۵۱/۹۷ ^B	۷۷/۷۸ ^B	۱۲/۱۸±۰/۰۶	۲۷۹	کل	
۲۶/۱۴ ^z	۷۵/۰۰ ^y	۱۴/۱۶±۰/۰۶	۸۸	HW	گروه سوم(۱۵-۲۱ روز)
۴۱/۷۶ ^x	۸۵/۷۱ ^x	۱۲/۰۳±۰/۰۲	۹۱	C	
۳۵/۸۷ ^y	۶۵/۲۲ ^z	۱۰/۱۹±۰/۰۳	۹۲	LW	
۳۴/۶۹ ^C	۷۵/۲۸ ^B	۱۲/۰۹±۰/۰۴	۲۷۱	کل	
۴۷/۹۲ ^c	۸۱/۸۹ ^b	۱۴/۲±۰/۰۴	۲۶۵	HW	کل
۶۴/۷۵ ^a	۸۸/۱۳ ^a	۱۲/۰۸±۰/۰۱	۲۷۸	C	
۵۵/۲۰ ^b	۷۱/۳۳ ^c	۱۰/۲۱±۰/۰۲	۲۷۹	LW	
۵۶/۰۸	۸۰/۴۱	۱۲/۱۲±۰/۰۲	۸۲۲	کل	
**	*	اثر دوره ذخیره سازی			
**	**	اثر لاین			
**	-	اثر دوره ذخیره سازی×لاین			

- معنی دار نیست، * : (P<0.05)، **: (P<0.01)، X، y، z: مقایسه بین لاین های مختلف در داخل گروه مربوط به دوره ذخیره سازی. مقادیر داخل ستون ها که حرف مشترکی ندارند تفاوت معنی داری ندارند (P<0.05)، a، b: مقایسه بین لاین های مختلف. مقادیر داخل ستون ها که حرف مشترکی ندارند تفاوت معنی داری ندارند (P<0.05)، A، B، C: مقایسه مربوط به گروه های دوره ذخیره سازی. مقادیر داخل ستون ها که حرف مشترکی ندارند تفاوت معنی داری ندارند (P<0.05).

References

1. ESEN, A.; OZCELIK, M.: The effect of Age of parents, egg weight and shape index on hatchability in quails. Firat University Journal of Health Sciences. 16 (2002) 1, 19-25
2. SACHDEV, A.K.; AHUJA, S.D.; THOMAS, P.C.; AGRAWAL, S.K.: Effect of egg weight and duration storage on the weight loss, fertility and hatchability traits in Japanese quail. Indian Journal of Poult. Sci. 20 (1985) 1, 19-22
3. SARICA, M. ; SOLEY, F.: The effect of hatching egg weight on the hatchability, growing and egg production traits of Japanese quail (Coturnix coturnix japonica). Journal of Agriculture Faculty of O.M.U. 10 (1995) 3, 19-30
4. SREENIVASIAH, P.V.; RAMAPPA, B.S.: Influence of mating ratio and pre-incubation storage on fertility and hatchability of Japanese quail eggs. World Review of Animal Production. 21 (1988) 3-5, 25-28

5. SUKSUPATH, S.; TANPIPAT, S.: Improvement of the storage methods for Japanese quail eggs before hatching. *Khon Kaen Agriculture Journal*. 19 (1991) 3, 156-162
6. UDDIN, M.S.; PAUL, D.C.; HUQUE, Q.M.E. Effect of egg weight and pre-incubation holding periods on hatchability of Japanese quail eggs in different seasons. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 7 (1994) 4, 499-50

Effects of divergent selection and pre-incubation storage period on reproductive traits in Japanese quail

R. Sadeghi*, A. Pakdel, M. Moradi

Tehran University, Animal Science Group, P O Box 4111, Karaj, Iran

* Corresponding E-mail address: raheleh.sadeghi2@gmail.com

ABSTRACT

The current study was undertaken to examine the effect of selection for four week body weight and storage period of hatching eggs of Japanese quails on fertility and hatchability results. Divergent lines of Japanese quail (HW (selected line for high four week body weight and LW (selected line for low four week body weight)) derivate from a base random bred population over nine generations. A total of 822 eggs were obtained from 300 females quails of 3 lines, all at 13 weeks of age. Average of egg weight was 14.19, 10.2 and 12.02 in HW, C and LW, respectively. Based on storage period, eggs were divided into 3 groups as group 1 (1-7 days), group 2 (8-14 days), group 3 (15-21 days). According to results of this research fertility and hatchability have a significant differences between the three lines ($p \leq 0.01$) and Hatchability significantly was affected by storage period ($P < 0.01$). The influence of interaction between lines and storage period on hatchability of fertile eggs rates was found significant ($P < 0.01$) and the highest percentage was related to group 1 and control line. The lowest percentage of hatchability was in HW and group 3. Results of this study concluded that extended storage of Japanese quail eggs before incubation, especially after 7 days; result in decreases in hatchability of fertile eggs. Optimum fertility rate, hatchability of fertile eggs rate were observed in eggs of control line that stored for 7 days.

Key Words: Divergent selection- storage period- reproductive traits-Japanese quail.

مقایسه ارزش های اصلاحی صفت تولید تخم با استفاده از مدل های مختلف در یک لاین طیور گوشتی
ندا فرزین^{۱*}، رسول واعظ ترشیزی^۲ و ابوالقاسم سراج^۱
^۱ هیات علمی دانشگاه آزاد اسلامی واحد آزادشهر، ^۲ هیات علمی دانشگاه تربیت مدرس
* نویسنده مسئول: ندا فرزین (Farzin.neda@gmail.com)

چکیده:

هدف تحقیق حاضر مقایسه ارزش های اصلاحی برآورد شده برای صفت تولید تخم ماهانه با استفاده از مدل های مختلف در یک لاین مادری طیور گوشتی بود. تولید تخم ۱۶۴۸۳ مرغ حاصل از ۱۱۹۶ پدر و ۴۵۲۸ مادر از ۲۴ هفتگی به مدت ۳۲ هفته (پایان ۵۵ هفتگی) ثبت شد. از جمع تعداد تخم مرغ های ۴ هفته متوالی هر مرغ، تولید تخم ماهانه و از مجموع تعداد تخم ماه های مختلف، تولید تجمعی هر مرغ محاسبه شد. ارزش های اصلاحی عملکرد تولید تخم براساس مدل های یک صفتی، چند صفتی، تکرارپذیری و رگرسیون تصادفی و با استفاده از مدل حیوان و حداکثر درست نمایی محدود شده برآورد شد و پرندگان براساس ارزش های اصلاحی برآورد شده رتبه بندی شدند. به منظور مقایسه رتبه بندی پرندگان در مدل های مورد مطالعه، همبستگی رتبه ای اسپیرمن بین ارزش های اصلاحی مدل های مختلف دامنه ای از ۰/۳۹۶ (بین مدل های تکرارپذیری و رگرسیون تصادفی) تا ۰/۹۹۵ (بین مدل های یک صفتی و چند صفتی) داشت. ارزش های اصلاحی برآورد شده براساس ماه های ۴، ۵ و ۶، بیشترین همبستگی رتبه ای اسپیرمن را با ارزش های اصلاحی برآورد شده با استفاده از مدل های دیگر نشان دادند. تولید تخم ۱۰۰ پرنده انتخاب شده براساس ارزش های اصلاحی مدل های مختلف نیز با هم مقایسه شد. وقتی از تولید تخم ماه های مختلف تخم گذاری در قالب مدل یک صفتی برای برآورد ارزش های اصلاحی استفاده شد، میانگین تولید تخم ۱۰۰ پرنده برتر در این مدل (به استثنای ماه های ۱، ۲ و ۳) تفاوت معنی داری را در سطح ۵ درصد با میانگین تولید تخم پرندگان انتخاب شده براساس مدل های چند صفتی و تجمعی نشان ندادند. این تفاوت ها بین مدل های یک صفتی و رگرسیون تصادفی (به استثنای ماه های ۱، ۲ و ۸) نیز در سطح ۵ درصد معنی دار نبود. این نتایج نشان داد که می توان از تولید تخم هر یک از ماه های ۴ به بعد دوره تخم گذاری به منظور بهبود صفت تولید تخم کل دوره تخم گذاری استفاده کرد.

واژگان کلیدی: تولید تخم - ارزش اصلاحی - لاین طیور گوشتی

مقدمه:

در گله های اجداد و مادر تولید تخم مرغ یک صفت اقتصادی مهم محسوب می شود. در گله های مزبور تولید تخم مرغ از هفته ۲۴ تا ۶۴ (حدود ۴۰ هفته) ادامه دارد. برای ارزیابی ژنتیکی صفت تولید تخم لازم است ارزش های اصلاحی پرندگان براساس رکوردهای ماه های مختلف تولید تخم مرغ با استفاده از طراحی برنامه های اصلاحی و مدل های آماری مناسب برآورد شود. با توجه به اینکه برآوردهای کمی از صفات تولید تخم مرغ در لاین های مادری گوشتی ارائه شده است، هدف تحقیق حاضر مقایسه ارزش های اصلاحی برآورد شده برای صفت تولید تخم با استفاده از مدل های مختلف در یک لاین مادری طیور گوشتی بود.

مواد و روش‌ها:

در تحقیق حاضر، از داده‌های صفت تعداد تخم یک لاین مادری گوشتی تجاری استفاده شد. تولید تخم ۱۶۴۸۳ مرغ حاصل از ۱۱۹۶ پدر و ۴۵۲۸ مادر از ۲۴ هفتگی به مدت ۳۲ هفته (پایان ۵۵ هفتگی) ثبت شد. از جمع تعداد تخم مرغ‌های ۴ هفته متوالی هر مرغ، تولید تخم ماهانه و از مجموع تعداد تخم ماه‌های مختلف، تولید تجمعی هر مرغ محاسبه شد. ارزش‌های اصلاحی عملکرد تولید تخم براساس مدل‌های یک صفتی، چند صفتی، تکرارپذیری و رگرسیون تصادفی و با استفاده از مدل حیوان و حداکثر درست‌نمایی محدود شده و نرم افزار WOMBAT برآورد شد. مدل‌های مورد استفاده توسط فرزین و همکاران گزارش شده است (۱ و ۳). پرندگان براساس ارزش‌های اصلاحی برآورد شده رتبه بندی شدند. در مدل یک صفتی، ارزش‌های اصلاحی پرندگان برای تولید ماه‌های مختلف تخم گذاری و تجمعی کل دوره تخم گذاری برآورد شد. در مدل چند صفتی و رگرسیون تصادفی ارزش‌های اصلاحی ماه‌های مختلف تولید محاسبه و از مجموع این برآوردها، ارزش اصلاحی کل دوره تولید تعیین شد. به منظور مقایسه رتبه بندی پرندگان در مدل‌های مورد مطالعه، همبستگی رتبه ای اسپیرمن (۴) بین ارزش‌های اصلاحی صفت تولید تخم در مدل‌های مختلف با استفاده از نرم افزار SPSS 15 برآورد شد.

نتایج و بحث:

همبستگی رتبه ای اسپیرمن بین ارزش‌های اصلاحی مدل‌های مختلف دامنه ای از ۰/۳۹۶ (بین مدل‌های تکرارپذیری و رگرسیون تصادفی) تا ۰/۹۹۵ (بین مدل‌های یک صفتی و چند صفتی) داشت (جدول ۱). کمترین برآوردها بین ارزش‌های اصلاحی در مدل رگرسیون تصادفی و مدل‌های دیگر (از ۰/۳۹۶ تا ۰/۵۷۹) بود. نتایج این تحقیق کمتر از برآوردهای گزارش شده در مطالعه ای بر روی مرغان تخم گذار بود که همبستگی‌های ۰/۹۸ و ۰/۸۵ را به ترتیب بین مدل رگرسیون تصادفی با مدل‌های چند صفتی و تجمعی گزارش کردند (۲). در مطالعات دیگر که بر روی صفت تولید تخم انجام شده است، برآوردی از همبستگی بین ارزش‌های اصلاحی در مدل‌های مختلف ارائه نشده است.

همبستگی رتبه ای اسپیرمن بین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده با استفاده از مدل یک صفتی و داده‌های ماهانه با مدل‌های چند صفتی، تکرارپذیری، تجمعی و رگرسیون تصادفی به ترتیب از ۰/۴۶۲ تا ۰/۹۲۷، از ۰/۳۸۳ تا ۰/۷۵۷، از ۰/۴۲۶ تا ۰/۹۳۹ و از ۰/۰۱۴ تا ۰/۶۲۸ متغیر بود (جدول ۲). همبستگی بین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده با استفاده از مدل یک صفتی و داده‌های ماهانه با ارزش‌های اصلاحی مدل‌های تجمعی، چند صفتی، تکرارپذیری و رگرسیون تصادفی تا ماه پنجم تخم گذاری افزایش یافت. این همبستگی‌ها بین ماه‌های پنجم و هفتم بدون تغییر باقی ماند و سپس در ماه هشتم کاهش یافت. ارزش‌های اصلاحی برآورد شده براساس ماه‌های ۴، ۵ و ۶، بیشترین همبستگی رتبه ای اسپیرمن را با ارزش‌های اصلاحی برآورد شده با استفاده از مدل‌های دیگر نشان دادند.

جدول ۱: همبستگی رتبه ای اسپیرمن بین ارزش‌های اصلاحی برآورد شده در مدل‌های مختلف

یک صفتی	چند صفتی	تکرار پذیری	رگرسیون تصادفی
یک صفتی	۱	۰/۹۹۵	۰/۵۷۹
چند صفتی	۱	۰/۷۷۲	۰/۵۵۸

تکرار پذیری	۱	۰/۳۹۶
رگرسیون تصادفی	۱	

جدول ۲: همبستگی رتبه ای اسپیرمن بین ارزش های اصلاحی برآورد شده در مدل یک صفتی (با داده های ماهانه) با ارزش های اصلاحی مدل های چندصفتی، تکرارپذیری، تجمعی و رگرسیون تصادفی

یک صفتی	چند صفتی	تکرارپذیری	تجمعی	رگرسیون تصادفی
ماه ۱	۰/۴۶۲	۰/۳۸۳	۰/۴۲۶	۰/۰۱۴
ماه ۲	۰/۷۳۴	۰/۵۴۷	۰/۷۱۵	۰/۴۸۲
ماه ۳	۰/۸۸۷	۰/۶۶۳	۰/۸۷۳	۰/۵۹۱
ماه ۴	۰/۹۱۹	۰/۷۱۱	۰/۹۲۲	۰/۶۱۰
ماه ۵	۰/۹۰۵	۰/۷۵۳	۰/۹۳۵	۰/۶۲۸
ماه ۶	۰/۹۲۷	۰/۷۵۷	۰/۹۳۹	۰/۵۹۶
ماه ۷	۰/۸۹۹	۰/۷۵۲	۰/۹۱۸	۰/۵۸۷
ماه ۸	۰/۸۴۸	۰/۶۴۶	۰/۸۶۴	۰/۵۱۲

به منظور مقایسه رتبه های پرندگان در مدل های مختلف، تعداد حیوانات مشترک در لیست ۱۰۰ حیوان برتر آخرین نسل در رتبه بندی براساس ارزش های اصلاحی مدل های موردنظر تعیین شد. مدل های تجمعی و چند صفتی، بیشترین تعداد پرندگان مشترک و مدل های تکرارپذیری و رگرسیون تصادفی، کمترین تعداد پرندگان مشترک را نشان دادند (جدول ۳). وقتی از مدل یک صفتی و تولید تخم ماه های آغازین دوره تخم گذاری (ماه های ۱ تا ۳) برای برآورد ارزش های اصلاحی استفاده شد، دامنه پرندگان مشترک بین مدل یک صفتی و مدل های دیگر از ۱۶ تا ۵۸ بود. با استفاده از تولید تخم ماه های ۴ تا ۸ برای تجزیه و تحلیل یک صفتی، این دامنه به ۶۰ تا ۸۱ افزایش یافت (جدول ۴).

برای پاسخ به این سوال که آیا انتخاب پرندگان براساس ارزش های اصلاحی حاصل از مدل های مختلف می تواند بر میانگین فنوتیپی صفت تولید تخم تاثیرگذار باشد، تولید تخم ۱۰۰ پرند انتخاب شده در آخرین نسل براساس ارزش های اصلاحی مدل های مختلف با هم مقایسه شد (جدول های ۵ و ۶). تفاوت میانگین تولید تخم کل دوره تخم گذاری (ماه های ۱ تا ۸) پرندگان انتخاب شده براساس ارزش های اصلاحی مدل های چند صفتی، تجمعی و رگرسیون تصادفی از لحاظ آماری معنی دار نبود ($P>0.05$). میانگین تولید تخم پرندگان برتر از لحاظ ارزش های اصلاحی با استفاده از مدل تکرارپذیری کمتر از مقادیر مشابه در مدل های دیگر بود ($P<0.001$). وقتی از تولید تخم ماه های مختلف تخم گذاری در قالب مدل یک صفتی برای برآورد ارزش های اصلاحی استفاده شد، میانگین تولید تخم ۱۰۰ پرند برتر در این مدل (به استثنای ماه های ۱، ۲ و ۳) تفاوت معنی داری را در سطح ۵ درصد با میانگین تولید تخم پرندگان انتخاب شده براساس مدل های چند صفتی و تجمعی نشان ندادند (جدول ۶). این تفاوت ها بین مدل های یک صفتی و رگرسیون تصادفی (به استثنای ماه های ۱، ۲ و ۸) نیز در سطح ۵ درصد معنی دار نبود. این نتایج نشان داد که می توان از تولید تخم هر یک از ماه های ۴ به بعد دوره تخم گذاری به منظور بهبود صفت تولید تخم کل دوره تخم گذاری استفاده کرد. مقادیر کم به دست آمده برای تولید تخم کل دوره تخم گذاری در مدل تکرارپذیری

در مقایسه با مدل یک صفتی ($P < 0.001$)، نشان می دهد که مدل تکرارپذیری نمی تواند مدل مناسبی برای ارزیابی ژنتیکی صفت تولید تخم باشد.

جدول ۳: تعداد پرندگان مشترک در لیست ۱۰۰ حیوان برتر نسل آخر در رتبه بندی براساس ارزش های اصلاحی مدل های چندصفتی، تجمعی، تکرار پذیری و رگرسیون تصادفی

تعداد حیوانات مشترک	چند صفتی	تجمعی	تکرار پذیری	رگرسیون تصادفی
چند صفتی	۱۰۰	۹۱	۹	۶۷
تجمعی		۱۰۰	۹	۶۸
تکرار پذیری			۱۰۰	۸
رگرسیون تصادفی				۱۰۰

جدول ۴: تعداد پرندگان مشترک در لیست ۱۰۰ حیوان برتر نسل آخر در رتبه بندی براساس ارزش های اصلاحی مدل های یک صفتی (با داده های ماهانه) و چند صفتی، تجمعی و رگرسیون تصادفی

یک صفتی	چند صفتی	تجمعی	رگرسیون تصادفی
ماه ۱	۳۱	۲۷	۱۶
ماه ۲	۵۸	۵۷	۵۴
ماه ۳	۵۲	۵۲	۵۸
ماه ۴	۷۰	۷۲	۶۰
ماه ۵	۷۱	۷۸	۶۴
ماه ۶	۷۸	۸۱	۶۴
ماه ۷	۷۵	۸۰	۶۴
ماه ۸	۷۳	۷۷	۶۲

جدول ۵: مقایسه میانگین تولید تخم کل دوره تخم گذاری ۱۰۰ پرند برتر نسل آخر از لحاظ ارزش های اصلاحی در مدل های مختلف*

مدل	میانگین فنوتیپی $\pm$ انحراف معیار	حداقل	حداکثر	ضریب تغییرات (%)
چند صفتی	$161/08 \pm 17/13^a$	۸۰	۱۹۰	۱۰/۶۳
تجمعی	$160/66 \pm 16/50^a$	۸۰	۱۹۰	۱۰/۲۷
تکرار پذیری	$141/11 \pm 31/21^b$	۲۰	۱۹۰	۲۲/۱۲
رگرسیون تصادفی	$156/85 \pm 18/04^a$	۸۰	۱۹۰	۱۱/۵۰

* تفاوت میانگین در سطح ۰/۰۰۱ معنی دار بود

جدول ۶: مقایسه میانگین تولید تخم کل دوره تخم گذاری ۱۰۰ پرندۀ برتر نسل آخر از لحاظ ارزش های اصلاحی برآوردشده براساس مدل یک صفتی (با داده های ماهانه) و مدل های چند صفتی، تجمعی، تکرارپذیری و رگرسیون تصادفی*

یک صفتی	میانگین فنوتیپی	چند صفتی	تجمعی	تکرارپذیری	رگرسیون تصادفی
		$\pm 17/13$	$\pm 16/50$	$\pm 31/21$	$\pm 18/04$
		۱۶۱/۰۸	۱۶۰/۶۶	۱۴۱/۱۱	۱۵۶/۸۵
ماه ۱	$\pm 21/12$ ۱۵۱/۱۴	***	***	***	*
ماه ۲	$\pm 20/98$ ۱۵۰/۷۷	***	***	***	*
ماه ۳	$\pm 22/50$ ۱۵۳/۲۸	**	**	***	NS
ماه ۴	$\pm 17/90$ ۱۵۸/۵۹	NS	NS	***	NS
ماه ۵	$\pm 16/41$ ۱۵۹/۷۷	NS	NS	***	NS
ماه ۶	$\pm 17/20$ ۱۵۹/۱۰	NS	NS	***	NS
ماه ۷	$\pm 16/82$ ۱۵۹/۱۸	NS	NS	***	NS
ماه ۸	$\pm 15/45$ ۱۶۱/۹۱	NS	NS	***	*

* NS غیر معنی دار، * در سطح ۵ درصد معنی دار، ** در سطح ۱ درصد معنی دار و *** در سطح ۰/۱ درصد معنی دار

منابع:

۱- فرزین، ن.، واعظ ترشیزی، ر و سراج، ا. (۱۳۹۱). برآورد مولفه های واریانس صفت تعداد تخم ماهانه و پارامترهای حاصل از آن با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی در یک لاین گوشتی. دوازدهمین کنگره ژنتیک ایران.

2- Anang, A., N. Mielenz and L. Schuler. (2002). Monthly model for genetic evaluation of laying hens II. Random regression. British Poultry Science, 43(3) 384 – 390.

3- Farzin, N., R. Vaez Torshizi, N. E. J. Kashan, A. Gerami. (2011). Estimates of genetic parameters for monthly egg production traits in a commercial broiler female line. *Italian Journal of Animal Science*, 10 (e12).

4- Kendall, M and J.D. Gibbons . (1990). Rank correlation methods. Edward Arnold, New York

Comparison of breeding values for egg production trait using different models in a commercial broiler line

Neda Farzin^{1*}, Rasoul Vaez Torshizi² and Abolghasem Seraj¹

¹Department of Animal Science, Azadshar Branch, Islamic Azad University, ²Department of Animal Science, Tarbiat Modares University

* Corresponding author: Neda Farzin (Farzin.neda@gmail.com)

Abstract:

In the present study, breeding values of egg production, collected from weeks 24 to 55 on 16483 hens during 9 generations from a pedigreed commercial broiler female line, were estimated. From the weekly productions, 8 monthly records on 28-day basis and cumulative egg productions were created. An animal model was used to estimate animal breeding for 8 monthly records and the cumulative egg numbers. Four different analyses, namely single-trait, multiple-trait, random regression and repeated-records, were implemented, using Restricted Maximum Likelihood (REML) procedures. The models were compared on the basis of Spearman rank correlations of breeding values using SPSS software. The Spearman correlations among breeding values estimated from single-trait model using monthly records and multiple-trait, repeated records, cumulative and random regression models ranged from 0.462 to 0.927, 0.383 to 0.757, 0.426 to 0.939 and 0.014 to 0.628, respectively. In the last generation, 100 hens with highest ranking on their estimated breeding values from different models were determined and compared on their full egg records by the Duncan rank test. The hens which were ranked top by the repeated records model showed lower total egg production than the top ranking hens based on the other models ($P < 0.001$). With the exception of the three first months, there was no significant differences between total egg production in single-trait model using monthly records and multiple-trait and total cumulative models ($P > 0.05$). These differences between single-trait model using monthly records and random regression model were not significant ($P > 0.05$), except for the months 1, 2 and 8. These results showed that the improvement of cumulative egg number is feasible through selection according to each monthly record from the third month onward.

Keywords: Egg production – breeding value- commercial broiler line.

بررسی عملکرد پروراری بره‌های آمیخته وخالص نژاد سنگسری

سید احمد رضا سیدعلیان^۱، سید رضا میرایاشتیانی^۲ و صابر محمد مقصودی^۳

۱- مرکز اصلاح نژاد دام کشور، ۲- عضو هیئت علمی دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران و ۳- دانش آموخته

دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران

* نویسنده مسئول: سید رضا میرایاشتیانی، کرج - دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران - گروه علوم دامی

ashtiani@ut.ac.ir

چکیده

به منظور بررسی عملکرد آمیخته‌های حاصل از تلاقی میش‌های سنگسری (بعنوان پایه مادری) با قوچ‌های سنگسری، شال، مغانی و افشاری و مقایسه آنها با یکدیگر در قالب چهار گروه ژنتیکی، این مطالعه انجام شد. دو رأس قوچ از هر یک از نژادهای سنگسری، شال، مغانی و افشاری به صورت تصادفی به ترتیب با ۲۹، ۳۴، ۳۱ و ۳۱ میش سنگسری آمیزش داده شدند. بره‌های متولد شده در سنین مختلف وزن کشی شدند و بر اساس عرف گله داری منطقه پرورش گوسفند سنگسری، پس از ۸/۵ ماه به مدت ۱۱۴ روز پروار شدند. در صفت وزن تولد نژاد قوچ ($p < 0.01$) و جنس ($p < 0.05$) دارای اثر معنی‌داری بودند در حالیکه سن میش دارای اثر معنی‌داری نبود. در صفت وزن از شیرگیری نژاد قوچ ($p < 0.01$)، وزن تولد ($p < 0.01$)، سن میش ($p < 0.05$) و جنس ($p < 0.05$) دارای اثر معنی‌داری بودند. در صفت افزایش وزن روزانه در دوره پروار، نژاد قوچ ($p < 0.01$)، جنس ($p < 0.01$) و وزن از شیرگیری ($p < 0.01$) عوامل اصلی تأثیرگذار بودند. به طور کلی تجزیه داده‌های حاصل نشان داد آمیخته‌ها به طور معنی‌داری وزن تولد، وزن از شیرگیری و افزایش وزن روزانه بیشتری نسبت به بره‌های خالص سنگسری داشتند. واژگان کلیدی: سنگسری، آمیخته‌های سنگسری، پرواربندی، افزایش وزن روزانه.

مقدمه

از آنجائیکه منابع نهاده برای به دست آوردن تولیدات دامی، خصوصاً مرتع و مواد خوراکی در کشور محدود می‌باشد، نیاز به افزایش بهره‌وری در تولیدات کشاورزی و دامپروری از جمله تولید گوشت به شدت احساس می‌شود. یکی از محصولات کشاورزی مهم برای تأمین پروتئین در تغذیه انسان، گوشت گوسفند است که اغلب به روش سنتی و در سیستم‌های پرورشی عشایری و روستایی تولید می‌شود و میزان مصرف بالایی نیز در کشور دارد. با توجه به ذائقه مردم ایران در مصرف ترجیحی گوشت گوسفند، عرضه کم اینگوشت، علاوه بر افزایش قیمت کاهش استاندارد مصرف پروتئین حیوانی در خانواده‌ها و تأثیر منفی بر سلامتی مردم را به همراه دارد.

برای افزایش تولید گوشت گوسفند روش‌های مختلف اصلاح عوامل محیطی مانند بهبود تغذیه، بهداشت و مدیریت وجود دارند، ولی این عوامل در صورتی مؤثر هستند که از نظر توان ژنتیکی دام، ظرفیت لازم داشته باشد، که این ظرفیت از طریق اصلاح ژنتیکی و مدیریت سیستم‌های تولید مثل قابل حصول است. روش‌های اصلاح ژنتیکی بسیار متنوع و در بیشتر مواقع پرهزینه و وقت‌گیر هستند. برخی روش‌های اصلاحی مانند استفاده از سیستم‌های آمیزشی مانند آمیخته‌گری و تولید بره‌های کشتاری، ممکن است بتواند روی افزایش وزن روزانه و بهره‌وری بیشتر منابع تولید تأثیر مثبتی داشته باشد (۲). هدف از این تحقیقات ارزیابی و مقایسه سرعت رشد بره‌های خالص و آمیخته سنگسری در دوره پروار و انتخاب بهترین آمیخته جهت پرواربندی در شرایط

منطقه پرورش گوسفند سنگسری یعنی استان سمنان است، به نحوی که افزایش وزن روزانه در دوره پروار و براساس آن وزن کشتاری دام بره های حاصل بهبود یابد.

مواد و روش ها

در این تحقیق ابتدا ۲ رأس قوچ از هر یک از نژادهای سنگسری، شال، مغانی و افشاری به صورت تصادفی به ترتیب با ۲۹، ۳۱، ۳۱ و ۳۱ میش سنگسری (در ایستگاه اصلاح نژاد و نگهداری گوسفند سنگسری) آمیزش داده شدند. میشها در طول دوره آبستنی با شرایط یکسان از نظر تغذیه و مدیریت نگهداری شدند. زمان زایش میش ها بیشتر در انتهای اسفندماه و اوایل بهار بود. وزن بره های حاصل در تولد و سنین مختلف ثبت شد. بره ها در سن متوسط ۱۰۰ روز شیرگیری شده و پس از شیرگیری به مدت ۳،۵ ماه همراه گله به مناطق بیلاقی برده شده و سپس به مدت ۳ ماه در مزارع پسچر اطراف ایستگاه نگهداری شده و در نهایت در سن حدود ۸،۵ ماهگی با هدف بازار شب عید کل بره ها (نر و ماده) همزمان به مدت ۱۱۴ روز، با یک نوع جیره پرواری شامل یونجه ۲۹٪، کاه ۷٪، جو ۵۴/۲۵٪، سبوس گندم ۸٪، کنجاله تخم پنبه ۱٪، نمک ۰/۲۵٪ و مکمل ویتامینی و معدنی ۰/۰۵٪ پروار شدند. صفات مورد بررسی شامل وزن تولد (BW)، وزن از شیرگیری (WW) و افزایش وزن روزانه (گرم در روز) در دوره پروار (FADG) است.

در تجزیه آماری داده های صفت وزن تولد از مدل (الف)، و برای تجزیه آماری وزن از شیر گیری (تصحیح شده برای وزن ۱۰۰ روزگی) از مدل (ب) و برای تجزیه آماری افزایش وزن روزانه در دوره پروار از مدل (ج) به شرح زیر استفاده شد.

$$(الف) Y_{ijk} = B_i + S_j + DA_k + e_{ijkl}$$

$$(ب) Y_{ijklm} = B_i + S_j + DA_k + DW(X_l - \bar{X}) + BW(X_m - \bar{X}) + e_{ijklm}$$

$$(ج) Y_{ijn} = B_i + S_j + WW(X_n - \bar{X}) + e_{ijn}$$

در مدل های بالا Y مشاهده هر صفت بر حسب اندیس های مربوط، B_i عامل ثابت نژاد قوچ، S_j عامل ثابت جنس بره، DA_k عامل ثابت سن میش در زمان تولد بره براساس سال، DW عامل کوواریت وزن میش، BW عامل کوواریت وزن تولد، WW عامل کوواریت وزن از شیرگیری و $e_{ijk...}$ اثر عوامل باقیمانده هستند.

برای تجزیه و تحلیل داده های حاصل از این آزمایش از برنامه SAS 9.1 و رویه (GLM) و برای مقایسه میانگین ها از روش حداقل مربعات استفاده شد. در تجزیه مقدماتی چون آثار متقابل دارای اثر معنی داری نبود لذا برای تجزیه نهایی داده ها بدون در نظر گرفتن آثار متقابل انجام شد.

نتایج و بحث

وزن تولد: همانطور که در جدول ۱ مشاهده می کنید نژاد قوچ ($p < 0.01$) و جنس ($p < 0.05$) عوامل مؤثر معنی دار بر وزن تولد هستند که اکثر مطالعات انجام شده این دو مورد و همچنین اثر نوع تولد (چند قلو) را تایید می کنند (۴، ۱). البته به دلیل اینکه در این مطالعه تمام تولدها تک قلو بوده است امکان تعیین اثر نوع تولد وجود نداشت. مطابق انتظار و نتایج تحقیقات دیگر (۴، ۵، ۸) وزن تولد آمیخته ها نسبت به سنگسری خالص به طور معنی داری بالاتر بودند (جدول ۲). دلیل وزن بالاتر آمیخته ها علاوه بر اثر هتروزیس (۸) احتمالاً به دلیل بالاتر بودن متوسط وزن نژادهای نرهای مورد استفاده نسبت به نژاد سنگسری است.

وزن از شیرگیری: در این مطالعه عوامل مؤثر بر وزن از شیر گیری شامل نژاد قوچ ($p<0.01$)، وزن تولد ($p<0.01$)، سن میش
)

جدول (۲) میانگین حداقل مربعات و اشتباه معیار صفات مورد مطالعه					$p<0.05$
LSM $\pm$ SE					جنس
وزن تولد	سنگسری $\times$ شال	سنگسری $\times$ افشاری	سنگسری $\times$ مغانی	سنگسری $\times$ سنگسری	بره
۳/۹۷ ^a $\pm$ ۰/۰۹	۳/۶۴ ^b $\pm$ ۰/۱۰	۳/۵۴ ^b $\pm$ ۰/۱۰	۳/۲۰ ^c $\pm$ ۰/۱۱		)
					$p<0.05$ بود.
					وزن

میش بر روی صفت وزن از شیرگیری اثر معنی داری را نشان نداد. در مطالعات دیگر نیز گروه ژنتیکی، جنس و نوع تولد دارای بیشترین اثر بر وزن از شیرگیری بوده اند (۶). بالاترین وزن از شیرگیری مربوط به آمیخته‌های شال در سنگسری بود (جدول ۲). افزایش وزن روزانه در دوره پروار (گرم در روز): این صفت در واقع یکی از عوامل تعیین کننده بهره وری حیوان است و لذا توجه به آن اهمیت دارد. مهمترین عوامل تأثیرگذار بر صفت افزایش وزن روزانه در دوره پروار شامل نژاد قوچ ($p<0.01$)، جنس ($p<0.01$) و وزن از شیرگیری ($p<0.01$) بود (جدول ۱). تمام آمیخته‌ها در دوره پروار به طور معنی داری دارای افزایش وزن روزانه بیشتری نسبت به نژاد سنگسری خالص بودند. این یافته‌ها مطابق با یافته‌های برخی محققان بود (۵، ۷، ۸) هرچند با یافته برخی دیگر از محققان در تناقض بود (۳) البته در تحقیقات مرتبط با این گزارش (۳) قوچ مورد استفاده جهت آمیزش دارای وزن کمتری نسبت به نژاد پایه مادری بود.

جدول (۱) تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه			
عامل	BW	WW	FADG
نژاد قوچ	۲/۷۸ ^{**}	۶۱/۶۵ ^{**}	۴/۱۸ ^{**}
جنس	۱/۰۸ [*]	۳۳/۷۷ [*]	۳۵/۹۷ ^{**}
سن میش	۰/۳۲ ^{ns}	۲۱/۵۸ [*]	---
وزن میش	---	۱/۶۳ ^{ns}	---
وزن تولد	---	۱۰۲/۱۱ ^{**}	---
وزن از شیرگیری	---	---	۸/۴۱ ^{**}
ns= اثر معنی داری ندارد، * و **: به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد			

وزن از شیرگیری	$21/55^a \pm 0/62$	$21/14^{ab} \pm 0/63$	$21/06^{ab} \pm 0/61$	$19/61^b \pm 0/76$
افزایش وزن روزانه	$168/31^a \pm 5/30$	$175/48^a \pm 5/44$	$166/66^a \pm 5/44$	$146/25^b \pm 5/94$

میانگین‌ها با حروف لاتین متفاوت دارای تفاوت معنی‌داری (حد اقل $p < 0.05$) هستند.

به‌طور

کلی با

توجه به نتایج حاصل از این تحقیق می‌توان گفت که استفاده از قوچه‌های شال، مغانی و افشاری برای آمیخته‌گری با نژاد سنگسری و استفاده از بره‌های حاصل برای پرواربندی با توجه به افزایش وزن روزانه بیشتر می‌تواند مفید باشد. اگرچه نژاد شال در وزن شیرگیری و نژاد افشاری در افزایش وزن روزانه وضعیت مطلوب تری را در بره‌های حاصل بروز داده‌اند، ولی تفاوت بین سه نژاد افشاری، شال و مغانی در صفات مورد مطالعه به نحوی نیست که بتوان به صراحت در مورد برتری یکی از آنها نظر داد و این به تحقیق وسیع‌تر و با تعداد بیشتر قوچ از هر نژاد نیاز دارد.

منابع

1. Babar. M.E., Ahmad. Z., Nadeem A. and M. Yaqoob. 2004. Environmental factors affecting birth weight in Lohi sheep. Pakistan Vet. J., 24 (1): 5-8.
2. Black, J. L. 1983. Growth and development of lambs. In Sheep Production, pp 21-58. Ed. W Horesign. London: Butterworths.
3. Dawson, L. E. R., Carson, A. F., and McClinton, L. O. W. Comparison of the productivity of Texel and Rouge de l'Ouest ewes and their crosses. Animal Science. 75:459-468.
4. Gardner, D. S., Buttery, P. G., Daniel, Z. and Symonds, M. E. 2007. Factors affecting birth weight in sheep: maternal environment. Society for Reproduction and Fertility. 133:297-30.
5. Güney, O. (1990). Commercial crossbreeding between Ile de France, Rambouillet, Chios and local Fat-Tail Awassi for market lamb production. Small. Rumin. Res. 3:449-456.
6. Kiyanzad, M. R., Panandam, J. M., Emamjomeh, N. 2002. Growth performance of crossbred lambs from three Iranian sheep breeds. Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, August Session 2:0-4.
7. Momani, Shaker M., Kridli, R.T., Abdullah, A.Y., Malinová, M., Sanogo, S., Šáda, I., Lukešová, D. 2010. Effect of crossbreeding European sheep breeds with Awassi sheep on growth efficiency of lambs in Jordan. Agricultura tropica et subtropica. 43(2):127-133.
8. Ozturk. Y., Kucuk. M. and Karsli M. A. 2012. Study on growth, slaughter and carcass traits of Morkaraman and Kivircik x Morkaraman (F1) lambs in semi-intensive condition. Kafkas Univ Vet Fak Derg. 18 (1): 1-6.

۱

Evaluation of fattening performance of purebred and crossbred of Sangsari sheep
Seyed Ahmad Reza Seyed Alian¹, Seyed Reza Miraei Ashtiani^{2*} and Saber Mohammad Maghsoodi²

1-Animal Breeding Center of Iran, 2- College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran

* Corresponding E-mail address: ashtiani@ut.ac.ir

Abstract:

An experiment was designed and conducted in order to compare and evaluate the fattening performance of cross-bred lambs, progeny crop of Sangsari ewes (as mother side breed) and rams of Afshari, Shal, Moghani and Sangsari breeds. Two rams of each of mentioned breeds were mated to 29, 34, 31 and 31 Sangsari ewes, respectively. Body weight at birth and some other ages were measured and recorded for the lambs. Fattening of lambs was started at the age of about 8.5 months, based on practical tradition of the region (Semnan). Fattening period was about 114 days. The significant effects on birth weight were ram breed ($p<0.01$) and sex of lamb ($p<0.05$), while dam age effect was no significant. Weaning weight was significantly affected by ram breed ($p<0.01$), age of dam ($p<0.05$), birth weight ($p<0.01$) and sex of lamb ($p<0.05$). Average daily gain in fattening period was also affected by ram breed ($p<0.01$) and sex of lamb ($p<0.01$). The analysis of data showed that crossbred lambs had higher birth and weaning weights and also higher average daily gain than Sangsari pure bred lambs

Keywords: Sangsari, Crossbred of Sangsari, Fattening, Daily gain

همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی رکوردهای روزآزمون و ۳۰۵ روز صفات تولیدی گاوهای هلشتاین با استفاده از مدل حیوانی چند متغیره

پروانه حقوقی^۱، ابراهیم اسدی خشویی^۲

۱- کارشناس ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام ۲- استادیار گروه علوم دامی دانشگاه شهرکرد

پروانه حقوقی، اصفهان - خ اشرفی اصفهانی - پلاک ۱۲ parvanehhoghooghi@yahoo.com

چکیده

در این پژوهش برای تعیین همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی از رکوردهای ماهانه صفات تولید شیر، در صد چربی و درصد پروتئین استفاده گردید. این رکوردها که مربوط به اولین دوره شیردهی گاوهای هلشتاین بود، که طی سالهای ۱۳۷۴ تا ۱۳۹۰ در اصفهان جمع آوری شده است. آنالیز این رکوردها بوسیله مدل حیوانی چند متغیره و با استفاده از نرم افزار DFREML انجام شد. همبستگی ژنتیکی بین رکوردهای روزآزمون و ۳۰۵ روز برای تولید شیر ۰/۷۹-۰/۹۸، برای درصد چربی ۰/۷۴-۰/۹۹ و برای درصد پروتئین ۰/۷۲-۰/۹۹ برآورد گردید. همبستگی فنوتیپی نیز برای صفات بالا به ترتیب ۰/۶۰-۰/۸۵، ۰/۴۸-۰/۷۹ و ۰/۸۱-۰/۵۱ برآورد گردید.

واژه های کلیدی: همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی- رکوردهای روزآزمون- رکوردهای ۳۰۵ روز- مدل حیوانی چند متغیره

مقدمه

مطالعه بر روی اطلاعات و رکوردهای ثبت شده مربوط به تولید شیر و ترکیبات آن در گاوهای هلشتاین و استفاده از نتایج آن در جهت انتخاب دامهای برتر اهمیت زیادی دارد.

از آنجایی که عوامل تاثیرگذار در طول دوره شیردهی متفاوتند و نیز طول دوره شیردهی یکسان نیست، قسمتهایی از طول دوره شیردهی می تواند به عنوان صفات مختلف در نظر گرفته شود. همچنین برای افزایش دقت ارزیابی گاوهای شیری از نظر میزان تولید شیر، چربی و پروتئین، رکوردهای ثبت شده باید معرف ظرفیت ژنتیکی آن باشد. بنابراین استفاده از رکوردهای ماهانه تولید شیر و ترکیبات آن و بررسی همبستگی بین این رکوردها، پژوهشگر را قادر می سازد، علاوه بر اینکه ارزیابی و انتخاب را در زمان کوتاهیتری انجام می دهد، هزینه های اصلاح نژادی را نیز کاهش دهد [۵، ۴، ۲].

مواد و روش ها

در تحقیق حاضر از اطلاعات مربوط به اولین دوره شیردهی گاوهای هلشتاین اصفهان که به صورت ماهانه رکوردبرداری شده بودند، استفاده شده است.

تعداد کل رکوردها برابر با ۶۸۶۹۵ بود که در نهایت پس از انجام تصحیحات ۶۱۲۴۳ رکورد تولید شیر، ۵۹۶۲۱ رکورد درصد چربی و ۴۱۷۲۲ رکورد درصد پروتئین وارد تجزیه آماری شدند.

به منظور برآورد همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین رکوردهای روزآزمون گاوهای هلشتاین و رکوردهای ۳۰۵ روز شیردهی از روش تجزیه و تحلیل چند متغیره و مدل حیوانی زیر استفاده گردید.

$$Y_{ijkl} = \mu + b_1x_{1ijkl} + b_2x_{2ijkl} + a_i + e_{ijkl}$$

$$Y_{ijkl} = \text{رکورد ماهانه صفات تولیدی}$$
$$y_{Si} = \text{اثر ثابت سال و فصل زایش}$$
$$X_1 = \text{اثر سن زایش (متغیر کمکی)}$$
$$X_2 = \text{اثر روز شیردهی (متغیر کمکی)}$$
$$a_j = \text{اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی حیوان}$$
$$e_{ijkl} = \text{اثر تصادفی خطا}$$

مدل مورد استفاده برای رکوردهای ماهانه و نیز رکوردهای ۳۰۵ روز یکسان بود. پس از قرار گرفتن رکوردها در مدل مورد استفاده، همبستگی ژنتیکی با استفاده از محاسبه همبستگی بین ارزشهای ارثی برآورد گردید.

نتایج و بحث

در جدول شماره ۱ همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین رکوردهای روزآزمون و ۳۰۵ روز صفت تولید شیر نشان داده شده است. در جداول ۲ و ۳ نیز، همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین رکوردهای روزآزمون و ۳۰۵ روز در صد چربی و درصد پروتئین ارائه شده است.

همبستگی ژنتیکی بین رکوردهای روزآزمون و ۳۰۵ روز برای تولید شیر از ۰/۷۹ تا ۰/۹۸، برای در صد چربی از ۰/۷۴ تا ۰/۹۹ و برای در صد پروتئین نیز از ۰/۷۲ تا ۰/۹۹ متغیر بود. همچنین همبستگی فنوتیپی برای صفات بالا به ترتیب ۰/۶۰ تا ۰/۸۵، ۰/۷۴ تا ۰/۷۹ و ۰/۵۱ تا ۰/۸۱ بود.

در تحقیق حاضر، همبستگی ژنتیکی بین رکوردهای روزآزمون و ۳۰۵ برای تمام صفات تقریباً بالا بود که با نتایج تحقیقات مایر (۱۹۸۹)، ریکایا (۱۹۹۹)، دانیل (۱۹۸۹) و کتونن (۱۹۹۸) مطابقت دارد [۱، ۲، ۳، ۵].

همبستگی ژنتیکی بین رکوردهای روزآزمون و رکوردهای ۳۰۵ روز در این مطالعه در مورد تمام صفات مثبت بود. همانطور که گفته شد در مورد تولید شیر این همبستگی از ۰/۷۹ تا ۰/۹۸ متغیر بود که همبستگی ۰/۷۹ مربوط به رکورد اول و همبستگی ۰/۹۸ مربوط به رکوردهای ششم و هفتم می باشد.

در مورد در صد چربی و درصد پروتئین نیز کمترین همبستگی مربوط به رکورد اول و بیشترین همبستگی مربوط به رکورد ششم است [۲].

در تحقیق کتونن و همکاران (۱۹۹۸) همبستگی ژنتیکی بین رکوردهای روزآزمون و ۳۰۵ روز برای صفت تولید شیر در تمام رکوردها بالای ۰/۹۰ و از ۰/۹۴ تا ۰/۹۹ گزارش کرده اند.

همبستگی فنوتیپی تمام صفات، کمتر از همبستگی ژنتیکی بود اما روند آنها با هم مشابه بود.

نتایج نشان می دهد که استفاده از رکوردهای روزآزمون به خصوص رکوردهای اواسط دوره شیردهی به جای رکوردهای ۳۰۵ روز در ارزیابی های ژنتیکی بهتر است. زیرا این رکوردها همبستگی ژنتیکی بالایی با رکوردهای ۳۰۵ روز دارند و به همین ترتیب

استفاده از رکوردهای اولیه به این منظور مناسب نمی باشد، زیرا رکوردهای اولیه همبستگی ژنتیکی پایین تری با رکوردهای ۳۰۵ روز دارند.

جدول ۱- همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین رکوردهای روزآزمون و ۳۰۵ روز تولید شیر

TD10	TD9	TD8	TD7	TD6	TD5	TD4	TD3	TD2	TD1	
۰,۸۶	۰,۹۰	۰,۹۵	۰,۹۸	۰,۹۸	۰,۹۶	۰,۹۳	۰,۹۴	۰,۸۵	۰,۷۹	همبستگی ژنتیکی
										رکورد ۳۰۵ روز
۰,۷۰	۰,۷۶	۰,۸۲	۰,۸۵	۰,۸۵	۰,۸۱	۰,۸۰	۰,۷۵	۰,۷۳	۰,۶۰	همبستگی فنوتیپی
										رکورد ۳۰۵ روز

جدول ۲- همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین رکوردهای روزآزمون و ۳۰۵ روز درصد چربی

TD10	TD9	TD8	TD7	TD6	TD5	TD4	TD3	TD2	TD1	
۰,۹۴	۰,۹۳	۰,۹۵	۰,۹۸	۰,۹۹	۰,۹۷	۰,۹۷	۰,۹۴	۰,۹۱	۰,۷۴	همبستگی ژنتیکی
										رکورد ۳۰۵ روز
۰,۷۱	۰,۷۴	۰,۷۵	۰,۷۵	۰,۷۹	۰,۷۴	۰,۷۳	۰,۷۱	۰,۶۶	۰,۴۸	همبستگی فنوتیپی
										رکورد ۳۰۵ روز

جدول ۳- همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین رکوردهای روزآزمون و ۳۰۵ روز درصد پروتئین

TD10	TD9	TD8	TD7	TD6	TD5	TD4	TD3	TD2	TD1	
۰,۹۳	۰,۹۳	۰,۹۴	۰,۹۸	۰,۹۹	۰,۹۶	۰,۹۲	۰,۹۲	۰,۸۴	۰,۷۲	همبستگی ژنتیکی
										رکورد ۳۰۵ روز
۰,۷۴	۰,۷۷	۰,۷۹	۰,۸۱	۰,۸۱	۰,۷۷	۰,۷۶	۰,۷۲	۰,۶۹	۰,۵۱	همبستگی فنوتیپی
										رکورد ۳۰۵ روز

منابع

1 – Danell , B . 1982 . Studies on lactation yield and individual test day yield of Swedish dairy cows . Actaagriscandinavia .32:83 – 92.

2 - Kettunen, A. , J. Poso, and M. Lidaure . 1998. Estimation of

- genetic parameters for first lactation milk production. . *Livest .Prod . Sci.*23:307-310.
- 3- Mayer , K. ,H. U. Grasser ,and K. Hammond . 1989 . Estimates of genetic parameters for first lactation test day production of Australian black and white cows .*Livest .Prod . Sci.*21: 177-199.
- 4- Mayer ,P., J. Stoll, J . Bomann , and N. Gengler . 2004. prediction of daily milk ,fat and protein production by a random regression test day model. *J. Dairy .Sci .*87:1925-1933 .
- 5 - Rekaya ,R. ,M. J. Carabano and M. A. Toro . 1999 . .Use of test day yield for the genetic evaluation of production traits in Holstein Frisian cattle . *Livest .Prod . Sci.*57:203 – 217.

The genetic and phenotypic correlation between test-day records and 305 day of the production traits in Holstein cattle using multivariate Animal Model

Parvaneh Hoghooghi¹, Ebrahim Asadi²

1- Master of animal breeding, 2- Assistant Professor of Faculty of Agriculture university of Shahrekord

abstract

This study was conducted to investigate the genetic and phenotypic correlation between test-day records and 305 day records of the milk yield, fat percentage, and protein percentage. This records collected of the first lactation Holstein dairy cattle from the year 1995 to 2011. The analysis of this records were performed using multivariate Animal Model and DFREML package. The genetic correlations between test-day records and 305 day records for the milk yield, fat percentage, and protein percentage were 0.79-0.98 , 0.74-0.99 and 0.72-0.99 respectively, and the phenotypic correlations between test-day records for the milk yield, fat percentage, and protein percentage were 0.60-0.85 , 0.48-0.79 and 0.51-0.81 respectively.

Key word: genetic and phenotypic correlation - test-day records - 305 day records - multivariate

مقایسه ارزش اصلاحی وزن از شیرگیری بره‌های نر و ماده ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند کردی شیروان

سکینه نقویان^{۱*}، سعید حسنی^۱، مجتبی آهنی آذری^۱، علیرضا خان‌احمدی^۲، داود علی ساقی^۳، نوربی بی مامی‌زاده^۱، محمد حسن عادل‌خواه^۴

۱- دانشجو و عضو هیئت علمی دانشکده علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

۲- عضو هیئت علمی دانشگاه گنبد

۳- عضو هیئت علمی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی

۴- دانش آموخته کارشناسی ارشد دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس

* نویسنده مسئول: سکینه نقویان. Naghavians@yahoo.com

چکیده

در این پژوهش، از ۵۳۲۴ رکورد مربوط به وزن شیرگیری گوسفند نژاد کردی که در طی نوزده سال (۱۳۸۸-۱۳۶۹) از گله گوسفند کردی ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد شیروان جمع آوری شده بود، برای برآورد ارزش اصلاحی صفت وزن از شیرگیری بره‌های نر و ماده استفاده شد. ارزش اصلاحی بره‌های نر و ماده با روش بهترین پیش بینی ناریب خطی (BLUP)، در یک مدل حیوانی با استفاده از نرم افزار DFREML برآورد شد. نتایج نشان داد که میانگین ارزش اصلاحی بره‌های نر و ماده به ترتیب ۰/۵۸۰ و ۰/۶۰۱ کیلوگرم بود. واژگان کلیدی: گوسفند کردی- مدل دام- ارزش اصلاحی.

مقدمه

بیش از ۲۶ نژاد گوسفند در ایران وجود دارد که با مناطق مختلف سازگار شده اند. در حال حاضر، تولید گوشت مهمترین دلیل پرورش گوسفند در ایران است و تولیدات دیگر مانند پشم، شیر و پوست در درجات بعدی اهمیت قرار دارند (۶). گوسفند کردی یکی از بهترین و سازگارترین گونه های نژادی برای مناطق کوهستانی به ویژه در خراسان شمالی است. این نژاد یکی از نژادهای دنبه‌دار بومی ایران است که هدف اصلی از پرورش آن تولید گوشت می‌باشد (۱). منشاء گوسفندان کردی خراسان، تیپ دشت گوسفندان کردی کردستان می‌باشد. این نژاد بخاطر اندام نسبتاً درشت و همچنین استخوان‌بندی قوی، برای پرواربندی مناسب بوده و از بهترین نژادهای گوشتی کشور می‌باشد (۲).

هدف اصلاح نژاد دام پیشرفت ژنتیکی برای صفات مطلوب به منظور افزایش بازده اقتصادی است. پیشرفت ژنتیکی با انتخاب افراد برتر از نظر ژنتیکی حاصل می‌شود. با برآورد روند ژنتیکی در جمعیت می‌توان برنامه‌های اصلاح نژادی را ارزیابی نموده و میزان پیشرفت و موفقیت آنها را بررسی نمود (۶). روند ژنتیکی برای بیان میزان پیشرفت ژنتیکی حاصل شده برای صفات به‌طور سالیانه استفاده می‌شود و بیانگر جهت و میزان تغییرات در میانگین ارزش‌های اصلاحی حیوانات در طی زمان است (۳). نگهداری جمعیت شاهد یکی از روش‌های برآورد روند ژنتیکی است، ولی به علت هزینه زیاد آن و کوچک شدن جمعیت اصلی استفاده از این روش مناسب نیست. مناسب‌ترین روش پیش‌بینی ارزش اصلاحی و برآورد روند ژنتیکی استفاده از روش بهترین پیش‌بینی

نااریب خطی می‌باشد. چون ارزش‌های اصلاحی حیوانات در طول زمان به صورت تجمعی است، لذا میانگین ارزش اصلاحی حیوانات در طی زمان بیانگر سطح ژنتیکی در آن زمان است (۳). هدف از تحقیق حاضر، مقایسه میانگین ارزش اصلاحی بره‌های نر و ماده کردی بود.

مواد و روش‌ها

این پژوهش با استفاده از اطلاعات ۵۳۲۴ رکورد مربوط به وزن شیرگیری گوسفند نژاد کردی که در نوزده سال (۱۳۸۸-۱۳۶۹) از گله گوسفند کردی ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد شیروان جمع آوری شده بود، برای مقایسه ارزش اصلاحی صفت وزن از شیرگیری بره‌های نر و ماده انجام شد. داده‌ها ابتدا توسط نرم افزار فاکس پرو (۱۹۹۳) ویرایش شدند و سپس بهترین پیش‌بینی خطی بدون اریب (BLUP) از ارزش‌های اصلاحی صفت وزن از شیرگیری با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده عاری از مشتق‌گیری در مدل حیوانی یک صفتی زیر و برنامه DFREML (۹)، انجام شد.

$$y = Xb + Za + e$$

در مدل فوق y بردار مشاهدات برای هر صفت، X و Z ماتریس‌های طرح هستند که به ترتیب مشاهدات را به اثرات عوامل ثابت و عوامل تصادفی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم ربط می‌دهد. همچنین، b بردار نامعلوم اثر عوامل ثابت جنس، تیپ تولد، سن مادر، سال تولد و سن بره به عنوان متغیر کمکی و a بردار اثر تصادفی عوامل ژنتیکی افزایشی مستقیم و e بردار اثرات باقیمانده است.

نتایج و بحث

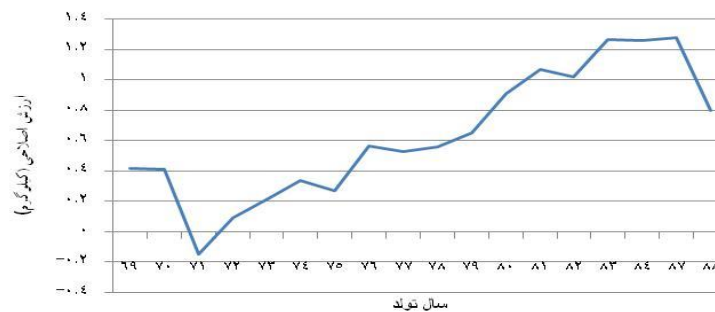
تمامی اثرات ثابت شامل سن مادر، تیپ تولد، جنس بره و سال بر صفت وزن از شیرگیری به لحاظ آماری اثر کاملاً معنی‌داری داشتند ($P < 0.01$). در این پژوهش میانگین وزن از شیرگیری بره‌های نر و ماده به ترتیب ۲۴/۳۷ و ۲۲/۲۰ کیلوگرم به دست آمد. نتایج حاصل با نتایج گزارش شده در همین نژاد توسط فیروزی مایوان (۴) مطابقت دارد (بترتیب ۲۴/۷۳ و ۲۱/۲۵ کیلوگرم برای بره‌های نر و ماده). وجود تفاوت در صفات رشد بره‌های نر و ماده از سوی محققین دیگر نیز گزارش شده است (۱). در جدول ۱ مشخصات آماری و آنالیز ارزش اصلاحی صفت وزن از شیرگیری بر حسب جنس بره‌ها نشان داده شده است. میانگین ارزش اصلاحی بره‌های نر و ماده به ترتیب ۰/۵۸۰ و ۰/۶۰۱ کیلوگرم بود. روند ارزش اصلاحی در دو جنس نر و ماده طی سال‌های ۱۳۸۸-۱۳۶۹ در نمودارهای ۱ و ۲ نشان داده شده است. همان‌طور که مشاهده می‌شود این روند زیگزاکی ولی صعودی است و تفاوت زیادی بین روند ارزش اصلاحی دو جنس نر و ماده دیده نشد.

جدول ۱- مشخصات آماری و آنالیز ارزش اصلاحی صفت وزن از شیرگیری

ویژگی	جنس	تعداد مشاهدات	میانگین و انحراف معیار (کیلوگرم)	حداقل	حداکثر
وزن	نر	۲۶۱۱	۲۴/۳۷±۵/۲۱۶	۸/۰۰	۴۳/۰۰
شیرگیری	ماده	۲۷۱۳	۲۲/۲۰±۴/۵۶۱	۸/۰۰	۳۷/۰۰
ارزش	نر	۲۶۱۱	۰/۸۵۰±۰/۷۷۴	-۰/۲۷۹	۱/۱۹
اصلاحی	ماده	۲۷۱۳	۰/۶۰۱±۰/۹۴۵	-۰/۱۴۴	۱/۲۸



نمودار ۱- روند ارزش اصلاحی بره های نر



نمودار ۲- روند ارزش اصلاحی بره های ماده

سپاسگزاری

بدینوسیله از مسئولین محترم معاونت بهبود تولیدات دامی سازمان جهاد کشاورزی خراسان شمالی و ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند کردی شیروان که داده های مورد نیاز این تحقیق را ارائه نمودند، تشکرو قدردانی می گردد.

منابع

۱. اسماعیلی زاده، ع. میرائی آشتیانی س ر. واعظ ترشیزی ر. اکبری قرائی م. ۱۳۸۰. برآورد وراثت پذیری و بررسی عوامل محیطی مؤثر بر صفات رشد اولیه در گوسفند کردی. اولین سمینار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، طیور و آبزیان کشور، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران، صفحه ۲۷۰ تا ۲۷۵.
۲. خالداری م. ۱۳۸۴. اصول پرورش گوسفند و بز: انتشارات جهاد دانشگاهی واحد تهران، چاپ سوم، ۵۶۰ ص.
۳. رزم کبیر م. نجاتی جوارمی ا. مرادی شهر بابک م. ۱۳۸۸. برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی گاو-های هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران، دوره ۴۰، شماره ۱، صفحه ۷ تا ۱۱.
۴. فیروزی مایوان ع ا. ۱۳۸۷. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفندان کردی با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل. ۸۴ صفحه.
۵. محمدی ی. ستائی مختاری م. بهرامی ع م. ۱۳۸۷. برآورد روند ژنتیکی و محیطی برخی صفات رشد در گوسفند کردی، مجله ژنتیک نوین، دوره سوم، شماره ۴، صفحه ۲۹ تا ۳۶.
۶. نادری ی. واعظ ترشیزی ر. حافظیان س ح. رحیمی ق. ۱۳۸۶. اثر عوامل مادری بر صفات رشد در گوسفند نژاد مغانی، مجله

علوم دامی ایران، جلد ۳۸، شماره ۲، صفحه ۲۳۳ تا ۲۳۹.

- 7- Bourdon, R.M. 2000. Understanding Animal Breeding. 2th edition. Prentice Hall. Inc., New Jersey, U.S. A. 538 pp.
- 8- Foxpro. 1993. Fox holding, Inc. All Rights Reserved. Patent Pending.
- 9- Meyer, K. 1997. DFREML. Version 3.0-Programs to estimate variance components by restricted maximum likelihood using a derivative-Free algorithm. User Notes, Animal Genetics and Breeding Unit. University of New England, Armidale . NSW. Mimeo Pp.- 84

Comparison of breeding value for male and female Kordi lambs in breeding station of Shirvan

S. Naghavian^{1*}, S.Hasani¹, M. Ahani Azari¹, A. R. Khan Ahmadi², D.A.Saghi³, N. Mami Zade¹, M.H. Adeli Khah⁴

1- M.Sc.Graduate, Associate and Assistant Professor, Faculty of Animal Science, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

2- Department of Animal Science, Gonbad University

3- Khorasan Razavi Agriculture and Natural Resources Research Center

4- M.S.C. postgraduate Tarbiyat Modares University of Tehran

*Naghavians@yahoo.com

Abstract:

In this study, a total of 5324 Kordi sheep weaning weight records, was collected during 19 years (1990-2010) from sheep breeding station of Shirvan, was used to compare breeding value of weaning weight of male and female lambs. The breeding value of animals was estimated through best linear unbiased prediction (BLUP) from breeding value was estimated by Derivative Free Restricted Maximum Likelihood (DFREML) with univariate animal model. In the model, fixed effect of year, sex, birth type, dam age were included. Results indicated that mean predicted breeding value of male and female lambs were 0.580 and 0.601 Kg, respectively.

Keywords: Kordi sheep- animal model- breeding value.

تأثیر انتخاب بر اساس ارزش‌های اصلاحی مادری بر صفات کیفی جوجه یکروزه

ابوالقاسم سراج^{۱*}، رسول واعظ ترشیزی^۲، عباس پاکدل^۳، ندا فرزین^۱

۱- هیأت علمی دانشگاه آزاد اسلامی واحد آزادشهر، ۲- هیأت علمی دانشگاه تربیت مدرس تهران، ۳- هیأت علمی پردیس

کشاورزی دانشگاه تهران

* نویسنده مسئول: ابوالقاسم سراج (g_seradj@yahoo.com)

چکیده

در مطالعه حاضر با استفاده از اطلاعات وزن جوجه یکروزه یک لاین گوشتی تجاری و مدل حیوان مناسب، پرندگان به دو گروه ژنتیکی، با ارزش‌های اصلاحی مادری بالا و پائین، تفکیک شدند. سپس از این پرندگان خون‌گیری و تیترا آنتی‌بادی تهیه گردید. در مرحله بعد با جمع‌آوری تخم از مرغ‌های مزبور، جوجه یکروزه تولید و ضمن بررسی وزن یکروزگی و میزان زرده باقیمانده در محوطه شکمی، از جوجه‌ها نیز تیترا آنتی‌بادی تهیه شد. این تیتراها از سه نوع بیماری شایع در مرغان گوشتی تجاری به دست آمد. ارتباط صفات مورد مطالعه با ارزش‌های اصلاحی مادری نشان داد که علی‌رغم عدم وجود تفاوت معنی‌دار بین پرندگان گروه‌های ژنتیکی از نظر تیترا آنتی‌بادی، جوجه‌های گروه ژنتیکی ۱، برای هر سه بیماری، تیترا بالاتری را نسبت به گروه ۲ نشان دادند. علاوه بر این، جوجه‌های گروه ژنتیکی ۱ وزن یکروزگی بیشتری نسبت به جوجه‌های گروه ژنتیکی ۲ داشته و از کیسه زرده سنگین‌تری نیز برخوردار بودند. نتایج این مطالعه نشان داد که با توجه به آثار مادری می‌توان به جوجه‌هایی دست یافت که از قابلیت‌های بالاتری مانند مقاومت بهتر، وزن بالاتر و میزان انرژی اولیه بیشتری برخوردار هستند.

واژگان کلیدی: تیترا آنتی‌بادی، وزن جوجه یکروزه، کیسه زرده باقیمانده و ارزش اصلاحی مادری

مقدمه

انتخاب ژنتیکی در جوجه‌های گوشتی، از یک سو موجب افزایش چشمگیر در سرعت رشد این پرندگان شده و از طرف دیگر آثار منفی بر سلامت حیوان مانند کاهش توان ایمنی و ماندگاری داشته است (۴). به دلیل همبستگی منفی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری مؤثر بر بسیاری از صفات تولید و تولید مثل پرندگان (۱)، انتخاب بر اساس ارزش‌های اصلاحی مستقیم منجر به کاهش فراوانی ژن‌های مؤثر بر قابلیت‌های مادری و در نتیجه کاهش ماندگاری جوجه‌های حاصل از آنها شده است. با توجه به تلفات زیاد در گامه‌های نخستین زندگی همزمان با رشد و نمو سریع، توجه به اثر عوامل مادری می‌تواند نتایج مهمی داشته باشد (۱۰). یکی از صفات مهم در بحث اثر عوامل مادری، کیسه زرده باقیمانده در محوطه شکمی است. کیسه زرده باقیمانده نه تنها عامل مهمی در بقای جوجه‌ها در روزهای اولیه زندگی است بلکه می‌تواند به عنوان یک شاخص برای اندازه‌گیری نرخ رشد اولیه نیز منظور گردد (۱۱). همچنین آنتی‌بادی‌های مادری از عوامل مؤثر بر میزان بقای جوجه‌ها پس از تفریخ، است. مطالعات نشان داده است که در حیوانات مختلف بین سرعت رشد و سطح آنتی‌بادی‌های پلاسمای خون ارتباط منفی وجود دارد (۲). جوجه‌های حاصل از لاین‌های انتخاب شده برای بهبود ایمنی نیز کاهش در سرعت رشد را نشان داده‌اند (۶). این نتایج با یافته‌های محققین مبنی بر همبستگی مثبت بین غلظت ایموگلوبین G (IgG) سرم خون مادر و میزان رشد فرزندان و یا کاهش

رشد آنها در نتیجه کمبود ایمنوگلوبولین‌های مادری (۹) مطابقت ندارد. اگر چه مکانیسم کاهش سطح آنتی‌بادی‌ها در نتیجه افزایش رشد در گونه‌های مختلف نامعلوم است اما به نظر می‌رسد همبستگی منفی کوواریانس اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری می‌تواند یکی از دلایل این کاهش باشد. با توجه به مطالعات محدود در این زمینه، در تحقیق حاضر ارتباط بین آثار مادری با وزن یکروزگی، وزن کیسه زرده باقیمانده در محوطه شکمی و انتقال آنتی‌بادی‌ها به نتاج، مورد مطالعه قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

در پژوهش حاضر نخست با استفاده از اطلاعات وزن جوجه یک‌روزه یک لاین گوشتی تجاری مدل‌های حیوان مختلف برازش شد (۱). سپس با استفاده از مناسب‌ترین مدل حیوان (۱)، ارزش‌های اصلاحی مادری برای وزن یکروزگی برآورد و بر پایه آن پرندگان به دو گروه ژنتیکی تفکیک شدند. ساختار گروه بندی پرندگان در جدول ۱ آورده شده است. از پرندگان مزبور در سن ۳۵ هفتگی خون‌گیری و تیتراژ آنتی‌بادی تهیه گردید. همچنین با جمع‌آوری تخم از آنها و قرار دادن در ماشین جوجه‌کشی اقدام به تولید جوجه یک‌روزه شد. تیتراژ خون جوجه‌ها نیز تهیه گردید. این تیتراژها از سه نوع بیماری عفونی که شیوع بالایی در لاین‌های مورد مطالعه و نیز در مرغان گوشتی تجاری داشتند، به دست آمد. این بیماری‌ها شامل برونشیت عفونی (IBV)، گامبرو یا عفونت بورس فابرسیوس (IBD) و رئوویروس مرغی (REO) بودند. برای تهیه تیتراژ کیت‌های ANTIBODY مخصوص مرغ خانگی و روش ELISA استفاده شد. این کیت‌ها با نام تجاری ProFlock Antibody Test Kit از شرکت SYMBIOTICS آمریکا تهیه شدند. کیت‌ها توسط دستگاه ELISA Plate Reader با تنظیم ۴۰۵ تا ۴۱۰ نانومتر، قرائت گردید. سپس اطلاعات خروجی دستگاه کمی و فایل داده‌ها تهیه شد.

جوجه‌ها قبل از خونگیری، برای بررسی صفت وزن جوجه یک‌روزه وزن کشی و بلافاصله بعد از خونگیری نیز برای بررسی میزان زرده باقیمانده در محوطه شکمی کشتار شدند. برای وزن کردن جوجه‌ها و زرده باقیمانده از ترازوی دیجیتالی با حساسیت ۰/۰۱ گرم استفاده شد. جنسیت جوجه‌های کشتار شده با مشاهده بافت بیضه در قسمت لگن تشخیص داده شد. در نهایت فایل داده‌های مربوطه تهیه و تفاوت گروه‌های ژنتیکی مادری مورد مطالعه قرار گرفت.

جدول ۱: ساختار گروه بندی ژنتیکی پرندگان مورد مطالعه

گروه ژنتیکی	تعداد	میانگین ارزش اصلاحی	انحراف معیار	حداقل	حداکثر
* ۱	۱۵	۱/۹۱	۰/۴۰	۰/۹۳	۲/۹
** ۲	۱۷	-۱/۴۹	۰/۶۸	-۲/۳۴	-۰/۸۵

* با ارزش‌های اصلاحی مادری زیاد و ** با ارزش‌های اصلاحی مادری کم

نتایج و بحث

در جدول ۲ تیتراژ آنتی‌بادی سرم خون پرندگان مورد مطالعه به تفکیک گروه‌های ژنتیکی برعلیه بیماری‌های برونشیت عفونی، رئوویروس و گامبرو آورده شده است. همانطور که در این جدول مشاهده می‌شود، تفاوت آماری بین مادران گروه‌های ژنتیکی مشاهده نشد ($P > 0/05$). در نسل جوجه‌ها نیز اگر چه تفاوت معنی‌دار بین تیتراژ آنتی‌بادی گروه‌ها وجود نداشت اما برای همه مشاهدات، جوجه‌های حاصل از گروه ژنتیکی ۱ تیتراژی بالاتر را نسبت به گروه ژنتیکی ۲ نشان دادند.

میانگین تیتیر مادری برعلیه آنتی ژن برونشیت عفونی (تیتیر IBV) در گروه ژنتیکی ۱ برابر با ۱۰۶۴۵ و پائین تر از میانگین تیتیر در گروه ژنتیکی ۲، برابر با ۱۱۳۲۶، بود. با این وجود، میانگین تیتیر IBV در جوجه‌های گروه ۱، ۸۸۳۸، بالاتر از گروه ۲، ۷۴۵۷، برآورد شد. این روند در مورد میانگین تیتیر آنتی ژن آنتی ژن گامبرو (تیتیر IBD) نیز مشاهده شد (میانگین ۱۳۴۴۸ و ۱۳۵۴۴ برای تیتیر مادری و میانگین ۱۰۰۴۰ و ۱۰۰۲۴ برای تیتیر جوجه‌ها به ترتیب برای گروه‌های ژنتیکی ۱ و ۲). اگر چه این الگو برای آنتی ژن رئوویروس (تیتیر REO) در سطح مادران تکرار نشد اما در سطح جوجه‌ها باز این جوجه‌های گروه ۱ بودند که تیتیر بالاتری داشتند (۱۰۵۸۹ در مقایسه با ۹۳۵۷). همچنین زمانیکه تیتیر آنتی بادی کل (Ttit) سرم خون پرندگان مورد مطالعه مد نظر قرار گرفت، هم در سطح مادران و هم در سطح فرزندان، مجموع Ttit در سرم خون پرندگان گروه ژنتیکی ۱ بالاتر از گروه ژنتیکی ۲ بود ($P>0/05$). اگر چه می توان تفاوت مشاهده شده بین پرندگان لاین های مختلف را به عوامل محیطی مانند چگونگی مصونیت گله ربط داد، اما با توجه به اینکه برای هر سه بیماری، جوجه های گروه ژنتیکی ۱ تیتیر بالاتری را در مقایسه با جوجه های گروه دیگر نشان دادند، می تواند نشان دهنده تفاوت های ژنتیکی بین آنها نیز باشد. همچنین این مطلب نشان می دهد انتخاب بر اساس ارزش های اصلاحی مادری می تواند موجب افزایش تیتیر آنتی بادی در سرم خون نتاج شود.

مقایسه وزن یک روزگی و نیز وزن کیسه زرده باقیمانده در محوطه شکمی در جوجه‌های گروه‌های ژنتیکی در جدول ۳ آورده شده است. اختلاف معنی داری بین میانگین وزن یک‌روزگی جوجه‌های گروه‌های ژنتیکی مادری وجود داشت. بطوریکه جوجه‌های گروه ژنتیکی ۱ که از مرغان با ارزش اصلاحی مادری بالا بودند، وزن یک‌روزگی بیشتری نسبت به گروه ژنتیکی ۲ که حاصل از مرغان با ارزش اصلاحی مادری پائین بودند، داشتند (۴۷/۹۸ گرم در مقایسه با ۴۴/۱۷ گرم). این مقایسه نشان داد که چنانچه در انتخاب پرندوها ارزش‌های اصلاحی مادری لحاظ شود، می‌توان به جوجه‌های یک‌روزه با وزن جوجه‌درآوری بالاتری دست یافت. همچنین با توجه به همبستگی اوزان بدن در سنین مختلف (۳ و ۵) می‌توان انتظار داشت که این جوجه‌ها در سنین بالاتر نیز از وزن بیشتری برخوردار باشند.

جدول ۲: مقایسه تیتیر آنتی بادی برعلیه بیماری های مورد مطالعه پرندگان گروه های ژنتیکی

بیماری	گروه ژنتیکی	میانگین تیتیر مادری	خطای استاندارد	P مقدار	میانگین تیتیر جوجه ها	خطای استاندارد	P مقدار
برونشیت	۱	۱۰۶۴۵	۲۱۶۶	NS	۸۸۳۸	۲۱۰۶	NS
	۲	۱۱۳۲۶	۱۷۶۵		۷۴۵۷	۱۸۱۰	
رئوویروس	۱	۱۲۸۳۵	۱۱۱۲/۱	NS	۱۰۵۸۹	۱۲۹۲	NS
	۲	۱۰۰۴۳	۸۷۹/۲		۹۳۵۷	۱۰۴۸	
گامبرو	۱	۱۳۴۴۸	۵۵۲/۷	NS	۱۳۴۳۹	۴۸۲/۲	NS
	۲	۱۳۵۴۴	۴۳۷/۶		۱۳۰۴۷	۳۹۱/۳	
کل	۱	۳۷۲۵۶	۲۶۸۸	NS	۳۱۴۹۴	۳۰۷۲	NS
	۲	۳۵۱۸۲	۲۱۲۵		۳۱۰۲۱	۲۶۴۰	

- گروه ژنتیکی ۱، با ارزش های اصلاحی مادری زیاد و گروه ژنتیکی ۲، با ارزش های اصلاحی مادری کم

- NS تفاوت غیر معنی دار

جدول ۳: مقایسه وزن یک‌روزگی و وزن کیسه زرده باقیمانده جوجه های گروه های ژنتیکی

صفت	گروه ژنتیکی	تعداد	میانگین (گرم)	خطای استاندارد	P مقدار
وزن جوجه یکروزه	۱	۶۰	۴۷/۹۸	۰/۶۵	** ۰/۰۰۰
	۲	۶۷	۴۴/۱۷	۰/۴۴	
وزن کیسه زرده باقیمانده	۱	۲۳	۴/۶۸	۰/۲۹	** ۰/۰۰۷
	۲	۲۶	۳/۶۳	۰/۲۲	

- گروه ژنتیکی ۱، با ارزش های اصلاحی مادری زیاد و گروه ژنتیکی ۲، با ارزش های اصلاحی مادری کم

- ** معنی دار در سطح ۰/۰۱؛ * معنی دار در سطح ۰/۰۵ و NS غیر معنی دار

همانطور که در جدول ۳ مشاهده می شود، وزن کیسه زرده باقیمانده در محوطه شکمی جوجه های حاصل از گروه ژنتیکی ۱ (۴/۶۸ گرم) بیشتر از گروه ژنتیکی ۲ (۳/۶۳ گرم) و از نظر آماری معنی دار بود ($P < 0.05$). این نتایج به وضوح تأثیر اثر عوامل مادری بر میزان کیسه زرده باقیمانده را نشان می دهد. همچنین وزن کیسه زرده می تواند به طور غیر مستقیم معیاری برای وزن زرده تخمی که این جوجه ها از آن حاصل شده اند، باشد (۸).

نتیجه گیری

در تحقیق حاضر تفاوت بین مادرهای گروه های ژنتیکی از نظر تیترا آنتی بادی بیماری های مورد مطالعه معنی دار نبود، اما زمانی که جوجه های گروه های ژنتیکی با هم مقایسه شدند، برای هر سه بیماری جوجه های گروه ژنتیکی ۱ تیترا بالاتری را نسبت به گروه ۲ نشان دادند، هرچند اختلاف دو گروه ناچیز بود. کل تیترا آنتی بادی سرم خون پرندگان مورد مطالعه نیز نشان داد که در مجموع هم مادران و هم جوجه های گروه ژنتیکی ۱ تیترا بالاتری در مقایسه با پرندگان گروه ژنتیکی ۲ داشتند.

مقایسه وزن یکروزگی جوجه های گروه های ژنتیکی نشان داد که چنانچه در انتخاب پرند ها ارزش های اصلاحی مادری لحاظ شود، می توان به جوجه های یکروزه با وزن جوجه درآوری بالاتری دست یافت. همچنین با توجه به همبستگی اوزان بدن در سنین مختلف (۳ و ۵) می توان انتظار داشت که این جوجه ها در سنین بالاتر نیز از وزن بیشتری برخوردار باشند. همچنین در مطالعه حاضر تفاوت میانگین وزن کیسه زرده باقیمانده در محوطه شکمی در گروه های مادری معنی دار بود. بطوریکه جوجه های حاصل از پرندگان با ارزش اصلاحی مادری زیاد از کیسه زرده سنگین تری نیز برخوردار بودند. کیسه زرده باقیمانده یکی از صفات مهم در بحث انتقال اثر عوامل مادری است. به طوری که برخی محققین پیشنهاد دادند که وزن کیسه زرده به عنوان یک شاخص برای اندازه گیری نرخ رشد اولیه منظور گردد (۱۱). در مطالعه ای بر روی بوقلمون های سفید کوچک جثه نشان داده شد که تخم های بزرگتر منجر به تولید جوجه های با کیسه زرده باقیمانده بزرگتر شده، و این جوجه ها از انرژی بیشتری در روزهای اولیه زندگی برخوردار خواهند بود (۷). در مطالعه حاضر همبستگی بین وزن جوجه یکروزه با وزن کیسه زرده باقیمانده در محوطه شکمی ۰/۶۵ برآورد گردید که نشان می دهد جوجه های با وزن تولد بالاتر دارای کیسه زرده سنگین تری بوده که می تواند در اوایل زندگی آب و مواد مغذی بیشتری در اختیار آنها قرار دهد. به طور کلی نتایج این تحقیق نشان داد که توجه به اثر ژنتیکی افزایشی مادری می تواند منجر به تولید جوجه های با کیفیت بهتری شود.

منابع

- ۱- سراج، ا.، واعظ ترشیزی، ر. و پاکدل، ع. (۱۳۸۹). تأثیر عوامل مادری و اثر متقابل پدر- نسل بر برآورد پارامترهای ژنتیکی وزن جوجه یکروزه، مجله علوم دامی ایران، دوره ۴۱، شماره ۴، صفحه: ۳۷۱-۳۸۳.
- 2- Bradley, J. A., Niilo, L. and Dorward, W. J. (1979). Some observations on serum gammaglobulin concentrations in suckled beef calves. Canadian Veterinary Journal. 20: 227-232.
- 3- Crawford, R.D. (1993). Poultry Breeding and Genetics. Amsterdam, Elsevier. 990 pp.
- 4- Hector, L. S. A. (2002). Biological, Nutritional, and Processing Factors Affecting Breast Meat Quality of Broilers. PhD thesis in Animal and Poultry Sciences. Blacksburg, Virginia. pp. 171.
- 5- Liu, G., Dunnington, E.A., and Siegel, P.B. (1995). Correlated responses to long term divergent selection for eight week body weight in chickens: growth, sexual maturity, and egg production. Poultry Science, 74: 1259-1288.
- 6- Martin, A., Dunnington, E. A., Gross, W. B., Briles, W. E., Briles, R.W. and Siegel, P. B. (1990). Production traits and alloantigen systems in lines of chickens selected for high or low antibody-responses to sheep erythrocytes. Poultry Science. 69: 871-878.
- 7- Moran, E. T., Jr., and B. S. Reinhart (1980). Poult yolk sac amount and composition upon placement: Effect of breeder age, egg weight, sex and subsequent changes with feeding or fasting. Poultry Science. 59:1521-1528.
- 8- Narushin, V. G. and Romanov, M. N. (2002). Egg physical characteristics and hatchability. Word Poultry Science Association.
- 9- Robison, J. D., Stott, G. H. and DeNise, S. K. (1988). Effects of passive immunity on growth and survival in the dairy heifer. Journal of Dairy Science. 71: 1283-1287.
- 10- Rossiter, M. C., (1996). Incidence and consequences of inherited environmental effects. A. Review of Ecology System. 27: 451-476.
- 11- Strong, C. F., Jr., and Jaap, R. G. (1977). Embryonic and early post hatching growth patterns of dwarf broiler-type chickens. Poultry Science. 56:1595-1599.

Influence of maternal genetic selection on day-old chicken quality traits

Seraj, A.^{1*}; Vaez Torshizi, R.²; Pakdel, A.³, Farzin, N.¹

1- Islamic Azad University, Agriculture Faculty, Department of Animal Science, 2- Tarbiat Modares University, Agriculture Faculty, Department of Animal Science, 3- Tehran University, Agriculture Faculty, Department of Animal Science

* Corresponding E-mail address: g_seradj@yahoo.com

Abstract

In the present study, the maternal breeding values for day-old chicken body weights were estimated using the best appropriated animal model and based on, two genetic groups with high (group 1) and low (group 2) maternal breeding values were created. Then a few eggs were collected from each hen to produce day-old chicks. The blood samples were got from each dam and chick and antibody titers were obtained from three current diseases in poultry industry. Also measuring the chick's weight and they were slaughtered for determining the yolk sac.

The relationship between genetic groups and studied traits showed that there was no significant difference between maternal groups for antibody titer, but the chickens from the group 1 (high maternal breeding value), for all three diseases, had the higher antibody titer than the chickens from group 2 (low maternal breeding value). Also the chicks from the group 1 were heavier than the chicks from the group 2 and had heavier yolk sac ($P < 0.05$). The results indicated that in the basis of maternal effects, can obtain the chickens with better resistance, weight and primary energy.

Keywords: Antibody titer, Day-old chicken body weight, Residual yolk sac, Maternal breeding value

مقایسه مدل های رگرسیون و شبکه عصبی مصنوعی در پیش بینی رشد در گوسفند بلوچی

محمد رضا بحرینی بهزادی^{۱*}، علی اصغر اسلمی نژاد^۲، محمد رضا نصیری^۳، مصطفی محقق دولت آبادی^۱ و مصطفی قادری زفره ای^۱

۱- استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج، ۲- دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد

* نویسنده مسئول: محمد رضا بحرینی بهزادی، یاسوج، میدان شهداء، خیابان دانشجو، دانشگاه یاسوج

(bahreini@mail.yu.ac.ir)

چکیده

هدف از این مطالعه، مقایسه مدل های رگرسیون مختلف و شبکه عصبی مصنوعی در پیش بینی وزن بدن در سنین بالاتر توسط رکوردهای وزن سنین پائینتر بود. از پنج مدل غیر خطی (ون برتالانفی، گومپرتز، برودی، لجستیک و ریچاردز) و دو مدل چند جمله ای خطی با درجات برازش دو و سه و شبکه عصبی مصنوعی برای مدل سازی و پیش بینی رشد استفاده شد. داده های وزن بدن ۲۰۷۱ بره بلوچی از تولد تا سن ۴۲۸ روزگی مورد استفاده قرار گرفت. مقایسه مدل ها توسط میانگین مربعات خطا (MSE) انجام شد. نتایج حاصل نشان می دهد که مدل های رشد ون برتالانفی و برودی با داشتن کمترین خطا بهتر از سایر مدل ها می توانند رشد را در سنین بالاتر پیش بینی کنند. مدل چند جمله ای درجه سه بیشترین میانگین مربعات خطا و پائینترین دقت را داشت. شبکه عصبی مصنوعی و مدل های گومپرتز و ریچاردز دارای برآوردهای مشابهی از میانگین مربعات خطا بودند. نتایج نشان داد که از شبکه عصبی مصنوعی می توان بطور کارآمد در پیش بینی وزن بدن در سنین بالاتر استفاده کرد.

واژگان کلیدی: شبکه عصبی مصنوعی، مدل های رگرسیون، رشد، گوسفند بلوچی

مقدمه

برآزش داده های رشد توسط معادلات منحنی رشد یکی از روشهایی است که بطور گسترده در بیولوژی رشد استفاده می شود. اکثر این توابع غیر خطی هستند و پارامترهای آنها دارای تفسیر بیولوژیکی می باشند. گرچه رشد بین افراد مختلف متغیر است ولی تغییرات رشد نسبت به سن دارای روندی مشخص در جوامع مختلف دامی است. معمولاً همانطوریکه نرخ رشد نسبت به زمان تغییر می کند الگوی رشد از یک منحنی S شکل یا سیگموئیدی تبعیت می کند (۱). برای مدل سازی پدیده های بیولوژیکی از روشهای مختلف رگرسیون خطی و غیر خطی استفاده می شود. شبکه عصبی مصنوعی نیز به طور گسترده ای در رشته های مختلف علوم به منظور پیش بینی و دسته بندی مورد استفاده قرار می گیرد. دلیل اصلی این است که روشهای مدل سازی ریاضی دارای پیش فرضهای محدود کننده هستند ولی در هنگام کار با شبکه عصبی مصنوعی نیاز به مدل پیش فرض یا از قبل طراحی شده نیست (۳).

هدف از این مطالعه، مقایسه مدل‌های رگرسیون غیر خطی، رگرسیون خطی و شبکه عصبی مصنوعی در پیش بینی وزن بدن در سنین بالاتر توسط رکوردهای وزن سنین پائینتر در گوسفند بلوچی است.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه از ۱۶۶۵۰ رکورد وزن بدن متعلق به ۲۰۷۱ بره بلوچی که بطور ماهیانه از تولد تا ۴۲۸ روزگی جمع آوری شده بود، استفاده گردید. این رکوردها از گله اول ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند بلوچی عباس آباد مشهد در طی سالهای ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۷ به دست آمد. از داده های وزن بدن از تولد تا سن ۱۸۰ روزگی برای مدل سازی استفاده و پارامترهای رشد برآورد شد. به منظور تعیین اینکه کدام مدل برای پیش بینی وزن بدن در سنین بالاتر مناسب است، پیش بینی وزن بدن برای سنین ۳۶۰ تا ۴۲۸ روزگی انجام شد. از پنج مدل غیر خطی (ون برتالانفی، گومپرتز، برودی، لجستیک و ریچاردز) و دو مدل چند جمله ای خطی با درجات برآزش دو و سه و شبکه عصبی مصنوعی استفاده شد. برآورد مدل‌های غیر خطی با استفاده از رویه NLIN برنامه آماری SAS و روش تکرار گوس - نیوتن انجام شد. مدل‌های خطی با رویه GLM برآزش داده شدند. برای مدل سازی با شبکه عصبی مصنوعی از نرم افزار Neurosolution نسخه ۵ استفاده شد. نوع شبکه طراحی شده پرسپترون چند لایه با الگوریتم پس انتشار خطا بود. توابع مدل های رشد غیر خطی و خطی و اجزاء آنها در جدول ۱ ارایه شده است. برای تعیین مناسب ترین مدل از معیار میانگین مربعات خطا استفاده شد.

جدول ۱ - مدل های رشد مورد استفاده

مدل	تابع	اجزاء مدل ها
ون برتالانفی	$W_t = A(1 - Be^{-kt})^3 + \varepsilon$	$Wt =$ وزن بدن در زمان مورد نظر (t)
گومپرتز	$W_t = Ae^{(-Be^{-kt})} + \varepsilon$	$A =$ وزن بلوغ مجانبی
لجستیک	$W_t = A(1 + Be^{-kt})^{-1} + \varepsilon$	$B =$ ثابت انتگرال گیری؛ $k =$ نرخ بلوغ
برودی	$W_t = A(1 - Be^{-kt}) + \varepsilon$	$M =$ پارامتر شکل منحنی در تابع ریچاردز
ریچاردز	$W_t = A(1 - Be^{-kt})^M + \varepsilon$	$r =$ درجه برآزش تابع چند جمله ای
چند جمله ای	$W_t = d_0 + \sum_{i=1}^r d_i \times t^i + \varepsilon$	$d_0 =$ عرض از مبدا؛ $d_i =$ ضرائب رگرسیون

نتایج و بحث

ساختار بهینه شبکه عصبی جهت مدل سازی فرآیند پیش بینی رشد طی آزمون و خطا به دست آمد. تابع انتقال سیگموئیدی، تابع خروجی خطی، قانون یادگیری لونبرگ-مارکوارت، دوره یادگیری ۱۰۰۰، دو لایه پنهان و ۱۶ نورون در هر لایه انتخاب شد. مقایسه مدل های مختلف جهت پیش بینی وزن بدن در سنین بالاتر در جدول ۲ ارائه شده است.

همانطور که در جدول ۲ نشان داده شده است، ون برتالانفی و برودی با کمترین مقدار میانگین مربعات خطا به عنوان بهترین مدل ها انتخاب شدند. پس از آن مدل‌های گومپرتز، ریچاردز و شبکه عصبی مصنوعی به ترتیب در رتبه های بعدی قرار گرفتند و دقت مشابهی داشتند. مدل های خطی چند جمله ای درجه دو و سه پائینترین دقت را در پیش بینی وزن بدن در سنین بالاتر نشان

دادند. به هر حال نتیجه گیری می شود که برای پیش بینی وزن آینده دام بر اساس اندازه گیریهای وزن دوره زمانی زودتر، مدلهای رگرسیون خطی مناسب و قابل استفاده نیستند. بنابراین برای پیش بینی وزن بدن در سنین بالاتر از رکوردهای وزن زنده سنین پائینتر در گوسفند بلوچی باید از مدلهای غیر خطی (ون برتالانفی یا برودی) و یا شبکه عصبی مصنوعی استفاده شود.

جدول ۲ - مقایسه مدلهای مختلف توسط میانگین مربعات خطا

مدل	میانگین مربعات خطا
ون برتالانفی	۴۰/۰۵
برودی	۴۰/۶۲
گومپرتز	۶۱/۹۰
ریچاردز	۶۲/۱۲
شبکه عصبی مصنوعی	۶۴/۲۴
لجستیک	۱۱۱/۸۸
چند جمله ای درجه دو	۱۲۸/۸۳
چند جمله ای درجه سه	۳۵۴۴/۰۰

در منابع هیچگونه گزارشی در مورد پیش بینی وزن بدن در سنین بالاتر با استفاده از رکورد وزن سنین پائینتر توسط شبکه عصبی در گوسفند گزارش نشده است. فقط تعداد معدودی گزارش مدل سازی رشد توسط شبکه عصبی وجود دارد (۲، ۴ و ۵). این محققین گزارش کردند که شبکه عصبی به خوبی روشهای رگرسیون می تواند در مدل سازی رشد استفاده شود.

بطور کلی آنالیز آماری صفات رشد و پارامترهای رشد برآورد شده باید قابلیت این را داشته باشند تا برای پیش بینی وزن دام هنگام فروش به بازار استفاده شوند. این مطالعه همانطورکه مورد انتظار بود، نشان داد که بطور آشکار مدلهای غیر خطی قابلیت استفاده بیشتری از مدلهای خطی در پیش بینی وزن آینده دام دارند. همچنین مدل سازی شبکه عصبی نیز کارایی نسبتاً قابل قبولی در پیش بینی وزن در سنین بالاتر را در این آزمایش نشان داد و به عنوان جایگزینی برای مدلهای رشد در مدل سازی رشد و پیش بینی وزن در سنین بالاتر می تواند بطور کارآمد مورد استفاده قرار گیرد.

منابع

1. Arango, J.A., L.D. Van Vleck. 2002. Size of beef cows: Early ideas, new developments. Genetics and Molecular Research, 1: 51-63.
2. Bahreini Behzadi, M.R., A.A. Aslaminejad. 2010. A comparison of neural network and nonlinear regression predictions of sheep growth. Journal of Animal and Veterinary Advances, 9: 2128-2131.
3. Kominakis, A.P., Z. Abas, I. Maltaris, E. Rogdakis. 2002. A preliminary study of the application of artificial neural networks to prediction of milk yield in dairy sheep. Computers and Electronics in Agriculture, 35: 35-48.
4. Roush, W.B., W.A. Dozier, S.L. Branton. 2006. Comparison of Gompertz and neural network models of broiler growth. Poultry Science, 85: 794-797.

5. Yee, D., M.G. Prior, L.Z. Florence. 1993. Development of predictive models of laboratory animal growth using artificial neural networks. *Computer Applications in the Biosciences*, 9: 517-522.

Comparison of regression models and artificial neural network for prediction of Baluchi Sheep Growth

Mohammadreza Bahreini Behzadi^{1*}, Ali Asghar Aslaminejad², Mohammadreza Nassiri²,
Mostafa Muhaghegh-Dolatabady¹, Mostafa Ghaderi-Zefrehei¹

1- Animal Science Department, Faculty of Agriculture, Yasouj University 2- Animal Science
Department, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad

* Corresponding E-mail address: bahreini@mail.yu.ac.ir

Abstract:

The potential of artificial neural network (ANN) as an alternative to the regression models was evaluated for predicting Baluchi sheep growth. Monthly body weight data of 2071 Baluchi lambs were recorded from birth to 428th days of age. Five nonlinear regression forms of von Bertalanffy, Brody, Gompertz, Richards and Logistic, and two polynomial functions of second and third order of fit were employed as counterparts to ANN. The comparison of the models was carried out using mean square error (MSE) values. The smallest MSE values were calculated for the von Bertalanffy and the Brody functions while the third order polynomial function was the worst model with the greatest MSE. The ANN model had similar estimate of MSE to these estimates from the Richards and Gompertz models. It can be concluded that the ANN model may be used efficiently for prediction of lamb body weight.

Keywords: Artificial neural network, Regression models, Growth, Baluchi sheep

مقایسه بازده بیولوژیکی و اقتصادی میش‌های تک‌قلوزا و دوقلوزای لری بختیاری در سیستم عشایری

محسن باقری^{۱*}، محمود وطن خواه^۱، مهرباب فرجی نافچی^۲

۱-مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان چهارمحال و بختیاری ۲-سازمان جهاد کشاورزی شهرستان شهرکرد
*نویسنده مسئول: محسن باقری، شهرکرد-کیلومتر ۵ جاده فرخشهر-مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی-صندوق پستی ۴۱۵
bagheriimohsen@yahoo.com

چکیده

بازدهی اقتصادی می تواند تنها هدف عقلایی اصلاح نژاد باشد. بازدهی اقتصادی و بیولوژیکی در سیستم‌های پرورش نشخوارکنندگان حاصل برهمکنش عوامل اجتماعی، اقتصادی، سیاست‌گذاری‌ها و گزینه‌های مختلف استفاده از منابع طبیعی می-باشد. در این مطالعه به منظور مقایسه بازده بیولوژیکی و اقتصادی میش‌های دوقلوزا و تک‌قلوزای لری بختیاری در سیستم عشایری تعداد ۶ گله گوسفند با ۱۲۲۸ راس میش مولد در یک چرخه کامل تولیدی مورد مطالعه قرار گرفتند. پس از تشکیل معادلات سود، بازدهی اقتصادی و سود به ازای هر راس میش و هر کیلوگرم وزن متابولیکی میش محاسبه گردید. بازدهی بیولوژیکی به صورت وزن زنده قابل فروش و کل تولیدات به ازای هر کیلوگرم وزن متابولیکی میش مورد محاسبه قرار گرفت. نتایج نشان داد هر چند که کیلوگرم بره از شیر گرفته به ازای هر راس میش در میش‌های دوقلوزا کمتر از دو برابر میش‌های تک-قلوزاست اما سود حاصل از آنها بیش از دو برابر سود حاصل از میش‌های تک‌قلوزاست. بازدهی اقتصادی به ازای هر راس ۱۷۴ و ۲۳۹ درصد و به ازای هر کیلوگرم وزن متابولیکی میش ۸/۲۸ و ۱۱/۳۸ درصد به ترتیب در میش‌های تک‌قلوزا و دوقلوزا برآورد شد. نسبت هزینه به درآمد در میش‌های تک‌قلوزا ۰/۵۷ و در میش‌های دوقلوزا ۰/۴۱ تعیین شد که نشان دهنده هزینه‌های تولیدی بالاتر در میش‌های تک‌قلوزا به ازای هر واحد درآمد می‌باشد. با توجه به معیار بودن بازدهی اقتصادی در مقایسات برنامه‌ها و سیستم‌های تولیدی و بالاتر بودن بازده اقتصادی در میش‌های دوقلوزا، می‌توان گفت که افزایش میزان دوقلوزایی از طریق ژنتیکی و مدیریتی امری معقول و منطقی می‌باشد.

واژگان کلیدی: میش - بازدهی اقتصادی - بازدهی بیولوژیکی - سیستم عشایری

مقدمه

گوسفند و بز به طور گسترده‌ای در سطح استان چهارمحال و بختیاری پرورش داده می‌شود و به جرات می‌توان گفت که شغل بسیاری از عشایر گله‌داری می‌باشد. سیستم‌های پرورش دام مطابق با ظرفیت‌های کشاورزی هر منطقه با اهداف و اولویت‌های متفاوت همراه است (۱) از این میان سیستم پرورش عشایری که سیستمی مبتنی بر کوچ می‌باشد با ظرفیتی برابر با ۱۵۴۷۱۰۰ راس گوسفند و بز که ۵۴ درصد گوسفند و بز استان را تشکیل می‌دهد یکی از سیستم‌های رایج پرورشی در این استان می‌باشد (۱). بازده بیولوژیکی و اقتصادی در سیستم‌های پرورش نشخوارکنندگان حاصل برهمکنش عوامل اجتماعی، اقتصادی، سیاست‌گذاری‌ها و گزینه‌های مختلف استفاده از منابع طبیعی می‌باشد (۴).

گوسفند عشایری در برخی مناطق تا ۸۰ درصد وابسته به مراتع بوده و بنابراین محاسبات اقتصادی آن با سایر سیستم‌ها متفاوت خواهد بود. در طی سالیان دور به علت کوچک‌تر بودن جثه بره‌های دوقلو و میزان مرگ و میر بالاتر در آنها، دامداران آگاهانه یا ناآگاهانه با انتخاب بره‌های بزرگتر باعث کاهش درصد دوقلوزایی در این نژاد شده‌اند. هرچند که در چند سال اخیر

دوقلوزایی از اهمیت بالاتری برخوردار شده است اما با این وجود بازهم دامداران انتخاب بره‌های درشت جثه را ترجیح می‌دهند. هدف معمول در واحدهای پرورش نشخوارکنندگان کسب سود می باشد (۴). در گزارشات علمی آمده است که در جهان رقابت تنها بازده اقتصادی می تواند هدف عقلایی اصلاح نژاد باشد (۳). بازده اقتصادی، نسبت درآمد به هزینه‌های تولید می باشد. بازده بیولوژیکی نیز نسبت تولیدات به نهاده ها (میزان غذا، انرژی مصرفی و ...) می باشد. بنابراین برای درک بهتر تفاوت در سودمندی بره‌های تک‌قلو و دوقلو، در این مطالعه به مقایسه بازدهی بیولوژیکی و اقتصادی بره‌های تک‌قلو و دوقلوی گوسفند لری بختیاری در سیستم عشایری پرداخته شده است.

مواد و روش‌ها

پارامترهای تولیدی، تولیدمثلی، جمعیتی، مدیریتی و اقتصادی گوسفند لری بختیاری در سیستم عشایری از مطالعه مستقیم و رکوردگیری تعداد ۶ گله گوسفند از این نژاد در مناطق مختلف استان چهارمحال و بختیاری بین سال‌های ۱۳۸۶ تا ۱۳۸۸ تعیین شدند. تعداد میش مولد مورد مطالعه ۱۲۲۸ راس بود که در طی یک چرخه کامل تولیدی مورد بررسی قرار گرفتند. هزینه‌ها و درآمدهای سیستم تولیدی در واحد ریال برآورد گردیدند. کلیه درآمدها و هزینه‌ها برای سال ۱۳۹۰ تصحیح شد.

پس از تشکیل معادلات سود با دخالت دادن کلیه هزینه‌های تولید اعم از خوراک، کارگری، بهداشتی و درمانی، حمل و نقل، بازاریابی و هزینه‌های ثابت در طی یک سال شمسی و درآمدهای حاصل از فروش وزن زنده و پشم تولیدی، سود واحد پرورشی در دو حالت ۱. تمامی میش‌ها تک قلوزا باشند و ۲. تمامی میش‌ها دوقلوزا باشند محاسبه گردید. سود حاصل از میش‌های تک قلوزا و دوقلوزا به ازای هر راس میش و یک کیلوگرم وزن متابولیکی میش (وزن زنده به توان ۰/۷۵) و همچنین بازده اقتصادی آنها به صورت درآمد تقسیم بر هزینه ضربدر ۱۰۰ به ازای هر راس میش و به ازای هر کیلوگرم وزن متابولیکی میش محاسبه گردید. بازدهی بیولوژیکی به صورت وزن زنده قابل فروش و کل تولیدات (وزن زنده+پشم) به ازای هر کیلوگرم وزن متابولیکی میش محاسبه شد. در انتها نسبت هزینه‌های تولید به درآمدها نیز مورد محاسبه قرار گرفت.

نتایج و بحث

در جدول ۱ عملکرد برخی صفات در میش‌های تک‌قلوزا و دوقلوزای لری بختیاری در سیستم عشایری در طی یک سال آورده شده است. به علت جدا نبودن قوچ‌ها از میش‌ها، برخی از میش‌ها در هر دو سال سه بار زایمان دارند که در اینجا فرض شده است که درصد آن در میش‌های هر دو گروه برابر است.

جدول ۱. عملکرد برخی صفات در میش‌های لری بختیاری پرورش یافته تحت سیستم عشایری در یک سال

وزن میش	میزان	میزان	تعداد بره	تعداد بره	تعداد بره از شیر	کیلوگرم بره از
بالغ	سقط	آبستنی	متولد شده ^۱	یک روزه ^۱	گرفته (۵ ماهه) ^۱	شیرگرفته (در ۵ ماهگی)

میش تکقلوزا	۵۸	۳٪	۹۰٪	۱/۰۴۷۶	۱/۰۲۶۶	۰/۹۳۴	۳۱/۷۶۴
میش دوقلوزا	۵۸	۳٪	۹۰٪	۲/۰۹۵۲	۲/۰۵۳۲	۱/۸۰۶۹	۵۴/۲۰۷

۱- برخی میشها سه بار زایش در دو سال داشته اند.

در محاسبات فرض شده است که وزن بلوغ میش‌های دوقلوزا و تکقلوزا برابر می باشد و مرگ و میر در آنها نیز مشابه است. همچنین فرض شده است که بین میش‌های دوقلوزا و تکقلوزا از لحاظ باروری تفاوتی وجود ندارد.

سود، بازدهی اقتصادی و بیولوژیکی مربوط به میش‌ها در دو حالت محاسبه و در جدول ۲ آورده شده است. در گزارشی مربوط به بز سیاه بومی، سود بازدهی اقتصادی و بازدهی بیولوژیکی سیستم‌های مختلف پرورشی مورد مقایسه قرار گرفت. در این گزارش بازدهی اقتصادی سیستم عشایری در مقایسه با سیستم‌های مزرعه‌ای و روستایی در رتبه دوم قرار گرفت. همچنین معیار نهایی مقایسه سیستم‌ها، بازدهی اقتصادی معرفی شد. (۲).

جدول ۲. بازدهی بیولوژیکی و اقتصادی میش‌های تک قلوزا و دوقلو زای لری بختیاری در سیستم عشایری

سود* (ریال)		بازده بیولوژیکی**		بازده اقتصادی*** (%)			
به ازای هر		کل تولیدات		به ازای هر		به ازای هر	
کیلوگرم وزن		گوشت و پشم)		رأس		کیلوگرم وزن	
متابولیکی						متابولیکی میش	
میش							
میش تک	۱۱۶۳۹۱۶	۵۵۴۲۴/۵	۱/۳	۱/۱۸	۱۷۴	۸/۲۸	۰/۵۷
قلوزا							
میش دوقلوزا	۲۶۷۱۰۲۴	۱۲۷۱۹۱/۶	۲/۴	۲/۲۹	۲۳۹	۱۱/۳۸	۰/۴۱
***درآمد تقسیم بر هزینه ضربدر صد		** به ازای هر کیلوگرم وزن متابولیکی میش		*درآمد منهای هزینه			

هرچند که به طور متوسط وزن فروش هر بره دوقلو درمقایسه با هر بره تک قلو هم سن خود پایین تر است و میزان مرگ و میر در بره های دوقلو بالاتر است اما با توجه به بالا بودن هزینه های نگهداری میش‌ها در طول سال، سود به ازای هر رأس میش و به ازای هر کیلوگرم وزن متابولیکی میش برای میش‌های دوقلوزا بیش از دو برابر میش‌های تکقلوزا می باشد (۲/۳ برابر). باید توجه داشت که درآمد حاصل از یک جفت بره دوقلو کمتر از دو برابر درآمد حاصل از یک بره تک قلو است همانطور که کیلوگرم بره از شیر گرفته در میش‌های دوقلوزا دوبرابر کیلوگرم بره از شیر گرفته در میش‌های تکقلوزا نیست (جدول ۱).

همانطور که در جدول ۲ مشاهده می شود قسمت عمده بازده بیولوژیکی مربوط به تولید گوشت می باشد که در میش‌های تکقلوزا ۹۰ درصد و در میش‌های دوقلوزا ۹۵ درصد بازده بیولوژیکی کل را شامل می شود. بازدهی اقتصادی گزارش شده در جدول ۲ نشان از سود بالای پرورش گوسفند در سیستم عشایری و تحت شرایط بازار کنونی می باشد. به طوری که مشاهده می

شود تحت شرایط بازار سال ۱۳۹۰ در سیستم پرورش گوسفند عشایری هر ۱۰۰ ریال هزینه برای هر راس میش تک قلو زا ۱۷۴ ریال و برای هر راس میش دوقلوزا ۲۳۹ ریال سود به همراه دارد. این سود زیاد به خاطر افزایش بی رویه قیمت گوشت قرمز در یک سال اخیر می باشد (قیمت هر کیلوگرم وزن زنده بره در سال ۱۳۹۰ تا ۷۹۰۰۰ ریال رسید).

با توجه به اینکه معیار نهایی مقایسه سیستم‌های اقتصادی و برنامه های مختلف تولیدی، بازدهی اقتصادی می باشد (۵) می‌توان نتیجه گرفت که تحت شرایط حاکم در زمان انجام مطالعه، بازدهی اقتصادی پرورش هر راس میش دوقلوزا ۱/۳۷ برابر هر راس میش تک قلوزا بوده و افزایش درصد دوقلو زایی چه از طریق ژنتیکی و چه از طریق مدیریتی منطقی و معقول می باشد. نسبت هزینه‌ها به درآمدها برای میش‌های تک‌قلوزا و دوقلوزا کمتر از یک می باشد که نشان از سودآور بودن سیستم است اما برای میش‌های دوقلوزا وضعیت بهتر است به طوریکه با هزینه برابر، درآمد بیشتری از این میش‌ها حاصل می گردد.

منابع

- ۱ - باقری، م. ۱۳۸۹. تعیین ضرایب اقتصادی صفات مهم گوسفند لری بختیاری در سیستم عشایری. گزارش نهایی پروژه تحقیقاتی. مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان چهارمحال و بختیاری. ۵۵ صفحه.
- ۲ - وطنخواه، م. ۱۳۸۹. مقایسه بازدهی بیولوژیکی و اقتصادی در سیستم های مختلف پرورش بز سیاه بومی. چهارمین کنگره علوم دامی ایران، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران (کرج)، ایران. ۴۴۸۶-۴۴۸۹.

- 3- Dickerson, G. E. 1978. Animal size and efficiency: basic concepts. Anim. Prod., 27, 367-379.
- 4- Fitzhugh, H. A. 1978. Bioeconomic analysis of ruminant production systems. J. Anim. Sci., 46, 3: 797-806.
- 5- Van Oijen, M., M. Montano-Bermudez and M. K. Nielsen. 1993. Economical and biological efficiencies of beef cattle differing in level of milk production. J. Anim. Sci., 71: 44-50.

Biological and economical efficiencies of twin and single-lambing ewes of Lori-Bakhtiari sheep in nomadic system

Mohsen Bagheri^{*1}, Mahmood Vatankhah¹, Mehrab Faraji Nafchi²

1-Agriculture and natural resources research center of Chaharmahal and Bakhtiari province

2-Agriculture Jihad organization of Shahr-e-kord city

*Corresponding E-mail address: bagheriimohsen@yahoo.com

Abstract:

Only economical efficiency can be rational objective in animal breeding. Economical and biological efficiencies of ruminant systems results from the interacting effects of population policy, trade, political decisions and opportunity of alternative uses of natural resources. In this study, 6 flocks with 1228 head productive ewe during annual cycle of production were recorded to comparison biological and economical efficiencies of twin and single-lambing Lori-Bakhtiari ewes. Economical efficiency and profit per head and per metabolic weight of ewe were calculated by use of profit equations. The biological efficiency calculated as saleable live weight and total production per head and per metabolic weight of ewe. The results showed that, the

profit resulted from twin-lambing ewes was higher than twofold than profit from single-lambing ewes, although that, weight of lambs weaned from twin-lambing ewes were not twofold than that from single-lambing ewes. Economical efficiency per ewe was 174 and 239 and per metabolic weight of ewe estimated as 8.28 and 11.38 percent in single and twin-lambing ewes respectively. The ratio of costs to revenues in twin and single-lambing ewes was 0.41 and 0.57 respectively which show higher costs per revenues in single lambing ewes. Because of criterion of economical efficiency to comparison production systems and higher economical efficiency in twin-lambing ewes, we can say that, increasing the rate of twinning due to genetic or management procedure is rational.

Keywords: ewe-economical efficiency-biological efficiency-nomadic system

بررسی رشد گوسفندان بلوچی با استفاده از مدل های رگرسیون تصادفی با درجات برازش غیر یکسان

محمد رضا بحرینی بهزادی^{۱*}، علی اصغر اسلمی نژاد^۲، محمد رضا نصیری^۲، مصطفی محقق دولت آبادی^۱ و مصطفی قادری زفره ای^۱

۱- استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج، ۲- دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد

* نویسنده مسئول: محمد رضا بحرینی بهزادی، یاسوج، میدان شهداء، خیابان دانشجو، دانشگاه یاسوج

(bahreini@mail.yu.ac.ir)

چکیده

در این پژوهش از ۲۷۸۴۸ رکورد وزن بدن مربوط به ۴۴۹۱ رأس بره جمع آوری شده در طی ۲۰ سال (۱۳۶۸ تا ۱۳۸۷) در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد عباس آباد مشهد به منظور بررسی رشد گوسفندان بلوچی با استفاده از مدل های رگرسیون تصادفی با درجات برازش غیر یکسان استفاده شد. عوامل ثابت در نظر گرفته شده در مدل شامل سال تولد، سن مادر، تیپ تولد و جنس و عوامل تصادفی شامل اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثر ژنتیکی افزایشی مادری و اثر محیط دائمی حیوان بودند. از تابع چند جمله ای لژاندر برای برازش منحنی رشد بره ها استفاده شد. نتایج حاصل نشان داد که مدل با درجه برازش ۵ برای اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و محیط دائمی حیوان و درجه برازش ۴ برای اثر ژنتیکی افزایشی مادری مناسبتر از سایر مدل ها بود. وراثت پذیری مستقیم و مادری از تولد تا یکسالگی به ترتیب دارای یک روند افزایشی و کاهشی بودند.

واژگان کلیدی: رگرسیون تصادفی، رشد، وراثت پذیری، گوسفند بلوچی

مقدمه

وزن بدن صفت اصلی است که در ارتباط با تولید گوشت گوسفند برای انجام انتخاب مورد ارزیابی قرار می گیرد. معمولاً با این پیش فرض که ارزش های فنوتیپی وزن بدن در سنین مختلف صفات متفاوتی هستند، با استفاده از روش های تک متغیره و چند متغیره تجزیه و تحلیل می شوند. اخیراً این صفات به صورت خصوصیات با ابعاد نامحدود ارزیابی می شوند. به طوریکه فنوتیپ یک دام توسط یک تابع با اندازه گیریهایی بیشتر از تعداد محدود تفسیر می شود (۴). با توجه به اینکه این مدلها کل دامنه پیوسته اندازه گیریه را شامل شده و پیش بینی ارزش ارثی دامها در هر کجای این دامنه مقدور است، لذا این مدلها سودمندتر از سایر مدلها هستند. بنابراین یک مدل مناسب برای آنالیز صفات وزن، مدلی است که یک ساختار کو واریانس را در نظر بگیرد. گزارش شده است که مدل رگرسیون تصادفی برآوردهای ارزش ارثی را برای کل منحنی رشد و با صحت بالاتر از روشهای متداول ارزیابی مثل مدل دام چند صفتی فراهم می کند (۷).

هدف از این مطالعه، ارزیابی و بررسی رشد گوسفندان بلوچی با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی با درجات برازش غیر یکسان بود. علاوه براین، اهمیت حضور اثر مادری در آنالیز صفات وزن بدن نیز مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

اطلاعات مورد استفاده در این تحقیق پس از ویرایش شامل ۲۷۸۴۸ رکورد وزن بدن از تولد تا ۴۲۸ روزگی مربوط به ۴۴۹۱ گوسفند بلوچی متولد شده از ۱۷۹ پدر و ۱۶۴۵ مادر، جمع آوری شده در طی ۲۰ سال (۱۳۶۸ تا ۱۳۸۷) از گله شماره یک ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند بلوچی عباس آباد مشهد می باشد. افرادی که کمتر از ۴ رکورد داشتند از آنالیز خارج شدند. با توجه به اینکه در پژوهشهای گذشته که مدلهای با درجه برازش یکسان و غیر یکسان مقایسه شده بودند، گزارش شده که یک مدل با برازش غیر یکسان از اثرات تصادفی به عنوان بهترین مدل انتخاب شده بود (۲، ۳ و ۶)، در این آزمایش تابع چند جمله ای لژاندر با درجات برازش ۳، ۴ و ۵ اما به صورت غیر یکسان برای اثرات تصادفی در قالب ۸ مدل مختلف برای در نظر گرفتن شکل منحنی رشد بره ها استفاده شد. تغییرات واریانسهای باقیمانده غیر همگن نسبت به سن به صورت یک تابع پله ای با سیزده رده سنی مختلف در نظر گرفته شد. از عوامل ثابت جنس (نر و ماده)، سال تولد (۲۰ سال)، سن مادر (از ۲ تا ۹ سالگی) و تیپ تولد (تک قلو، دو قلو و سه قلو) استفاده شد. برآورد کوواریانس بین ضرایب رگرسیون تصادفی توسط الگوریتم میانگین اطلاعات (AI) و روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) و با استفاده از برنامه WOMBAT انجام شد. مدل رگرسیون تصادفی مورد استفاده عبارت است از:

$$y_{ijklm} = \mu + S_i + Y_j + D_k + T_l + \sum_{r=1}^3 \beta_r t^r + \sum_{s=1}^S \alpha_{sijklm} \phi_s(t^*) + \sum_{s=1}^S \gamma_{sijklm} \phi_s(t^*) + \sum_{s=1}^S \delta_{sijklm} \phi_s(t^*) + \varepsilon_{sijklm} \quad (\text{معادله ۱})$$

که در این معادله، y_{ijklm} هر یک از رکوردهای مربوط به وزن بدن، μ میانگین جمعیت، S_i اثر ثابت جنس بره، Y_j اثر ثابت سال تولد، D_k اثر ثابت سن مادر، T_l اثر ثابت تیپ تولد بره، β_r ضریب رگرسیون ثابت درجه سه، t سن (روز)، t^* سن استاندارد شده در دامنه ۱+ و ۱-، Φ_s مقدار S مین چند جمله ای لژاندر در سن استاندارد t^* ، α_{sijklm} ضریب رگرسیون تصادفی برای اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم، γ_{sijklm} ضریب رگرسیون تصادفی برای اثر ژنتیکی افزایشی مادری، δ_{sijklm} ضریب رگرسیون تصادفی برای اثر محیط دائمی حیوان و ε_{sijklm} اثر خطای اندازه گیری تصادفی است.

پس از تعیین بهترین مدل رگرسیون تصادفی با درجات برازش غیر یکسان، این مدل با درجات برازش یکسان و همچنین بدون اثر ژنتیکی مادری مورد آنالیز قرار گرفت. به منظور بررسی تاثیر غیر یکسان بودن درجات برازش و اهمیت حضور اثر مادری در آنالیز، این مدل ها مقایسه شدند. مرتبه چند جمله ای در مدلهای رگرسیون تصادفی مختلف به صورت $LegK_a K_m K_{pe}$ نشان داده شده است، که K_a مرتبه تابع کوواریانس برای اثر افزایشی مستقیم، K_m مرتبه تابع کوواریانس برای اثر افزایشی مادری و K_{pe} مرتبه تابع کوواریانس برای اثر محیط دائمی حیوان است.

نتایج و بحث

اجزاء مدل های رگرسیون تصادفی برازش یافته و مقایسه آنها در جدول ۱ ارائه شده است. نتایج حاصل از آزمون نسبت درستنمایی و بررسی سایر شاخصهای نیکویی برازش نشان داد که مدل Leg545 با ۵۳ پارامتر بهترین برازش را داشت و به عنوان بهترین مدل انتخاب شد.

جدول ۱ - مقایسه مدل های رگرسیون تصادفی مورد استفاده توسط شاخصهای مختلف

مدل	K_a	K_m	K_c	np	logL	AIC	BIC
Leg335	۳	۳	۵	۴۰	-۳۷۳۰۶/۵	۷۴۶۹۲/۹	۷۵۰۲۲/۳
Leg344	۳	۴	۴	۳۹	-۳۷۳۹۴/۱	۷۴۸۶۶/۱	۷۵۱۸۷/۲
Leg345	۳	۴	۵	۴۴	-۳۷۲۵۶/۹	۷۴۶۰۱/۷	۷۴۹۶۳/۹
Leg434	۴	۳	۴	۳۹	-۳۷۳۶۹/۹	۷۴۸۱۷/۷	۷۵۱۳۸/۸
Leg435	۴	۳	۵	۴۴	-۳۷۲۳۴/۵	۷۴۵۵۶/۹	۷۴۹۱۹/۲
Leg445	۴	۴	۵	۴۸	-۳۷۲۱۸/۹	۷۴۵۳۳/۸	۷۴۹۲۸/۹
Leg535	۵	۳	۵	۴۹	-۳۷۰۶۱/۵	۷۴۲۲۰/۹	۷۴۶۲۴/۴
Leg545	۵	۴	۵	۵۳	-۳۷۰۲۱/۸	۷۴۱۴۹/۵	۷۴۵۸۵/۹

K_a = درجه برازش اثر ژنتیکی مستقیم، K_m = درجه برازش اثر ژنتیکی مادری، K_c = درجه برازش اثر محیط دائمی حیوان، np = تعداد پارامترهای مدل، logL = لگاریتم درستنمایی، AIC = شاخص اطلاعات آکائیک، BIC = شاخص اطلاعات بیزی

اگر شاخصهای نیکویی برازش این مدل با مدل متناظر با درجات برازش یکسان (Leg555) مقایسه شود، مشخص می شود که کاهش درجه برازش اثر تصادفی ژنتیکی مادری از ۵ به ۴ باعث افزایش لگاریتم درستنمایی و کاهش در AIC و BIC می شود. لگاریتم درستنمایی، AIC و BIC مدل Leg555 به ترتیب برابر با -۳۷۲۹۶/۴، -۷۴۷۰۸/۸ و ۷۵۱۸۶/۳ بود. لذا مدل Leg545 یک مدل با ساختار کوچکتر از مدل Leg555 می باشد و این بدین معنی است که با تعداد پارامتر کمتر می توان یک توصیف دقیقتر از تنوع وضعیت اثرات تصادفی در طی مسیر رشد ارائه کرد.

وراثت پذیری مستقیم برآورد شده توسط بهترین مدل (Leg545) از بدو تولد تا سن یکسالگی روند تقریباً افزایشی داشت. این روند افزایش وراثت پذیری مستقیم همراه با افزایش سن در گزارشهای سایر محققین (۲، ۵ و ۶) نیز وجود دارد. احتمالاً بالا رفتن سن و افزایش تدریجی وراثت پذیری مستقیم به دلیل افزایش بیان ژن های با اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم بر رشد بدن و کاهش اثرات مادری در مراحل سنی بالاتر باشد. برآورد وراثت پذیریهایی مستقیم حاصل از مطالعه حاضر در تمام سنین کمتر از مطالعه عباسی و همکاران (۱) می باشد و این تفاوت در سنین اولیه بیشتر است. این محققین در مدل خود از اثرات مادری استفاده نکرده بودند. چشم پوشی از اثرات مادری می تواند علت اصلی تفاوت در برآورد وراثت پذیری مستقیم در این دو تحقیق باشد. وراثت پذیری مادری از تولد تا سن یکسالگی روند کاهشی نشان داد. با توجه به بالاتر بودن وراثت پذیری مادری در سنین اولیه، چنانچه انتخاب دامها بر اساس وزن بدن در سنین اولیه انجام گیرد، قابلیت مادری میش ها افزایش خواهد یافت.

به منظور تاکید نقش اثر مادری در آنالیز صفت وزن بدن در گوسفند بلوچی، بهترین مدل رگرسیون تصادفی انتخاب شده، بدون در نظر گرفتن این اثر مورد آنالیز قرار گرفت. برآوردهای وراثت پذیری مستقیم حاصل از این دو مدل در جدول ۲ ارائه شده است. به وضوح مشخص می شود که با در نظر نگرفتن اثر ژنتیکی مادری در آنالیز، برآوردهای وراثت پذیری مستقیم به شدت افزایش می یابد و این تفاوت در سنین اولیه که این اثر، نقش مهمتری دارد نیز بیشتر از سنین پایانی است. لذا وقتی که فقط اثر ژنتیکی مستقیم در مدل باشد، مولفه واریانس مربوط به اثر ژنتیکی مادری در مولفه واریانس ژنتیکی حیوان ظهور پیدا کرده و باعث برآورد بالاتر ضریب وراثت پذیری مستقیم می شود.

جدول ۲ - مقایسه وراثت پذیری مستقیم وزن بدن در سنین مختلف حاصل از دو مدل مورد استفاده جهت بررسی اهمیت اثر

مادری

سن (روز)	۱	۳۰	۶۰	۹۰	۱۲۰	۱۵۰	۱۸۰	۲۱۰	۲۴۰	۲۷۰	۳۰۰	۳۳۰	۳۶۰
Leg55	۰/۳۵	۰/۲۹	۰/۲۸	۰/۲۱	۰/۱۸	۰/۲۲	۰/۲۶	۰/۲۲	۰/۲۵	۰/۲۹	۰/۳۱	۰/۲۸	۰/۳۳
Leg545	۰/۱۶	۰/۲۰	۰/۱۷	۰/۱۰	۰/۰۹	۰/۱۳	۰/۱۸	۰/۱۷	۰/۲۰	۰/۲۳	۰/۲۶	۰/۲۴	۰/۲۹

در این آزمایش این نتیجه حاصل شد که مدل‌های رگرسیون تصادفی برای تصحیح منحنی رشد در گوسفند ابزاری کارآمد هستند. از طرف دیگر باید به این موضوع توجه شود که برای طراحی استراتژی انتخاب مناسب باید این نکته را که کنترل ژنتیکی وزن در سنین اولیه رشد متفاوت از سنین پایانی است را نیز در نظر بگیریم.

منابع

۱. عباسی م.ع. واعظ ترشیزی ر. نجاتی جوارمی الف. عصفوری ر. ۱۳۸۳. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن با استفاده از مدل تابعیت تصادفی در گوسفندان نژاد بلوچی ایستگاه عباس آباد. مجله پژوهش و سازندگی، صفحه ۷۵ تا ۸۰.
۲. غفوری کسبی ف. اسکندری نسب م.پ. محمدی ح. ۱۳۸۸. مقایسه مدل‌های مختلف حیوانی در تخمین اجزای واریانس و فراسنجه های ژنتیکی وزن بدن گوسفند مهربان. مجله علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی، صفحه ۱۵۵ تا ۱۶۵.
3. Baldi, F., L.G. Albuquerque, M.M. Alencar. 2010. Random regression models on Legendre polynomials to estimate genetic parameters for weights from birth to adult age in Canchim cattle. Journal of Animal Breeding and Genetics, 127: 289-299.
4. Kirkpatrick, M., N. Heckman. 1989. A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite-dimensional characters. Journal of Mathematical Biology, 27: 429-450.
5. Lewis, R.M., S. Brotherstone. 2002. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. Animal Science, 74: 63-70.
6. Safaei, M., A.R. Fallah-Khair, R. Seyed-Sharifi, H. Haghbin Nazarpak, A. Sobhabi, T. Yalchi. 2010. Estimation of covariance functions for growth trait from birth to 180 days of age in Iranian Baluchi sheep. Journal of Food, Agriculture and Environment, 8: 659-663.

7. Tier, B., K. Meyer. 2004. Approximating prediction error covariances among additive genetic effects within animals in multiple-trait and random regression models. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 121: 77-89.

Investigation of Baluchi sheep growth using random regression models with different orders of fit

Mohammadreza Bahreini Behzadi^{1*}, Ali Asghar Aslaminejad², Mohammadreza Nassiri²,
Mostafa Muhaghegh-Dolatabady¹, Mostafa Ghaderi-Zefrehei¹

1- Animal Science Department, Faculty of Agriculture, Yasouj University 2- Animal Science
Department, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad

* Corresponding E-mail address: bahreini@mail.yu.ac.ir

Abstract:

The aim of this study was to investigate growth of Baluchi sheep using random regression models with different orders of fit for the all random effects. The data was collected from total of 27848 body weight records of 4491 animals at Abbas-Abad Sheep Breeding Station, from 1990 to 2009. The fixed effects of the model were birth year, age of dam, type of birth and sex. Direct genetic, maternal genetic and animal permanent environmental effects were considered as random effects. The models were fitted to the data using Legendre polynomials for age of lambs. The model with direct genetic, maternal genetic and animal permanent environmental effects fitted by quintic, quadric and quintic Legendre polynomials, respectively, was the most adequate to describe the covariance structure of the data. Estimates of direct and maternal heritability tended to increase and decrease from birth to yearling, respectively.

Keywords: Random regression, Growth, Heritability, Baluchi sheep

تحلیل لجستیک اثر برخی سازه های محیطی بر صفت چند قلوزایی گوسفندان ایرانبلک ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد

قاسم متقی نیا^{۱*}، عبدالله صالحی منش^۲، همایون فرهنگ فر^۳، محسن احمدی شاهرخت^۴ و مجید جعفری^۵

۱ - دانشگاه پیام نور خراسان جنوبی، بیرجند، ۲- دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه گیلان، ۳- دانشیار دانشگاه

بیرجند، ۴- دانشگاه پیام نور خراسان جنوبی، زیرکوه قاین، ۵- کارشناس ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد

* نویسنده مسئول: قاسم متقی نیا، خراسان جنوبی، دانشگاه پیام نور خراسان جنوبی، گروه کشاورزی

Mottaghinia1360@yahoo.com & Mottaghinia1360@gmail.com

چکیده

در این پژوهش از ۶۰۳۰ رکورد مربوط به گوسفندان ایرانبلک حاصل از (۳۰۵۱ نر و ۲۹۷۹ ماده) حاصل از ۱۴۱ قوچ و ۱۵۲۵ میش ایرانبلک که طی ۲۹ سال "۱۳۶۲ تا ۱۳۸۹" از ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد جمع آوری شده بود، برای بررسی برخی سازه های محیطی بر صفت چند قلوزایی با استفاده از مدل تابعیت لجستیک استفاده گردید. از ۶۰۳۰ بره متولد شده، ۱۹۲۴ تک قلو و ۴۱۰۶ بره چند قلو بودند (۳۱/۹۱ درصد تک قلو و ۶۸/۰۹ درصد چند قلو). نتایج نشان داد که اثر سازه های سال تولد، جنس، شکم زایش مادر و وزن تولد بر احتمال چند قلوزایی معنی دار بود. بر اساس ضرایب تابعیت برآورد شده، سال تولد و شکم زایش بر احتمال چند قلو زایی اثر مثبت (۰/۰۲۲ و ۰/۴۱۱) و جنس (نر در مقایسه با ماده) و وزن تولد اثر منفی (۰/۲۰۷-) داشت. نسبت احتمالات برآورد شده سازه های سال تولد و شکم زایش مادر ۱/۰۲۲ و ۱/۵۰۹ و برای سازه های جنس و وزن تولد ۰/۸۱۳ و ۰/۲۰۵ بر صفت چند قلوزایی برآورد گردید

واژگان کلیدی: تحلیل لجستیک - چند قلوزایی - گوسفند ایرانبلک

مقدمه

برخی صفات کمی و مهم اقتصادی گرچه زمینه ای پلی ژنیک دارند اما تظاهر فنوتیپی گسسته مانند صفات کیفی دارند که آنالیز خطی این گونه صفات نامناسب می باشد و لازم است از آنالیز داده های گروه بندی شده استفاده نمود (۵) که مدل های خطی تعمیم یافته، الگوهایی جهت تجزیه این دسته از صفات مناسب می باشند. مدل رگرسیون لجستیک یک مدل خطی تعمیم یافته است که برای نتایج دوتایی مناسب است (۳). در مدل مزبور، احتمال قرار گرفتن در یک طبقه خاص برآورد می گردد. در مدل لجستیک، تابع ارتباطی وجود دارد که تحت عنوان لجیت^{۱۴۲} نامیده می شود. بدین ترتیب احتمال وقوع پیشامدی خاص را می توان توسط مدل لجستیک آنالیز نمود. از مدل لجستیک در برخی موارد دیگر نظیر آنالیز وقوع آبستنی، شکل ناهنجار منحنی شیردهی، دو قلوزایی و وقوع ورم پستان استفاده گردیده است (۲ و ۴). گوسفند ایرانبلک^{۱۴۳} حاصل تلاقی چرخشی بین نژادهای گوسفند بلوچی ایران و کیوس یونان است که به منظور بهبود راندمان تولید مثلی و با تأکید بر حفظ صفات پشمی و مقاومت محیطی نژاد بلوچی از سال ۱۳۵۴ در مرکز اصلاح نژاد عباس آباد مشهد سنتز شد (۱). هدف از انجام این پژوهش بررسی برخی سازه های محیطی بر صفت چند قلوزایی گوسفندان ایرانبلک ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد بود.

^{۱۴۲} Logit

^{۱۴۳} IranBlack

مواد و روش ها

در این پژوهش از ۶۰۳۰ رکورد مربوط به گوسفندان ایرانبلک حاصل از (۳۰۵۱ نر و ۲۹۷۹ ماده) حاصل از ۱۴۱ قوچ و ۱۵۲۵ میش ایرانبلک که طی ۲۹ سال "۱۳۶۲ تا ۱۳۸۹" از ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد جمع آوری شده بود، جهت بررسی برخی سازه های محیطی بر صفت چند قلو زایی استفاده گردید. ویرایش داده های خام توسط برنامه بانک اطلاعاتی فاکس پرو انجام شد. برای آنالیز اثر سازه های محیطی بر یک متغیر وابسته دو تایی^{۱۴۴} از قبیل چند قلو زایی می توان از روش آماری رگرسیون لجستیک استفاده نمود. مزیت بکارگیری روش مزبور بر مدل های خطی آن است که می توان اثر سازه های مورد نظر بر یک صفت خاص را از دید احتمالات بررسی نمود که در این پژوهش، آنالیز رگرسیون لجستیک برای صفت چند قلو زایی توسط نرم افزار آماری SPSS۱۸ انجام گرفت. متغیر پاسخ یا صفت مورد بررسی شامل چند قلو زایی در گوسفندان ایرانبلک بود و سازه های سال تولد، جنس، وزن تولد و نوبت شکم زایش مادر متغیرهای توضیحی یا مستقل بودند. شکل کلی رگرسیون لجستیک برای مدل کردن احتمال بیش از میانگین بودن صفات مورد بررسی به صورت زیر می باشد:

$$P_{ijkl} = \frac{EXP^{m+(year)_i+(lact)_j+(sex)_k+\beta_1 x_{ijkl}+e_{ijkl}}}{1+EXP^{m+(year)_i+(lact)_j+(sex)_k+\beta_1 x_{ijkl}+e_{ijkl}}}$$

m = میانگین احتمال دوقلو زایی در مقیاس لگاریتمی، $(year)_i$ = اثر I امین سال تولد، $(lact)_j$ = شکم زایش مادر، β_1 = ضریب تابعیت احتمال دوقلو زایی بر حسب وزن تولد، e_{ijkl} = باقی مانده مدل لجستیک

نتایج و بحث

از ۶۰۳۰ رأس بره متولد شده، ۱۹۲۴ رأس تک قلو و ۴۱۰۶ رأس بره چند قلو بودند (۳۱/۹۱ درصد تک قلو و ۶۸/۰۹ درصد چند قلو). نتایج حاصل از تحلیل لجستیک اثر برخی سازه های محیطی بر صفت دو قلو زایی در جدول ۱ آمده است.

جدول ۱. نتایج تحلیل لجستیک اثر برخی سازه های محیطی بر صفت دو قلو زایی گوسفندان ایرانبلک

اثر	ضریب تابعیت	اشتباه معیار	آزمون والد	سطح معنی دار	نسبت احتمالات (OR ^{۱۴۵})
سال تولد	۰/۰۲۲	۰/۰۰۴	۲۵/۴۶۳	۰/۰۰۰۱	۱/۰۲۲
جنس	-۰/۲۰۷	۰/۰۶۵	۱۰/۳۰۲	۰/۰۰۱	۰/۸۱۳
وزن تولد	-۱/۵۸۳	۰/۰۴۹	۱۰۲۳/۵۸	۰/۰۰۰۱	۰/۲۰۵

¹⁴⁴ Binary dependent variable

¹⁴⁵ Odds Ratio

شکم زایش مادر ۰/۴۱۱ ۰/۰۲۷ ۲۳۴/۹۵۹ ۰/۰۰۰۱ ۱/۵۰۹

نتایج حاصل از آنالیز تابعیت لجستیک نشان داد که اثر سازه های سال تولد، جنس، شکم زایش مادر و وزن تولد بر احتمال چند قلو زایی معنی دار بود ($P < 0/001$).

اثر ثابت سال تولد بر احتمال چند قلو زایی تأثیر معنی دار آماری داشت ($P < 0/0001$). ضریب تابعیت سال تولد برای صفت چند قلو زایی مثبت برآورد گردید ($0/022$) که نشان می دهد سازه مزبور بر چند قلو زایی اثر مثبت داشت. به عبارت بهتر، با افزایش سال، چند قلو زایی افزایش یافته است. با توجه به برآورد نسبت احتمالات^{۱۴۶} برای سازه مزبور ($1/022$)، نتیجه گیری می شود که با افزایش هر سال، احتمال این که چند قلو زایی بیش از میانگین جمعیت باشد حدود $2/2$ درصد افزایش یافته است به عبارت دیگر با افزایش هر سال چند قلو زایی $1/022$ برابر می گردد.

اثر ثابت جنس بره (نر در مقایسه با ماده) بر احتمال چند قلو زایی معنی دار ($P < 0/001$) و منفی ($-0/207$) بود. نسبت احتمالات برآورد شده برای اثر جنس نر در مقایسه با ماده ($0/813$) نشان داد که بره های ماده در مقایسه با بره های نر احتمال چند قلو زایی کمتری دارند به طوری که بره های ماده حدوداً $18/7$ درصد چند قلو زایی کمتری در مقایسه با بره های نر دارند. وزن تولد بر احتمال صفت چند قلو زایی تأثیر منفی ($-1/583$) و معنی دار آماری داشت ($P < 0/0001$). نسبت احتمالات برآورد شده برای اثر وزن تولد ($0/205$) نشان داد که بره های سنگین تر در مقایسه با بره های سبک تر احتمال چند قلو زایی کمتری دارند به طوری که بره های سنگین تر حدوداً $79/5$ درصد چند قلو زایی کمتری در مقایسه با بره های سبک تر دارند. اثر نوبت شکم زایش مادر بر احتمال چند قلو زایی تأثیر مثبت ($0/411$) و معنی داری داشت ($P < 0/0001$) به طوری که نسبت احتمالات برآورد شده برای این سازه $1/509$ بود که بیانگر افزایش 51 درصدی چند قلو زایی با افزایش نوبت زایش مادر بوده است. به عبارت دیگر با افزایش شکم زایش مادر، چند قلو زایی $1/5$ برابر می گردد.

منابع

۱. متقی نیا ق. ۱۳۸۹. آنالیز فنوتیپی و ژنتیکی صفت وزن پشم گوسفندان بلوچی ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی. دانشگاه بیرجند.

2. Bahri Binabaj, F., H, Farhangfar., Y, Shamshirgaran. and A, Taheri. 2010 Analysis the probability of pregnancy after the first insemination in Iranian Holstein cow using a logistic statistical approach. In Proceedings of the 61th Annual Meeting of the European Association for Animal Production (EAAP), Heraklion, Greece, p. 177. (Abstract)
3. Fang J.Q. 2005 Medical Statistics and Computer Experiments. World Scientific Publishing Co. LTD, Singapore.
4. Farhangfar H., A, Abedini., H, Naeemipour., M.R Asghari. And M.H, Fathi Nasri. 2008. Using logistic regression model to analyse some environmental factors affecting mastitis incidence of primiparous Iranian Holsteins. Journal of Animal Science Vol. 86, Supplement 2/ Journal of Dairy Science 91:1-6. (Abstract)

¹⁴⁶ Odds ratio

5. Wiggans G.R. and N, Gengler. 2002 Genetic selection: evaluation and methods, Encyclopedia of Dairy Science. P. Fox and J. Fuquay (eds.). Elsevier Science Ltd., Academic Press, London, Royaume-uni. 2, 1207-1212.

Logistic analysis of some environmental effects on Twinning in IranBlack sheep in Abbas Abad breeding center of Mashhad

Mottaghinia G^{1*}, Salehimanesh A², Farhangfar H³, Ahmadi M⁴, Jafari M⁵

1-MSc, Lecturer of Payame Noor University, Southern Khorasan Province, Birjand, Iran

2-M.Sc student, Department of Animal Science, University of guilan, Iran

3-Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Birjand,

4-M.Sc, Lecturer of Payame Noor University, Southern Khorasan Province, Qaen, Iran

5- B.Sc. Expert, Agricultural Jihad Organization, Mashhad, Iran

* Corresponding E-mail address: Mottaghinia1360@yahoo.com

Mottaghinia1360@gmail.com

Abstract

In this research, a total of 6030 records of Iran Black sheep (3,051 males and 2,979 females) progeny of 141 rams and 1525 ewes of Iran Black collected during 1973-2010 (29 years) from Abbas Abad breeding centre, Mashhad were utilized for investigating some environmental effects on Twinning in IranBlack sheep using logistic regression model. From the 6030 lambs born, were 1924 single lambs and 4106 twin lambs respectively (31.91% single and 68.09% multiple). The results showed that birth year, sex, calving number in dam and birth weight had significant influence on twin odds. Based upon estimated regression coefficients, factors of year birth and number calving in dam had positive effect (0.022 and 0.411) and factors sex and birth weight had negative effect (-0.207 and -1.583). Estimated odds ratios for birth year, calving number in dam, males (as compared to females) and birth weight, were 1.022, 1.509, 0.813 and 0.205 for twinning, respectively.

Keywords (Times New Roman 12 Bold): logistic analysis-Twinning- IranBlack sheep

مقایسه مدل‌های رشد غیر خطی در گوسفند لری بختیاری

موسی ارجمند^۱، ابراهیم اسدی خشویی^۲، کورش غلامحسینی^۳

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهرکرد ۲- استادیار دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهرکرد، گروه علوم

دامی ۳- مرکز تحقیقات کشاورزی شهرکرد

* نویسنده مسول: موسی ارجمند، یاسوج- زیرتل فرعی ۵ - کد پستی ۷۵۹۱۸۹۷۱۹۶، mo_arjemand@yahoo.com

چکیده

هدف از این مطالعه تعیین بهترین مدل غیر خطی رشد که تشریح کننده رابطه وزن بدن با سن در گوسفند لری بختیاری است. داده‌های اوزان بدن ۱۳۰۰ راس بره از تولد تا یکسالگی استفاده شد. چهار مدل غیر خطی رشد شامل برودی، لجستیک، وان‌برتالنفی و گومپرتز بر روی داده‌ها برازش داده شد. صحت مدل‌ها بر اساس ضریب تبیین (R^2)، میانگین مربعات خطا (MSE)، شاخص اطلاعاتی آکایک (AIC)، شاخص اطلاعاتی بیزین (BIC) و لگاریتم درست‌نمایی (LogL) تعیین شد. نتایج حاصل نشان می‌دهد مدل‌های رشد برودی و وان‌برتالنفی با داشتن بالاترین دقت، کمترین خطا و حداکثر لگاریتم درست‌نمایی بهتر از سایر مدل‌ها می‌توانند رشد را در گوسفند لری بختیاری پیش‌بینی کنند.

واژه‌های کلیدی: مدل‌های غیرخطی رشد - گوسفند لری بختیاری.

مقدمه

رشد یکی از مهم‌ترین ویژگی‌های حیوانات مرزعه‌ای بوده و از زمان‌های پیش مورد مطالعه قرار گرفته است. افزایش وزن زنده یا اندازه بدن حیوان بر خلاف سن به عنوان توصیف کننده رشد استفاده می‌شود. تغییرات در وزن بدن یا ابعاد بدن در یک دوره زمانی به وسیله منحنی‌های رشد توصیف می‌گردد. آگاهی از روابط فنوتیپی و ژنتیکی میان وزن زنده، درجه بلوغ و نرخ رشد برای فرموله کردن برنامه‌های اصلاح نژادی به منظور بهبود بازده تولیدی در طول عمر مفید حیوان ضروری است (۴). رشد حالت منحنی دارد و برای تعیین رابطه بین وزن بدن و سن در طول عمر مفید حیوان از مدل‌های غیرخطی استفاده می‌گردد (۵) هدف از این مطالعه تعیین بهترین مدل‌های تشریح کننده رشد در گوسفند لری بختیاری با استفاده از مدل‌های غیر خطی برودی، لجستیک، وان‌برتالنفی و گومپرتز می‌باشد.

مواد و روش‌ها

داده‌های اوزان بدن تولد، شیرگیری، ۶ ماهگی، ۹ ماهگی و ۱۲ ماهگی از ۱۳۰۰ راس بره لری بختیاری که در سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۸ در ایستگاه پرورش و توسعه گوسفند لری بختیاری جمع‌آوری شده بود استفاده شد. برای پیش‌بینی مدل‌های رشد برودی، لجستیک، وان‌برتالنفی و گومپرتز از نرم‌افزار SAS (ver 9.0) و رویه NLIN استفاده شد که اجزای این توابع در جدول ۱ ارائه شده است. بهترین مدل‌ها بر اساس ضریب تبیین (R^2)، میانگین مربعات خطا (MSE)، شاخص اطلاعاتی آکایک (AIC)، شاخص اطلاعاتی بیزین (BIC) محاسبه صورت گرفته و لگاریتم درست‌نمایی (LogL) تعیین شدند. سپس اثر عوامل محیطی جنس بره، سن مادر و تیپ تولد بر روی پارامترهای مدل با استفاده از رویه GLM نرم‌افزار آماری SAS (ver 9.0) تجزیه و تحلیل شدند.

جدول ۱- مدل‌های تشریح کننده رشد

مدل	تابع	اجزاء مدل ها
وان برتالنفی	$w_t = A * (1 - B * \exp(-K * t))^3$	وزن بدن در زمان مورد نظر $w_t = (t)$
گومپرتز	$w_t = A * \exp(-K * t)$	وزن مجانبی یا وزن بلوغ $A =$
لجستیک	$w_t = A / (1 + B * \exp(-k * t))$	نرخ رشد از تولد تا بلوغ یا نقطه عطف
		$B =$ منحنی
برودی	$w_t = A * (1 - B * \exp(-k * t))$	$K =$ نرخ بلوغ

نتایج و بحث

برآورد پارامترها و معیارهای تعیین بهترین مدل‌های غیر خطی رشد مختلف در جدول ۲ ارایه شده است. مدل برودی از لحاظ ضریب تبیین، میانگین مربعات خطا و شاخص اطلاعاتی آکایک بهترین برازش را داشته است. همچنین بعد از آن مدل وان برتالنفی بهترین ضریب تبیین و کمترین خطا را دارد. دو مدل مذکور از نظر شاخص اطلاعاتی آکایک کمترین مقدار را دارند که نشان می‌دهد مدل برودی و وان برتالنفی پیش‌بینی بهتری از رشد را در گوسفند نژاد لری بختیاری خواهند داشت. نتایج حاصل با نتایج گوبانگ بوج و همکاران (۱) مطابقت دارد. ایدون و همکاران مدل گومپرتز را به عنوان بهترین مدل تشریح کننده رشد در گوسفندان مورکامون و کیورسک تعیین کردند (۳). اثر جنس بر روی پارامترهای A ، B و K مدل برودی، B و K در مدل ون برتالنفی، A و B در مدل گومپرتز و A و K در مدل لجستیک اثر معنی‌دار ($P < 0.05$) نشان داد. تیپ تولد بر A ، B و K مدل برودی، K در مدل گومپرتز و B و K در مدل لجستیک و K در مدل ون برتالنفی اثر معنی‌دار ($P < 0.05$) نشان داد. اثر فاکتور سن مادر بر روی پارامترهای K در مدل لجستیک، B و K در مدل برودی اثر معنی‌دار ($P < 0.05$) نشان داد. سایر فاکتورهای محیطی بر روی پارامترهای مدل‌ها اثر معنی‌دار نشان ندادند مشابه با نتایج این تحقیق بطحایی و لوری (۲) در گوسفند مهربان نیز بهترین مدل را برودی گزارش کردند. استفاده از این مدل‌ها می‌تواند در تعیین سیستم تغذیه مناسب، مشکلات مدیریتی و طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی در گله کمک گرفت.

جدول ۲- برآورد پارامترها و معیارهای تعیین بهترین مدل

مدل	A	B	K	$R^2(\%)$	MS E	LOGL	BIC	AIC
ون	۵۴/۲۸	۰/۷۶	۰/۴۱	۹۳	۶/۷	۵۳۳۱۰	۵۳۳۴۶	۵۳۳۱۸
برتالنفی								
گومپرتز	۵۳/۹	۳/۱۵	۰/۴۷	۹۲	۶/۴	۵۳۵۱۲	۵۳۵۴۸	۵۳۵۲۰
لجستیک	۵۳/۵۳	۸/۱	۰/۶۲۸	۹۰	۶/۹	۵۴۱۳۳	۵۴۱۶۹	۵۴۱۴۱
برودی	۵۵/۴۷	۵/۲۶	۰/۲۹۷	۹۴	۶	۵۳۰۷۴	۵۳۳۱۰	۵۳۰۸۲

A = وزن مجانبی B = نرخ رشد از تولد تا بلوغ K = نرخ بلوغ R^2 = ضریب تبیین MSE = میانگین مربعات خطا LogL = لگاریتم درست‌نمایی BIC = معیار اطلاعاتی بیژین AIC = شاخص اطلاعاتی آکایک

منابع

1. Albuquerque L. G., Gbangboch A. B., Glele-Kakai R., Leroy P. L. & Salifou S. (2008) Comparison of non-linear growth models to describe the growth curve in West African dwarf sheep. *Animal Journal*, 2, 1003 - 1012.
2. Bathaei S.S. & Leroy P. L. (1996) Growth and mature weight of Mehrab Iranian fat-tailed sheep. *Small Rumin Research Journal*, 22, 155 – 162.
3. Eydurán E., Kucuk M., Karakus K. & Ozdemir T. (2008) New approaches to determination of the best nonlinear function describing growth at early phases of Kivircik and Morkaraman breeds. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 7, 799-804.
4. Keskin, I., Dag B. Sariyel V. Gokmen M. (2009) Estimation of growth curve parameters in Konia Merino sheep. *South African Journal of Animal Science*, 39 (2), 163-168.
5. Tariq, M. M., Bjawa M. A., Waheed A., Eydurán E., Abbas F. Bokhari F. A. & Akbar A. (2011) Growth curve in Mengali sheep breed of Balochistan. *The journal of Animal & Plant Science*, 21(1): 5-7.

Comprison nonlinear growth models for Lori- Bakhtiari sheep

M. Arjemand¹, E. Asadi-khashoei², K. Gholamhosseini³¹M.Sc. student, Animal Science Department, Agricultural college, shahrekord, Iran²Assistant prof., Animal Science Department, Agricultural college, shahrekord, Iran³Agricultural Research Center, Shahrekord, Iran

Abstract

The aim of this study was to determine best growth nonlinear model to explaine relationship body weight with age in Lori bakhtiari sheep. Body weights data of Lori Bakhtiari lambs from brith to yearling were used. Four nonlinear growth models of Brody, Logestic, Vonbertalenfy and Gompertz were fitted to the body-weight data. Accuracy of the model were determined by coefficient determination (R^2), mean square error (MSE), Akaike information criterion(AIC), bysian information criterion(BIC) and log likelihood(LogL). It is concluded that Brody and vonbertalenfy models are the best for the prediction of Lori Bakhtiari sheep growth with the high accuracy, low error and Log Likelihood.

Key words: growth nonlinear model - Lori Bakhtiari sheep

بررسی اثر تیپ تولد و سن هنگام جفتگیری والدین بر صفات وزن تولد و شیرگیری گوسفندان ایرانبلک ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد

قاسم متقی نیا^{۱*}، عبدالله صالحی منش^۲، همایون فرهنگ فر^۳، محسن احمدی شاهرخت^۴ و مجید جعفری^۵
۲ - دانشگاه پیام نور خراسان جنوبی، بیرجند، ۲- دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه گیلان، ۳- دانشیار دانشگاه بیرجند، ۴- دانشگاه پیام نور خراسان جنوبی، زیرکوه قاین، ۵- کارشناس ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد
* نویسنده مسئول: قاسم متقی نیا، خراسان جنوبی، دانشگاه پیام نور خراسان جنوبی، گروه کشاورزی
Mottaghinia1360@yahoo.com & Mottaghinia1360@gmail.com

چکیده

در این پژوهش از ۱۱۴۴۱ رکورد وزن تولد و شیرگیری گوسفندان ایرانبلک که طی ۲۹ سال "۱۳۶۲ تا ۱۳۸۹" از ایستگاه اصلاح - نژاد عباس آباد مشهد جمع آوری شده بود، جهت بررسی اثر سن هنگام جفتگیری و تیپ تولد والدین بر صفات وزن تولد و شیرگیری استفاده گردید. اثر سازه های محیطی بر صفات مزبور توسط یک مدل مختلط خطی و با استفاده از نرم افزار آماری ۹/۱ SAS آنالیز شد. میانگین حداقل مربعات وزن تولد برای بره های نر و ماده به ترتیب ۳/۴۳ و ۳/۲۳ کیلوگرم و برای وزن شیرگیری به ترتیب ۲۱/۵۱ و ۱۹/۳۵ کیلوگرم بود. بره های نر درمقایسه با بره های ماده و بره های تک قلو در مقایسه با بره های دو قلو از وزن تولد و شیرگیری بالاتری برخوردار بودند ($P < 0/01$). نتایج نشان داد که سازه های سال و ماه تولد بره، جنس و تیپ تولد بره، شکم زایش مادر بر وزن تولد و شیرگیری معنی دار بودند. اثر سن هنگام جفت گیری مادر بر وزن تولد بره های نر تک قلو ($P < 0/0002$) و ماده تک قلو ($P < 0/026$) و با ضریب تابعیت به ترتیب ۵/۶۶- و ۲/۷۸- گرم، و بر وزن شیرگیری بره های نر تک قلو با ضریب تابعیت ۲۵/۸۱- گرم معنی دار بود ($P < 0/004$). اثر سن هنگام جفت گیری پدر بر وزن تولد بره های نر تک قلو با ضریب تابعیت ۳/۸۰ گرم معنی دار بود ($P < 0/018$).

کلمات کلیدی: گوسفند ایرانبلک- سن و تیپ تولد والدین- وزن تولد و شیرگیری

مقدمه

یکی از مهمترین صفات دام های اهلی که به لحاظ اقتصادی اهمیت فراوان دارد، صفات رشد می باشند. وزن بدن و سرعت افزایش آن در سنین مختلف، رشد یک دام را به بهترین شکل بیان می کند (۸). با توجه به نتایج سایر تحقیقات انجام گرفته اهمیت عوامل تغذیه ای، مدیریتی و محیطی نقش به سزایی در کارایی تولیدات گوسفند را نشان می دهد (۲). بره هایی که در زمان تولد سنگین تر هستند و دارای وزن تولد بالاتری می باشند جهت رسیدن به یک وزن مناسب به افزایش وزن کمتری نیاز دارند. وزن تولد اولین شاخص رشد می باشد و برای اندازه گیری رشد دام در مراحل بعدی، به عنوان یک نقطه شروع، مهم است (۳). وزن تولد بر رشد بره ها تا زمان شیرگیری تأثیر می گذارد. پرواربندی بره هایی با وزن تولد بیشتر نسبت به بره هایی که وزن تولد کمتری دارند، نتایج بهتری را به همراه داشته است ولی از آنجا که وزن تولد تحت تأثیر اثرات مادری قرار می گیرد، در برنامه های اصلاح- نژادی نباید تأکید زیادی بر برتری آن نمود (۷). افزایش وزن شیرگیری بره ها هدف مهمی در پرورش گوسفند است زیرا سبب

افزایش و بهبود در بازدهی رشد و فروش بره ها می شود (۶). گوسفند ایران بلک^{۱۴۷} حاصل تلاقی چرخشی بین نژادهای گوسفند بلوچی ایران و کیوسی یونان است که به منظور بهبود راندمان تولید مثلی و با تأکید بر حفظ صفات پشمی و مقاومت محیطی نژاد بلوچی از سال ۱۳۵۴ در مرکز اصلاح نژاد عباس آباد مشهد پرورش می یابد (۴). هدف از انجام این پژوهش بررسی اثر سن هنگام جفتگیری و تیپ تولد والدین بر صفات وزن تولد و شیرگیری گوسفندان ایرانبلک ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد است.

مواد و روش ها

در این پژوهش از ۱۱۴۴۱ رکورد وزن تولد و شیرگیری گوسفندان ایرانبلک که طی ۲۹ سال "۱۳۶۲ تا ۱۳۸۹" از ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد جمع آوری شده بود، جهت بررسی اثر برخی سازه های محیطی از جمله سن به هنگام جفت گیری و تیپ تولد والدین بر صفات وزن تولد و شیرگیری استفاده گردید. تعداد بره های دارای رکورد وزن تولد و شیرگیری به ترتیب ۶۰۰۸ و ۵۴۳۳ رأس بود. ویرایش داده های خام توسط برنامه بانک اطلاعاتی فاکس پرو انجام شد. سازه های محیطی سال و ماه تولد بره، جنس و تیپ تولد بره، شکم زایش مادر، سن به هنگام جفت گیری و تیپ تولد والدین بر صفت وزن تولد و سازه های وزن تولد بره و سن هنگام شیرگیری بره علاوه بر سازه های فوق بر صفت وزن شیرگیری توسط یک مدل مختلط خطی و با استفاده از نرم افزار آماری SAS ۹/۱ آنالیز شد. مدل آماری به کار رفته به صورت زیر بود:

$$y_{ijklmn} = \mu + by_i + mb_j + sex_k + ls_l + lact_m + dam\_ls_n + sire\_ls_o + age_{ijklmnop} + dam\_age_{ijklmnop} (ls*sex)_{kl} + sire\_age_{ijklmnop} (ls*sex)_{kl} + w0_{ijklmnop} + e_{ijklmnop}$$

μ = میانگین وزن، by_i = اثر ثابت سال تولد بره، mb_j = اثر ثابت ماه تولد بره، sex_k = اثر ثابت جنس بره، ls_l = اثر ثابت تیپ تولد بره، $lact_m$ = اثر ثابت شکم زایش مادر، dam_ls_n = اثر ثابت تیپ تولد مادر، $sire\_ls_o$ = اثر ثابت تیپ تولد پدر، $age_{ijklmnop}$ = متغیر همراه سن شیرگیری (مخصوص آنالیز برای وزن شیرگیری)، $dam\_age_{ijklmnop} (ls*sex)_{kl}$ = متغیر همراه سن مادر به هنگام جفت گیری، آشیانه شده داخل گروه ترکیبی جنس- تیپ تولد، $sire\_age_{ijklmnop} (ls*sex)_{kl}$ = متغیر همراه سن پدر به هنگام جفت گیری، آشیانه شده داخل گروه ترکیبی جنس- تیپ تولد، $w0_{ijklmnop}$ = متغیر همراه وزن تولد (مخصوص آنالیز برای وزن شیرگیری)، $e_{ijklmnop}$ = اثر تصادفی باقیمانده مدل

نتایج و بحث

نتایج حاصل از آنالیز اثرات محیطی نشان داد که اثر سازه های سال و ماه تولد بره، جنس و تیپ تولد بره، نوبت شکم زایش مادر، تیپ تولد مادر و سن هنگام جفتگیری مادر بر وزن تولد تأثیر معنی دار آماری داشتند ($P < 0.001$) و سازه های سال و ماه تولد بره، جنس و تیپ تولد بره، شکم زایش مادر، سن شیرگیری بره، وزن تولد بره و سن هنگام جفت گیری مادر تأثیر معنی دار آماری بر وزن شیرگیری داشت ($P < 0.001$). میانگین حداقل مربعات وزن تولد و شیرگیری بره های نر و ماده و بره های تک قلو و دوقلو در جدول ۱ آمده است.

¹⁴⁷ Iran Black

جدول ۱. میانگین حداقل مربعات وزن تولد و شیرگیری (کیلوگرم) به تفکیک جنس و تیپ تولد

	جنس		تیپ تولد	
	نر	ماده	تک قلو	دو قلو
وزن تولد	۳/۴۳۲	۳/۲۲۷	۴/۴۳۹	۳/۷۱۳
	۰/۱۱۰	۰/۱۱۴	۰/۱۰۴	۰/۱۰۴
وزن شیرگیری	۲۱/۵۰۸	۱۹/۳۴۶	۲۱/۸۵۸	۱۹/۵۱۸
	۱/۰۴۱	۰/۸۰۰	۱/۰۴۱	۰/۶۰۶

بره های نر در مقایسه با بره های ماده و بره های تک قلو در مقایسه با بره های دو قلو از وزن بیشتری برای صفات وزن تولد و شیرگیری برخوردار بودند. نتایج حاصل از آزمون توکی-کرامر نشان داد که بین میانگین مربعات بین سطوح مختلف تیپ تولد (تک قلو و دو قلو) تفاوت معنی دار آماری برای صفات وزن تولد و شیرگیری ($P < 0/0001$) و تفاوت معنی دار آماری بین میانگین حداقل مربعات سطوح مختلف جنس (نر و ماده) برای وزن تولد ($P < 0/0003$) و وزن شیرگیری ($P < 0/05$) وجود داشت. علت معنی دار شدن اثر جنس بر صفات مورد مطالعه، تفاوت های فیزیولوژیک در دو جنس، اثر هورمون های جنسی و وجود تفاوت های ژنتیکی بین دام های نر و ماده می باشد که باعث رشد سریع تر حیوانات نر می گردد. بالا بودن وزن بدن در هنگام تولد و رشد روزانه بره های نر نیز در معنی دار شدن اثر جنس تأثیر دارد (۱). تفاوت وزن تولد و شیرگیری در بره های تک قلو و دو قلو می تواند تا حدودی به شرایط محیطی داخل رحم مربوط باشد. تعداد کوتیلدون های جفت، مویرگ های خونی تغذیه کننده که جنین در میان آن ها قرار گرفته است، تحت تأثیر تخمک پرانی و تعداد جنین می باشد و با افزایش تعداد جنین تعداد کوتیلدون های مربوط به هر یک از جنین ها کاهش یافته و در نتیجه تغذیه آن ها محدودتر می شود (۱). تیپ تولد، بیشترین تأثیر را بر صفات رشد قبل از شیرگیری دارد و اثر آن بر صفات رشد بعد از شیرگیری گوسفندان کمتر است (۵). ضریب تابعیت وزن شیرگیری از وزن تولد و سن شیرگیری بره به ترتیب ۱۳۶/۴ گرم و ۲/۴۸۵ کیلوگرم برآورد گردید. بره هایی که از وزن بالاتری در هنگام تولد برخوردار بوده اند، از عملکرد بالاتری برای صفات وزن شیرگیری برخوردار هستند. اثر سن هنگام جفت گیری مادر بر وزن تولد بره های نر تک قلو ($P < 0/0002$) و ماده تک قلو ($P < 0/026$) و با ضریب تابعیت به ترتیب ۵/۶۶- و ۲/۷۸- گرم و بر وزن شیرگیری بره های نر تک قلو با ضریب تابعیت ۲۵/۸۱- گرم معنی دار بود ($P < 0/004$). اثر سن هنگام جفت گیری پدر بر وزن تولد بره های نر تک قلو با ضریب تابعیت ۳/۸۰ گرم معنی دار بود ($P < 0/018$) و بر سایر بره ها در وزن تولد و بر هیچ یک از بره ها برای وزن شیرگیری معنی دار نبود. اثر تیپ تولد مادر فقط بر وزن تولد بره ها معنی دار بود ($P < 0/0001$) و بر وزن شیرگیری بره ها معنی دار نبود. تیپ تولد پدر بر اوزان تولد و شیرگیری بره معنی دار نبود.

منابع

۱. طالبی م. ع. و ادريس م. ع. ۱۳۷۷. برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی مؤثر بر صفات قبل از شیرگیری بره های لری بختیاری. مجله علوم کشاورزی ایران، ۲۹(۲): ۳۲۵-۳۳۳.

۲. کلانتر نیستانی م. ۱۳۸۳. بررسی برخی از عوامل محیطی موثر بر برخی از صفات رشد گوسفند زندی. مجله پژوهش و سازندگی. شماره دوم. ۴: ۵۸-۴۹
۳. گلیان ا. و اسدزاده ع. ۱۳۷۳. مبانی پرورش دام و طیور. انتشارات جهاد دانشگاهی. مشهد. ۴۵ ص
۴. متقی نیا ق. ۱۳۸۹. آنالیز فنوتیپی و ژنتیکی صفت وزن شیرگیری گوسفندان بلوچی ایستگاه اصلاح نژاد عباس آباد مشهد. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشکده کشاورزی. دانشگاه بیرجند
۵. واعظ ترشیزی ر. امام جمعه کاشان ن. نیکخواه ع. و حجازی م. ۱۳۷۱. بررسی اثر عوامل محیطی روی صفات قبل از شیرگیری و پارامترهای ژنتیکی آن صفات در یک گله گوسفند بلوچی. مجله علوم کشاورزی ایران، ۲۳(۲): ۴۲-۳۳.
6. Lasslo, L. L., G. E, Bradford., D. T, Torell., and B. W, Kennedy., 1985. Selection for weaning weight in Targhee sheep in two environments. II. Correlated effects. Journal of Animal Science. 61: 387-395.
7. Ligda, Ch., G, Gabriilidis., T.h, Papadopoulos., and A, Georgoudis. 2000. Investigation of direct and maternal genetic effects on birth and weaning weight of Chios lambs. Livestock Production Science. 67: 75-80.
8. Rao, S., 1997. Genetic analysis of sheep discrete reproductive traits using simulation and field data. Ph.D. Dissertation, Virginia Polytechnic Institute and State University, Blackburg

Effects of birth type and parental age at mating on birth weight and weaning weight in IranBlack sheep in Abbas Abad breeding center of Mashhad

Mottaghinia G^{1*}, Salehimanesh A², Farhangfar H³, Ahmadi M⁴, Jafari M⁵

1-MSc, Lecturer of Payame Noor University, Southern Khorasan Province, Birjand, Iran

2-M.Sc student, Department of Animal Science, University of guilan, Iran

3-Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Birjand,

4-M.Sc, Lecturer of Payame Noor University, Southern Khorasan Province, Qaen, Iran

5- B.Sc. Expert, Agricultural Jihad Organization, Mashhad, Iran

* Corresponding E-mail address: Mottaghinia1360@yahoo.com

Mottaghinia1360@gmail.com

Abstract

In this research a total of 11,441 birth and weaning weight records born from 1983 to 2010 in Abbas Abad breeding centre, Mashhad, Iran were utilized to study effects of parental age and birth type parent at mating on birth weight and weaning weight. Environmental effects were analyzed by a mixed linear model using SAS 9.1 software. Least square means in male and female lamb for birth weight were found to be 3.34 and 3.23 kg, and for weaning weight were 21.51 and 19.35 kg respectively. Male lambs compared with female lambs and single lambs compared twin lambs had higher birth weight and weaning weight ($P<0.01$). Effects of birth year and birth month, sex and birth type in lambs, calving number in dam on birth and weaning

weights were significantly. Dam age at mating in single male lambs on birth weight ($P<0.0002$) and single female lambs ($P<0.026$) with regression coefficient -5.66 and -2.78 g, and in single male lambs on weaning weight with regression coefficient -25.81 were significantly ($P<0.004$). Age of sire at mating with regression coefficient 3.80 g had statistical significant in single male lambs for birth weight ($P<0.018$).

Keywords: IranBlack sheep- Age and birth type in parent- Birth and weaning weight.

مطالعه ارتباط ژنتیکی صفات چندقلو زایی و وزن تولد گوسفند نژاد ایران بلک با استفاده از روش بیزین

کریم حسن پور^{*}، علی اصغر اسلمی نژاد، بهروز بهمنی، آرزو محمد هاشمی

گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد

^{*}نویسنده مسئول E-mail: Karimhasanpur@yahoo.com

چکیده

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات بره زایی و متوسط وزن تولد بره های هر میش (صفتی برای مادر) در نژاد ایران بلک به صورت دو صفتی (خطی - آستانه ای) تکرارپذیر انجام شد. وراثت پذیری دو صفت متوسط وزن بره های هر میش و بره زایی به ترتیب ۰/۱۴۸ و ۰/۲۶۶ و تکرارپذیری صفات ذکر شده نیز به ترتیب ۰/۶۷۴ و ۰/۳۸۱ برآورد گردید. همبستگی های فنوتیپی، محیطی و ژنتیکی بین دو صفت ذکر شده منفی و بزرگ و به ترتیب ۰/۴۸۴-، ۰/۳۶۹- و ۰/۹۶۸- به دست آمد. واژگان کلیدی: پارامترهای ژنتیکی، بره زایی، نمونه گیری گیس

مقدمه

صفت بره زایی یک صفت مهم در پرورش گوسفند و بز می باشد و در برنامه های اصلاح نژادی در هدف انتخاب قرار داده می شود. بهبود ژنتیکی این صفت و صفات رشد مناسب ترین گزینه برای بهبود سودآوری گله های گوسفند و بز ذکر شده است. اندازه گیری این صفت آسان بوده و رکوردبرداری از آن با کمترین مقدار خطا انجام می گیرد. در برنامه های اصلاح نژادی، افزایش تعداد بره به ازای هر زایش میش، به اصلاح گر اجازه انتخاب کاندیدها را از بین تعداد زیادی بره ممکن ساخته و بدین طریق منجر به افزایش شدت انتخاب و متعاقب آن افزایش صحت انتخاب می شود که این موضوع علاوه بر بهبود پیشرفت ژنتیکی برای صفت چندقلو زایی، در بهبود ژنتیکی سایر صفات نیز کمک می کند زیرا برای مثال، در صورت زیادبود تعداد بره، امکان افزایش شدت انتخاب برای صفات پشم نیز فراهم می شود که البته این موضوع به عدم یا وجود تنوع ژنتیکی کافی در صفت مذکور بستگی دارد (۲). ایجاد نژاد ایران بلک به چهار دهه قبل بر می گردد. با این حال مطالعه ای در جهت بررسی تنوع ژنتیکی موجود برای صفت بره زایی و همبستگی های ژنتیکی و غیر ژنتیکی آن با سایر صفات انجام نشده است. بنابراین هدف از این تحقیق، برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفت بره زایی به همراه بررسی پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفت متوسط وزن تولد بره های هر میش می باشد.

مواد و روش ها

در این تحقیق برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفت ذکر شده و متوسط وزن بره های متولد شده از هر میش به صورت دو صفتی (خطی - آستانه ای) تکرارپذیر انجام شد. بدین منظور تعداد ۲۷۰۱ و ۲۷۰۱ رکورد به ترتیب برای صفات متوسط وزن تولد بره ها و بره زایی مورد استفاده قرار گرفت. صفت متوسط وزن تولد بره های هر میش یک صفت پیوسته (کمی) و صفت بره زایی یا نوع تولد یک صفت گسسته (آستانه ای) هستند بنابراین برای آنالیز ژنتیکی این صفات از نرم افزار Thrgibbs1F90 از خانواده نرم افزارهای BLUPF90 استفاده شد (۱۱). این نرم افزار پارامترها را با روش بیزین و با نمونه بردای گیس برآورد می کند. تعداد نمونه های گیس ۱۰۰۰۰۰ و تعداد دوره های مورد نیاز برای گرم شدن^{۱۴۸} ۱۰۰۰۰ در نظر گرفته شد. دوره گرم شدن، تعداد

نمونه‌هایی است که در شروع زنجیره نمونه‌برداری گیس به منظور تضمین نمونه‌گیری از نمونه‌برداری پسین حاشیه‌ای صحیح نادیده گرفته می‌شود (۱). مدل‌های مورد استفاده برای هر دو صفت در این تجزیه به قرار زیر بود.

$$y_{ijklm} = \mu + f_j + by_k + cy_l + cm_m + agm + per_i + a_i + e_{ijklm}$$

که در مدل فوق y_{ijklm} امین مشاهده از صفت بهره‌زایی (بره‌زایی در سه حالت یک، دو و سه قلو مورد آنالیز قرار گرفت و زایمان‌های چهار قلو به دلیل کم بودن تعداد آن در دسته سه قلوها قرار گرفت) یا i امین مشاهده از صفت متوسط وزن بهره‌های متولد شده از هر میش، f_j اثر j امین دسته همخونی میش‌ها (۶ سطح: ضریب همخونی میش‌ها با نرم افزار CFC برآورد شد و سپس میش‌های با ضریب همخونی کمتر از ۰/۰۵ در دسته ۱، میش‌های با ضریب همخونی ۰/۰۵ تا ۰/۱ در دسته ۲ و الی آخر قرار گرفتند. در دسته ۶ میش‌های با ضریب همخونی بالاتر از ۰/۲۵ قرار داده شدند)، by_k اثر k امین سال تولد میش (۲۸ سطح ۱۳۵۹ تا ۱۳۸۶)، cy_l اثر l امین سال زایش میش‌ها (۲۸ سطح ۱۳۶۱ تا ۱۳۸۸)، cm_m اثر m امین ماه زایش (۳ سطح که متولدین فصل بهار در دسته ماه دوازدهم و متولدین فصول تابستان و پاییز در دسته ماه نهم قرار داده شدند)، agm متغیر کمکی سن میش به ماه، per_i اثر محیط دائمی میش، a_i اثر ژنتیکی افزایشی میش و e_{ijklm} اثر باقیمانده تصادفی می‌باشند. به غیر از اثر محیط دائمی، اثر ژنتیک افزایشی و باقی‌مانده، بقیه آثار ثابت در نظر گرفته شدند.

نتایج و بحث

وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفت متوسط وزن تولد بهره‌های هر میش، به ترتیب نسبتاً پایین و بالا برآورد شد. همچنین وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفت بهره‌زایی نیز از متوسط تا نسبتاً بالا برآورد شد. این دو پارامتر به همراه مولفه‌های واریانس مربوطه در جدول ۱ آورده شده است. هر سه همبستگی ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین متوسط وزن تولد بهره‌ها و بهره‌زایی منفی و بالا به دست آمد که همبستگی ژنتیکی خیلی بالا ولی همبستگی‌های محیطی و فنوتیپی متوسط برآورد شدند. همبستگی‌های فنوتیپی، محیطی و ژنتیکی به همراه مولفه‌های کوواریانس مربوطه در جدول ۲ گزارش شده است.

جدول ۱- برآوردهای واریانس‌های محیط دائمی، ژنتیکی، باقی‌مانده و فنوتیپی به همراه وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفات متوسط وزن تولد بهره‌ها و بهره‌زایی

صفت	وراثت پذیری	تکرارپذیری	واریانس باقی‌مانده	واریانس افزایشی	واریانس دائمی	محیط
متوسط وزن تولد	۰/۱۴۸	۰/۶۷۴	۰/۴۹۲ (۰/۰۲۵)	۰/۲۲۳ (۰/۰۵۹)	۰/۷۹۴ (۰/۰۶۷)	
بره زایی	۰/۲۶۶	۰/۳۸۱	۰/۲۵۰ (۰/۰۱۶)	۰/۱۰۷ (۰/۰۲۲)	۰/۰۴۶ (۰/۰۱۵)	

جدول ۲- کوواریانس و همبستگی‌های فنوتیپی، ژنتیکی و محیطی بین صفات متوسط وزن تولد بهره‌ها و بهره‌زایی

مولفه و پارامتر	فنوتیپی	محیطی	ژنتیک افزایشی
کواریانس	-۰/۳۷۸	-۰/۲۲۸ (۰/۰۱۶)	-۰/۱۵۰ (۰/۰۳۲)
همبستگی	-۰/۴۸۴	-۰/۳۶۹	-۰/۹۶۸

اعداد داخل پرانتز خطای معیار برآورد مولفه‌ها می‌باشند. فقط برای مولفه‌هایی که نرم افزار به صورت مستقیم برآورد ارائه می‌دهد خطای برآورد گزارش شده است.

وراثت‌پذیری صفت متوسط وزن تولد بهره‌های هر میش در مطالعات قبلی از پایین تا متوسط گزارش شده است و برآوردهای انجام شده دامنه وسیعی را شامل می‌شود (۱۲). وراثت‌پذیری پایین تا متوسط برآورد شده برای این صفت بدین معنی است که مادرانی

که بره‌های سنگین وزن به دنیا می‌آورند دختران آنها نیز بره‌های نسبتاً سنگینی به دنیا خواهند آورد. تکرارپذیری بالای این صفت نیز احتمالاً بیان‌گر این نکته است که مادرانی که در زایش‌های اولیه بره‌های سنگین وزن به دنیا می‌آورند در زایش‌های بعدی نیز بره‌های نسبتاً سنگین وزن به دنیا خواهند آورد و برعکس.

صفت چندقلوزایی نوعی صفت تولیدمثلی بوده و وراثت‌پذیری آن در مطالعات از پایین تا متوسط برآورد شده است. وراثت‌پذیری برآورد شده در این تحقیق از برآورد محققین دیگر که این پارامتر را 0.05 (۸)، 0.07 (۳)، 0.09 (۷)، 0.09 (۱۳)، 0.10 (۱۴) و 0.11 (۶) بزرگ‌تر است و مشابه برآورد 0.16 (۹) بوده ولی از برآورد 0.26 (۱۰) کوچک‌تر می‌باشد. تکرارپذیری صفت بره‌زایی نیز در مطالعات 0.12 (۲) و 0.18 (۹) گزارش شده است که تا حدود زیادی پایین‌تر از برآورد تحقیق حاضر است. وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفت بره‌زایی متوسط تا نسبتاً بالا به دست آمده نشان‌دهنده این موضوع است که با انتخاب میش‌های پرزا در زایش‌های اولیه، در زایش‌های بعدی نیز به احتمال زیاد شاهد زایش‌های چندقلو خواهیم بود. همچنین با این اقدام پیشرفت ژنتیکی قابل ملاحظه نیز قابل پیش‌بینی است. پس با انتخاب میش‌های چندقلوزا در سنین ابتدایی در این نژاد به عنوان دام‌دانی (انتخاب داخل نسلی)، انتخاب بین نسلی نیز به راحتی قابل انجام است.

همه همبستگی‌های موجود بین دو صفت بره‌زایی و متوسط وزن تولد بره‌های هر میش منفی و متوسط تا بزرگ به دست آمد. هانفورد و همکاران (۲۰۰۵) همبستگی ژنتیکی بین وزن تولد و بره‌زایی را مثبت و کوچک 0.24 و همبستگی محیطی را نیز 0.00 به دست آوردند. در حالی که روزاتی و همکاران (۲۰۰۲) همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین دو صفت بره‌زایی و متوسط وزن تولد بره‌ها را به ترتیب 0.24 - و 0.45 به دست آوردند و لیگدا و همکاران (۲۰۰۰) همبستگی ژنتیکی بین بره‌زایی و متوسط وزن از شیرگیری بره‌های هر میش را، که صفتی مشابه با متوسط وزن تولد بره‌های هر میش است، 0.77 - گزارش کردند. همبستگی ژنتیکی منفی و بسیار بالا و همبستگی فنوتیپی منفی و متوسط بین دو صفت مورد مطالعه نشان‌دهنده این مسئله است که میش‌هایی که چندقلو زایمان می‌کنند نسبت به میش‌های یک‌قلوزا بره‌های سبک‌وزن‌تری را به دنیا می‌آورند که در شرایط نامساعد محیطی، مراقبت و محافظت بیشتر از بره‌های چندقلو را اجتناب‌ناپذیر می‌نماید که به علت مرگ و میر بیشتر بره‌های سبک‌تر نسبت به بره‌های سنگین‌تر می‌باشد. زیرا چندقلوزایی یکی از علل خطر آفرین در مرگ و میر بره‌ها ذکر شده است (۴). افزایش مرگ و میر رویانی و در سنین اولیه بره که در حین افزایش چندقلوزایی حادث می‌شود، به دلایل سخت‌زایی، تنش‌های سرمایی، کمبودهای تغذیه‌ای و رفتارهای بد مادر^{۱۴۹} و رها کردن بره‌ها می‌باشد (۵). پس با افزایش چندقلوزایی احتمال افزایش تلفات بره‌ها به دلیل ضعیف‌تر شدن نیز وجود دارد. در یک مطالعه نشان داده شد که تقریباً $36/5$ درصد بره‌های سه‌قلو به بالا و 70 درصد بره‌های با وزن کمتر از $2/5$ کیلوگرم تلف شده بودند (۴).

نتیجه‌گیری: وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفت بره‌زایی متوسط تا بزرگ برآورد شد. به نظر می‌رسد که امکان بهبود ژنتیکی این صفت وجود داشته و می‌توان در آینده میش‌های با چندقلوزایی بیشتر به وجود آورد. البته این کار بایستی با احتیاط انجام شده و به صفات مربوط به تلفات بره‌ها و صفات رشد بره‌ها نیز توجه شود.

منابع

- ۱ - عبد‌الهی آرپناهی، ر و عباسی، م.ع. ۱۳۸۸. مقایسه مدل خطی-خطی با مدل خطی-آستانه‌ای در پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی با استفاده از داده‌های شبیه‌سازی شده. ژنتیک نوین، ۴: ۴۵-۵۲.

- 2- Abegaz, S., G. Dugma, E. Negussie, U. Gelmesa, F. Terefe and J. E. O. Rege. 2002. Factors affecting reproductive performance and estimates of genetic parameters of litter size in Horro sheep. *Journal of Agricultural Science*. 139:79-85.
- 3- Bromley, C. M., L. D. Van Vleck and G. D. Snowder. 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.
- 4- Chniter, M., M. Hammadi, T. Khorchani, R. Krit, B. Lahsoumi, M. Ben Sassi, R. Nowak and M. Ben Hamouda. 2011. Phenotypic and seasonal factors influence birth weight, growth rate and lamb mortality in D'man sheep maintained under intensive management in Tunisian oases. *Small Ruminant Research*. 99:166-170.
- 5- Gootwine, E., S. Reicher and A. Rozov. 2008. Prolific and lamb survival at birth in Awassi and Assaf sheep carrying the FecB (Booroola) mutation. *Animal Reproduction Science*. 108:402-411.
- 6- Hagger, C. 2000. Genetic and environmental influences on size of first litter in sheep, estimated by the REML method. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 117:57-64.
- 7- Hanford, K. J., L. D. Van Vleck and G. D. Snowder. 2005. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Rambouillet sheep. *Small Ruminant Research*. 57: 175-186.
- 8- Lee, J. W., D. F. Waldron and L. D. Van Vleck. 2000. Parameter estimates for numbers of lambs born at different ages and for 18-month body weight of Rambouillet sheep. *Journal of Animal Science*. 78:2086-2090.
- 9- Ligda, C. H., G. Gabriilidis, T. H. Papadopoulos and A. Georgoudis 2000. Estimation of genetic parameters for production traits of Chios sheep using a multitrait animal model. *Livestock Production Science*. 66:217-221.
- 10- Matika, O., J. B. Van Wyk, G. J. Erasmus and R. L. Baker. 2003. Genetic parameter estimates in Sabi sheep. *Livestock Production Science*. 79:17-28.
- 11- Misztal, I., S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, T. Druet and D. H. Lee. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). *Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France*, Pp. 743-744.
- 12- Rao, S. 1997 Genetic analysis of sheep discrete reproductive traits using simulation and field data. Ph.D. Dissertation. Blacksburg, Virginia.
- 13- Rao, S. and D. R. Notter. 2000. Genetic analysis of litter size in Targhee, Suffolk, and Polypay sheep. *Journal of Animal Science*. 78:2113-2120.
- 14- Rosati, A., E. Mousa, L. D. Van Vleck and L. D. Young. 2002. Genetic parameters of reproductive traits in sheep. *Small Ruminant Research*. 43:65-74.

Study the trend and genetic parameters of lambing rate of Iran black sheep using Gibbs sampling

Karim Hasanpur*, Ali Asghar Aslaminejhad, Behrooz Bahmani, Arezoo Mohammad Hashemi

Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University, Mashhad, Iran.
E-mail: Karimhasanpur@yahoo.com

Abstract

Genetic parameters of prolificacy and average birth weight of lambs traits (trait for mothers) of Iran black sheep breed were estimated using repeatability bivariate (linear-threshold)

model. The heritability of the average birth weight of the lambs and prolificacy traits were 0.148 and 0.266, respectively. Repeatability estimates of the traits were 0.674 and 0.381, respectively. The phenotypic, environmental and genetic correlations between the traits were highly negative and were -0.484, -0.369 and -0.968, respectively.

Keywords: Genetic parameters-Prolificacy-Genetic trend- Gibbs sampling

مقایسه توابع ریاضی در برازش منحنی‌های تولید شیر و تولید چربی گاومیش‌های ایرانی

کریم حسن پور*، علی اصغر اسلمی نژاد، بهروز بهمنی، آرزو محمد هاشمی

گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد

*نویسنده مسئول E-mail: Karimhasanpur@yahoo.com

چکیده

به منظور مطالعه منحنی‌های تولید شیر و تولید چربی گاومیش‌های نژادهای خوزستانی و آذری، از تعداد ۲۲۷۳۱ و ۲۱۵۷۱ رکورد روزآزمون به ترتیب برای تولید شیر و تولید چربی در دوره شیردهی اول استفاده شد. تعداد ۱۱ تابع برای برازش منحنی‌ها مورد استفاده قرار گرفت و از آماره AICc برای ارزیابی توابع استفاده شد. ارزیابی توابع با آماره AICc نشان داد که در نژاد خوزستانی، توابع دیفازیک و لژاندر به ترتیب در صفت تولید شیر و تولید چربی بهترین رتبه را داشتند و توابع رووک و کبی آخرین رتبه‌ها را به دست آوردند. در نژاد آذری نیز در صفات ذکر شده به ترتیب توابع لگاریتمی مختلط و علی‌وشفر دارای بهترین رتبه‌ها و توابع رووک و مونوفازیک دارای پایین‌ترین رتبه‌ها بودند. واژگان کلیدی: گاومیش‌های ایرانی، منحنی تولید شیر، توابع ریاضی.

مقدمه

جمعیت گاومیش دنیا در حدود ۱۸۸ میلیون راس است که در چهل و سه کشور دنیا پراکنده شده است و تقریباً ۹۷ درصد این جمعیت در کشورهای آسیایی پرورش می‌یابند. جمعیت گاومیش ایران در سال ۲۰۰۹ در حدود ۶۳۰ هزار راس تخمین زده شده است (۶). که شامل سه نژاد آذری (تقریباً ۸۰ درصد)، خوزستانی (۱۸/۸ درصد) و شمالی (کمتر از ۳ درصد) می‌باشد. عملکرد شیردهی دام‌های شیری فقط در برگیرنده صفات تولیدی رکوردبرداری شده نمی‌باشد بلکه الگوی تولید در طول دوره تولید (منحنی‌های شیردهی و سایر منحنی‌ها) را نیز شامل می‌شود. بنابراین به منظور بهبود عملکرد شیردهی دام‌های شیری، توجه به منحنی‌های صفات تولیدی آنها اهمیت زیادی دارد. توابع ریاضی مختلف با برازش‌های متفاوت منحنی و تخمین شکل منحنی بر داده‌های کل دوره شیردهی برآورد شده تاثیر می‌گذارند. بنابراین هر چه تابعی بتواند به مقدار بیشتری با داده‌های واقعی همخوانی داشته و آن را با صحت بالاتری تخمین بزند، ارزشمندتر بوده و اهمیت بیشتری دارد. مطالعات اندکی روی خصوصیات و ویژگی‌های منحنی‌های شیردهی گاومیش‌های ایران انجام شده است (۱) و اهمیت و ویژگی‌های توابع مختلف در برازش انواع منحنی‌های صفات تولیدی گاومیش مورد مطالعه قرار نگرفته است. بنابراین هدف از تحقیق حاضر، مطالعه و مقایسه توابع مختلف خطی و غیرخطی در برازش منحنی‌های صفات تولید شیر و تولید چربی بود.

مواد و روش‌ها

به منظور مطالعه منحنی‌های تولید شیر و تولید چربی گاومیش‌های نژاد خوزستانی و آذری، از تعداد ۲۲۷۳۱ و ۲۱۵۷۱ رکورد روزآزمون دوبار دوشش به ترتیب برای تولید شیر و تولید چربی در دوره شیردهی اول استفاده شد. داده‌ها مربوط به ۳۴۳۲ گاومیش بود که زایش آنها طی سال‌های ۱۳۷۲ تا ۱۳۸۸ توسط مرکز اصلاح نژاد رکوردبرداری شده بود. از داده‌های گاومیش‌هایی

که حداقل ۴ رکورد روزآزمون داشتند، استفاده شد. داده‌های ثبت شده پس از ۳۰۰ روز (۱۰ رکورد روزآزمون) بعد از زایش حذف شدند. همچنین رکوردهای غیر معمول از داده‌ها حذف شده و در صورت امکان تصحیح شدند. برای برازش منحنی‌ها از متوسط تولید شیر و تولید چربی گاوهای در فواصل دوهفته‌ای استفاده شد. برای برازش منحنی‌ها از ۱۱ تابع استفاده شد که فرمول، کد و منبع آنها در جدول ۱ آورده شده است.

رویه‌ی NLIN نرم افزار SAS برای برازش توابع استفاده گردید. معیار همگرایی 10^{-4} در نظر گرفته شد و از روش تکرار گواس و نیوتن برای همگرایی استفاده شد. برای مقایسه توابع از آماره $AICc$ استفاده شد که فرمول آن به قرار زیر است.

$$AICc = n \log(RSS/n) + 2K(n/n - K - 1)$$

که در آن RSS مجموع مربعات باقی‌مانده مدل‌ها بوده و n تعداد مشاهدات و K تعداد پارامتر موجود در مدل می‌باشند. بعد از محاسبه مقادیر آماره $AICc$ از نتایج توابع مختلف، مقادیر Δ به طریق زیر محاسبه شد و رتبه‌بندی توابع برحسب مقادیر عددی Δ انجام گردید.

$$\Delta_i = AICc_i - AICc_{\min}$$

که در آن $AICc_i$ مقدار آماره تابع i ام و $AICc_{\min}$ کوچک‌ترین مقدار آماره در بین همه توابع می‌باشد.

جدول ۱- توابع مورد استفاده برای برازش منحنی‌های تولید شیر و تولید چربی

تابع	کد	منبع	مدل
علی‌وشفر	as	۲	$y_t = a + b(\frac{t}{305}) + c(\frac{t}{305})^2 + d(\frac{305}{t}) + f(\frac{305}{t})^2$
کبی	cob	۱۲	$y_t = a - bt - ae^{-ct}$
دیجسترا	dij	۴	$y_t = a \exp[b(1 - e^{-ct}) / c - dt]$
دیفازیک	diph	۷ و ۸	$y_t = ab[1 - \tanh^2(b(t - c))] + dg[1 - \tanh^2(g(t - f))]$
لژاندر مرتبه سوم	leg	۱۰	$y_t = 0.7071a_0 + (1.2246t)a_1 + (2.3717t^2 - 0.7906)a_2 + (4.6771t^2 - 2.8067t)a_3$
لگاریتمی مختلط	mix	۹	$y_t = a + bt^{0.5} + c \ln(t)$
مونوفازیک	mon _o	۷ و ۸	$y_t = ab[1 - \tanh^2(b(t - c))]$
چندجمله‌ای معکوس	pi	۱۲	$y_t = 1/(a + bt^{-1} + ct)$
رووک	rook	۴	$y_t = a(1 - b_1e^{-b_2t})e^{-ct}$
وود	wood	۱۴	$y_t = at^be^{-ct}$
ویلمینک	wil	۱۳	$y_t = a + bt + ce^{-0.05t}$

y_t تولید شیر یا تولید چربی در زمان t بوده، $a, b, c, d, g, f, a_0, a_1, a_2, a_3$ پارامترهای مورد برآورد می‌باشند و e نیز عدد نپر است.

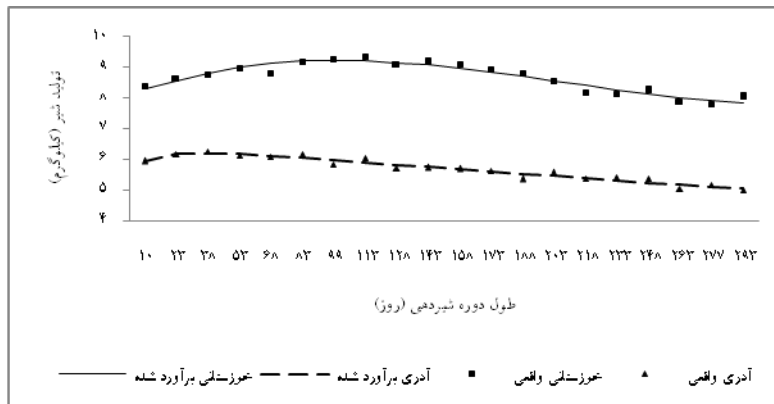
نتایج و بحث

در رتبه‌بندی‌های توابع بر اساس مقادیر $AICc$ و Δ در نژاد خوزستانی، توابع دیفازیک و لژاندر به ترتیب در صفت تولید شیر و تولید چربی بهترین رتبه را داشتند و توابع رووک و کبی نیز آخرین رتبه‌ها را به دست آوردند. در نژاد آذری نیز در صفت تولید شیر و تولید چربی به ترتیب توابع لگاریتمی مختلط و علی‌وشفر دارای بهترین رتبه بودند و توابع رووک و مونوفازیک دارای پایین‌ترین رتبه‌ها بودند. در بررسی کلی توابع و برحسب جمع رتبه‌ها در دو نژاد و دو صفت مورد مطالعه، توابع دیفازیک و علی‌وشفر به ترتیب رتبه‌های اول و دوم و توابع کبی و رووک به ترتیب رتبه‌های دهم و یازدهم را داشتند. رتبه توابع مختلف برحسب مقادیر عددی Δ در برازش منحنی‌های تولید شیر و تولید چربی در دو نژاد مورد مطالعه در جدول ۲ نشان داده شده است.

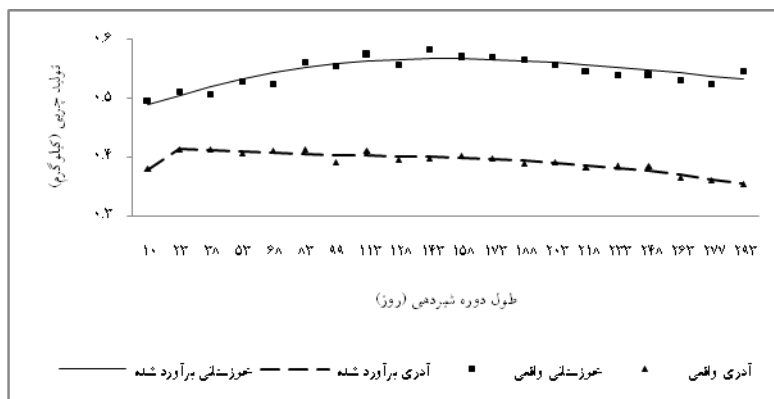
جدول ۲- رتبه توابع مختلف برحسب مقادیر عددی Δ در برازش منحنی‌های تولید شیر و تولید چربی نژادهای خوزستانی و آذری

نژاد	صفت	wil	wood	Rook	pi	Mon o	mi x	leg	diph	dij	cob	as
خوزستانی	تولید شیر	۸	۶	۱۱	۹	۵	۷	۲	۱	۳	۱۰	۴
	تولید چربی	۸	۶	۱۰	۹	۴	۷	۱	۲	۳	۱۱	۵
آذری	تولید شیر	۳	۶	۱۱	۲	۱۰	۱	۹	۸	۴	۵	۷
	تولید چربی	۷	۳	۶	۵	۱۱	۴	۱۰	۲	۹	۸	۱

بعد از تعیین مناسب‌ترین تابع برای هر کدام از صفت‌ها در نژادهای آذری و خوزستانی، منحنی‌های تولید شیر و تولید چربی با استفاده از آنها به ترتیب در شکل‌های ۱ و ۲ نشان داده شده است. با توجه به شکل ۱، علاوه بر بالا بودن تولید شیر در نژاد خوزستانی نسبت به نژاد آذری، وقوع دیرتر اوج تولید در منحنی‌های آن نمایان است. علاوه بر آن، یکنواختی نسبی و با تداوم بالاتر تولید در طول دوره شیردهی، نشان دهنده ظرفیت ژنتیکی بالای این نژاد برای تولید به مدت طولانی با حداقل مشکلات تولیدمثلی و بیماری‌های متابولیکی می‌باشد. تولید چربی به خصوص در نژاد خوزستانی، بعد از اوج تولید، روند کاهشی چشم‌گیری ندارد. که نشان دهنده افزایش درصد چربی شیر در بعد از اوج تولید و با افزایش طول دوره شیردهی می‌باشد. در تحقیق حاضر توابع دیفازیک و لژاندر در نژاد خوزستانی و توابع لگاریتمی مختلط، علی‌وشفر و دیفازیک در نژاد آذری قابل توصیه هستند. در برازش منحنی‌های صفات تولیدی گاو میش‌های ایتالیایی نیز تابع علی‌وشفر (۵) و توابع علی‌وشفر و وود (۳) صحت بیشتری نسبت به توابع دیگر داشته‌اند.



شکل ۲. برازش منحنی‌های تولید شیر در نژاد خوزستانی با تابع دیفازیک و در نژاد آذری با تابع لگاریتمی مختلط



شکل ۳. برازش منحنی‌های تولید چربی در نژاد خوزستانی با تابع لژاندر و در نژاد آذری با تابع علی و شفر

منابع

- ۱- رحمانی نیا، ج، میرزایی، ح ر، فرهنگفر، ه، امام جمعه کاشان، ن و صیادنژاد، م ب. ۱۳۸۸. تاثیر فاکتورهای محیطی بر شکل منحنی شیردهی در توده‌های گاو میش ایرانی. مجله علوم دامی ایران. ۴۰ (۲): ۵۹-۶۸.
- 2- Ali, T. E. and L. R. Schaeffer. 1987. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. Journal of Dairy Science. 67: 637-644.
- 3- Catillo, G., N. P. P. Macciotta, A. Carretta and A. Cappio-Borlino. 2002. Effects of age and calving season on lactation curves of milk production traits in Italian water buffaloes. Journal of Dairy Science. 85: 1298-1306.
- 4- Dematawewa, C. M. B., R. E. Pearson and P. M. Van-Raden. 2007. Modelling extended lactations of Holsteins. Journal of Dairy Science. 90: 3924-3936.
- 5- Dimauro, C., G. Catillo, N. Bacciue and N. P. P. Mcciotta. 2005. Fit of different linear models to the lactation curve of Italian water buffalo. Italian Journal of Animal Science. 4: 22-24.
- 6- Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2009. FAOSTAT Statistics Database. Rome: FAO. <http://apps.fao.org>.
- 7- Grossman, M. and W. J. Koops. 1988. Multiphasic analysis of lactation curves in dairy cattle. Journal of Dairy Science. 71: 1598-1608.

- 8- Grossman, M. and W. J. Koops. 2003. Modeling extended lactation curves of dairy cattle: A biological basis for the multiphasic approach. *Journal of Dairy Science*. 86: 988-998.
- 9- Macciotta, N. P. P., D. Vicario, C. Di Maura and A. Cappio-Borliao. 2004. A multivariate approach to modeling shapes of individual lactation curves in cattle. *Journal of Dairy Science*. 87: 1092-1098.
- 10- Mrode, R. A. 2005. Linear models for the prediction of animal breeding values. 2nd Edn. CBI Publishing.
- 11- Nelder, J. A. 1966. Inverse polynomials, a useful group of multi-factor response functions. *Biometrics*. 22: 128-141.
- 12- Vargas, B., W. J. Koops, M. Herrero and J. A. M. Van Arenconk. 2000. Modelling extended lactations of dairy cows. *Journal of Dairy Science*. 83: 1371-1380.
- 13- Wilink, J. B. M. 1987. Adjustment of test day milk, fat & protein yield for age, Season & stage of lactation. *Livestock Production Science*. 16: 335-348.
- 14- Wood, P. D. P. 1967. Algebra model of the lactation curve. *Nature*. 216: 164-165.

Comparison of the mathematic function in fitting milk yield and fat yield curves of Iranian buffaloes

Karim Hasanpur*, Ali Asghar Aslaminejhad, Behrooz Bahmani, Arezoo Mohammad Hashemi

Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University, Mashhad, Iran.
E-mail: Karimhasanpur@yahoo.com

Abstract

In order to study milk yield and fat yield curves of two Iranian buffalo breeds in 1st lactation, a total of 22,731 and 21,571 test-day records for each trait were used in the analyses. Eleven mathematical functions were used for fitting the lactation curves. AICc statistic was used for evaluation of the functions. The evaluation of functions based on AICc statistic showed that in Khuzestani breed Diphasic and Legendre polynomial functions were the best in fitting the milk yield and fat yield curves, respectively. However, Rook and Cobby functions acquired the lowest ranks in fitting the traits' curves. Also, the mixed log and Ali & Schaeffer functions were among the ones with the highest ranks in Azari breed. However, Rook and Monophasic functions had the lowest ranks.

Keywords: Iranian buffaloes- Milk yield curve- Mathematical function

روند ژنتیکی کاهش چربی لاشه در گوسفندان لری بختیاری

محمد علی طالبی* و محمود وطن خواه

مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان چهارمحال و بختیاری

*محمدعلی طالبی maitalebi@yahoo.com

چکیده

به منظور کاهش چربی لاشه در بره‌های لری بختیاری به مدت هشت سال از ۱۳۸۳ لغایت ۱۳۹۰ برنامه انتخاب روی گله ایستگاه توسعه، پرورش و اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری انجام گرفت. صفات مورد مطالعه وزن بدن، برآورد وزن دنبه و عمق بافت نرم در نقطه ۱۲ سانتیمتری از خط وسط پشتی بدن روی دنده دوازده در سن شش ماهگی بود. مؤلفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورد بررسی با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدود شده، تحت مدل حیوانی و به صورت تجزیه چند صفتی برآورد گردید. روند ژنتیکی صفات نیز بوسیله تابعیت میانگین ارزش‌های اصلاحی صفات بر سال تولد حیوان برآورد گردید. نتایج نشان داد میانگین برآوردهای وزن دنبه در سن شش ماهگی در بره‌های لری بختیاری ۲/۷۳ کیلوگرم بود. ضریب وراثت پذیری و خطای معیار صفات وزن بدن، وزن دنبه برآوردی و عمق بافت نرم در سن شش ماهگی به ترتیب ± 0.03 ، 0.29 ، 0.05 ± 0.40 و 0.04 ± 0.19 بود. روند ژنتیکی صفت وزن بدن در سن شش ماهگی ۲۹۷ گرم بود. روند ژنتیکی وزن دنبه با توجه به معادله برازش شده ۳۵- گرم و با ضریب تعیین بالا (۰/۹۵) بود. عمق بافت نرم حاصل از سر سوزن در سن شش ماهگی نیز روند ژنتیکی منفی (۰/۰۴۸- میلی‌متر) داشت.

کلید واژه‌ها: دنبه - چربی - روند ژنتیکی - گوسفند.

مقدمه

گوسفند نژاد لری بختیاری یکی از نژادهای درشت جثه و دنبه دار کشور است که بیشتر در استان چهارمحال و بختیاری و تحت سیستم‌های عشایری و روستائی پرورش می‌یابد. هدف اصلی از پرورش این نژاد تولید گوشت بوده و دارای ظرفیت بالقوه برای سود بیشتر از طریق مدیریت بهتر و بهبود ژنتیکی است. در نژادهای گوشتی، هدف از انتخاب، تغییر در وزن بافت‌های لاشه یا نسبت‌هایی آنها در یک سن، وزن زنده یا وزن لاشه مشخص می‌باشد. انتخاب برای این اهداف براساس اندازه گیری‌های وزن زنده، همراه با تخمین‌هایی از ترکیب لاشه از دام‌های نامزد برای انتخاب است که معمولاً براساس اندازه گیری مستقیم لاشه نتایج یا دیگر بستگان نامزدهای انتخاب انجام می‌شود. به هر حال هدف به دست آوردن نسل جدیدی از حیوانات است که نسبت به نسل قبل در شرایط آینده، تولیدی اقتصادی‌تر داشته باشند (۴).

بنابه دلایل مختلف از جمله افزایش بیماری‌های قلبی و عروقی در بسیاری از کشورها، تقاضای مصرف کنندگان برای گوشت لخم در حال فزونی است. در ارتباط با این تقاضا گوشت بره به خاطر مقدار نسبی بیشتر چربی، همچنین خوشخوراکی نسبتاً کمتر چربی، ضایعات نسبی بیشتر به خاطر قطعه بندی سنتی گوشت بره، منجر شده تا قیمت نسبی گوشت بره در مقایسه با

سایر گوشت‌ها بالا باشد. از طرفی میزان چربی لاشه گوسفند اغلب به طور قابل ملاحظه‌ای بیش از تقاضای مصرف‌کننده است. این ممکن است قسمتی به خاطر استفاده وسیع از روش‌های سنتی دامپروری باشد. در بسیاری از کشورها طرح‌های قیمت‌گذاری لاشه برای جدا سازی مؤثر لاشه‌ها با چربی متفاوت یا وجود نداشته یا به تازگی شروع شده است و پیش بینی می‌شود در آینده نزدیک صنعت پرورش گوسفند در ایران به طرف قیمت‌گذاری کامل اجزاء لاشه حرکت نماید. در طرح‌های اصلاح نژادی دو فعالیت عمده ایجاد بهبود ژنتیکی به وسیله انتخاب حیوانات بر اساس پیش بینی ارزش اصلاحی برای صفات مناسب و انتشار مواد ژنتیکی برتر به جمعیت‌های تجاری بایستی دنبال گردد (۱۴). میزان تغییرات ژنتیکی از طریق انتخاب در داخل نژاد از حدود ۰/۵ تا ۳ درصد میانگین در هر سال متغیر می‌باشد (۱۲). این تغییرات ممکن است به نظر کوچک باشد اما تجمعی و دائمی است. بهترین روش اندازه‌گیری پاسخ به انتخاب در گوسفند، اندازه‌گیری پاسخ در شرایط محیطی پرورشی است که نوسانات شرایط محیطی بر عملکرد در نظر گرفته شود (۲ و ۵).

از اینرو برنامه‌ریزی برای کاهش درصد چربی لاشه نشخوارکنندگان از سیاست‌های درازمدت بخش تولیدات دامی اکثر کشورهای پیشرفته است. یکی از روش‌های مؤثر در این خصوص انتخاب دامهای زنده دارای حداقل چربی لاشه برای اصلاح ساختار ژنتیکی گله‌داری است. بهبود ژنتیکی یک روش پیوسته و تجمعی برای بهبود ترکیب لاشه است و هزینه مؤثر زیادی دارد. در کوتاه تا میان مدت، انتخاب بین نژادها در صورتی که از نظر صفات مهم اقتصادی اختلاف داشته باشند خیلی مؤثر خواهد بود، در میان یا بلند مدت، انتخاب در داخل نژادهای مناسب‌تر خیلی با ارزش‌تر خواهد بود. لذا هدف از این تحقیق بهبود کیفیت لاشه از طریق کاهش میزان چربی لاشه در گوسفندان لری بختیاری بود.

مواد و روش‌ها

به منظور بررسی اثر انتخاب بر کاهش میزان چربی در بره‌های لری بختیاری به مدت هشت سال از ۱۳۸۳ لغایت ۱۳۹۰ بر روی گله ایستگاه توسعه، پرورش و اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری با به طور متوسط سالانه ۴۰۰ رأس میش و ۲۰ رأس قوچ صورت گرفت. این پژوهش با استفاده از اطلاعات ابعاد ظاهری دنبه، عمق بافت نرم حاصل سرسوزن و وزن بدن انجام شد. مدیریت گله به روش سیستم نیمه متحرک و روستایی بود (۱). بدین معنی که گوسفندان در فصل قشلاق از آذر ماه تا اردیبهشت ماه در محل ایستگاه و بقیه سال را در مراتع و پس چر غلات، یونجه، شبدر و سایر محصولات زراعی نگهداری می‌شدند. جفت‌گیری میش‌ها و قوچ‌های انتخاب شده از اوایل شهریور ماه شروع و تا اوایل آبان ماه به صورت کنترل شده ادامه پیدا می‌کرد. بدین ترتیب زایش گله از بهمن ماه شروع و تا فروردین ماه بود. بره‌ها در سن 90 ± 5 روزگی از شیر گرفته می‌شدند. بره‌های نر و ماده پس از شیرگیری از یکدیگر جدا شده و بره‌های ماده بر روی پس چر یونجه و گیاهان زراعی نگهداری می‌گردیدند. بره‌های نر در سال‌های مختلف با توجه به شرایط ایستگاه با جیره غذایی معمول در استان شامل یونجه، جو، تغاله خشک چغندرقد، سیوس گندم و کنجاله پنبه دانه به صورت گروهی و یا انفرادی تغذیه اختیاری و پروار می‌شدند. بره‌ها در سن شش ماهگی و در زمان کشتار توزین می‌شدند.

در این مطالعه اندازه ابعاد ظاهری دنبه شامل عرض دنبه در سه قسمت بالا، وسط و پائین؛ طول دنبه (از سطح بالای محل اتصال به بدن تا نوک آن)؛ طول شکاف دنبه (از محلی که دنبه به دو فاق تفکیک می‌شود تا نوک دنبه)؛ عمق دنبه (فاصله بین محلی که دنبه به بدن چسبیده تا انتهای دنبه در محل مماس با خطی که دنبه را به دو بخش تقسیم می‌کند) و محیط وسط و بالای

دنبه (با پیچاندن متر پارچه ای به اطراف دنبه در وسط و محلی که به بدن متصل شده است) از ۲۳۹۱ رأس بره لری بختیاری ایستگاه توسعه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری، در سن شش ماهگی اندازه گیری شد. ابعاد ظاهری دنبه با استفاده از متر پارچه ای و با دقت یک سانتی متر اندازه گیری و ثبت شد. عمق بافت نرم در نقطه ۱۲ سانتیمتری از خط وسط پشتی بدن روی دنده دوازده ۲۳۸۷ رأس بره لری بختیاری در سن شش ماهگی با فرو بردن سرسوزن شماره ۲۲ پس از مقید نمودن در جایگاه و بر طرف نمودن پشم ناحیه مورد نظر تعیین شد. از معادله تابعیت برای پیش بینی وزن دنبه با استفاده از ابعاد ظاهری دنبه و وزن زنده بدن تجزیه تابعیت چندگانه استفاده گردید (۱۳). مؤلفه های (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورد بررسی با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدود شده، تحت مدل حیوانی و به صورت تجزیه چند صفتی برآورد گردید (۶). مدل آماری مورد استفاده به صورت زیر بود.

$$y_i = X_i b_i + Z_i d_i + e_i$$

در این مدل y_i بردار مشاهدات برای i امین صفت؛ b_i بردار اثر عوامل ثابت برای i امین صفت شامل سال، نوع تولد بره، سن مادر، جنس بره، نوع پرورش پس از شیرگیری (تغذیه گروهی، انفرادی)، و ضریب تابعیت سن یا وزن در زمان رکوردگیری؛ d_i بردار اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم برای i امین صفت؛ e_i بردار اثرات تصادفی باقی مانده برای i امین صفت و X_i و Z_i ماتریس های طرح که رکوردهای i امین صفت را به ترتیب به اثر عوامل ثابت و اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی مرتبط می نمایند. در طول برنامه انتخاب، انتخاب براساس شاخص انتخاب اقتصادی که از ضرب ارزش های اصلاحی صفات در بردار ضرایب اقتصادی صفات می باشد، انجام گرفت. با توجه به تفاوت قیمت گوشت و دنبه در بازار از ضرایب ۱ و -۴ برای ارزش اقتصادی وزن بدن و برآورد وزن دنبه استفاده شد. روند ژنتیکی صفات نیز بوسیله تابعیت میانگین ارزش های اصلاحی صفات بر سال تولد حیوان برآورد گردید.

نتایج و بحث

میانگین برآورد وزن دنبه در سن شش ماهگی در بره های لری بختیاری ۲/۷۳ کیلوگرم بود. ضریب وراثت پذیری و خطای معیار وزن بدن، وزن دنبه برآوردی و عمق بافت نرم در سن شش ماهگی با وزن ثابت به ترتیب 0.05 ± 0.40 ، 0.03 ± 0.29 ، و 0.04 ± 0.19 بودند. روند ژنتیکی صفات وزن بدن، برآورد وزن دنبه و عمق بافت نرم حاصل از سر سوزن در سن شش ماهگی به ترتیب 0.29 ± 0.03 گرم، 0.03 ± 0.35 گرم و 0.07 ± 0.48 میلی متر بود. با توجه به میانگین ارزش اصلاحی وزن بدن، پیشرفت ژنتیکی مثبت و معنی داری برای وزن بدن در سن شش ماهگی در قبل از برنامه انتخاب برای کاهش اندازه دنبه وجود داشته که با شروع برنامه انتخاب نیز ادامه یافته است. از اهداف ایستگاه گوسفند لری بختیاری افزایش وزن بدن بوده و تجزیه داده ها در مدت اجرای برنامه انتخاب برای صفت وزن بدن در سن شش ماهگی با شجره کامل صورت گرفته و بدین دلیل میانگین ارزش اصلاحی در شروع برنامه انتخاب بوده است. روند ژنتیکی وزن بدن در سن شش ماهگی توسط مختاری و رشیدی (۲۰۱۰) در گوسفندان کرمانی، رشیدی و اخشی (۲۰۰۷) در گوسفندان کردی به ترتیب ۹۱ و ۱۲۹ گرم در سال گزارش شده است که پائین تر از مقدار بدست آمده برای گوسفندان لری بختیاری در این تحقیق است. در مطالعه ای پاسخ همبسته برای وزن بدن در سن شش ماهگی در گوسفندان انتخاب شده منز ۳۸۸ گرم در سال برآورد شده است (۳).

روند ژنتیکی وزن دنبه با توجه به معادله برازش شده ۳۵- گرم و با ضریب تعیین بالا (۰/۹۵) بود. روند ژنتیکی عمق بافت نرم حاصل از سرسوزن در سن شش ماهگی نیز منفی (۰/۴۸- میلی متر) و با توجه به روند کاهش وزن دنبه بوده است. سیم و

دینگوال (۱۹۸۹) برای ارزش‌های اقتصادی نسبی ۱ و ۱- به ترتیب برای گوشت و چربی، میزان پاسخ به انتخاب برای گوشت لخم و چربی به ترتیب ۱۶ و ۲۲۲- گرم در سال، و برای ارزش‌های نسبی اقتصادی ۵ و ۱- به ترتیب برای گوشت و چربی، میزان پاسخ به انتخاب برای گوشت لخم و چربی را به ترتیب ۲۱۱ و ۱۳۲ گرم در سال گزارش کرده‌اند. سیم و همکاران (۲۰۰۲) پیشرفت ژنتیکی سالانه صفات وزن زنده، عمق بافت چربی و عمق بافت عضله با اندازه‌گیری اولتراسوند را در گوسفندان سافولک به ترتیب ۰/۵۸۹ کیلوگرم، ۰/۰۹- و ۰/۳۰۱ میلی‌متر بدست آوردند که نشان دهنده افزایش میزان وزن بدن و گوشت لاشه همراه با کاهش میزان چربی بوده است. نسوسو و همکاران (۲۰۰۴) متوسط میزان پاسخ در چهار نژاد برای وزن زنده، عمق چربی و عمق عضله را به ترتیب ۰/۲۴ کیلوگرم در سال، ۰/۰۳- و ۰/۰۵ میلی‌متر در سال گزارش کرده‌اند، که نشان دهنده افزایش میزان وزن بدن و گوشت لاشه همراه با کاهش میزان چربی و موافق با نتایج این پژوهش برای کاهش میزان چربی لاشه بوده است.

منابع

- ۱) طالبی، م.ع.، س. ر. میرائی آشتیانی، م. مرادی شهر بابک و ا. نجاتی جوارمی. ۱۳۸۷. ارتباط بین صفات رشد و لاشه در گوسفندان لری بختیاری. مجله علوم دامی ایران. شماره ۱. ص. ۲۹-۳۷.
- 2) Falconer, D. S. and F. C. Mackay. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4th ed. Longman Scientific and Technical, 464 pp.
- 3) Gizaw, S., S. Lemma., H. Komen and Van Arendonk. J. A. M. 2007. Estimates of genetic parameters and genetic trends for live weight and fleece traits in Menz sheep. Small Rumin. Res. 70: 145-153.
- 4) Groen, A. F. 1989. Cattle breeding goals and production circumstances. Ph.D. Thesis, Wageningen Agricultural University, Wageningen. Netherlands. 167pp.
- 5) McGuirk, B. J., K. D. Atkins and R. Thompson. 1986. Long term selection experiment with sheep. Proceedings of the 3rd WCGALP. 7: 181-195.
- 6) Meyer, K. 2007. WOMBAT- A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. User Notes. Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale, 55pp.
- 7) Mokhtari, M. S. and A. Rashidi. 2010. Genetic trends estimation for body weights of Kermani sheep at different ages using multivariate animal models. Small Rumin. Res. 88: 23-26.
- 8) Nsoso, S. J., M. J. Young and P. R. Beatson. 2004. Genetic and phenotypic parameters and responses in index component traits for breeds of sheep selected for lean tissue growth. Small. Rum. Res. 51: 201-208.
- 9) Rashidi, A., and H. Akhshi. 2007. Estimation of genetic and environmental trends of growth traits in Kurdi sheep. Iran. J. Agric. Sci. 38 (2): 329-335.
- 10) Simm, G. and W. S. Dingwall. 1989. Selection indexes for lean meat production in sheep. Livest. Prod. Sci. 21: 223-233.
- 11) Simm, G., R. M. Lewis., B. Grundy and W. S. Dingwall. 2002. Responses to selection for lean growth in sheep. Anim. Sci. 74: 39-50.

- 12) Smith, C. 1984. Rates of genetic change in farm livestock. Res. Dev. Agric. 1: 79-85.
- 13) Talebi, M. A. and M. Vatankhah. 2011. Estimation of fat-tail weight by external fat-tail dimensions in Lori-Bakhtiari sheep. Journal of Agricultural Science and Technology A. 1:1241-1244.
- 14) Van Arendonk, J. A. M. and P. Bijma. 2003. Factors affecting commercial application of embryo technologies in dairy cattle in Europe- a modeling approach. Theriogenology. 59: 635-649.

Genetic trend of decreasing carcass fat in Lori-Bakhtiari sheep

M. A. Talebi* and M. Vatankhah

Research Center of Agriculture and Natural Resources, Shahrekord, Iran.

* maitalebi@yahoo.com

Abstract

In order to reduce the carcass fat in Lori-Bakhtiari lambs, selection program for eight years from 2004 to 2011 at the development and breeding of Lori-Bakhtiari sheep station was performed. Studied traits were body weight, fat-tail weight and tissue depth at the point 12 cm from the midline dorsal body on twelfth ribs at the age of six months. Components of (co) variance and genetic parameters were estimated using multivariate animal model and the restricted maximum likelihood approach. Genetic trends were obtained by regression means of predicated breeding values on year of birth for each trait. The results showed that average of fat-tail weight in the age of six months in lambs was 2.73 kg. The heritability and standard error for body weight, fat-tail and tissue depth with needle were 0.29 ± 0.03 , 0.40 ± 0.05 and 0.19 ± 0.03 , respectively. Genetic trend of body weight in six months was 298 gr. Genetic trend fat-tail weight is -35 gr and with a high coefficient of determination (0.95). Depth of soft tissue by needle in six months of age had a negative genetic trend (-0.048 mm).

Key words: Fat-tail – Fat – Genetic trend – Sheep.

تعیین حساسیت ضرایب اقتصادی برخی صفات گوسفند لری بختیاری در حالت واقعی

محسن باقری^{۱*}، محمود وطن خواه^۱، مهرباب فرجی نافچی^۲

۱-مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان چهارمحال و بختیاری ۲-سازمان جهاد کشاورزی شهرستان شهرکرد
*نویسنده مسئول: محسن باقری، شهرکرد-کیلومتر ۵ جاده فرخشهر-مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی-صندوق پستی ۴۱۵
bagheriimohsen@yahoo.com

چکیده

در اصلاح نژاد دام تعیین حساسیت ضرایب اقتصادی به منظور تعیین جهت تغییر ژنتیکی در آینده مفید می باشد. هدف این مقاله محاسبه تغییرات ضرایب اقتصادی صفات مهم گوسفند لری بختیاری در حالت واقعی بود. به این منظور اطلاعات مربوط به هزینه ها و درآمدها و قیمت نهاده ها و ستانده ها در سال ۱۳۹۰ برای گوسفند لری بختیاری پرورش یافته تحت سیستم عشایری جمع آوری گردید و ضرایب اقتصادی برای ده صفت محاسبه شده و با ضرایب اقتصادی محاسبه شده در سال ۱۳۸۷ مورد مقایسه قرار گرفتند. میزان تغییرات ضرایب اقتصادی صفات از سال ۱۳۸۷ به سال ۱۳۹۰ بسیار زیاد بود و دامنه ای از ۰/۳۶ تا ۱۹/۳۳ برابر داشت که به ترتیب مربوط به صفت وزن پشم تولیدی در میش ها و وزن زنده میش ها بود. ترتیب اولویت صفات از لحاظ ضرایب اقتصادی در دو سال بجز در مورد نرخ زنده ماننی جایگزین ها و تعداد بره در هر زایش مشابه بود، اما گسترده بودن دامنه تغییرات نشان می دهد که ضرایب اقتصادی صفات در زمان تغییر شدید در قیمت نهاده ها و ستانده ها باید دوباره مورد محاسبه قرار گیرند. واژگان کلیدی: گوسفند لری بختیاری-ضرایب اقتصادی-نهاده-ستانده

مقدمه

تعیین ضرایب اقتصادی صفات به تغییر قیمت نهاده ها و ستانده ها، اطلاعات مفیدی را برای تعیین جهت احتمالی پیشرفت ژنتیکی در آینده حاصل می نماید. معمولاً حساسیت ضرایب اقتصادی صفات با تغییر $\pm 20\%$ درصدی در قیمت نهاده ها و ستانده ها مورد محاسبه قرار گرفته و نتایج آن گزارش می گردد (۱ و ۲ و ۳ و ۴ و ۵) که یک حالت پیش بینی شرایط اقتصادی آینده در هر دو جهت می باشد. اما در این مقاله تغییرات ضرایب اقتصادی صفات در حالت واقعی (شرایط اتفاق افتاده) مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفته است. با اجرای طرح هدفمندی یارانه ها و بروز دیگر مسائل اقتصادی، اجتماعی و سیاسی در کشور طی سال های اخیر، تغییرات بسیار زیادی در قیمت نهاده ها و ستانده ها در بخش تولید کشاورزی و غیر کشاورزی رخ داد که در برخی موارد هدف را در برخی سیستم های پرورشی تحت تاثیر قرار داده است. بنابراین در این مقاله تاثیر این تغییرات بر ضرایب اقتصادی صفات مهم گوسفند لری بختیاری در سیستم عشایری مورد توجه قرار گرفته است.

مواد و روش ها

در پروژه‌ای تحت عنوان «تعیین ضرایب اقتصادی صفات مهم گوسفند لری بختیاری در سیستم عشایری» که در سال‌های ۱۳۸۶ تا ۱۳۸۸ در استان چهارمحال و بختیاری بر روی ۶ گله گوسفند لری بختیاری پرورش یافته تحت سیستم عشایری، انجام شد (۲) ضرایب اقتصادی ده صفت مهم این گوسفند محاسبه گردید. نهاده‌های مدل جهت محاسبه ضرایب اقتصادی از مطالعه مستقیم گله‌ها و اطلاعات به دست آمده از دامداران، بازار و نظرات کارشناسان حاصل شدند. با گذشت نزدیک به سه سال از پایان پروژه و اجرای طرح هدفمندی یارانه‌ها و به طبع آن بروز تغییرات بسیار زیاد در قیمت نهاده‌ها و ستانده‌ها، با جمع‌آوری دوباره اطلاعات مربوط به عوامل موثر بر ضرایب اقتصادی صفات و بررسی قیمت نهاده‌ها و ستانده‌ها، ضرایب اقتصادی صفات و میزان حساسیت آنها جهت مقایسه با مقادیر اولیه محاسبه گردید. کلیه داده‌های مدل در نرم افزار EXCEL تنظیم و محاسبات ریاضی مربوطه از طریق فرمول نویسی انجام شد.

نتایج و بحث

ضرایب اقتصادی ده صفت از گوسفند لری بختیاری پرورش یافته تحت سیستم عشایری بر اساس قیمت‌های سال ۱۳۸۷ (۲) و ۱۳۹۰ (جدول ۱) مطابق با جدول ۲ محاسبه گردید. ضرایب اقتصادی صفات در گرایش حداکثر سود به دو صورت مطلق و نسبی در این جدول گزارش شده است. ضرایب اقتصادی نسبی صفات به طور قراردادی نسبت به ضریب اقتصادی مطلق صفت میزان پشم تولیدی در میش‌ها مورد محاسبه قرار گرفته است.

جدول ۱. قیمت برخی اقلام مهم نهاده‌ها و ستانده‌های واحد پرورش گوسفند عشایری در استان چهارمحال و بختیاری در سال ۱۳۸۷ و ۱۳۹۰ ه.ش. (ریال)

نهاده یا ستانده*	قیمت در	قیمت در سال	درصد تغییر
	سال ۱۳۸۷ (۲)	۱۳۹۰	
یک کیلوگرم وزن زنده بره	۲۵۰۰۰	۷۹۰۰۰	۲۱۶
یک کیلوگرم وزن زنده میش و قوچ	۱۷۰۰۰	۷۰۰۰۰	۳۱۱
یک کیلوگرم پشم	۱۰۰۰۰	۱۴۰۰۰	۴۰
میانگین قیمت یک مگا کالری انرژی متابولیسمی حاصل از خوراک در طول سال	۲۴۰	۳۵۰	۴۵/۸
بازاریابی هر راس گوسفند	۱۵۰۰۰	۲۰۰۰۰	۳۳/۳
هزینه کارگری به ازای هر راس گوسفند در ماه	۳۰۰۰۰	۴۰۰۰۰۰	۳۳/۳
هزینه ثابت به ازای هر راس میش در سال	۲۰۰۰۰	۲۳۰۰۰	۱۵

*تمامی اقلام نهاده و ستانده از سال ۱۳۸۷ تا سال ۱۳۹۰ تغییر یافته‌اند اما تمامی آنها در جدول آورده نشده‌اند.

جدول ۲. ضرایب اقتصادی مطلق و نسبی صفات گوسفند لری بختیاری پرورش یافته تحت سیستم عشایری

میزان	ضرایب اقتصادی در گرایش حداکثر سود				صفت
	سال ۱۳۹۰		سال ۱۳۸۷ (۲)		
	نسبی	مطلق	نسبی	مطلق	
تغییر					
۲/۲۷	۶/۳۳ ^۸	۵۴۰۷۲	۲/۶۴ ^۸	۱۶۵۰۳/۸۴	وزن زنده بره در ۵ ماهگی
۳/۳۳	۱۸۱/۴۸ ^۱	۱۵۴۹۹۰۰	۵۷/۳۳ ^۷	۳۵۷۷۸۲/۷	تعداد بره متولد شده در هر زایش
۳/۱۴	۲۲۲/۵۵ ^۵	۱۹۰۰۶۲۰	۷۳/۴۱ ^۵	۴۵۸۰۸۶/۶	تعداد زایش در سال
۳/۱۴	۲۹۶/۷۳ ^۳	۲۵۳۴۱۵۰	۹۷/۸۸ ^۳	۶۱۰۷۸۲/۱	نرخ آبستنی میش
۳/۰۷	۲۷۵/۴ ^۴	۲۳۵۲۰۰۰	۹۲/۶ ^۴	۵۷۷۸۷۲/۹	زنده‌مانی بره‌ها در تولد
۲/۷۴	۳۱۱/۴۴ ^۲	۲۶۵۹۷۰۰	۱۱۳/۹۶ ^۲	۷۱۱۱۴۵/۹	زنده‌مانی بره‌ها تا ۵ ماهگی
۱۹/۳۳	۰/۹ ^{۱۰}	۷۷۲۱	-۰/۰۶۷ ^{۱۰}	-۴۲۱	وزن زنده میش‌ها
۰/۳۶	۱ ^۹	۸۵۴۰	۱ ^۹	۶۲۴۰	وزن پشم
۱/۵۱	۳۹۵/۳۳ ^۱	۳۳۷۶۲۰۰	۲۱۵/۰۵ ^۱	۱۳۴۱۹۳۸/۹	زنده‌مانی میش‌ها
۱/۴۳	۱۰۵/۹ ^۷	۹۰۴۹۰۰	۵۹/۶۷ ^۶	۳۷۲۳۷۸/۵	زنده‌مانی جایگزین‌ها

اندیس بالای اعداد جدول نشان دهنده ترتیب صفات از نظر بزرگی و کوچکی ضریب اقتصادی می باشد.

همانگونه که در جدول مشاهده می‌گردد میزان تغییرات ضرایب اقتصادی بسیار بالا می باشد. به عنوان مثال ضریب اقتصادی وزن زنده بره‌ها در ۵ ماهگی ۲/۲۷ برابر شده است. میزان تغییرات در ضرایب اقتصادی صفات دامنه‌ای از ۰/۳۶ تا ۱۹/۳۳ برابر داشته است که کمترین آن مربوط به وزن پشم تولیدی در میش‌ها و بالاترین آن مربوط به وزن زنده میش‌ها بوده است. تغییرات زیاد در ضرایب اقتصادی صفت وزن زنده میش‌ها به علت کوچک بودن ضریب اقتصادی این صفت می باشد. حساسیت زیاد در ضرایب اقتصادی کوچک قبلا گزارش شده است (۳). نکته دیگری که حائز اهمیت است تغییر ضریب اقتصادی وزن زنده میش‌ها از منفی به مثبت می‌باشد. این بدان معنی است که در سال ۱۳۸۷ افزایش وزن زنده میش‌ها باعث کاهش میزان سود می‌شد ولی در سال ۱۳۹۰ افزایش در میانگین این صفت بر سود دامدار می‌افزاید هرچند که مقدار آن هنوز به طور معنی داری پایین است. این حالت به علت افزایش زیاد قیمت گوشت طی سال‌های اخیر به وجود آمده است.

با توجه به اینکه قیمت فروش پشم گوسفند تغییر زیادی نداشته است و تقریباً درصد افزایش قیمت آن با افزایش قیمت نهاده‌ها برابری می‌کند ضریب اقتصادی این صفت تغییر کوچکی داشته است. محققین دیگر نیز نشان دادند که، تاثیر افزایش یا کاهش قیمت گوشت بر ضرایب اقتصادی صفات، بزرگ‌تر از تاثیر تغییر هزینه خوراک در گوسفندان نژاد بلوچی و نژاد لری بختیاری می‌باشد (۱ و ۴).

ترتیب صفات از لحاظ ضریب اقتصادی در هر دو سال به استثناء صفت تعداد بره متولد شده در هر زایش و زنده‌مانی جایگزین‌ها مشابه می‌باشد. در سال ۱۳۸۷ زنده‌مانی جایگزین‌ها اولویت ۶ را دارا بوده و در سال ۱۳۹۰ اولویت ۷ را داشته است که بر عکس صفت تعداد بره متولد شده در هر زایش می‌باشد. تغییرات بزرگ در قیمت ستانده‌ها به همراه تغییرات کوچک در

قیمت نهاده‌ها، ضرایب اقتصادی صفاتی که در درآمد بیشتر از هزینه موثر هستند را بیشتر افزایش می دهد. چون قسمت اعظم معادله سود در ارتباط با جایگزین‌ها مربوط به هزینه‌های پرورشی است و در ارتباط با تعداد بره متولد شده در هر زایش مربوط به درآمدها می باشد بنابراین ضریب اقتصادی صفت تعداد بره متولد شده در هر زایش افزایش چشمگیری نسبت به ضریب اقتصادی صفت زنده‌مانی جایگزین‌ها داشته است.

با توجه به اینکه اولویت صفات در هر دو سال به جز در یک مورد مشابه می باشند می توان نتیجه گرفت که تغییر همزمان قیمت نهاده‌ها و ستانده‌های سیستم، در تعیین ضرایب اقتصادی صفات اثر یکدیگر را متعادل می کنند اما از طرفی افزایش زیاد در قیمت ستانده‌ها نسبت به نهاده‌ها، تغییرات زیادی در ضرایب اقتصادی صفات ایجاد می نماید (دامنه تغییرات ۰/۳۶ تا ۱۹/۳۳) و بنابراین لازم است که در این شرایط ضرایب اقتصادی صفات برای استفاده در برنامه‌های اصلاح نژادی دوباره مورد محاسبه قرار گیرند.

منابع

- ۱ - احمدی متقی، ع. ۱۳۸۱. برآورد ضرایب اقتصادی برخی صفات مهم تولیدی در گوسفند بلوچی. پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی ساری، دانشگاه مازندران. ۸۳ صفحه.
- ۲ - باقری، م. ۱۳۸۹. تعیین ضرایب اقتصادی صفات مهم گوسفند لری بختیاری در سیستم عشایری. گزارش نهایی پروژه تحقیقاتی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان چهارمحال و بختیاری. ۵۵ صفحه.
- ۳ - وطن‌خواه، م. ۱۳۸۴. تعیین مدل مناسب اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری در سیستم روستایی. پایان‌نامه دکتری تخصصی ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده کشاورزی کرج، دانشگاه تهران.
- ۴ - وطن‌خواه، م.، مرادی شهربابک، م.، نجاتی جوارمی، ا. و میرائی‌آشتیانی، س. ر. ۱۳۸۴. تحلیل هزینه-فایده و تعیین ضرایب اقتصادی صفات گوسفندان لری بختیاری در سیستم روستایی. دومین سمینار پژوهشی گوسفند و بز کشور، ۲۳-۲۴ آذرماه ۱۳۸۴، مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور، کرج، ایران، صفحه ۱۱۳۳ تا ۱۱۳۹.

- 5- Kosgey, I. S., J. A. M. Van Arendonk, & R. L. Baker. 2001. Economic values for trait of meat sheep in medium to high production potential areas of the tropics. Small Ruminant Research, 50, 187-202.

Determination of economic weights sensitivity of some Lori-Bakhtiari sheep traits in real case

Mohsen Bagheri^{*1}, Mahmood Vatankhah¹, Mehrab Faraji Nafchi²

1-Agriculture and natural resources research center of Chaharmahal and Bakhtiari province

2-Agriculture Jihad organization of Shahr-e-kord city

*Corresponding E-mail address: bagheriimohsen@yahoo.com

Abstract:

Determination of economic weights sensitivity in animal breeding is helpful to determine future genetic change. The aim of this article was to calculate changes in economic weights of important traits of Lori-Bakhtiari sheep in real case. For this purpose, costs, revenues and

prices information in year 1390 related to Lori-Bakhtiari sheep in nomadic production system were collected. Economic weights of ten traits were calculated and compared to that's calculated in year 1387. Changes in economic weights of traits were so high and ranged between 0.36 to 19.33 for ewe fleece weight and ewe live weight, respectively. The priority of traits with respect to economic weights, were similar in two years, except for replacement animal survival rate and litter size. High changes in economic weights from 1387 to 1390 show that in case of high changes in inputs and outputs prices, economic weights must be recalculated.

Keywords: Lori-Bakhtiari sheep - Economic weights- Input- Output

تغییرات ترکیب اسیدهای چرب لاشه بره های لری بختیاری

محمد علی طالبی^{*}، محمود وطن خواه^۱، سید احمد میرهادی^۲ و مرتضی کرمی^۱

۱ - مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان چهارمحال و بختیاری

۲ - موسسه تحقیقات علوم دام کشور

* محمدعلی طالبی maitalebi@yahoo.com

چکیده

این پژوهش به منظور شناسایی و بررسی تغییرات پروفیل اسیدهای چرب دنبه و چربی زیرجلدی لاشه بره های نر لری بختیاری ایستگاه توسعه، پرورش و اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری انجام شد. بره های لری بختیاری در برنامه انتخاب برای کاهش چربی لاشه قرار داشتند. تعداد ۱۱۳ نمونه چربی زیرجلدی و دنبه طی دو سال از ۵۷ لاشه بره نر لری بختیاری گرفته شد. داده ها با استفاده از برنامه آماری SAS تجزیه و تحلیل شدند. علیرغم وزن بدن بالاتر بره ها در سال پایانی انتخاب میزان اسیدهای چرب غیراشباع با یک باند دوگانه و اسیدهای چرب غیراشباع با چند باند دوگانه در چربی لاشه بیشتر بود. نسبت کل اسیدهای چرب غیر اشباع با چند باند دوگانه به اسید های چرب اشباع به طور معنی داری در سال پایان برنامه انتخاب بیشتر بود. اسیدهای چرب C16:0، C18:0 و مجموع اسیدهای چرب اشباع در چربی زیر جلدی و C18:1 در دنبه به طور معنی داری بیشتر بود. نوع تولد بره تاثیری بر اسیدهای چرب لاشه بره ها نداشت. نسبت کل اسیدهای چرب غیر اشباع به اسید های چرب اشباع در دنبه به طور معنی داری بیشتر از میزان آن در چربی زیر جلدی بود. در نتیجه انتخاب برای کاهش چربی لاشه سبب کاهش کیفیت اسیدهای چرب لاشه نشده است.

کلید واژه ها: دنبه - چربی - پروفیل اسیدهای چرب - گوسفند

مقدمه

در حال حاضر تولید و فروش گوشت به منظور تأمین نیاز مصرف کنندگان برای چربی کمتر به علت ارتباط بین سطوح بالای چربی های اشباع شده حیوانی در رژیم غذایی و بیماری های قلبی عروقی به یکی از چالش های اساسی برای صنعت پرورش دام تبدیل شده است (۵). پرورش دهندگان گوسفند به لحاظ انگیزه های مالی، برای افزایش گوشت و کاهش چربی ذخیره ای تا سطح قابل قبول مصرف کنندگان، در کوتاه مدت به راه هایی نظیر کشتار بره ها در وزن های سبکتر، اخته نکردن بره های نر و دست کاری کمی و کیفی در جیره غذایی یا قطع دنبه مبادرت می نمایند. برخی از این روش های غیر ژنتیکی و کوتاه مدت دارای معایبی هستند. برای مثال کاهش وزن کشتار منجر به کاهش درآمد به ازای هر رأس بره می شود و یا تغییر جیره غذایی در سیستم های پرورشی رایج مشکل و غیر ممکن است. اما بهبود ژنتیکی گرچه به کندی صورت می گیرد ولی به لحاظ دائمی بودن می تواند مقرون به صرفه باشد (۱). شایستگی نسبی نژادهای مختلف گوسفند برای تولید گوشت بوسیله نسبت بالای گوشت و عضله و نسبت پائین چربی و استخوان تعیین می گردد (۹). در بررسی اسیدهای چرب لاشه بره های آمیخته فین شیپ گزارش شده است که خوش خوراکی لاشه بره های آمیخته در مقایسه با بره های خالص ممکن است به دلیل نسبت بیشتر اسیدهای غیر

اشباع به اسیدهای اشباع باشد که میزان اثر پیه را در چربی بره‌ها کاهش داده است (۶). همچنین در مطالعه‌ای بیان شده است که ترکیب اسیدهای چرب بافت‌های چربی به طور ژنتیکی با میزان تولید گوشت و کیفیت لاشه مرتبط بوده است (۱۱). امروزه کاهش چربی لاشه بالاخص کاهش اندازه دنبه مورد توجه قرار گرفته است. از طرفی تغییر در ترکیب اسیدهای چرب بافت چربی و ماهیچه نشخوارکنندگان و کاهش اسیدهای چرب اشباع و افزایش اسیدهای چرب غیر اشباع‌ها بهبود ارزش کیفی گوشت را سبب می‌شود. با توجه به اینکه ترکیب اسیدهای چرب تحت تاثیر عوامل ژنتیکی و محیطی است ولی تاثیر عوامل ژنتیکی بر ترکیب اسیدهای چرب در گوسفند بررسی نشده است و بطور واضح مشخص نشده که آیا از نظر ژنتیکی می‌توان پروفیل اسیدهای چرب بافت چربی را تغییر داد؟ لذا تغییرات حاصل در میزان چربی لاشه در بره‌های نر لری بختیاری در اثر برنامه انتخاب عاملی شد برای طراحی این پژوهش به منظور بررسی کیفیت چربی لاشه، زیرا ترکیب اسیدهای چرب بافت‌های چربی با تغییر وزن نیز تغییر می‌نماید. لذا هدف از این پژوهش بررسی روند تغییرات پروفیل اسیدهای چرب لاشه و تغییرات کیفی چربی زیر جلدی و دنبه بود.

مواد و روش‌ها

این پژوهش به منظور شناسایی و بررسی تغییرات پروفیل اسیدهای چرب دنبه و چربی زیرجلدی لاشه بره‌های نر لری بختیاری که در برنامه انتخاب برای کاهش چربی لاشه در محل ایستگاه توسعه، پرورش و اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری مورد استفاده قرار گرفتند، انجام شد. در این پژوهش از تعداد ۵۵ نمونه چربی زیر جلدی و دنبه در ابتدای برنامه انتخاب برای کاهش چربی لاشه و تعداد ۵۸ در انتهای برنامه انتخاب به طور تصادفی از لاشه بره‌های کشتار شده برای تعیین پروفیل اسیدهای چرب استفاده گردید. مدیریت گله به روش سیستم نیمه متحرک و روستایی بود (۲). بدین معنی که گوسفندان در فصل قشلاق از آذر ماه تا اردیبهشت ماه در محل ایستگاه و بقیه سال را در مراتع و پس چر غلات، یونجه، شبدر و سایر محصولات زراعی نگهداری می‌شدند. جفت گیری میش‌ها و قوچ‌های انتخاب شده از اوایل شهریور ماه شروع و تا اوایل آبان ماه به صورت کنترل شده ادامه پیدا می‌کرد. بدین ترتیب زایش گله از بهمن ماه شروع و تا فروردین ماه بود. بره‌ها در سن 5 ± 90 روزگی از شیر گرفته می‌شدند. بره‌های نر و ماده پس از شیرگیری از یکدیگر جدا شده و بره‌های ماده بر روی پس چر یونجه و گیاهان زراعی نگهداری می‌گردیدند. بره‌های نر در سال‌های مختلف با توجه به شرایط ایستگاه با جیره غذایی معمول در استان شامل یونجه، جو، تفال خشک چغندرقد، سبوس گندم و کنجاله پنبه دانه تغذیه اختیاری و پروار می‌شدند. بره‌ها در سن شش ماهگی و در زمان کشتار توزین می‌شدند. پس از کشتار و پوست کنی، تمام اعضاء بطنی و صدري برداشت شد. لاشه‌های گرم بلافاصله بعد از پوست کنی و برداشت قسمت‌های اضافی وزن شده و در درجه حرارت 2 ± 3 درجه سانتی‌گراد و به مدت حدود ۱۸ ساعت نگهداری می‌شدند. لاشه‌های سرد پس از توزین به روش برش ایرانی تجزیه لاشه شدند (۷). در این هنگام نمونه‌های چربی زیر جلدی و دنبه از لاشه بره‌های کشتار شده گرفته شد. به منظور استخراج اولیه چربی نمونه‌ها از روش سوکسله استفاده گردید. به منظور تعیین پروفیل اسیدهای چرب نمونه‌ها از دستگاه کروماتوگرافی گازی استفاده شد. ترکیب اسیدهای چرب نمونه‌ها شامل کاپریک (C10:0)، لائوریک (C12:0)، میریستیک (C14:0)، پالمیتیک (C16:0)، استئاریک (C18:0)، اولئیک (C18:1)، لینولئیک (C18:2) و لینولنیک (C18:3) به روش استاندارد تعیین گردید. درصد کل اسیدهای چرب اشباع (Saturated Fatty Acids)، اسیدهای چرب غیراشباع با یک باند دوگانه (Fatty Acids Mono unsaturated)، اسیدهای چرب غیراشباع با چند باند دوگانه (Poly Unsaturated Fatty Acids) و نیز نسبت کل اسیدهای چرب غیر اشباع با چند باند دوگانه به اسید

های چرب اشباع (Ratio of Poly Unsaturated Fatty Acids to Saturated Fatty Acids) از طریق محاسبه بدست آمد. داده‌ها با استفاده از رویه GLM برنامه نرم افزاری SAS (۲۰۰۵) با مدل شامل اثرات ثابت سال، نوع تولد، نوع چربی (دنبه و چربی زیر جلدی) و اثر متقابل سال و نوع چربی تجزیه و تحلیل شدند.

نتایج و بحث

سال اجرای برنامه انتخاب اثر معنی داری بر اسیدهای چرب C18:3 و C18:1، C18:0، C16:0، C12:0، C10:0 نداشت ولی اسیدهای چرب مریستیک (C14:0) و لینولئیک (C18:2) در سال پایان برنامه به ترتیب کمتر (۵/۹۸ در برابر ۵/۴۸ درصد) و بیشتر (۳/۸۸ در برابر ۴/۷۰ درصد) شده بودند. علیرغم وزن بدن بالاتر بره‌ها در سال پایانی انتخاب (۴۶/۷ در برابر ۴۳/۵ کیلوگرم) میزان اسیدهای چرب غیراشباع با یک باند دوگانه و اسیدهای چرب غیراشباع با چند باند دوگانه بیشتر بود و نسبت کل اسیدهای چرب غیر اشباع با چند باند دوگانه به اسیدهای چرب اشباع به طور معنی داری در سال پایان برنامه انتخاب بیشتر بود. کل اسیدهای چرب اشباع در ابتدا و انتهای برنامه انتخاب به ترتیب ۵۳/۰۵ و ۵۱/۵۴ درصد بود که در ابتدای برنامه انتخاب لاشه بره‌های لری بختیاری اسیدهای چرب اشباع بیشتری داشتند ولی از لحاظ آماری این تفاوت معنی دار نبود. در تجزیه ژنتیکی ترکیب اسیدهای چرب در گوسفندان اسکاتیش بلک فیس گزارش کرده‌اند که برآورد وراثت پذیری برای بیشتر اسیدهای چرب اندازه‌گیری شده حاکی از آن است که تنوع ژنتیکی پایداری برای این صفات وجود دارد و اینکه ترکیب اسیدهای چرب می‌تواند بهبود یابد و این احتمالاً از طریق انتخاب غیر مستقیم است (۸). در بررسی اسیدهای چرب لاشه بره‌های آمیخته فین شپ گزارش شده‌است که خوش خوراکی لاشه بره‌های آمیخته در مقایسه با بره‌های خالص ممکن است به دلیل نسبت بیشتر اسیدهای غیر اشباع به اسیدهای اشباع باشد که میزان اثر پیه را در چربی بره‌ها کاهش داده‌است (۶).

نوع تولد بره تأثیری بر اسیدهای چرب لاشه بره‌ها نداشت. نتیجه تحقیقات نشان داده که پروفیل اسیدهای چرب در گوسفند می‌تواند تحت تأثیر جنسیت، مرحله فیزیولوژیکی، سطح تغذیه، سن و نوع جیره قرار گیرد به نحوی که در سن ۱۰-۱۲ ماه چربی‌های زیر جلدی بره‌های نر نقطه ذوب پایین‌تری از بره‌های ماده دو قلو خود دارند (۳ و ۴). اسیدهای چرب C16:0، C18:0 و مجموع اسیدهای چرب اشباع در چربی زیر جلدی و C10:0 و C18:1 در دنبه به طور معنی داری بیشتر بود. در دنبه نسبت کل اسیدهای چرب غیر اشباع به اسیدهای چرب اشباع به طور معنی داری بیشتر از در چربی زیر جلدی بود. در نتیجه انتخاب برای کاهش چربی لاشه سبب کاهش کیفیت اسیدهای چرب لاشه نشده است.

منابع

۱. طالبی، م. ع. ۱۳۸۸. اثر انتخاب بر کاهش اندازه دنبه در گوسفندان لری بختیاری. گزارش نهائی طرح تحقیقاتی، مرکز تحقیقات منابع طبیعی و امور دام استان چهار محال و بختیاری. ۶۰ ص. ۱۳.
۲. طالبی، م. ع.، س. ر. میرائی آشتیانی، م. مرادی شهر بابک و ا. نجاتی جوارمی. ۱۳۸۷. ارتباط بین صفات رشد و لاشه در گوسفندان لری بختیاری. مجله علوم دامی ایران. شماره ۱. ص. ۲۹-۳۷.
3. Atti, N., H. Rouissi and M. Mahouachi. 2005. Effects of restricted feeding and re-feeding of Barbarine lambs: Carcass composition and fatty acid composition. Anim. Sci. 81: 313-318.

4. Field, R. A., J. C. Williams, C. L. Ferrell, J. D. Crouse and J. E. Kunsman. 1978. Dietary alteration of palatability and fatty acids in meat from light and heavy weight ram lambs. *J. Anim. Sci.* 47:858-864.
5. Kempster, A. J., G. L. Cook and M. Grantley-Smith. 1986. National estimates of the body composition of British cattle, sheep and pigs with special reference to trends in fatness. A review. *Meat Sci.* 17: 107 – 138.
6. Boylan, W. J., Y. M. Berger and C. E. Allen. 1976. Fatty acid composition of Finnsheep crossbred lamb carcasses. *J. Anim. Sci.* 42(6): 1421-1426.
7. Farid, A. 1991. Carcass physical and chemical composition of three fat- tailed breeds of sheep. *Meat Sci.* 29: 109 – 120.
8. Karamichou, E., R. I. Richardson., G. R. Nute., K. P. Gibson., and S. C. Bishop. 2006. Genetic analyses and quantitative trait loci detection, using a partial genome scan, for intramuscular fatty acid composition in Scottish Blackface sheep. *J. Anim. Sci.* 84:3228–3238.
9. Nsoso, S. J., M. J. Young and P. R. Beatson. 1999. Correlated responses in greasy fleece weight in Border Leicester and Coopworth sheep breeds selected for lean tissue growth rate. *Small Rumin. Res.* 34: 145-159.
10. SAS. 2005. Release 6. 11, SAS Institute Inc., Cary, North Carolina, USA.
11. Suzuki, K., M. Ishida., H. Kadowaki., T. Shibata., H. Uchida., and A. Nishida. 2006. Genetic correlations among fatty acid compositions in different sites of fat tissues, meat production, and meat quality traits in Duroc pigs. *J. Anim. Sci.* 84: 2026-2034.

Changes of fatty acids components of carcass fat in Lori-Bakhtiari sheep

M. A. Talebi*¹, M. Vatankhah¹, S. A. Mirhadi² and M. Karami¹

1- Research Center of Agriculture and Natural Resources, Shahrekord, Iran.

2-Animal Science Research Institute

* maitalebi@yahoo.com

Abstract

This study in order to identify and investigate changes in fatty acid profiles of carcass subcutaneous fat and fat-tail in Lori-Bakhtiari male lambs from development and breeding of Lori-Bakhtiari sheep station was perform. Lori-Bakhtiari lambs were in the program chosen to reduce carcass fat. Total 113 samples of subcutaneous fat and fat-tail lambs within two years were from 57 carcasses. Data were analyzed using SAS statistical program. Despite the high body weight of lambs in the final year, mono unsaturated fatty acids and poly unsaturated fatty acids carcass fat were higher. Ratios of poly unsaturated fatty acids to saturated fatty acids were significantly greater in the selected program. Fatty acids C16:0, C18:0 and total saturated fatty acids in subcutaneous fat and C18:1 in fat-tail was significantly higher. Fatty acids had no effect on birth type of carcass lambs. Ratios of unsaturated fatty acids to saturated fatty acids in fat-tail than that in subcutaneous fat were significantly higher. Therefore selection to reduce carcass fat was not reduced quality of carcass fatty acids.

Key words: Fat-tail – Fat – Fatty acid profile – Sheep.

بررسی نحوه تاثیر سن و فصل زایش بر منحنی درصد چربی شیر گاومیش های ایرانی

مهدی ناقوس^۱، کریم حسن پور^{۲*}، بهروز بهمنی^۳، علی اصغر اسلمی نژاد^۴، داود کیانزاد^۵

(۱) دانشجوی دکتری دانشگاه بیرجند ۲، ۳ و ۴) دانشجوی دکتری، دانش آموخته و استادیار گروه علوم دامی دانشگاه فردوسی

مشهد ۵) کارشناس ارشد مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود شیر کشور

*karimhasanpour@yahoo.com نویسنده مسئول:

چکیده

در این تحقیق اثر سن و فصل زایش به همراه اثر دوره شیردهی بر منحنی های درصد چربی گاومیش های نژادهای خوزستانی و آذری مطالعه شد. توابع علی و شفر و لژاندر درجه سوم به ترتیب برای برازش منحنی های درصد چربی نژاد خوزستانی و نژاد آذری استفاده شدند. در هر دو نژاد با افزایش سن زایش تا ۱۲۰ ماهگی، درصد چربی افزایش یافت و بعد از آن دوباره کاهش نشان داد. این کاهش در نژاد آذری مشهودتر از نژاد خوزستانی بود یعنی گاومیش های با سن زایش بالاتر از ۱۲۰ ماه، حتی درصد چربی کمتری از گاومیش های با سن زایش کمتر از ۷۲ ماه داشتند. در نژاد خوزستانی، برعکس نژاد آذری، زایش های داخل فصلی نسبت به زایش های خارج فصلی درصد چربی بالاتری داشتند و الگوی تولید بهتری نیز نشان دادند. واژگان کلیدی: گاومیش - منحنی های صفات تولیدی - فراوانی زایش - علی و شفر.

مقدمه

تولید شیر روزانه در گاومیش نیز بعد از زایش روند افزایشی داشته و بعد از چند هفته به اوج تولید می رسد. بعد از تولید مستمر در اوج تولید به مدت چند هفته محدود، تولید شیر کاهش خفیف و تدریجی داشته و در نهایت خشک می شود (۴). منحنی های تولید چربی و تولید پروتئین روند مشابهی با تولید شیر دارند، ولی منحنی درصد چربی به علت همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی منفی و بالای آن با تولید شیر، عکس منحنی تولید شیر می باشد. یعنی درصد چربی بعد از زایش و تا رسیدن به اوج تولید شیر، روند کاهشی داشته و در زمان اوج تولید شیر به کمترین مقدار خود می رسد. همچنین با نزدیک تر شدن به انتهای دوره تولید، روند صعودی نشان می دهد. به غیر از تفاوت های ژنتیکی گاومیش ها، از عوامل غیر ژنتیکی تغییر دهنده منحنی های تولید شیر و درصد چربی می توان به فصل زایش، دوره شیردهی، سن زایش، نژاد، سطح تغذیه، آبستنی، بیماری های متابولیکی و غیره اشاره کرد (۳). در ایران مطالعات اندک انجام شده منحنی تولید شیر نژاد خوزستانی را بررسی کرده اند (۱) و منحنی درصد چربی مورد مطالعه قرار نگرفته است. هدف این تحقیق، مطالعه اثر فصل زایش، سن زایش و دوره شیردهی بر منحنی درصد چربی نژادهای گاومیش خوزستانی و آذری می باشد.

مواد و روش ها

مطالعه اثر دوره شیردهی، فصل زایش و سن زایش بر منحنی های درصد چربی گاومیش های خوزستانی (۹۷۹۱۴ رکورد روز آزمون) و آذری (۶۸۵۴۳ رکورد روز آزمون) انجام شد. داده ها مربوط به ۶۸۰۲ گاومیش از نژاد خوزستانی و ۵۳۱۵ گاومیش نژاد آذری بودند که زایش آنها طی سال های ۱۳۷۱ تا ۱۳۸۸ توسط مرکز اصلاح نژاد رکوردبرداری شده بود. تعدادی از داده های گاومیش های استان های شمالی کشور نیز در بانک اطلاعاتی موجود بود که به دلیل شباهت نسبی مقدار و الگوی تولید آنها با نژاد آذری، در گروه نژاد آذری قرار داده شدند. فقط از داده های گاومیش هایی که حداقل ۴ رکورد روزآزمون داشتند، استفاده شد.

داده‌های ثبت شده پس از ۳۰۰ روز بعد از زایش و نیز داده‌های غیر معمول حذف شدند. برای مطالعه اثر دوره شیردهی، منحنی‌ها در دوره‌های شیردهی یکم تا دهم مورد برازش قرار گرفتند. داده‌های دوره‌های شیردهی بالاتر از ده در دسته دوره شیردهی دهم قرار داده شدند. برای مطالعه اثر فصل زایش، زایش‌ها به دو گروه زایش‌های داخل فصلی (زایش‌های فصول تابستان و پاییز) و زایش‌های خارج فصلی (زایش‌های فصول زمستان و بهار) طبقه‌بندی شد. دلیل طبقه‌بندی مذکور فراوانی بسیار بالای زایش‌های نژاد خوزستانی در فصول تابستان و پاییز و فراوانی بسیار پایین زایش‌ها در فصول زمستان و بهار بود. طبیعتاً برای مقایسه منحنی‌های نژاد آذری با نژاد خوزستانی، علی‌رغم فراوانی‌های تقریباً مشابه زایش‌های نژاد آذری در فصول مختلف سال، زایش‌های آن نیز در دو فصل طبقه‌بندی شدند. برای مطالعه اثر سن زایش بر منحنی‌ها، داده‌های صفات مورد مطالعه در ۴ گروه سنی ۱: زایش در سنین کمتر از ۷۲ ماه، ۲: زایش در سنین ۷۲-۹۶ ماه، ۳: زایش در سنین ۹۶-۱۲۰ ماه و ۴: زایش در سنین بزرگتر از ۱۲۰ ماه سن طبقه‌بندی شدند. برای برازش منحنی‌ها از متوسط درصد چربی گاومیش‌ها در فواصل دو هفته‌ای استفاده شد. منحنی‌های درصد چربی در نژاد خوزستانی با تابع علی‌وشفر و در نژاد آذری با تابع لژاندر درجه سوم برازش شدند. دلیل برازش منحنی‌ها با توابع ذکر شده، انتخاب توابع مذکور از بین ۱۱ تابع در مراحل قبلی این تحقیق بر اساس آماره‌های ضریب تبیین تصحیح شده، AICc و دوربین واتسون بود. برای مطالعه بیشتر توابع ذکر شده به منابع (۲ و ۷) مراجعه شود. از رویه‌ی NLIN نرم افزار SAS برای برازش توابع استفاده گردید. معیار هم‌گرایی (10^{-8}) در نظر گرفته شد و از روش تکرار گواس و نیوتن برای هم‌گرایی استفاده شد.

نتایج و بحث

همبستگی چندگانه بین رکوردهای واقعی و برآورد شده (R) که آماره مورد استفاده برای ارزیابی صحت توابع بود، مقادیر مشابهی در برازش منحنی‌ها در نژاد خوزستانی (با تابع علی و شفر) با نژاد آذری (با تابع لژاندر درجه سوم) نشان داد. مقادیر این آماره در جدول ۱ آورده شده است.

جدول ۱ همبستگی بین رکوردهای واقعی و برآورد شده توسط تابع علی و شفر و لژاندر درجه سوم به ترتیب در برازش

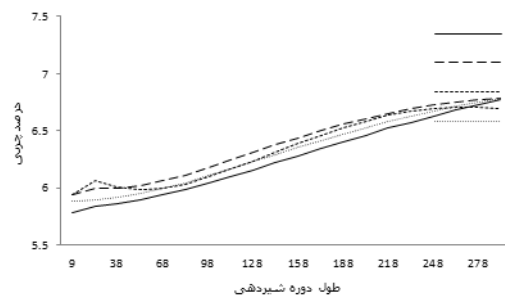
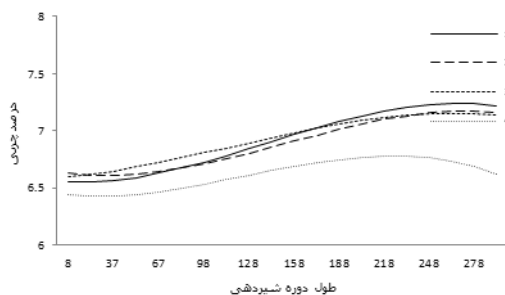
منحنی‌های درصد چربی شیر نژادهای خوزستانی و آذری

رده‌های سنی (ماه)														دوره‌های شیردهی							فصل # زایش
۷۲ >	-۷۲ ۹۶	-۹۶ ۱۲۰	< ۱۲۰	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱	۲						
۰/۹۸ [*]	۰/۸۸	۰/۹۲	۰/۷۸	۰/۹۵	۰/۹۷	۰/۹۶	۰/۹۷	۰/۹۵	۰/۹۷	۰/۹۲	۰/۹۳	۰/۹۳	۰/۹۵	۰/۹۳	۰/۹۶						
۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰						
۰/۹۸ [#]	۰/۹۸	۰/۹۷	۰/۹۸	۰/۹۵	۰/۹۸	۰/۸۹	۰/۸۸	۰/۸۳	۰/۸۶	۰/۸۰	۰/۶۲	۰/۶۶	۰/۶۵	۰/۸۱	۰/۹۹						
۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰						

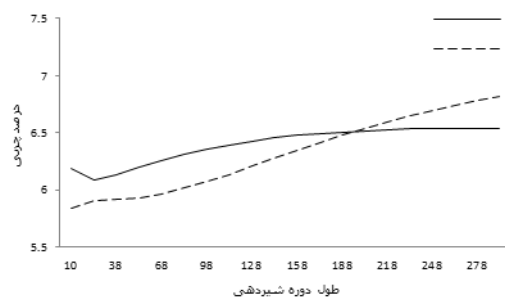
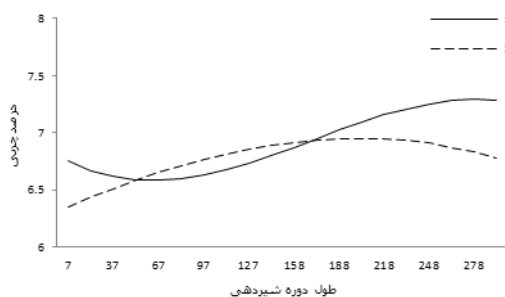
عدد ۱ و ۲ به ترتیب بیانگر زایش‌های خارج فصلی و داخل فصلی اند. * سطر مربوط به نژاد آذری است و [#] سطر مربوط به نژاد خوزستانی است

سن زایش: در هر دو نژاد با افزایش سن زایش تا ۱۲۰ ماهگی، درصد چربی افزایش یافت و بعد از آن دوباره کاهش نشان داد. این کاهش در نژاد آذری بیشتر از نژاد خوزستانی بود و گاومیش‌های با سن زایش بالاتر از ۱۲۰ ماه، حتی درصد چربی کمتری

نسبت به گامیش‌های با سن زایش کمتر از ۷۲ ماه داشتند. شکل‌های ۱ و ۲ به ترتیب منحنی‌های درصد چربی نژادهای خوزستانی و آذری را در دستجات مختلف سن زایش نشان می‌دهند.



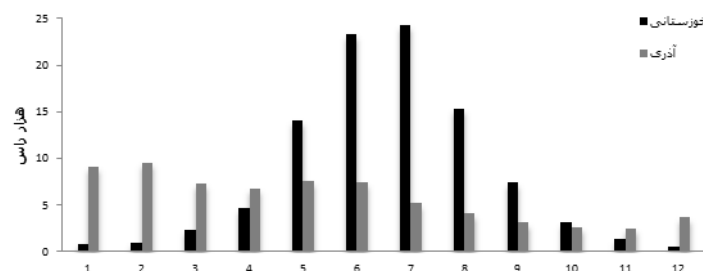
شکل ۶ منحنی‌های متوسط درصد چربی نژاد خوزستانی در دستجات زایش سنی ۱: کمتر از ۷۲ ماه سن، ۲: بین ۷۲-۹۶ ماه سن، ۳: بین ۹۶-۱۲۰ ماه سن و ۴: بزرگتر از ۱۲۰ ماه سن فصل زایش: در طبقه‌بندی گاومیش‌ها به زایش‌های تابستان و پاییز (داخل فصلی) و زایش‌های زمستان و بهار (خارج فصلی) مشخص شد که درصد چربی شیر گاومیش‌های طبقه داخل فصلی در نژاد خوزستانی پایین‌تر از طبقه خارج فصلی بود که احتمالاً به علت تولید پایین‌تر شیر طبقه خارج فصلی (درصد چربی همبستگی منفی با تولید شیر دارد) می‌باشد. نتایج مربوط به منحنی‌های تولید شیر نشان داده نشده است. در نژاد آذری الگوی درصد چربی شیر در طول دوره شیردهی زایش‌های بهار و زمستان بهتر از زایش‌های تابستان و پاییز بود. تفاوت‌های اقلیمی نواحی پرورش دو نژاد ممکن است دلیل تفاوت الگوی تولید آنها باشد. در کل منحنی‌های زایش‌های خارج فصلی در نژاد خوزستانی بر خلاف منحنی‌های خارج فصلی نژاد آذری الگوی مناسبی را نشان نمی‌دهند که احتمالاً به علت تعداد کمتر داده‌ها در این طبقه نیز است. با این اوصاف می‌توان تاثیرپذیری بیشتر نژاد خوزستانی از فصل زایش (فصلی بودن) را نسبت به نژاد آذری بیان کرد. در شکل‌های ۳ و ۴ منحنی‌های درصد چربی به ترتیب برای نژادهای خوزستانی و آذری برای زایش‌های داخل فصلی و خارج فصلی نشان داده شده است.



شکل ۳ منحنی‌های متوسط درصد چربی نژاد خوزستانی در دستجات زایش فصلی ۱: خارج فصلی (بهار و زمستان) و ۲: داخل فصلی (تابستان و پاییز)

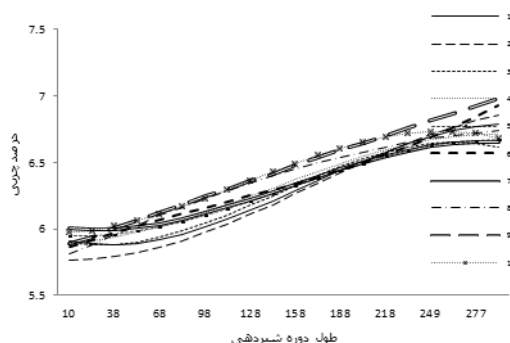
همان طور که در شکل ۵ نشان داده شده است، در نژاد خوزستانی بیشتر زایش‌ها در فصول تابستان و پاییز اتفاق می‌افتد. بنابراین به نظر می‌رسد که تولیدمثل نژاد خوزستانی به فصلی بودن نزدیک بوده و گاومیش‌هایی که در خارج از فصل زایش می‌کنند، از

لحاظ فیزیولوژیکی قادر به تولید با الگوی مناسب نمی‌باشند. این در حالی است که نژاد آذری در طول سال تولیدمثل دارد و فراوانی زایش آن در فصول مختلف سال تقریباً یکنواخت است. علت کمتر بودن زایش‌های بهار و زمستان در نژاد خوزستانی به احتمال زیاد به فصلی بودن جفت‌گیری‌ها و یا به علت مرگ و میر بیشتر رویانی برای آمیزش‌های برخی فصول، در شرایط محیطی خشن پرورش آن باشد. از طرف دیگر، تولیدمثل فصلی ممکن است روش سازگاری نژاد خوزستانی به شرایط آب و هوایی منطقه مذکور نیز باشد. فراگا و همکاران (۲۰۱۰) در بررسی گاومیش‌های برزیل و کوبا نشان دادند که فراوانی زایش در گاومیش‌های برزیلی در نیمه اول سال میلادی بیشتر و در گاومیش‌های کوبایی، در نیمه دوم سال میلادی بیشتر می‌باشد. دلیل تفاوت زایش‌ها در دو کشور، تفاوت قرارگیری آنها در دو نیمکره ذکر شده است. نژاد نیلی‌راوی در پاکستان در نواحی نیمه گرمسیری (ایالت پنجاب) به سر می‌برد. در این نژاد بیشترین زایش‌ها مربوط به فصل پاییز می‌باشد ولی در سایر فصول نیز زایش دیده می‌شود (۶). در نژاد خوزستانی امکان تغییر الگوی زایش‌ها بایستی بررسی شود. زیرا عقیده بر این است که تولید مثل گاومیش به صورت یکنواخت در طول سال امکان استفاده بیشتر و بهتر از تولیدات آن را فراهم می‌کند (۴).

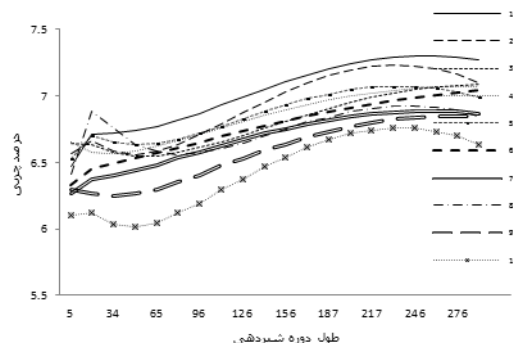


شکل ۵ نمودار فراوانی زایش‌های گاومیش‌های خوزستانی و آذری در طول ماه‌های سال

دوره شیردهی: در نژاد خوزستانی درصد چربی شیر در دوره شیردهی اول بیشترین مقدار و با افزایش دوره‌های شیردهی به تدریج کاهش داشته و در دوره شیردهی دهم به کمترین مقدار خود می‌رسد. در نژاد آذری روند تغییر منحنی‌های درصد چربی با افزایش دوره شیردهی مشابه نژاد خوزستانی نبوده و روند کاملاً مشخصی را نشان نمی‌دهند. به طوری که در دوره‌های شیردهی اولیه به تدریج افزایش یافته و بعداً کاهش می‌یابد و در دوره شیردهی دهم به کمترین مقدار خود می‌رسد. در شکل‌های ۶ و ۷ منحنی‌های تولید چربی در دوره‌های شیردهی یکم تا دهم به ترتیب برای نژادهای خوزستانی و آذری نشان داده شده است.



شکل ۷ منحنی‌های متوسط درصد چربی نژاد آذری در دوره‌های شیردهی اول تا دهم



شکل ۶ منحنی‌های متوسط درصد چربی نژاد خوزستانی در دوره‌های شیردهی اول تا دهم

منابع

- ۱- رحمانی نیا، ج.، فرهنگ فر، ه.، میرزایی، ح.ر.، امام جمعه کاشان، ن. و صیادنژاد، م.ب. ۱۳۸۷. همبستگی فنوتیپی پارامترها و خصوصیات منحنی شیردهی محاسبه شده توسط تابع گامای وود در توده های گاومیش ایرانی. مجله علمی کشاورزی. ۳۱(۲): ۱۱۱-۱۲۰.
- 2- Ali, T. E. and Schaeffer, L. R. 1987. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. J. Dairy Sci. 67: 637-644.
- 3- Anwar, M. Cain, P. J. Rowlinson, P. Khan, M. S. Abdullah, M. and Babar, M. E. 2009. Factors Affecting the Shape of the Lactation Curve in Nili-Ravi Buffaloes in Pakistan. Pak J Zool. 9: 201-207.
- 4- Catillo, G. Macciotta, N. P. P. Carretta, A. and Cappio-Borlino, A. 2002. Effects of age and calving season on lactation curves of milk production traits in Italian water buffaloes. J. Dairy Sci. 85: 1298-1306.
- 5- Fraga, L.M. De Amorim, A. Mendes, A. Stefano, F. Mendez¹, M. García¹, Y. Guzman, G. and Mora¹, M. 2010. Productive and reproductive performance from buffalo herds of Cuba and Brazil. Their utility to breeding work in Cuba. Proceeding 9th World Buffalo Congress. April. Page 417-419.
- 6- Hyder, A. U. Khan, M. S. Aslam, M. Rahman, M. S. and Bajwa, I. R. 2007. Milk yield and season of calving in buffaloes and cattle in Pakistan. Ital. J. Anim. Sci. 6: 1347-1350.
- 7- Mrode, R. A. 2005. Linear models for the prediction of animal breeding values. 2nd Edn. CBI Publishing.

Study of the effect of season and age of calving on milk fat percentage curve of Iranian buffaloes
M.Naghous¹, K.Hasanpour^{2*}, B.Bahmani², A. Aslami nezhad², D. Kianzad³

1. Department of animal science, University of birjand 2. Center of Excellence, Department of animal science, ferdowsi university of mashhad 3. Center of breeding animal

* Corresponding E-mail address: Karimhasanpur@yahoo.com

Abstract

In this work the effect of age and season of calving along with parity on milk fat percentage curves in Khuzestani and Azeri buffalo breeds were studied. Ali & Schaeffer and third order Legendre polynomial functions were applied to fit the Khuzestani and Azeri breed curves' respectively. Fat percentage increased in both the breeds as age of calving reached to 120 month and decrease afterward.

This reduction was more obvious in azeri breed than Khuzestani breed. So that buffaloes older than 120 month age yielded milk with lower fat percentage than 72 month age buffaloes. Unlike Azeri breed, The buffaloes that having calved in season (summer and autumn) in Khuzestani breed, yielded milk with higher fat percentage and with better pattern than buffaloes that having calved out season (spring and winter).

Keywords: Buffalo- Productive traits curves- Calving frequency- Ali & Schaeffer

برآورد روند ژنتیکی صفات رشد در گوسفند مهربان

رزیتا میرزائی سفیدخانی^۱، پویا زمانی^{۲*}

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان، ۲- استادیار گروه علوم

دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان

*نویسنده مسئول: پویا زمانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان. ایمیل: Pzamani@basu.ac.ir

چکیده

در این پژوهش ۳۲۲۷۷ رکورد مربوط به صفات وزن تولد، وزن از شیرگیری و وزن‌های ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی گوسفندان مهربان که توسط معاونت امور دام استان همدان در طی سال‌های ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۹ جمع آوری شده بود برای برآورد روند ژنتیکی صفات وزن بدن مورد استفاده قرار گرفتند. با استفاده از الگوریتم میانگین اطلاعات بیشترین درستیابی محدود شده (AIREML) و مدل-های حیوانی تک متغیره و چند متغیره بهترین پیش بینی خطی ناریب (BLUP) از ارزش‌های اصلاحی صفات پیش‌بینی شد. روندهای ژنتیکی بر اساس ضریب تابعیت ارزش‌های اصلاحی از سال تولد برآورد شدند. روندهای ژنتیکی صفات وزن تولد، وزن از شیرگیری و وزن‌های ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی با استفاده از تجزیه تک متغیره به ترتیب $-۰/۰۰۰۶$ ، $-۰/۰۰۱۸$ ، $-۰/۰۰۰۳$ ، $-۰/۰۰۱۷$ و $-۰/۰۰۰۷$ کیلوگرم در سال و در تجزیه چند متغیره به ترتیب $-۰/۰۰۰۲$ ، $-۰/۰۰۳۲$ ، $-۰/۰۰۲۲$ ، $-۰/۰۰۴۲$ و $-۰/۰۰۱۶$ کیلوگرم در سال برآورد گردیدند. روند ژنتیکی وزن‌های تولد و از شیرگیری در تجزیه چند متغیره معنی دار بودند. اما روندهای ژنتیکی صفات دیگر معنی دار نبودند. این نتایج نشان دهنده کاهش میانگین ارزش‌های اصلاحی گوسفند مهربان برای وزن‌های تولد و از شیرگیری در طی سالیان گذشته است.

واژگان کلیدی: روند ژنتیکی - صفات رشد - مدل حیوانی - گوسفند مهربان

مقدمه

یکی از اهداف اصلی در برنامه‌های اصلاح نژادی بالا بردن میانگین ارزش اصلاحی صفات مهم اقتصادی می‌باشد. به این تغییرات ایجاد شده در میانگین جمعیت انتخاب شده، اصطلاحاً پیشرفت ژنتیکی گفته می‌شود. پیشرفت ژنتیکی در صورتی حاصل می‌گردد که افراد انتخاب شده به عنوان والدین نسل آینده توانایی بالاتری نسبت به دیگر افراد جامعه برای انتقال ژن‌های مطلوب به نتاج را داشته باشند (۲).

موفقیت برنامه‌های اصلاح نژادی به وسیله اندازه‌گیری میزان تغییرات ارزش اصلاحی صفات تحت انتخاب بیان می‌گردد. پیش بینی صحیح ارزش اصلاحی والدین نسل آینده یکی از بهترین ابزارهای موجود برای حداکثر کردن پاسخ در برنامه‌های انتخاب می‌باشد (۳). در جامعه‌ای که انتخاب انجام می‌گیرد و آمیزش بین حیوانات با توجه به خصوصیات ژنتیکی آنها برنامه‌ریزی می‌شود لازم است در مدت اجرای برنامه انتخاب میزان تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی بررسی شود به همین منظور برای مرحله‌ای که انتخاب اجرا شده معمولاً پیشرفت و یا روند ژنتیکی برآورد می‌گردد (۹ و ۱۱).

مواد و روش‌ها

در این پژوهش رکوردهای مربوط به صفات وزن تولد، وزن شیرگیری و وزن‌های ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی گوسفندان نژاد مهربان (به ترتیب ۱۲۱۹۹، ۷۸۳۸، ۶۴۸۰، ۳۶۲۱ و ۲۱۳۹ رکورد) که توسط معاونت امور دام استان همدان در طی سال‌های ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۹ جمع آوری شده بود برای برآورد روند ژنتیکی صفات وزن بدن مورد استفاده قرار گرفتند. داده‌ها با کمک نرم افزارهای Excel و

Access ویرایش شدند. معنی دار بودن اثرات ثابت شامل گله-سال-فصل، جنس و نوع تولد بر صفات مختلف به وسیله تجزیه مدل‌های خطی تعمیم یافته و با کمک نرم‌افزار SAS 9.1 انجام شد.

برآورد مولفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی و همچنین ارزش‌اصلاحی دام‌ها برای صفات مختلف با استفاده از الگوریتم میانگین اطلاعات بیشترین درستی محدود شده (AIREML) و با کمک مدل حیوانی زیر انجام شد:

$$y = Xb + Z_a a + Z_m m + e$$

که در آن:

y : بردار مشاهدات برای هر یک از صفات. b : بردار اثرات ثابت تعیین شده در مدل خطی تعمیم یافته (گله-سال-فصل و جنس برای همه صفات و نوع تولد برای وزن‌های تولد، شیرگیری و ۶ ماهگی). a : بردار اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی. m : بردار اثرات تصادفی محیط مادری (برای صفات وزن‌های تولد و شیرگیری). e : بردار اثرات تصادفی باقیمانده. X ، Z_a و Z_m : ماتریس-های طرح می‌باشند. (هدف از این بررسی، صرفاً روند ژنتیکی می‌باشد بنابراین از مقایسه مدل‌ها استفاده نشده است). مدل‌های حیوانی به صورت تک صفتی و چند صفتی تجزیه شدند. برای این منظور نرم افزار WOMBAT(2010) مورد استفاده قرار گرفت.

نتایج و بحث

با استفاده از مدل‌های خطی تعمیم یافته در نرم افزار SAS مشخص شد که عامل ثابت نوع تولد بر روی صفات وزن ۹ و ۱۲ ماهگی غیر معنی‌دار بوده و سایر عوامل بر روی صفات مورد بررسی معنی‌دار بودند. روند ژنتیکی بر اساس تابعیت ارزش‌اصلاحی از سال تولد برآورد شد.

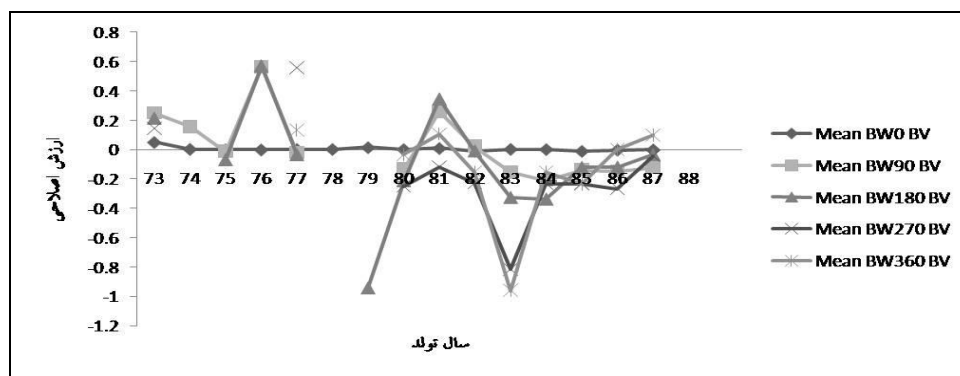
جدول ۱- روند ژنتیکی برآورد شده در تجزیه تک متغیره و چند متغیره در گوسفند نژاد مهربان

(کیلوگرم در سال)

تجزیه تک متغیره	تجزیه چند متغیره	
روند ژنتیکی	مقدار P	R^2
روند ژنتیکی	مقدار P	R^2
وزن تولد	-۰/۰۰۰۶	۰/۰۸۶
وزن شیرگیری	۰/۱۹۶	۰/۲۶۶
وزن ۶ ماهگی	-۰/۰۱۸	۰/۰۷۵
وزن ۹ ماهگی	۰/۲۴۱	۰/۴۰۱
وزن ۱۲ ماهگی	-۰/۰۰۳	۰/۸۶۷
	۰/۰۰۲	۰/۰۷۵
	-۰/۰۱۷	۰/۵۲۹
	۰/۰۴۵	۰/۲۷۴
	-۰/۰۰۷	۰/۲۳۳
	۰/۱۷۲	۰/۰۲۲

نتایج به دست آمده با هیچ کدام از نتایج گزارش شده توسط محققان دیگر همخوانی نداشت به عنوان مثال شریستا و همکاران روند ژنتیکی گوسفندان کانادایی را برای صفات وزن تولد و وزن شیرگیری در تجزیه چند متغیره در نژاد آرکوت ۰/۳ و ۲/۸ در نژاد سافولک ۰/۳ و ۰/۵ و در نژاد لاندراسه ۰/۲ و ۰/۵ کیلوگرم در سال گزارش کردند (۸). روند ژنتیکی قوچ‌های سافولک آمریکا توسط والدرون و همکاران مثبت ارزیابی شد (۱۰). حسنی و همکاران روند ژنتیکی در نژاد بلوچی را طی تجزیه چند متغیره برای وزن‌های تولد، شیرگیری، ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی به ترتیب ۰/۷، ۵۵، ۷۲، ۷۷ و ۸۸ گرم در سال برآورد نمودند (۱). کلرک و هیدنریچ روند ژنتیکی وزن تولد و ۶ ماهگی را در نژاد دوهن مرینو به ترتیب ۰/۰۰۵ و ۰/۰۵۹ کیلوگرم در سال گزارش نمودند (۴). در بررسی که توسط شات و منصور برای وزن ۶ ماهگی انجام گرفت، روند ژنتیکی در نژاد اسمی مصر ۲۱ گرم در سال و در نژاد رحمانی ۱۳۵ گرم در سال گزارش شد (۷). در گزارشات ارائه شده تمامی روندها معنی دار بودند. روند ژنتیکی صفات مورد بررسی برای تجزیه یک متغیره و چند متغیره نشان می‌دهد که میزان پیشرفت برای اغلب صفات در حد مطلوبی نمی‌باشد.

نتایج به دست آمده از تجزیه چند متغیره نسبت به تجزیه تک متغیره، به دلیل در نظر گرفتن همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات می‌تواند قابل اعتمادتر باشد (۶ و ۷)، به همین منظور تنها میانگین تغییرات ارزش اصلاحی صفات حاصل از مدل چند متغیره در نمودار زیر ارائه شده است.



نمودار ۱- میانگین تغییرات ارزش اصلاحی صفات مختلف به تفکیک سال تولد

همانطور که از شکل مشخص می‌شود روند خاصی در ارزش‌های اصلاحی دیده نمی‌شود. عدم رشد ژنتیکی صفات مورد بررسی یا حتی منفی بودن آن مربوط به برخی از صفات را می‌توان ناشی از عدم وجود برنامه موثر اصلاح نژادی جهت گوسفندان نژاد مهربان یا حتی حذف دام‌های سنگین‌تر به علت تمایل بیشتر خریداران به کشتار دام‌های سنگین دانست. این نتایج نشان دهنده لزوم طرح‌ریزی برنامه‌های اصلاح نژادی در جهت بهبود ژنتیکی مناسب صفات می‌باشد. سپاسگزاری

بدین وسیله از مسئولین و کارشناسان محترم معاونت امور دام جهاد کشاورزی استان همدان به دلیل فراهم نمودن داده‌ها و اطلاعات لازم برای انجام این پژوهش سپاسگزاری می‌شود.

منابع

۱. حسنی، س.، دلتنگ سفید سنگی، ح.، رشیدی، ا. و آهنی آذری، م. ۱۳۸۸. برآورد روند ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی صفات رشد در گوسفند بلوچی. مجله علوم کشاورزی و منابع طبیعی. جلد ۱۶. ویژه نامه ۱-الف.

2. Gjedrem, T. 2005. Selection and breeding program in aquaculture. Pp: 197-23.

3. Jurado, J.J., Alonso, A and Alenda, R. 1994. Selection response for growth in a Spanish Merino flock. *J. Anim.Sci.* 72: 1433-1440.
4. Klerk, H.C and Heydenrych, H.J. 1990. BLUP analysis of genetic trends in the Dohne Merino. Pp: 77-80. in: Proceedings of the fourth world congress on genetic applied to livestock production, beef, cattle, sheep, pig gent. breed. fiber fur meat qual. 15: 77-80.
5. Notter, D.R and Hough, J.D. 1997. Genetic parameter estimated for growth and fleece characterisycs in Targhee sheep. *J.Anim.Sci.* 75: 1729-1737.
6. Okut, H.C., Bromel, M., Snowden, G.D and Van Velck, L.D. 1999. Gentotypic expiration at different ages: ii, wool traits of sheep. *J.Anim.sci.* 77: 2366-2371.
7. Shaat, S.G and Mansour, H. 2004. Genetic trend for lamb weights in flocks of Egyptian Rahmany and Ossimi sheep. *Small Rumin.Res.* 51: 23-28.
8. Shrestha, J.N.B., Peters, H.F., Heaney, D.P and Van Vleck, L.D. 1996. Genetic trends over 20-year of selection in the three synthetic Arcotts, Suffolk and Finnish Landrace sheep breeds: I. Early growth traits. *Canadian J.Anim.sci.* 76: 23-34.
9. Singh, G and Dhillon, J.S. 1990. Estimation of genetic trend in a closed flock of Avivastra sheep. *J.Anim.sci.* 60: 617-619.
10. Waldron, D.F., Thomas, D.L., Wickersham, T.W., Morrical, D.C., Baertsche, S.R., Hudgens, R.E., Hirschinger, C.W and Kemp, R.A. 1989. Central ram tests in the Midwestern United States: I. Description and estimation of performance trends. *J.Anim.Sci.* 67: 1189-1198.
11. Wilson, D.E and Willham, R.L. 1986. Within-berd phenotypic, genetic and environmental trend lines for beef cattle breeders. *J.Anim.sci.* 63: 1087-1094.

Estimation of genetic trend for growth traits in Mehraban sheep

Rozita Mirzaei Sefidkhani¹, Pooya Zamani^{2*}

1-M.Sc. Student, Dept. of Animal Science, Collage of Agriculture, University of Bo Ali Sina, Hamedan

2- Assistant Prof., Dept. Animal Science, Collage of Agriculture, University of Bo Ali Sina, Hamedan

*- Corresponding Author, Email: Pzamani@basu.ac.ir

In the present study 32277 records of growth traits of Mehraban sheep, collected during 1994 – 2010 by deputy of livestock affairs, Agricultural Jihad of Hamedan province, were used to estimate the genetic trend of body weight traits. The Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) of breeding values for the studied traits were prospected by Average Information algorithm of Restricted Maximum Likelihood (AIREML) using univariate and multivariate animal models. Genetic trends were estimated based on the regression coefficient of breeding values on birth year. Genetic trends of birth weight, weaning weight and the weights at 6, 9 and 12 months of age were estimated as -0.0006, -0.018, -0.003, -0.017 and -0.007 kg per year using univariate analyses and -0.002, -0.032, -0.022, -0.042 and -0.016 kg per year using multivariate analysis, respectively. Genetic trends of birth weight and weaning weight in multivariate analysis were significant while the genetic trends for other traits were not significant. These results indicate a decrease average breeding value for birth and weaning weights in Mehraban sheep during the last years.

Key words: Genetic trend - Growth traits - Animal model - Mehraban sheep

بررسی الگوی تولید شیر گاومیش‌های خوزستانی و آذری تحت تاثیر عوامل محیطی مختلف

مهدی ناقوس^۱، کریم حسن پور^{۲*}، بهروز بهمنی^۳، علی اصغر اسلمی نژاد^۴، داود کیانزاد^۵

(۱) دانشجوی دکتری دانشگاه بیرجند ۲، ۳ و ۴) دانشجوی دکتری، دانش آموخته و استادیار گروه علوم دامی دانشگاه فردوسی

مشهد ۵) کارشناس ارشد مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود شیر کشور

* نویسنده مسئول: karimhasanpour@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق اثر سن و فصل زایش به همراه اثر دوره شیردهی بر منحنی‌های تولید شیر گاومیش‌های نژادهای خوزستانی و آذری مطالعه شد. توابع دیفازیک و لگاریتمی مختلط برای برازش منحنی‌ها استفاده شدند. گاومیش‌های جوان در تمام منحنی‌ها دارای تداوم تولید بهتری نسبت به گاومیش‌های مسن‌تر بودند. در هر دو نژاد با افزایش سن زایش تا ۱۲۰ ماهگی، تولید شیر اولیه، اوج تولید و تولید کل دوره شیردهی افزایش نشان داد ولی بعد از آن دوباره کاهش در تولید مشاهده شد. گاومیش‌های زایش کرده در فصول تابستان و پاییز (زایش‌های داخل فصلی) نسبت به زایش‌های خارج فصلی تولید بیشتری داشتند و الگوی تولید بهتری را نیز نشان دادند. در نژاد خوزستانی با افزایش دوره شیردهی تا دوره دهم، افزایش در تولید شیر قابل ملاحظه بود. در نژاد آذری تا دوره شیردهی پنجم روند افزایشی مشاهده شد ولی در دوره‌های بعدی تولید شیر افت نشان داد. واژگان کلیدی: گاومیش - منحنی‌های صفات تولیدی - فراوانی زایش - توابع ریاضی.

مقدمه

هدف اصلی پرورش و اصلاح نژاد دام‌ها در کل دنیا، بهبود راندمان تولید است. منحنی‌های شیردهی ارتباط بین تولید شیر روزانه و زمان را در بعد از زایش بیان می‌کنند. آگاهی از این منحنی‌ها، برای مدیریت تولیدمثلی و تغذیه‌ای، برآورد تولید کل دوره شیردهی، برآورد زمان و مقدار اوج تولید شیر و تداوم تولید دام‌های شیرده ضروری است (۸). به غیر از تفاوت‌های ژنتیکی گاومیش‌ها، از عوامل غیر ژنتیکی تغییر دهنده منحنی شیردهی و سایر منحنی‌های مرتبط، می‌توان به فصل زایش، دوره شیردهی، سن زایش، نژاد، سطح تغذیه، آبستنی، بیماری‌های متابولیکی و غیره اشاره کرد (۴، ۳ و ۵). برخلاف گاو، تحقیقات اندکی درباره منحنی‌های صفات تولیدی گاومیش‌های ایران انجام شده است و تاکنون اثر عوامل ذکر شده بر منحنی‌های شیردهی گاومیش‌های ایران مطالعه نشده است. بنابراین هدف تحقیق حاضر، مطالعه اثر فصل زایش، سن زایش و دوره شیردهی بر منحنی‌های تولید شیر نژادهای گاومیش خوزستانی و آذری می‌باشد.

مواد و روش‌ها

مطالعه اثر دوره شیردهی، فصل زایش و سن زایش بر منحنی‌های تولید شیر گاومیش‌های خوزستانی (۹۷۹۱۴ رکورد) و آذری (۶۸۵۴۳ رکورد) انجام شد. داده‌ها به ترتیب مربوط به ۶۸۰۲ و ۵۳۱۵ گاومیش خوزستانی و آذری بودند که طی سال‌های ۱۳۷۱ تا ۱۳۸۸ زایش کرده بودند. تعدادی از داده‌های گاومیش‌های استان‌های شمالی کشور نیز موجود بود که به دلیل شباهت نسبی مقدار و الگوی تولیدی آنها با نژاد آذری، در گروه موسوم به نژاد آذری قرار داده شدند. از داده‌های گاومیش‌هایی که حداقل ۴ رکورد روزآزمون داشتند، استفاده شد. داده‌های ثبت شده پس از ۳۰۰ روز (۱۰ رکورد روزآزمون) بعد از زایش حذف شدند. همچنین رکوردهای غیر معمول از داده‌ها حذف شده و در صورت امکان تصحیح شدند. برای مطالعه اثر دوره شیردهی، منحنی‌های صفات

ذکر شده در دوره‌های شیردهی یکم تا دهم مورد برازش قرار گرفتند. داده‌های دوره‌های شیردهی بالاتر از ده در دسته دوره شیردهی دهم قرار داده شدند. برای مطالعه اثر فصل زایش، زایش‌ها به دو گروه زایش‌های داخل فصلی (زایش‌هایی که در فصول تابستان و پاییز اتفاق می‌افتند) و زایش‌های خارج فصلی (زایش‌هایی که در فصول زمستان و بهار اتفاق می‌افتند) طبقه‌بندی شد. برای مطالعه اثر سن زایش، داده‌های صفات مورد مطالعه در ۴ گروه سنی ۱: زایش در سنین کمتر از ۷۲ ماه، ۲: زایش در سنین ۷۲-۹۶ ماه، ۳: زایش در سنین ۹۶-۱۲۰ ماه و ۴: زایش در سنین بزرگتر از ۱۲۰ ماه سن طبقه‌بندی شدند. برای برازش منحنی‌ها از متوسط تولید شیر در فواصل دوهفته‌ای استفاده شد. منحنی‌های صفات تولید شیر در نژاد خوزستانی با توابع دیفازیک و در نژاد آذری با تابع لگاریتمی مختلط برازش شدند. دلیل برازش منحنی‌ها با توابع ذکر شده، انتخاب توابع مذکور از بین ۱۱ تابع در مراحل قبلی این تحقیق بر اساس آماره‌های ضریب تبیین تصحیح شده، AICc و دوربین واتسون بود. از رویه‌ی NLIN نرم افزار SAS برای برازش توابع استفاده گردید. معیار هم‌گرایی (10^{-8}) در نظر گرفته شد و از روش تکرار گواس و نیوتن برای هم‌گرایی استفاده شد.

نتایج و بحث

توابع مورد استفاده در برازش منحنی‌های صفات تولید شیر، تولید چربی و درصد چربی، صحت نسبتاً بالایی را نشان دادند. همبستگی چندگانه بین رکوردهای واقعی و برآورد شده (R)، آماره مورد استفاده برای ارزیابی صحت توابع بود. مقادیر این آماره در برازش منحنی‌های صفات مذکور در جدول ۱ آورده شده است. صحت برازش منحنی‌های تولید شیر نژادهای خوزستانی و آذری که به ترتیب با توابع دیفازیک و لگاریتمی مختلط انجام شده بودند، بالا و نزدیک واحد بودند.

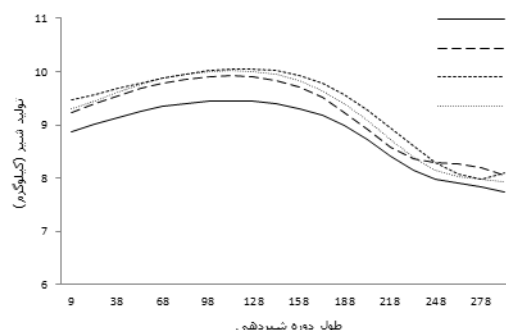
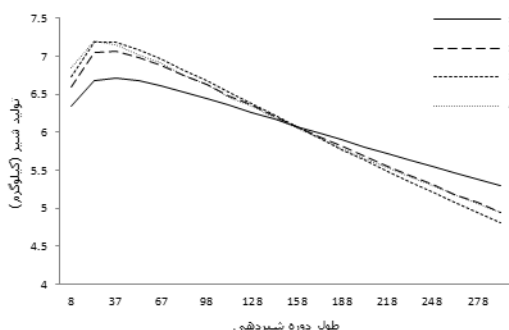
جدول ۱- همبستگی بین رکوردهای واقعی و برآورد شده توسط توابع دیفازیک و لگاریتمی مختلط به ترتیب در برازش منحنی‌های صفات تولید شیر در نژادهای خوزستانی و آذری

فصل زایش ##	دوره‌های شیردهی												رده‌های سنی (ماه)			
	۲	۱	۱۰	۹	۸	۷	۶	۵	۴	۳	۲	۱	< ۱۲۰	-۹۶ ۱۲۰	-۷۲ ۹۶	۷۲ >
۰/۹۸		/۹۸	/۹۰	/۹۱	/۹۴	/۹۶	/۹۸	/۹۸	/۹۹	/۹۷	/۹۸	/۹۷	/۹۷	۰/۹۹	۰/۹۸	۰/۹۹*
		.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.			.
۰/۹۸		/۸۸	/۹۹	/۹۹	/۹۷	/۹۸	/۹۸	/۹۸	/۹۹	/۹۹	/۹۹	/۹۸	/۹۸	۰/۹۹	۰/۹۹	۰/۹۹#
		.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.			.

عدد ۱ و ۲ به ترتیب بیانگر زایش‌های خارج فصلی و داخل فصلی اند. * سطر مربوط به نژاد آذری است و # سطر مربوط به نژاد خوزستانی است

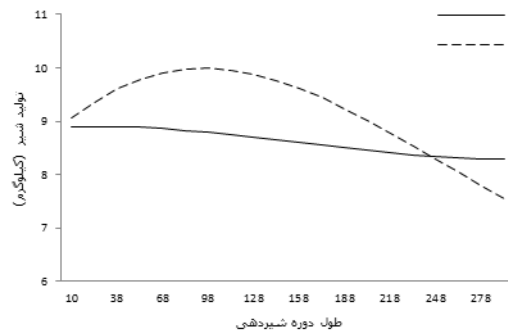
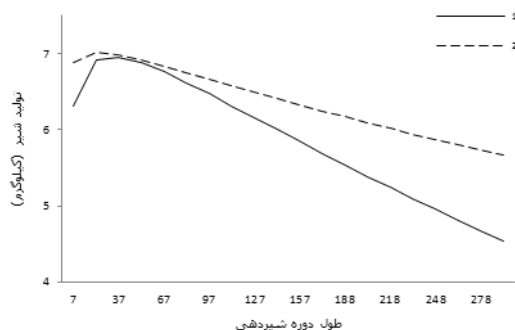
سن زایش: با توجه به منحنی‌ها، تولید شیر روزانه نژاد خوزستانی در حدود ۳۰ درصد بیشتر از نژاد آذری بود. در این نژاد افزایش تولید شیر بعد از زایش خفیف‌تر از نژاد آذری است و دیرتر از آن به اوج تولید می‌رسد. همچنین تولید شیر نژاد خوزستانی به مدت طولانی‌تری در اوج ماند و در مقایسه با نژاد آذری افت تولید کمتر و در نتیجه تداوم شیردهی بالاتری در بعد از اوج نشان

داد. متوسط منحنی تولید شیر گاومیش‌های جوان (زایش‌های کمتر از ۷۲ ماه سن) در هر دو نژاد پایین‌تر از گاومیش‌های مسن‌تر بود و با افزایش سن زایش تا ۹۶-۱۲۰ افزایش یافت ولی بعد از آن دوباره کاهش نشان داد. تداوم شیردهی با افزایش سن کاهش یافت به طوری که در گاومیش‌های جوان بیشترین و گاومیش‌های خیلی پیر کمترین مقدار تداوم شیردهی دیده شد. شکل‌های ۲ و ۳ به ترتیب منحنی‌های تولید شیر نژادهای خوزستانی و آذری را در دستجات مختلف سن زایش نشان می‌دهند.



شکل ۱ منحنی‌های متوسط تولید شیر نژاد خوزستانی در دستجات زایش سنی ۱: کمتر از ۷۲ ماه سن، ۲: بین ۷۲-۹۶ ماه سن، ۳: بین ۹۶-۱۲۰ ماه سن و ۴: بزرگتر از ۱۲۰ ماه سن
شکل ۲ منحنی‌های متوسط تولید شیر نژاد آذری در دستجات زایش سنی ۱: کمتر از ۷۲ ماه سن، ۲: بین ۷۲-۹۶ ماه سن، ۳: بین ۹۶-۱۲۰ ماه سن و ۴: بزرگتر از ۱۲۰ ماه سن

فصل زایش: در طبقه‌بندی گاومیش‌ها به زایش‌های تابستان و پاییز (داخل فصلی) و زایش‌های زمستان و بهار (خارج فصلی) مشخص شد که تولید شیر روزانه گاومیش‌های داخل فصلی بسیار بیشتر و با الگوی تولید بهتری اتفاق می‌افتد. این مسئله در نژاد خوزستانی مشهودتر از نژاد آذری بود که علت آن را می‌توان به تعداد داده بسیار کمتر طبقه خارج فصلی (نسبت به طبقه داخل فصلی) و همچنین تاثیرپذیری بیشتر آن نژاد از فصل زایش (فصلی بودن) در مقایسه با نژاد آذری مرتبط دانست. زایش‌های تابستان و پاییز به احتمال زیاد دارای نمره بدنی مناسب به علت تغذیه بهتر در ماه‌های قبل از زایش می‌باشند. بنابراین از لحاظ فیزیولوژیکی قادر به تولید بیشتر و با الگوی مناسب‌تر نسبت به زایش‌های خارج فصلی هستند (۵). Anwar و همکاران (۲۰۰۹) در نژاد نیلی راوی در پاکستان بیشترین تولید را به ترتیب برای زایش‌های بهار و تابستان و کمترین تولید را برای زایش‌های پاییز گزارش کردند. Hussein و همکاران (۲۰۰۶) دلیل معنی‌داری اثر فصل بر صفات تولیدی را در ناتوانی کنترل دمای بدن در فصل تابستان توسط گاومیش ذکر کرده‌اند و اینکه در فصل تابستان نیاز به غلتیدن در گل و لای یا آب افزایش پیدا می‌کند و افزایش دما، برای صفات تاثیر منفی می‌گذارد. خرمیان (۱۳۸۸) در نژاد خوزستانی بیشترین تولید شیر را برای زایش‌های بهار (۷۱۲±۲۴۴۵) و کمترین تولید شیر را برای زایش‌های زمستانه (۷۳۷±۱۴۸۳) گزارش داد. منحنی‌های تولید شیر برای زایش‌های داخل فصلی و خارج فصلی به ترتیب برای نژادهای خوزستانی و آذری در شکل‌های ۳ و ۴ نشان داده شده است.

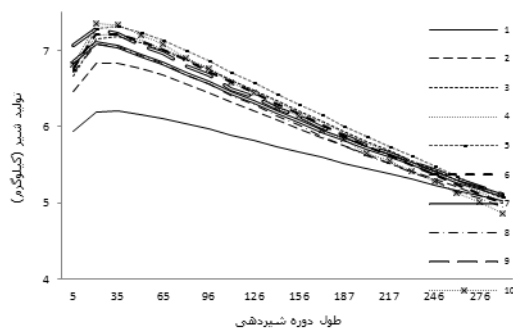


شکل ۳ منحنی‌های متوسط تولید شیر نژاد خوزستانی در دستجات زایش فصلی ۱: خارج فصلی (بهار و زمستان) و ۲: داخل فصلی (تابستان و پاییز)

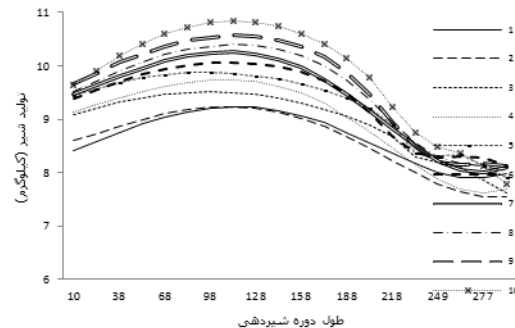
شکل ۴ منحنی‌های متوسط تولید شیر نژاد آذری در دستجات زایش فصلی ۱: خارج فصلی (بهار و زمستان) و ۲: داخل فصلی (تابستان و پاییز)

دوره شیردهی: تولید شیر در نژاد خوزستانی با افزایش دوره‌های شیردهی افزایش می‌یابد. به گونه‌ای که دهمین دوره شیردهی بیشترین مقدار تولید شیر را دارد. در نژاد آذری افزایش در تولید شیر تا دوره شیردهی پنجم اتفاق می‌افتد ولی بعد از آن دوباره کاهش می‌یابد. اوج تولید شیر در بیشتر نژادهای گاومیش در ماه سوم اتفاق می‌افتد (۷). ولی در تحقیق حاضر در تمام موارد منحنی‌های شیردهی نژاد خوزستانی در ماه‌های چهارم و در نژاد آذری در ماه دوم شیردهی اتفاق می‌افتند. در دوره‌های شیردهی اولیه، تداوم شیردهی بالاتر از دوره‌های بعدی است. شکل‌های ۱۴ و ۱۵ منحنی‌های تولید شیر در دوره‌های شیردهی یکم تا دهم را به ترتیب برای نژادهای خوزستانی و آذری نشان می‌دهند.

نشان داده شده است که فاصله بین زایش‌های اول و دوم در گاومیش‌های ایرانی بیشتر از فاصله‌های زایش‌های بالاتر است (حسن پور، ۱۳۸۹) که احتمالاً نشان دهنده اثر کمتر آبستنی بر کاهش تولید شیر در بعد از اوج تولید در دوره‌های شیردهی اولیه می‌باشد. اولویت مصرف مواد مغذی در بدن گاومیش‌ها حفظ نمره وضعیت بدنی، تامین نیازمندی‌های غذایی جنین در حال رشد و تولید شیر می‌باشد. بنابراین کاهش طبیعی تولید شیر بعد از اوج تولید با آبستن شدن دام تسریع می‌یابد (۷). از طرف دیگر، گاومیش‌های دوره‌های شیردهی اولیه همزمان با تولید، در حال رشد نیز می‌باشند که این مسئله نیز احتمالاً با کاهش تولید شیر در بعد از اوج تولید، مقابله می‌کند. Anwar و همکاران (۲۰۰۹) در نژاد نیلی راوی و Khan و همکاران (۲۰۰۸) در گاومیش‌های دیگر پاکستانی، دوره شیردهی سوم را بهترین دوره برای شیردهی ذکر کردند. بدین معنی که تولید شیر در این دوره بیشترین مقدار را داشته و افت در تولید شیر به دلیل آبستنی نیز در این دوره شیردهی کمترین مقدار می‌باشد. در مقایسه با نژادهای دیگر خارجی و نژاد آذری، به نظر می‌رسد که عمر اقتصادی نژاد خوزستانی به مراتب بیشتر باشد. زیرا علاوه بر تولید بالا در هر دوره شیردهی، با افزایش سن و تعداد دوره‌های شیردهی از مقدار تولید آن کاسته نمی‌شود.



شکل ۱۵ منحنی‌های متوسط تولید شیر نژاد آذری در دوره‌های شیردهی اول تا دهم



شکل ۱۴ منحنی‌های متوسط تولید شیر نژاد خوزستانی در دوره‌های شیردهی اول تا دهم

منابع

- ۸ - ۱ حسن پور، ک. ۱۳۸۹. ارزیابی ژنتیکی گاومیش‌های نر (کلچه‌های) ایران. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشکده علوم زراعی و دامی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران.
- ۹ - خرمیان، ع. ۱۳۸۸. بررسی اثر فصل زایش روی تولید شیر گاومیش خوزستانی. دومین همایش ملی گاومیش ایران. اهواز. ص ۵۷-۶۳.

- 10- Anwar, M. Cain, P. J. Rowlinson, P. Khan, M. S. Abdullah, M. and Babar, M. E. 2009. Factors Affecting the Shape of the Lactation Curve in Nili-Ravi Buffaloes in Pakistan. Pak J Zool. 9: 201-207.
- 11- Chaudhry, H. Z. Khan, M. S. Mohiuddin, G. and Mustafa, M. I. 2000. Peak Milk Yield and Days to Attain Peak in Nili-Ravi Buffaloes. Int J Agric Biol. 2: 356-358.
- 12- Gondal, K. Z. and Rowlinson, P. 1990. Some factors affecting the shape of lactation curves in Pakistani dairy buffaloes. Pak. J. Agri. Sci. 27: (1) 94-97.
- 13- Hussain, Z. Javed, K. Hussain, S. M. I. and Kiyani, G. S. 2006. Some environmental effects on productive performance of Nili-Ravi buffaloes in Azad Kashmir. J. Anim. Plant Sci. 16: 66-69.
- 14- Khan, S. Ahmad, N. Qureshi, M. S. Amjed, M. Younas, M. and Durani, F. R. 2008. Effect of gestation stage on milk production in dairy buffaloes. Sarhad J. Agric. 24: (2) 317-322.
- 15- Wood, P. D. P. 1967. Algebra model of the lactation curve. Nature. 216: 164-165.

Consider on lactation pattern of Khuzestani and Azeri buffalo breeds under different environmental factors effects

M.Naghous¹, K.Hasanpour^{2*}, B.Bahmani², A. Aslami nezhad², D. Kianzad³

1. Department of animal science, University of birjand 2. Center of Excellence, Department of animal science, ferdowsi university of mashhad 3. Center of breeding animal

* Corresponding E-mail address: Karimhasanpur@yahoo.com

Abstract:

In this work the effect of age and season of calving along with parity on milk yield curves in Khuzestani and Azeri buffalo breeds were studied. Diphasic and mixed log functions were applied to fit the curves. Younger buffaloes were, in all cases, more persistent than older buffaloes. Initial yield, peak yield, and lactation milk yield, in both breeds, increased as buffaloes get older till the age of calving of 120 month and decreased afterward. The buffaloes that having calved in season (summer and autumn) yielded higher and with better pattern than buffaloes that having calved out season (spring and winter). Milk yield increased substantially with parity number in Khuzestani breed, while it increased till the fifth parity and decreased thereafter in Azeri breed.

Keywords: Buffalo, Productive traits curves, Calving frequency, Mathematical function

برآورد پارامترهای ژنتیکی تعداد تلقیح منجر به آبستنی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل های رگرسیون تصادفی و چند صفتی

نویسندگان: رستم عبداللهی^۱، حسن علیلو^۱ و حیدر قیاسی^۲

۱ دانشجوی دکتری دانشگاه تهران، ۲ دانش اموزخانه کارشناسی ارشد دانشگاه تهران و ۳ استادیار گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی، دانشگاه پیام نور

چکیده:

هدف از این تحقیق برآورد پارامترهای ژنتیکی تعداد تلقیح منجر به آبستنی (INS) با استفاده از مدل های رگرسیون تصادفی (RRM) و چند صفتی (MTM) در گاوهای هلشتاین ایران بوده است. به این منظور از ۷۲۱۲۴ رکورد صفت INS در زایش های ۱ تا ۶ مربوط به ۲۷۱۱۳ گاو ماده که طی سال های ۱۳۶۱ تا ۱۳۸۶ در گاوداری هایی وابسته به بنیاد مستضعفان توسط مرکز اصلاح نژاد کشور جمع آوری شده بود، استفاده شد. داده ها با مدل های RRM و MTM آنالیز شدند و رکوردهای هر زایش به عنوان صفتی مجزا در نظر گرفته شدند. در MTM اثر ژنتیکی افزایشی حیوان و در RRM اثرات ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی حیوان به عنوان اثرات تصادفی علاوه بر اثر تصادفی باقی مانده وارد مدل شدند و برازش با تابع چند جمله ای لژاندر درجه سه صورت گرفت. وراثت پذیری های برآورد شده در RRM در زایش های مختلف با هم مشابه بودند به طوری که در زایش اول و دوم ۰/۰۵ و در بقیه زایش ها ۰/۰۴ برآورد شد. در MTM مقادیر وراثت پذیری برآورد شده کمتر از RRM بود و در دامنه ۰/۰۲ در زایش ۴ تا ۰/۰۵ در زایش پنجم قرار داشتند. نسبت واریانس محیطی دائمی به فنوتیپی (p^2) با افزایش شکم زایش افزایش یافت و از ۰/۰۱ در زایش اول تا ۰/۱۸ در زایش ششم متغیر بود. روند تغییر تکرار پذیری همانند p^2 بود. همبستگی ها ژنتیکی برآورد شده با RRM و MTM عموماً بالا ($>0/70$) بوده و با افزایش فاصله زایش روند کاهشی نشان داد. نتایج نشان داد که صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی قابلیت توارث پذیری پایینی دارد و همچنین مقادیر تکرارپذیری نشان دهنده اینست که تعداد زیادی رکورد برای اتخاذ تصمیم دقیق در انتخاب گاوها برای صفت INS نیاز است.

واژه های کلیدی: رگرسیون تصادفی - مدل چند صفتی - پارامترهای ژنتیکی - تعداد تلقیح منجر به آبستنی

مقدمه

صفات تولید مثلی از جمله صفات مهم اقتصادی هستند که در سال های اخیر توجه زیادی جهت بهبود آنها و وارد کردن آنها در شاخص های انتخاب گاوهای شیری شده است (۲)، از طرفی این صفات جز صفات پیچیده هستند که علاوه بر کنترل محیط جهت بهبود آنها، استفاده از مدل های آماری مناسب که به طور دقیقی پارامترهای ژنتیکی آنها را برآورد کنند مورد توجه اصلاحگران و محققان اصلاح نژاد قرار گرفته است. صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی مانند صفات تولیدی شیر و اجزای شیر و یا رشد، از جمله صفاتی است که در طول زمان بر روی یک دام رکورد برداری می شود. لذا میتوان این صفت را مانند صفات تولیدی مزبور با استفاده از مدل های تکرار پذیری، چند صفتی و یا رگرسیون تصادفی آنالیز کرد (۴).

بر اساس اطلاعات موجود، تاکنونی تحقیقی که نتایج حاصل از آنالیز صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی را با استفاده مدل چند صفتی و رگرسیون تصادفی مقایسه کند در ایران انجام نگرفته است. لذا هدف از این تحقیق در نظر گرفتن طبیعت تکرار شونده صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی و استفاده از دو مدل رگرسیون تصادفی و چند صفتی در برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی می باشد.

مواد و روش ها

داده ها

جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی، تعداد ۷۲۱۱۴ رکورد مربوط به ۲۷۱۱۳ گاو ماده در شکم های ۱ تا ۶ در ۱۵ گله گاو شیری وابسته به بنیاد مستضعفان استفاده گردید. تعداد تلقیح های مورد نیاز برای هر آبستنی اگر بیش از ۹ تلقیح بود، برابر ۹ در نظر گرفته شدند. ساختار کلی داده ها و شجره در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱. ساختار کلی داده ها و شجره به ازای هر زایش در گاوهای هلشتاین ایران برای صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی

زایش ۱	زایش ۲	زایش ۳	زایش ۴	زایش ۵	زایش ۶	
داده ها						
۲۵۵۵۱۹	۱۸۷۰۰	۱۲۸۵۵	۷۵۸۷	۴۶۵۶	۲۴۵۳	تعداد رکورد
۲/۰۵	۲/۱۸	۲/۱۶	۲/۱۷	۲/۲۳	۲/۳۵	میانگین
۱/۳۵	۱/۴۲	۱/۳۹	۱/۴۰	۱/۴۱	۱/۵۵	انحراف معیار (SD)
شجره						
۳۱۴۴۷	۲۴۶۲۲	۱۸۴۳۸	۱۲۴۷۳	۸۱۱۶	۴۷۴۵	تعداد حیوانات در شجره
۱۴۰۶	۱۱۹۶	۱۰۱۹	۷۹۲	۶۰۳	۴۸۲	تعداد پدر
۱۵۵۷۵	۱۲۲۱۱	۹۱۱۴	۶۰۸۱	۳۹۰۱	۲۱۴۹	تعداد مادر

آنالیزهای آماری

در مدل چند صفتی با لحاظ کردن تعداد تلقیح منجر به آبستنی در هر زایش به عنوان صفتی مجزا، آنالیز چند صفتی انجام شد. اثرات ثابت و تصادفی در مدل چند صفتی مشابه مدل رگرسیون تصادفی بود بجز اینکه در مدل رگرسیون تصادفی اثر محیطی دائمی خود حیوان نیز وارد مدل آماری شد. مدل آماری در رگرسیون تصادفی به صورت زیر بود:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{n-1} b_m \phi_m(p_{ij}) + \sum_{m=0}^{n-1} \alpha_{im} \phi_m(p_{ij}) + \sum_{m=0}^{n-1} \gamma_{im} \phi_m(p_{ij}) + e_{ij}$$

در معادله بالا، y_{ij} رکورد INS مربوط به گاو i ام در زایش j ام، F اثرات ثابت، $\phi_m(p_{ij})$ کواریت ثابت به صورت تابعی از زایش ها (p_{ij}) ، ϕ_m آمین تابع لژ اندر متعامد درجه m ، b_m ضرایب رگرسیون ثابت، α_{im} و γ_{im} اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی حیوان و e_{ij} اثر تصادفی باقی مانده می باشد. واریانس باقی مانده به صورت ناهمگن در محاسبات لحاظ شد و آنالیزهای آماری با استفاده از روش حداکثر درست نمایی محدود شده^{۱۵۰} و نرم افزار Wombat انجام شد.

نتایج و بحث

میانگین تعداد تلقیح منجر به آبستنی (INS) در این مطالعه ۲/۱۴ بود و همانطوری که در جدول ۱ نشان داده شده است میانگین تعداد تلقیح منجر به آبستنی با افزایش سن گاوها افزایش یافت. این نتایج با نتایج Badinga و همکاران (۱۹۸۵) مطابقت داشت. این محققین گزارش کردند میانگین تعداد تلقیح منجر به آبستنی در تلیسه ها ۱/۵ و در گاوهای چند شکم ۲/۳ می باشد. پارامترهای ژنتیکی و محیطی INS با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی (RRM) و چند صفتی (MTM) در جدول ۲ ارائه شده اند. مقادیر وراثت پذیری (h^2) عموماً پایین بودند و مقادیر وراثت پذیری حاصل در RRM نسبت به MTM بالاتر بودند. روند خاصی برای تغییرات وراثت پذیری از زایش اول تا ششم مشاهده نشد در حالیکه در مطالعه Nishida و همکاران (۲۰۰۶) روند تغییر وراثت پذیری از زایش اول تا ششم کاهشی گزارش شد. نسبت واریانس محیطی دائمی حیوان به فنوتیپی (p^2) و میزان تکرار پذیری (r) پایین بودند و با افزایش شکم زایش روند افزایشی قابل ملاحظه ای را نشان دادند. این امر موید آن است که انتخاب گاوها در زایش اول برای تعداد تلقیح منجر به آبستنی بایستی با احتیاط انجام شود.

جدول ۲. برآورد وراثت پذیری (h^2)، نسبت واریانس محیطی دائمی حیوان به فنوتیپی (p^2) و تکرار پذیری (r) برای تعداد تلقیح منجر به آبستنی در شش زایش با استفاده از مدل های چند صفتی (MTM) و رگرسیون تصادفی (RRM)

	r	p^2	h^2	
	RRM	RRM ^a	MTM	RRM
Parity number				
۱	0.058	0.01±0.01	0.03±0.01	0.05±0.01 ^b
۲	0.096	0.05±0.01	0.04±0.01	0.05±0.01
۳	0.118	0.07±0.01	0.03±0.01	0.04±0.01
۴	0.113	0.07±0.01	0.02±0.01	0.04±0.01
۵	0.118	0.08±0.01	0.05±0.03	0.04±0.01
۶	0.217	0.18±0.03	0.04±0.04	0.04±0.02

a اثر محیطی دائمی حیوان فقط در مدل RRM وجود داشت.

b خطای استاندارد (S.E)

Ghiasi و همکاران (۲۰۱۱) مقدار وراثت پذیری صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی را ۰/۰۴۶ گزارش کردند که در دامنه وراثت پذیری های برآورد شده این مطالعه قرار دارد. Kadarmideen و همکاران (۲۰۰۳) مقدار وراثت پذیری و تکرار پذیری INS را برای گاوهای هلشتاین انگلستان به ترتیب ۰/۰۱۹ و ۰/۰۵۵ گزارش کردند. در مطالعه ای که توسط Nishida و همکاران (۲۰۰۶) بر روی گاوهای سیاه ژاپنی با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی انجام شد، مقادیر وراثت پذیری در زایش های ۳، ۴، ۵ و ۶ مشابه این مطالعه بود اما مقادیر وراثت پذیری در زایش های ۱ و ۲ به ترتیب ۰/۱۵ و ۰/۰۹ گزارش شد که بیشتر از برآورد های این تحقیق بودند.

همبستگی ژنتیکی بین زایش های مختلف برای صفت INS با دو مدل RRM و MTM در جدول ۳ نشان داده شده است. همبستگی ژنتیکی صفت INS بین زایش ها در هر دو مدل بالا (>0.67) بود. زایش های مجاور نسبت به زایش های دور همبستگی ژنتیکی بالاتری داشتند. این روند در مدل چندصفتی محسوس تر بود. همبستگی های ژنتیکی این مطالعه از همبستگی ژنتیکی گزارش شده توسط Nishida و همکاران (۲۰۰۶) در هر دو مدل بالاتر بودند.

جدول ۳. همبستگی ژنتیکی صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی بین زایش های مختلف با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی (بالای قطر) و مدل چندصفتی (پایین قطر)

شماره زایش	۱	۲	۳	۴	۵	۶
۱	---	0.983	0.97	0.99	0.99	0.85
۲	0.91	---	0.99	0.99	0.87	0.74
۳	0.85	0.95	---	0.99	0.93	0.71
۴	0.88	0.93	0.94	---	0.96	0.78
۵	0.78	0.74	0.83	0.91	---	0.92
۶	0.67	0.67	0.70	0.83	0.91	---

همبستگی فنوتیپی بین زایش های مختلف با استفاده از مدل RRM و MTM در جدول ۴ ارائه شده است. همبستگی های فنوتیپی نسبت به همبستگی های ژنتیکی بسیار پایین بودند و این می تواند به دلیل وجود همبستگی محیطی باقی مانده منفی و بالا بین زایش های مختلف باشد. دامنه تغییر همبستگی در RRM از ۰/۰۲ تا ۰/۱۴ و در MTM از ۰/۰۳ تا ۰/۱۷ متغیر بود.

جدول ۴. همبستگی فنوتیپی صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی بین زایش های مختلف با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی (بالای قطر) و مدل چندصفتی (پایین قطر)

شماره زایش	۱	۲	۳	۴	۵	۶
۱	---	0.07	0.07	0.07	0.06	0.04
۲	0.12	---	0.11	0.10	0.07	0.02
۳	0.09	0.14	---	0.11	0.08	0.03

0.07	0.10	---	0.14	0.10	0.07	۴
0.14	---	0.11	0.11	0.10	0.08	۵
---	0.17	0.11	0.07	0.10	0.03	۶

به طور کلی نتایج این تحقیق نشان داد صفت تعداد تلقیح منجر به آبستنی وراثت پذیری و تکرار پذیری پایینی دارد و تفاوت مدل های در برآورد پارامترهای ژنتیکی قابل ملاحظه می باشد و لذا نیاز است مطالعات دیگری به منظور تکمیل این مطالعه جهت مقایسه این مدل ها انجام گیرد.

منابع

1. Badinga L., Collier R., Thatcher W. & Wilcox C. (1985) Effects of climatic and management factors on conception rate of dairy cattle in subtropical environment. *Journal of Dairy Science* 68, 78-85.
2. Ghiasi H., Pakdel A., Nejati-Javaremi A., Mehrabani-Yeganeh H., Honarvar M., González-Recio O., Carabaño M.J. & Alenda R. (2011) Genetic variance components for female fertility in Iranian Holstein cows. *Livestock Science* 139, 277-80.
3. Kadarmideen H.N., Thompson R., Coffey M.P. & Kossaibati M.A. (2003) Genetic parameters and evaluations from single- and multiple-trait analysis of dairy cow fertility and milk production. *Livestock Production Science* 81, 183-95.
4. Nishida A., Aziz M.A., Nishida S. & Suzuki K. (2006) Modelling number of services per conception of Japanese Black cattle by random regression. *J Anim Breed Genet* 123, 56-63.

Estimation of genetic parameters for number of insemination per conception in Iranian Holstein cows using Random Regression and Multiple Traits models

Authors: Abdollahi-Arpanahi, Rostam¹, Aliloo, Hassan¹ and Ghiasi, Haydar²

¹ Department of Animal Science, University of Tehran, ² Faculty of Agriculture, Payame Noor university

Abstract

The purpose of this study was to estimate the genetic parameters for number of insemination per conception (INS) in Iranian Holstein cows using Random Regression (RRM) and Multiple Traits (MTM) animal models. Data consisted of 72,124 records of parities 1 to 6 from 27,113 cows having lactation during 1981 to 2007 and distributed over 15 large Holstein herds. Data were

analysed by random RRM and MTM models, considering INS in each parity as a separate trait. The employed RRM included additive genetic and permanent environmental effects fitted by a third-order Legendre polynomial function of parity. Estimated heritabilities (h^2) by RRM were almost constant along the INS trajectory (0.05 in the first and second parity and 0.04 in other parities). The corresponding estimates of h^2 obtained by MTM were lower than RRM and ranged from 0.02 in parity 4 to 0.05 in parity 5. Proportion of permanent environmental effect to the total phenotypic variance (p^2) estimated by RRM increased over the parities from 0.01 in the first parity to 0.18 in the sixth parity. Estimated Repeatability (r^2) by RRM showed similar pattern as p^2 and increased along the INS trajectory. The additive genetic correlations for INS between parities estimated by RRM and MTM were generally high ($> \sim 0.70$) and their values between adjacent parities were higher than those of parities far apart. The results indicated that INS has a little variation in different parities. The magnitude of estimates of repeatability reported in our study suggests that in order to make accurate selection decisions for INS trait, much information are needed.

Key words: Random regression- Multiple traits- genetic parameters- number of insemination per conception

مقایسه مدل های خطی، لجستیک و پواسن برای آنالیز ژنتیکی تعداد تلقیح منجر به آبستنی و موفقیت در اولین آبستنی در گاوهای هلشتاین ایران

نویسندگان: رستم عبداللهی^۱، حسن علیلو^۱ و حیدر قیاسی^۲

۱ دانشجوی دکتری دانشگاه تهران، ۲ دانش اموزخته کارشناسی ارشد دانشگاه تهران و ۳ استادیار گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی، دانشگاه پیام نور

چکیده:

صفات تولیدمثلی از جمله صفات مهم اقتصادی هستند که به منظور ارزیابی ژنتیکی صحیح نیاز است که از مدل آماری مناسب برای ارزیابی ژنتیکی آنها استفاده شود. هدف اصلی این تحقیق مقایسه سه مدل خطی و لجستیک در آنالیز ژنتیکی صفت موفقیت در اولین تلقیح (SF) و دو مدل خطی و پواسن در ارزیابی ژنتیکی صفت تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی (INS) بوده است. به این منظور از ۷۲۱۲۴ رکورد صفات SF و INS در زایش های ۱ تا ۶ مربوط به ۲۷۱۱۳ گاو که طی سال های ۱۳۶۱ تا ۱۳۸۶ در گاوداری هایی وابسته به بنیاد مستضعفان توسط مرکز اصلاح نژاد کشور جمع آوری گردیده بود، استفاده شد. پارامترهای ژنتیکی، همبستگی اسپیرمن بین ارزش های اصلاحی حاصل از مدل های مختلف و آماره های نیکویی برازش (همبستگی بین مقادیر فنوتیپی مشاهده شده و مورد انتظار و میانگین مربعات خطا) برآورد شدند. برآوردهای وراثت پذیری برای صفت INS از ۰/۰۳۹ تا ۰/۰۹۱ و برای صفت SF از ۰/۰۴۰ تا ۰/۱۶۵ متغیر بودند. با توجه به آماره های نیکویی برازش عملکرد مدل خطی و لجستیک تقریباً مشابه بود. ارزش های اصلاحی برآورد شده از مدل های مختلف همبستگی بالایی با هم نشان دادند. برای صفت INS، عملکرد مدل خطی بهتر از مدل پواسن بود. به طور کلی برای ارزیابی ژنتیکی صفت SF، هر دو مدل پروبیت و خطی مشابه عمل می کنند اما برای صفت INS، استفاده از مدل خطی بر پواسن ارجحیت دارد.

لغات کلیدی: گاوهای شیری هلشتاین ایران-پارامترهای ژنتیکی-مقایسه مدل-مدل های غیر خطی-صفات تولیدمثلی
مقدمه

تاکید بیش از اندازه به افزایش تولید شیر در گله های گاو شیری منجر به کاهش چشم گیر عملکرد تولیدمثلی گاوها شده است (۲)، در صورتی که سودآوری در گله های گاو شیری تحت تاثیر عملکرد تولید مثلی دام نیز می باشد. اخیراً پیشنهاد شده است با وارد کردن برخی صفات تولید مثلی مانند تعداد تلقیح منجر به آبستنی (INS) و موفقیت یا شکست در آبستنی (SF) در شاخص انتخاب گاوهای شیری، هزینه های تولید کاهش یافته و لذا منجر به سود آورد در مزارع گاوهای شیری می شود (۶ و ۷). از طرفی برای وارد کردن این صفات در شاخص انتخاب و ارزیابی ژنتیکی صحیح و دقیق نیاز است که از مدل های مناسب برای ارزیابی این صفات استفاده شود.

صفت INS یک صفت قابل طبقه بندی بوده و صفت SF یک صفت دودویی می باشد. تاکنون اکثر ارزیابی های ژنتیکی برای این دو صفت مبتنی بر مدل های خطی بوده در حالی که به نظر می رسد صفت INS دارای توزیع پواسن و صفت SF دارای توزیع دوجمله ای می باشد. لذا مدل هایی که طبیعت گسسته بودن این صفات را در نظر می گیرند میتوانند ارزیابی های ژنتیکی و برآورد پارامترهای ژنتیکی آنها را بهبود دهند. مدل های مختلط غیر خطی مبتنی بر تئوری صفات آستانه ای برای آنالیز صفات قابل طبقه بندی مطالعه شدند و نتایج بهتری نسبت به مدل های خطی حاصل کردند (۱). چندین مدل احتمال می تواند برای توصیف SF

و INS در گاوهای شیری استفاده شود. برای صفات دودویی مانند SF دارای توزیع برنولی، استفاده از توابع ربط لجستیک و یا پروبیت منطقی به نظر می رسد و برای داده های شمارشی مانند INS، چندین مدل احتمال مانند پواسن یا خطی وجود دارد (۸۵). به طور کلی، هدف از این تحقیق، اولاً برآورد پارامترهای ژنتیکی و ثانیاً مقایسه مدل های مختلف براساس معیارهای نیکویی برازش (میانگین خطای باقی مانده و همبستگی بین مقدار عملکرد مشاهده شده و برآورد شده) می باشد.

مواد و روش ها

جهت مقایسه مدل ها و برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدمثلی، تعداد ۷۲۱۱۴ رکورد مربوط به ۲۷۱۱۳ گاو ماده در شکم های ۱ تا ۶ در ۱۵ گله گاو شیری وابسته به بنیاد مستضعفان استفاده گردید. صفات تولید مثلی که در این مطالعه، مورد استفاده گردید، تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی (INS) و موفقیت در اولین تلقیح (SF) بود. تعداد تلقیح های مورد نیاز برای هر آبستنی اگر بیش از ۹ تلقیح بود، برابر ۹ در نظر گرفته شدند. برای موفقیت در تلقیح اگر گاو با اولین تلقیح آبستن شده بود کد ۱ و در غیر اینصورت کد صفر داده شد.

آنالیز ژنتیکی

مدل آماری مورد استفاده به صورت زیر بود:

$$\eta = Xb + Z_1a + Z_2hys + Wpe + e$$

η ، تابعی از میزان مورد انتظار INS یا SF؛ b ، بردار اثرات ثابت زایش (۶ سطح)، سن در زایش قبلی (۱۰ سطح) و ماه اولین تلقیح (۱۲ سطح)؛ a ، اثر ژنتیکی افزایشی؛ hys ، اثر تصادفی گله-سال-فصل؛ pe ، اثر محیطی دائمی گاو و X ، Z_1 ، Z_2 و Z_3 به ترتیب ماتریس های طرح بوده که رکوردها را به اثرات مرتبط می کنند.

آنالیزهای آماری با نرم افزارهای MCMCglmm (۳) و Pedigreemm (۷) که در محیط زبان برنامه نویسی R قابل دسترس هستند، انجام شد. استنباط ها برای هر مدل مبتنی بر ۵۰۰۰۰۰ نمونه گیری گیبس بودند که ۲۰۰۰۰۰ نمونه اول به عنوان دوره قلق گیری نادیده گرفته شدند. فاصله نمونه گیری ۲۰۰ لحاظ شد. تشخیص همگرایی و آنالیز آماری و گرافیکی نمونه های زنجیره مارکوف مونت کارلو با استفاده از نرم افزار Coda تحت R انجام شد.

نتایج و بحث

اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی در جدول ۱ ارائه شده اند. مقایسه مدل ها براساس مقادیر واریانس اثر تصادفی امکان پذیر نیست زیرا که مقیاس مدل ها متفاوت بوده است. مثلاً مدل پواسن در مقیاس نمایی و مدل لجستیک دارای مقیاس لگاریتمی بوده است. اما از پارامترهای ژنتیکی می توان جهت مقایسه مدل ها استفاده کرد. وراثت پذیری صفت موفقیت در اولین تلقیح (SF) با مدل لجستیک (۰/۰۹۱) حدود دو برابر وراثت پذیری حاصل از مدل خطی (۰/۰۳۹) بوده است. برای صفت تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی (INS) وراثت پذیری مدل پواسن (۰/۱۶۵) چهار برابر مدل خطی (۰/۰۴۰) بود. البته این تفاوت ها در برآورد پارامترها بین مدل ها دور از انتظار نیست چرا که مدل های لجستیک و پواسن بر اساس مقیاس پشت صحنه صفات هستند در حالی که مدل های خطی بر اساس مقدار مشاهده شده می باشند. از نظر تکرارپذیری، تکرار پذیری صفت SF بر اساس مدل لجستیک ۰/۱۷۳ و از مدل خطی ۰/۰۸۱ برآورد شد. با این وجود، وراثت پذیری صفت INS، با استفاده از مدل پواسن متوسط (۰/۲۹۸) و بیشتر از مدل خطی (۰/۰۷۸) بود.

جدول ۱. برآورد میانگین و چندک های (۰/۰۲۵ و ۰/۹۷۵) توزیع پسین اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات تعداد تلقیح منجر به آبستنی (INS) و موفقیت در اولین آبستنی (SF) با مدل های خطی، لجستیک و پواسن

INS		SF	
پواسن	خطی	لجستیک	خطی
۰/۰۱۱ (۰/۰۱۰، ۰/۰۱۳)	۰/۰۷۵ (۰/۰۶۴، ۰/۰۹۲)	۰/۱۵۱ (۰/۱۱۳، ۰/۱۹۰)	۰/۰۱۰ (۰/۰۰۹، ۰/۰۱۱)
۰/۰۱۰ (۰/۰۰۹، ۰/۰۱۱)	۰/۰۷۸ (۰/۰۶۳، ۰/۰۹۴)	۰/۱۲۷ (۰/۰۹۵، ۰/۱۸۴)	۰/۰۱۰ (۰/۰۰۹، ۰/۰۱۱)
۰/۰۳۳ (۰/۰۲۹، ۰/۰۳۸)	۰/۱۳۶ (۰/۱۱۷، ۰/۱۵۲)	۰/۳۴۱ (۰/۲۸۳، ۰/۳۸۵)	۰/۰۱۷ (۰/۰۱۵، ۰/۰۲۰)
۰/۰۱۷ (۰/۰۱۶، ۰/۰۱۹)	۱/۶۵۶ (۱/۶۳۱، ۱/۶۷۳)	۱	۰/۲۱۷ (۰/۲۱۵، ۰/۲۱۹)
۰/۱۶۵ (۰/۱۴۰، ۰/۱۷۹)	۰/۰۴۰ (۰/۰۳۳، ۰/۰۴۷)	۰/۰۹۱ (۰/۰۷۱، ۰/۱۱۷)	۰/۰۳۹ (۰/۰۳۶، ۰/۰۴۴)
۰/۲۹۸ (۰/۲۷۰، ۰/۳۲۱)	۰/۰۷۸ (۰/۰۷۲، ۰/۰۸۸)	۰/۱۷۳ (۰/۱۵۵، ۰/۲۰۰)	۰/۰۸۱ (۰/۰۷۵، ۰/۰۸۶)

σ_a^2 ، واریانس افزایشی؛ σ_{pe}^2 ، واریانس محیطی دائمی حیوان؛ σ_{hys}^2 ، واریانس گله-سال-فصل؛ σ_e^2 ، واریانس باقی مانده؛ h^2 ، وراثت پذیری؛ α ، تکرار پذیری

همبستگی رتبه ای بین اثرات تصادفی (ارزش های اصلاحی برآورد شده و اثرات محیطی دائمی) در جدول ۲ ارائه شده است. بین مدل ها در داخل صفات همبستگی رتبه ای بالایی وجود داشت. از طرفی به دلیل اینکه همبستگی ژنتیکی بین دو صفت SF و INS با توجه به نتایج حاصل از آنالیز دو متغیره و مدل خطی در این مطالعه ۰/۹۸- و در مطالعه Kadarmideen و همکاران (۲۰۰۳) منفی و بالا ۰/۹۲- برآورد شده است. لذا همبستگی بین ارزش های اصلاحی این دو صفت نیز منفی (۰/۷۰۸-) برآورد شد. همبستگی بین اثرات محیطی دائمی حیوان برای صفت SF، بین مدل لجستیک و خطی بسیار بالا (۰/۹۸۸) و برای صفت INS، بین مدل پواسن و خطی (۰/۹۸۷) برآورد شد. همبستگی فنوتیپی بین این دو صفت با استفاده از مدل خطی ۰/۷۱- برآورد شد و به تبع آن همبستگی بین اثرات محیطی دائمی دو صفت بالا و از ۰/۶۰۴- تا ۰/۷۰۱- متغیر بود.

جدول ۲. همبستگی رتبه ای اسپیرمن بین پیش بینی های اثرات تصادفی (ارزش های اصلاحی بالای قطر، اثرات محیطی دائمی پایین قطر) بدست آمده از مدل های متفاوت (خطی، لجستیک و پواسن) برای صفات تعداد تلقیح منجر به آبستنی (INS) و موفقیت در اولین آبستنی (SF)

مدل	خطی (SF)	لجستیک	خطی (INS)	پواسن
خطی (SF)	---	۰/۹۶۹	-۰/۷۰۸	-۰/۷۰۶
لجستیک	۰/۹۷۷	---	-۰/۷۰۳	-۰/۸۱۸
خطی (INS)	-۰/۶۰۷	-۰/۶۰۴	---	۰/۹۷۱
پواسن	-۰/۷۰۱	-۰/۷۰۱	۰/۹۷۸	---

از آنجا که این مدل‌های لجستیک و پواسن در مقیاس‌های متفاوتی مانند لگاریتمی و یا نمایی هستند نمی‌توان از معیارهایی مانند LogL , AIC , BIC و DIC برای مقایسه مدل‌ها استفاده کرد. لذا از دو معیار MSE و همبستگی بین مقدار برازش شده و مشاهده شده بعد از تبدیل داده‌های برازش شده برای مدل‌های پواسن و لجستیک به مقیاس اولیه استفاده گردید. برای صفت INS ، هم از نظر MSE (۱/۵۳۲ در مقابل ۱/۶۲۶) و هم از نظر همبستگی (۰/۵۰ در مقابل ۰/۴۳) مدل خطی بهتر از مدل پواسن عمل کرد. برای صفت SF ، دو مدل خطی و لجستیک از نظر MSE (۰/۲۰۱ در مقابل ۰/۲۰۳) و از نظر همبستگی (۰/۴۸۱ در مقابل ۰/۴۹۲) مشابه عمل کردند.

جدول ۳. میانگین مربعات خطی (MSE) و همبستگی (COR) بین ارزش‌های مشاهده شده و برآورد شده برای صفات تعداد تلقیح منجر به آبستنی (INS) و موفقیت در اولین آبستنی (SF)

SF		INS		
لجستیک	خطی	پواسن	خطی	
۰/۲۰۳	۰/۲۰۱	۱/۶۲۶	۱/۵۳۲	MSE
۰/۴۹۲	۰/۴۸۱	۰/۴۳۴	۰/۵۰۳	COR

منابع

- Gianola D. (1982) Theory and analysis of threshold characters. *Journal of Animal Science*, 54:1079
- Gonzalez-Recio O., Chang Y.M., Gianola D. & Weigel K.A. (2005) Number of inseminations to conception in Holstein cows using censored records and time-dependent covariates. *Journal of Dairy Science*, 88: 3655-62.
- Hadfield J.D. (2010) MCMC methods for multi-response generalized linear mixed models: the MCMCglmm R package. *Journal of Statistical Software*, 33: 1-22.
- Kadarmideen H.N., Thompson R., Coffey M.P. & Kossaibati M.A. (2003) Genetic parameters and evaluations from single- and multiple-trait analysis of dairy cow fertility and milk production. *Livestock Production Science*, 81: 183-95.
- Peñagaricano F., Urioste J.I., Naya H., de los Campos G. & Gianola D. (2011) Assessment of Poisson, Probit and linear models for genetic analysis of presence and number of black spots in Corriedale sheep. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 128: 105-13.
- Spangler M.L., Sapp R.L., Rekaya R. & Bertrand J.K. (2006) Success at first insemination in Australian Angus cattle: Analysis of uncertain binary responses. *Journal of Animal Science*, 84: 20-4

7. Vazquez A.I., Bates D.M., Rosa G.J., Gianola D. & Weigel K.A. (2010) Technical note: an R package for fitting generalized linear mixed models in animal breeding. *Journal of Animal Science*, 88: 497-504.
8. Vazquez A.I., Gianola D., Bates D., Weigel K.A. & Heringstad B. (2009) Assessment of Poisson, logit, and linear models for genetic analysis of clinical mastitis in Norwegian Red cows. *Journal of Dairy Science*, 92(2):739-748.

Assessment of Poisson, Logit and linear models for genetic analysis of number of inseminations to conception and success at first insemination in Holstein cows of Iran

Authors: Abdollahi-Arpanahi, Rostam¹., Aliloo, Hassan¹ and Ghiasi, Haydar²

¹ Department of Animal Science, University of Tehran, ² Faculty of Agriculture, Payame Noor university

Abstract

Fertility traits are among economically traits and estimation of reliable genetic parameters needs to employ the most appropriate statistical model. The main goal of this study was to assess alternative models rather than linear models for genetic evaluation of number of inseminations per conception (INS) and success at first insemination (SF) in Holstein cows of Iran. Four models were considered: linear and Logit for SF and linear and Poisson for INS. Data consisted of 72,124 records of parities 1 to 6 from 27,113 cows having lactation between 1981 to 2007 and distributed over 15 large Holstein herds. Genetic parameters were estimated and models were compared based on goodness of fit statistics (mean squared error (MSE) and correlation between observed and fitted values). Estimates of heritability ranged from 0.039 to 0.091 for SF and 0.040 to 0.165 for INS. The performance of linear and logit models was almost similar for SF. Predictions of random effects from these models were highly correlated. For INS, the linear model, performed better than poisson model according to the goodness of fit criteria. Overall, the use of logit or linear models for SF and employing a linear model with a residual effect for INS seems a reasonable choice for genetic selection purposes in Holstein cows of Iran.

Key words: Dairy cows-Genetic parameters-Model comparison-Nonlinear models-Fertility traits

مطالعه رابطه‌ی برخی از متابولیت‌های خون با ذخایر چربی حفره بطنی و وزن دنبه در گوسفند لری
امیر حسین خلت آبادی فراهانی^۱، محمد مرادی شهر بابک^۲، حسین مرادی شهر بابک^۳، زهرا عزیزی^۴
۱- دانشگاه اراک، ۲، ۳ و ۴- دانشگاه تهران، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی کرج.

امیر حسین خلت آبادی فراهانی، hmoradis@ut.ac.ir

چکیده

تأمین پروتئین حیوانی در جوامع مختلف با توجه به ذائقه مردم، وضعیت جغرافیایی و آب و هوایی و نیز عقاید مذهبی از منابع متفاوت صورت می‌گیرد. گوشت گوسفند در ایران به عنوان یک منبع تأمین پروتئین رایج بوده و در مقایسه با گوشت گاو و بز مصرف آن بالا می‌باشد. اما اطلاعات درمورد ترکیب لاشه درگوسفندان بومی بسیار کمیاب است. از طرفی با توجه به اینکه چربی اضافی، به عنوان عامل اساسی در کاهش کیفیت و بازارپسندی لاشه به حساب می‌آید، و بیشتر این چربی اضافی نیز درنواحی پشت، چربی حفره بطنی و دنبه دام ذخیره می‌گردد بنابراین لازم به نظر می‌رسد که مطالعاتی روی دنبه و ارتباط آن با میزان چربی و کلاسترول و تری گلیسرید و سایر پارامترهای خونی انجام گیرد. هدف از تحقیق حاضر تعیین ارتباط بین وزن دنبه، چربی حفره بطنی، تری گلیسرید و کلاسترول پلاسما بر روی ۲۳۵ گوسفند لری بود که با استفاده از دام‌های موجود در مجتمع کشت و صنعت پرواربندی هرات و مروست واقع در استان یزد انجام شد. قبل از انجام عمل اندازه‌گیری دنبه، خونگیری از ورید و داج با استفاده از سانتریفیوژ به مدت ۱۵ دقیقه با ۴۰۰۰ دور در دقیقه پلاسمای خون جدا گردید. آنالیز داده‌ها با استفاده از برنامه آماری SAS و رویه GLM انجام گرفت. نتایج حاصل نشان داد که میزان کلاسترول و تری گلیسرید ($P < 0/05$) بر وزن دنبه معنی‌دار بود، ولی بین کلاسترول پلاسما با چربی حفره بطنی و بین میزان تری گلیسرید پلاسما با میزان چربی حفره بطنی ارتباط معنی‌داری وجود نداشت.

واژه‌های کلیدی: گوسفند لری، تری گلیسرید، کلاسترول، وزن دنبه چربی، حفره بطنی

مقدمه

جمعیت جهان با رشدی تصاعدی در حال افزایش است که با توجه به این رشد روز افزون نیاز به تکنولوژی قدرتمند برای تأمین مواد خوراکی کاملاً احساس می‌شود، و صنعت کشاورزی- دامپروری نقش بسیار بارزی را در این زمینه به عهده دارد (۶). با توجه به شرایط اقلیمی، فرهنگی و مذهبی در ایران، گوشت گوسفند یکی از منابع اصلی تأمین پروتئین می‌باشد. به علت ارتباط بین سطوح بالای چربی‌های اشباع‌شده‌ی حیوانی در رژیم غذایی و بیماری‌های قلبی عروقی، بالا رفتن کلاسترول خون، انسداد شراین، بالا رفتن فشار خون و چاقی مفرط تقاضا برای گوشت با چربی کمتر بیشتر می‌باشد. در نتیجه چربی اضافی، به عنوان عامل اساسی در کاهش کیفیت و بازارپسندی لاشه دارای پیامدهایی بر صنعت دام و طیور است که عبارتند از: الف- کاهش تمایل مصرف‌کنندگان به فراورده‌های حیوانی با چربی بالا به دلیل اثرات منفی چربی اضافی بر سلامت انسان. ب- هدر رفتن انرژی به دلیل تولید پرهزینه یک ماده بیولوژیکی نامطلوب، چرا که بازدهی تبدیل مواد مغذی به چربی کمتر از تبدیل آن مواد به پروتئین است. ج- بازدهی بیولوژیکی پائین حیوانات تولیدکننده لاشه پر چرب (۷و۲). کنترل میزان ذخیره چربی در ناحیه پشت از جنبه اقتصادی اهمیت فراوانی در دامها دارد به علت اینکه کیفیت لاشه و ضخامت چربی پشت اندازه‌گیری شده رابطه بسیار قوی با

درصد تولیدات جزئی در گوشت دارد (۳). طبق مطالعه ای که در سال ۱۹۷۲ توسط Russel و Mclelland صورت گرفت، نشان دادند که چربی ذخیره ای در بخشهای مختلف بدن نه تنها بین گونه ها بلکه درون گونه نیز متفاوت می باشد (۴). مطالعات در مورد ذخیره چربی نشان می دهد که بیشتر تغییرات آن به خاطر واریانس افزایشی است و می توان از برنامه های اصلاح نژادی برای تغییر میزان چربی در داخل و بین نژادها استفاده کرد (۸) عوامل مختلفی از جمله نژاد، جنس، وزن کشتار، تغذیه و سن بلوغ بر روی میزان کلاسترول لاشه گوسفند موثر هستند (۱). هدف از این تحقیق مطالعه رابطه ای برخی از متابولیت های خون با میزان و اندازه های دنبه است.

مواد و روش ها

در مجتمع کشت و صنعت پرواربندی هرات و و مروست بره ها به صورت دسته جمعی به حالت ۷۰۰ رأس در هر آغل تغذیه می شدند و جیره غذایی آنها برحسب مقدار مورد نظر تنظیم می شده و تمام بره های پرواری مواد اولیه جیره آنها یکسان بوده و دوره پرواربندی آنها از ۳/۵ تا ۳ ماه بود. بره ها در سنین مختلف کشتار می شدند که تحقیق ما بر روی بره هایی که سن آنها بین ۷ تا ۱۷ ماه داشتند انجام شد. ابتدا دام زنده که به مدت ۲ ساعت بدون خوراک نگهداری شده بودند وزن شده و تعیین سن شدند و پس از کشتار پارامترهای زیر اندازه گیری می شود. بعد از کشتار دام و پوست کنی، در مرحله خالی کردن امعاء و احشاء از حفره بطنی، چربی حفره بطنی جدا و وزن شد. سپس دنبه از لاشه جدا و وزن کنی انجام شد و لاشه بدون دنبه هم وزن شد. خونگیری نیز تا جایی که امکان داشت طوری انجام گرفت که حداقل استرس به گوسفندان وارد شود تا تغییر پارامترهای خونی را نداشته باشیم. خون از ورید وداجی گردن گرفته شد و بلافاصله به مدت ۲-۳ دقیقه و نوجکت هپارینه حاوی خون را با ملاپمت تکان داده تا از انعقاد خون جلوگیری شود و بلافاصله لوله های ونوجکت جهت تفکیک پلاسماي خون با ۴۰۰۰ دور در دقیقه سانتریفیوژ انجام شد. بدین صورت که هر بار ست هایی که برای جدا کردن پلاسما در سانتریفیوژ قرار داده می شدند حدود ۲۰ دقیقه در سانتریفیوژ قرار داده می شد تا بطور کامل پلاسما جدا و پس از جدا شدن، پلاسما در داخل میکروتیوپ ها ریخته و شماره گذاری می شدند و سپس برای آنالیز در دمای ۲۰- درجه سانتیگراد نگهداری شدند. خون با ظرف های حاوی یخ به صورت منجمد به دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران واقع در کرج انتقال داده شد و نمونه های پلاسما در آزمایشگاه مرکزی گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران آنالیز و نمونه ها ۲ تا ۳ بار برای هر آنالیز تکرار شدند. ابتدا نمونه های پلاسما ی منجمد در دمای آزمایشگاه به صورت مایع درآمد و برای اندازه گیری تری گلیسرید و کلاسترول از کیت کلاسترول و تری گلیسرید شرکت زیست شیمی استفاده شد. بدین صورت که ۱۰ میکرولیتر نمونه پلاسما را داخل لوله آزمایش ریخته و یک میلی لیتر از کیت مربوطه را اضافه کرده و در داخل بن ماری در دمای ۳۷ درجه سانتیگراد و به مدت ۱۵ دقیقه برای نمونه های کلاسترول و ۱۰ دقیقه برای نمونه های تری گلیسرید قرار داده می شدند و پس از آن نمونه برای دستگاه اسپکتروفتومتر آماده و از هر نمونه مقداری که کوت دستگاه را پر کند برداشته و دستگاه با کمک اشعه فرابنفش و طول موج خاص هر نمونه و برگشت نور، مقدار تری گلیسرید و کلاسترول را اندازه گیری و ثبت می کند. سپس داده ها جهت ویرایش به نرم افزار Exel وارد و جهت آنالیز داده ها با رویه GLM در برنامه آماری SAS تجزیه و تحلیل شدند.

نتایج و بحث

مدل بررسی اثر کلاسترول بر روی وزن دنبه :

$$Y_{ijk} = \mu + S_i + b_1(C_j - \bar{C}) + b_2(W_k - \bar{W}) + e_{ijk}$$

Y_{ijkl} = هر یک از مشاهدات مربوط به صفات وزن دنبه μ = میانگین صفت در جامعه S_i = اثر i امین جنس حیوان (نر، ماده) b_1 = ضریب تابعیت وزن دنبه روی کلسترول b_2 = ضریب تابعیت وزن دنبه روی وزن زنده دام W_K = وزن زنده دام هنگام خونگیری C_j = اثر j امین میزان کلسترول $\bar{C}$ = میانگین اثر کلسترول $\bar{W}$ = میانگین وزن دامها در هنگام خونگیری e_{ijkl} = اثر باقی مانده

جدول اجزا موجود در مدل آنالیز واریانس

منابع	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	ارزش F
اثر جنس	۱	۴۹/۲۰۲۹	۴۹/۲۰۲۹	۶۶/۴۰**
کلسترول	۱	۲/۷۲۴۵	۲/۷۲۴۵	۳/۶۸*
وزن زنده دام	۱	۱۸/۹۷۲۰	۱۸/۹۷۲۰	۲۵/۶۰**

*در سطح (P<0/05) معنی دار بود. **در سطح (P<0/01) معنی دار بودند.

مدل بررسی اثر تری گلیسرید بر وزن دنبه:

$$Y_{ijk} = \mu + S_i + b_1(TG_j - \overline{TG}) + b_2(W_k - \overline{W}) + TG * L + e_{ijk}$$

$\overline{TG}$ = میانگین اثر تری گلیسرید S_i = اثر i امین جنس حیوان (نر، ماده)

TG_j = اثر j امین میزان تری گلیسرید mg/dl $TG * L$ اثر متقابل تری گلیسرید و وزن زنده.

جدول اجزا مدل آنالیز واریانس وزن دنبه و میزان تری گلیسرید پلاسمای خون

منابع	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	ارزش F
جنسیت	۱	۳۷/۱۵۷۴	۳۷/۱۵۷۴	۵۳/۱۱***
تری گلیسرید پلاسما	۱	۲/۹۶۹۷	۲/۹۶۹۷	۴/۲۴*
وزن زنده	۱	۶/۸۴۶۷	۶/۸۴۶۷	۹/۷۹*
اثر متقابل وزن زنده و تری گلیسرید پلاسما	۱	۲/۲۷۸۱	۲/۲۷۸۱	۳/۲۶*

*در سطح (P<0/05) معنی دار بود. **در سطح (P<0/01) معنی دار بودند.

همچنین مدل بررسی وزن دنبه با تری گلیسرید و کلسترول:

$$Y_{ijkl} = \mu + S_i + b_1(TG_j - \overline{TG}) + b_2(C_k - \overline{C}) + b_3(W_l - \overline{W}) + e_{ijkl}$$

جدول اجزا موجود در مدل فوق

منابع	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	ارزش F
جنسیت	۱	۳۸/۲۳۰۶	۳۸/۲۳۰۶	۵۵/۴۱**
تری گلیسرید	۱	۱/۷۱۸۵	۱/۷۱۸۵	۲/۴۹*
کلسترول	۱	۳/۰۳۹۳	۳/۰۳۹۳	۴/۴۵*
وزن زنده	۱	۱۸/۱۸۹۹	۱۸/۱۸۹۹	۲۶/۳۶*

نتایج حاصل از جدول آنالیز واریانس نشان داد که بین وزن دنبه و کلسترول پلاسما ارتباط معنی داری وجود دارد ($p < 0/05$). این نتیجه با آزمایشاتی که Nooriyan Sarvar (۲۰۰۹) روی بره های قطع دنبه شده و قطع دنبه نشده انجام داده بود مطابقت داشت، به طوری که بره های قطع دنبه شده دارای کلسترول و LDL کمتری نسبت به گروه دوم داشتند ($P < 0/05$) (۵). همچنین ارتباط معنی داری بین وزن دنبه با جنس، تری گلیسرید پلاسما، وزن زنده و اثر متقابل وزن زنده و تری گلیسرید پلاسما وجود دارد. ارتباط معنی داری نیز بین وزن دنبه با تری گلیسرید و کلسترول پلاسما وجود دارد. ولی بین کلسترول پلاسما با چربی حفره بطنی و بین اثر میزان تری گلیسرید پلاسما بر میزان چربی حفره بطنی ارتباط معنی داری وجود نداشت. مطالعه حاضر نشان می دهد که پایین بودن وزن دنبه با کم بودن میزان کلسترول ارتباط داشته و سبب بهبود در صفات رشد و مطلوب شدن خصوصیات لاشه می شود.

منابع

۱ - محرری، ع، ه. هدایتی و د، ساقی. ۱۳۷۷. مقایسه بین میزان رشد و خصوصیات لاشه های بره های بلوچی قطع دنبه شده و قطع دنبه نشده. نشریه پژوهشی- مرکز تحقیقات منابع طبیعی و امور دام استان خراسان.

2. Kong H.S., J.D. OH, J.H. Lee, D.H. Yoon, Y.H. Choi, B.W. Cho, H.K. Lee and G.J. Jean. (2007). Association of sequence variations in DGAT1 gene with economic traits in hanwoo (Korea Cattle). Asian-australasian journal of animal sciences. 817-820.
3. Marina R.S., Curi, A., Chardulo, L., Silveira, C., Assumpcao, E. O. D., Visintin, J. A. and Oliveira, N. (2009) Bovine gene polymorphisms related to fat deposition and meat tenderness. Genetics and Molecular Biology 32:1:75-82.
4. McClelland, T. H., A. J.F. Russel. (1972). The distribution of body fat in scattish Blackface and finish Landrace lambs. Animal production 15:301-306.
5. Nooriyan Sarvar, E.M., M. Moeini et al. (2009). "The Effects of Docking on Growth Traits, Carcass Characteristics and Blood Biochemical Parameters of Sanjabi Fat-tailed Lambs." Journal of Animals Science. 6:796-802
6. Rashidi, A., M.S., Mokhtari, A. Safi Jahanshahi, and M.R. Mohammad Abadi. (2008). Genetic parameter estimates of pre-weaning growth traits in Kermani sheep. Small Ruminant Research. 74:165-171.
7. Waldron, D.F. (2008). Strategies for Genetic Improvement of Carcass Value in Lambs. Texas Agricultural Experiment Station, Texas A and M University System, San Angelo.
8. Willham. R. I. (1976). Fat content and composition of animal products. Httpi/ WWW. NaP. Eduy Open book/ 0809024404/ htm/ 85.html.

Study of the relationship fat-tailed weight and abdominal fat with some blood metabolites in lori sheep

A.H. khalatabadi Farahani¹, M. Moradi-Shahrehabak², H. Moradi-Shahrehabak³, Z.

Azizi⁴

1, 2, 3 and 4 respectively, Assistant Professor, Professor and Assistant Professor M.Sc. Graduate

Student. Department of Animal Science, University College of Agriculture and Natural

Resources, University of Tehran. Karaj.

Abstract

Animal proteins in different communities are provided according to their tastes, geographical and climatic conditions and religious beliefs of different sources. Mutton is a source of protein supply in Iran. Compared with beef and goats meat, Sheep meat have a high consumption. But the information about indigenous sheep carcass composition is very rare. On the other hand, given the extra fat, is considered as a key factor in decreasing carcass quality and marketability. It is necessary that studies have been done on fat-tailed and its association with fat and cholesterol and triglyceride levels and other blood parameters. The purpose of this study was determination of the relationship between fat-tail weight, plasma triglycerides and cholesterol on 235 Lori Sheep using the integrated livestock farming and fattening industry was located in Yazd province of Harat and Marvast. Before measuring fat tailed on the sheep, samples blood was taken from the jugular vein using 10-ml heparin-containing venoject and Using Centrifuge 4000 rpm for 15 min and blood plasma was separated. Data analysis was performed using the statistical package SAS (SAS Institute, 1999) with the PROC GLM procedure. The results showed that relationship of cholesterol and triglycerides ($P < 0/05$) on fat- tailed weight was significant But between abdominal fat and plasma cholesterol and between triglyceride plasma levels and abdominal fat were not significantly associated ($P < 0/05$).

Key word: Lori Sheep, fat-tailed weight, triglycerides, cholesterol.

اثر انتخاب واگرا برای وزن بدن در سن چهار هفتگی بر مصرف خوراک و ضریب تبدیل خوراک در بلدرچین ژاپنی

هما اعرابی*، محمد مرادی شهر بابک، اردشیر نجاتی جوارمی

کرج، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران

*نویسنده مسئول: هما اعرابی، homa.arabi1981@gmail.com

چکیده

پژوهش حاضر در مورد تاثیر انتخاب واگرا برای وزن بدن در سن چهار هفتگی بر روی ضریب تبدیل خوراک و مصرف خوراک، در بلدرچین ژاپنی بود. برای این منظور، لاین‌های LW و HW به ترتیب برای افزایش و کاهش وزن بدن در سن چهار هفتگی طی هشت نسل، تحت انتخاب قرار گرفتند. همچنین لاین C که حاصل سه نسل آمیزش تصادفی بود به عنوان گروه شاهد به کار رفت. در هر نسل، در هر لاین انتخاب شده برای وزن بدن و گروه شاهد، ۴۰۰ ماده و ۲۰۰ نر در سه تکرار و سه تفریق متوالی برای محاسبه ضریب تبدیل و کارایی مصرف خوراک برای نسل بعد مورد استفاده قرار گرفت. وزن بدن در لاین‌های انتخاب شده واگرا در پایان چهار هفتگی در هر نسل وزن کمی شده و پرندگان برای نسل بعد انتخاب شدند. در حالی که ضریب تبدیل و کارایی خوراک در گروه‌های انتخاب شده رکورد براداری شد. نتایج نشان داد میانگین مصرفی در تمام نسل‌ها در لاین LW پایین‌تر از لاین HW و لاین C بود. در تمام نسل‌ها میانگین افزایش وزن روزانه در لاین HW بالاتر از لاین C و LW بود. میانگین ضریب تبدیل خوراک در تمام نسل‌ها در لاین HW پایین‌تر از گروه شاهد بود؛ اما فقط در نسل هشتم با گروه شاهد اختلاف معنی‌دار داشت ($P \leq 0.01$). در طی نسل‌های ششم تا هشتم در جهت افزایش و کاهش وزن بدن در سن چهار هفتگی میزان ضریب تبدیل در لاین HW مقدار ۰/۱۸ کاهش و در لاین LW مقدار ۰/۲۵ افزایش یافت.

واژه‌های کلیدی: بلدرچین ژاپنی - ضریب تبدیل خوراک - وزن بدن - همبستگی

مقدمه

هزینه‌های خوراک بر روی کارایی پرندگان، به ویژه بهبود مصرف خوراک توسط انتخاب تاثیر می‌گذارد. اختلافات بین کارایی خوراک در لاین HW و شاهد در سنین اولیه در بیان اختلافات ژنتیکی در وزن بدن موثر خواهد بود و لاین‌های انتخاب شده برای افزایش وزن بدن، مصرف خوراک بالاتری دارند (۴). بهره‌وری خوراک در لاین HW نسبت به گروه شاهد در ۰ تا ۱۳ روزگی بالاتر و سپس برابر بوده و در ۲۰ و ۲۱ روزگی اختلاف معنی‌دار دارد و بعد از تصحیح مصرف خوراک به ازای اختلافات وزن بدن پرندگان لاین انتخاب شده برای افزایش وزن بدن به ازای هر گرم از وزن بدن غذای کمتری مصرف می‌کنند (۶). بهره‌وری خوراک تا چهار هفتگی در لاین HW بالا بوده و سپس از چهار تا هفت هفتگی در لاین LW بالاتر از لاین HW است. همچنین نرخ رشد نسبی در لاین LW نسبت به HW در طی چهار تا هفت هفتگی بالاتر است. مصرف غذای تصحیح شده به ازای وزن بدن در لاین HW کمتر از لاین LW است و با افزایش سن، با توجه به تصحیح آن برای وزن بدن در تمام لاین‌ها کاهش خواهد یافت (۴). به دنبال انتخاب لاین‌ها برای افزایش وزن بدن افزایش در مصرف آب و خوراک صورت گرفته و همچنین بهره‌وری خوراک بهبود می‌یابد (۲ و ۴ و ۷). انتخاب برای افزایش وزن بدن سبب افزایش سرعت رشد گردید، که این امر احتمالاً به دلیل افزایش مصرف آب و خوراک بوده، همچنین بهره‌وری خوراک نیز بهبود خواهد یافت (۵).

مواد و روش‌ها

در این پژوهش لاین‌های HW (افزایش وزن چهار هفتگی) و LW (کاهش وزن چهار هفتگی) مورد استفاده و از نسل چهارم تا هشتم تحت انتخاب قرار گرفتند. این لاین‌ها حاصل سه نسل انتخاب بودند که در مزرعه آموزشی و پژوهشی گروه علوم

دامی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران انجام شد (۱). همچنین جمعیت C به عنوان گروه شاهد در نظر گرفته شد که حاصل سه نسل آمیزش تصادفی بود. تخم‌های نطفه‌دار در هر نسل طی سه الی چهار هچ متوالی جمع آوری شدند. جوجه‌ها تا سن چهار هفتگی در پن هایی به ابعاد ۲ در ۱ متر مربع (۲۰۰ قطعه در هر پن) پرورش یافتند. جیره مصرفی، حاوی ۲۹۰۰ کیلوکالری بر کیلوگرم انرژی قابل سوخت و ساز و ۲۶٪ پروتئین خام بود. برای محاسبه میزان ضریب تبدیل غذایی، مقدار خوراک مصرفی جوجه‌ها از بدو تولد تا سن چهار هفتگی از نسل پنجم تا هشتم انتخاب در لاین‌های HW و LW ثبت گردید. وزن تلفات روزانه و تعداد تلفات اندازه‌گیری شد. همچنین ضریب تبدیل گروه شاهد جهت تصحیح در نظر گرفته شد. برای محاسبه میانگین خوراک مصرفی در طی دوره پرورش از روش روز مرغ^{۱۵۱} استفاده شد تا به این وسیله، رشد و مصرف خوراک جوجه‌های تلف شده در طی آزمایش منظور گردد و از دقت آزمایش کم نشود. از فرمول زیر برای نیل به این منظور استفاده شد:

وزن کل جوجه‌ها در ابتدای دوره - وزن کل پرندگان در پایان دوره = میانگین افزایش وزن روزانه جوجه‌ها

روز مرغ

برای تجزیه داده‌ها از نرم افزار SAS، رویه GLM شد و مدل آماری زیر برای تجزیه و برآورد معنی‌داری میزان ضریب تبدیل در لاین‌های مختلف، مورد استفاده قرار گرفت:

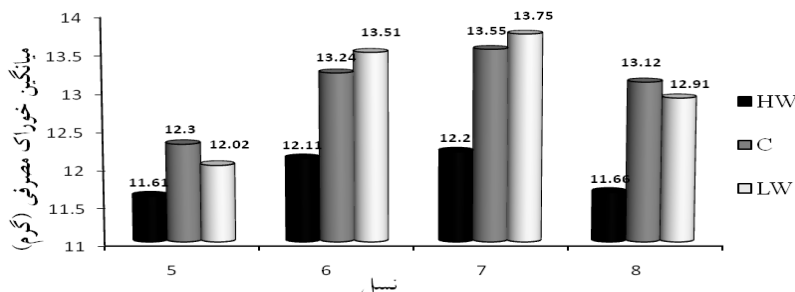
$$y_{ijkl} = \mu + L_i + H_k + e_{ijkl}$$

y_{ijkl} در این معادله مشاهده مربوط به هر یک از صفات مورد مطالعه، μ میانگین صفت مورد نظر، L_i اثر i امین جهت انتخاب، H_k اثر k امین تفریح و e_{ijkl} اثر باقیمانده است.

نتایج و بحث

میانگین خوراک مصرفی روزانه (گرم) طی نسل‌های پنجم تا هشتم انتخاب برای افزایش و کاهش وزن بدن در سن چهار هفتگی در بلدرچین ژاپنی در نمودار ۱ نشان داده شده است. میانگین خوراک مصرفی روزانه در نسل پنجم در گروه شاهد بالاتر از لاین‌های انتخاب شده بود. میانگین خوراک مصرفی در تمام نسل‌ها در لاین LW پایین‌تر از لاین HW و گروه شاهد بود که در تحقیقات زیادی این نتیجه مشاهده شد (۲، ۳، ۴، ۵، و ۶). در نسل پنجم احتمالاً به سبب کمبود پروتئین خام در جیره غذایی بلدرچین‌ها، خطا ایجاد شده و پرندگان با پتانسیل رشد بالاتر انتخاب نشده و همین عامل سبب گردید که در نسل پنجم میزان خوراک مصرفی در لاین HW کمتر از شاهد گردد. دلیل دوم این است که پرندگان دارای سرعت رشد و وزن بالاتر نسبت به شاهد تمایل به مصرف جیره با پروتئین بالاتر داشته و در صورت عدم تامین آن مصرف خوراک کاهش یافت (۳). در نسل ششم میانگین خوراک مصرفی در تمام گروه‌ها نسبت به نسل قبل افزایش یافت. شیب افزایش در لاین HW بالاتر از گروه شاهد بود. در نتیجه میزان افزایش خوراک مصرفی در لاین HW بالاتر از گروه شاهد بود. در نسل هفتم نسبت به نسل قبل با شیب ملایم در هر سه گروه افزایش یافت. در نسل هشتم میزان این مشخصه در لاین‌های انتخاب شده برای وزن بدن و گروه شاهد کاهش یافت. در این نسل پرندگان تحت استرس شدید گرمایی قرار گرفته و میزان خوراک مصرفی تمام گروه‌های آزمایشی کاهش یافت. استرس گرمایی در جوجه‌های گوشتی نیز سبب کاهش مصرف غذا و به دنبال آن کاهش مصرف عناصر ضروری مورد نیاز برای رشد شده و این خود یک نوع سازش پذیری با استرس گرمایی است؛ به گونه‌ای که کاهش مصرف مواد مغذی به معنی تولید حرارت کمتر خواهد بود.

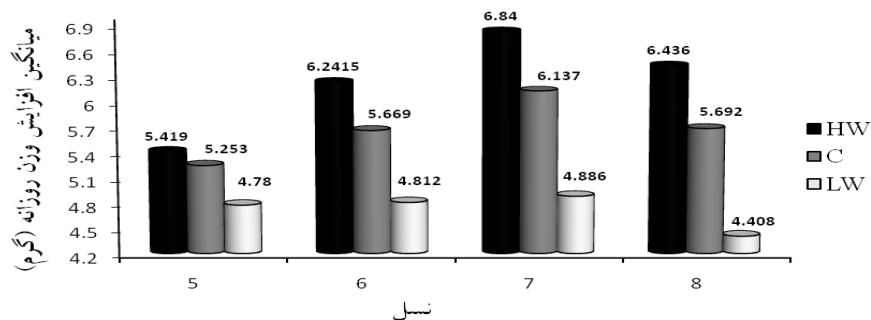
¹⁵¹ -Hen day



نمودار ۱- میانگین خوراک مصرفی روزانه (گرم) در گروه‌های انتخابی برای وزن بدن تا سن چهار هفتگی و گروه شاهد

میانگین افزایش وزن روزانه

میانگین افزایش وزن روزانه (گرم) در لاین‌های انتخاب شده برای افزایش و کاهش وزن بدن در سن چهار هفتگی و گروه شاهد در نمودار ۲ نشان داده شده است. در تمام نسل‌ها میانگین افزایش وزن روزانه در لاین HW بالاتر از گروه شاهد و لاین LW بود. طی تحقیقات نشان داده شده که نرخ رشد نسبی در لاین LW نسبت به HW تا سن چهار هفتگی کمتر و در طی چهار تا هفت هفتگی بالاتر می‌باشد یک علت این است که بلدرچین‌های لاین HW در سن چهار هفتگی به درصد بالایی از بلوغ خود رسیده‌اند (۴). انتخاب برای افزایش وزن بدن سبب افزایش سرعت رشد می‌شود، که این امر احتمالاً به دلیل افزایش مصرف آب و خوراک بوده، همچنین بهره‌وری خوراک نیز بهبود خواهد یافت (۵). در نسل ششم و هفتم میانگین افزایش وزن روزانه در لاین‌های HW و LW و همچنین گروه شاهد افزایش یافت که علت آن بهبود شرایط محیطی می‌باشد. اما میزان این مشخصه در نسل هشتم (در شرایط استرس حرارتی) در تمام گروه‌ها کاهش یافت.



نمودار ۲- میانگین افزایش وزن روزانه (گرم) در گروه‌های انتخابی برای وزن بدن تا سن چهار هفتگی و گروه شاهد

میزان ضریب تبدیل لاین‌های انتخاب شده و گروه شاهد در سن چهار هفتگی طی نسل‌های پنجم تا هشتم در جدول ۱ نشان داده شده است. میانگین ضریب تبدیل خوراک در تمام نسل‌ها در لاین HW پایین‌تر از گروه شاهد بود اما فقط در نسل هشتم با گروه شاهد اختلاف معنی‌دار داشت ($P \leq 0.01$). که این نتیجه مشابه با سایر تحقیقات بوده و بعد از تصحیح مصرف خوراک به ازای اختلافات وزن بدن پرندگان لاین انتخاب شده برای افزایش وزن بدن به ازای هر گرم از وزن بدن غذای کمتری مصرف می‌کنند (۲، ۳، ۴، ۵ و ۶). همچنین لاین LW در تمام نسل‌های تحت انتخاب دارای میزان ضریب تبدیل بالاتری نسبت به گروه شاهد بود اما مشابه ضریب تبدیل لاین HW فقط در نسل هشتم اختلاف معنی‌دار بودند ($P \leq 0.01$). در نسل‌های ششم تا

هشتم میزان ضریب تبدیل لاین‌های HW و LW با یکدیگر اختلاف داشتند ($P \leq 0.01$). در نسل هفتم میزان آن در تمام لاین‌ها و گروه شاهد کاهش یافت اما اختلاف آنها با نسل قبل معنی‌دار نبود.

جدول ۱- ضریب تبدیل گروه‌های انتخابی و شاهد تا سن چهار هفتگی طی نسل‌های پنجم تا هشتم

	گروه‌های انتخابی				نسل
	۵	۶	۷	۸	
HW	$\pm 0.054^{cde} 2/225$	$\pm 0.054^{de} 2/163$	$\pm 0.065^e 2/013$	$\pm 0.052^e 2/008$	
C	$\pm 0.054^{bcd} 2/347$	$\pm 0.054^{bcd} 2/337$	$\pm 0.065^{cde} 2/209$	$\pm 0.052^{bcd} 2/308$	
LW	$\pm 0.054^{abc} 2/433$	$\pm 0.054^{ab} 2/519$	$\pm 0.065^{abc} 2/501$	$\pm 0.052^a 2/645$	

تعداد تفریخ‌ها در هر نسل: (۴) برای نسل پنجم، (۴) برای نسل ششم، (۳) برای نسل هفتم و (۴) برای نسل هشتم

معنی در سطح احتمال ۱ درصد

پاسخ به انتخاب همبسته

میزان پاسخ همبسته ضریب تبدیل خوراک در لاین‌های HW و LW تا سن چهار هفتگی در جدول ۲ نشان داده شده است. میزان پاسخ همبسته ضریب تبدیل برای انتخاب برای وزن بدن در سن چهار هفتگی بعد از تصحیح برای شاهد در طی نسل‌های ششم تا هشتم در لاین HW به ترتیب برابر -0.05 ، -0.2 و -0.10 و در لاین LW، 0.10 ، 0.11 و 0.05 بود. در طی نسل‌های ششم تا هشتم در جهت افزایش و کاهش وزن بدن در سن چهار هفتگی میزان ضریب تبدیل در لاین HW مقدار 0.18 کاهش و در لاین LW مقدار 0.25 افزایش یافت که این نتایج مشابه با سایر گزارشات می‌باشد (۴، ۵ و ۶).

جدول ۲- میزان پاسخ همبسته ضریب تبدیل خوراک برای انتخاب برای افزایش و کاهش وزن بدن تا سن چهار هفتگی

	گروه‌های انتخابی			نسل	تجمعی
	۶	۷	۸		
HW	-0.05	-0.02	-0.10		-0.18
LW	0.10	0.11	0.05		0.25

این نتایج پیشنهاد می‌کند که با توجه به همبستگی منفی بین میزان ضریب تبدیل خوراک و وزن بدن در سن چهار هفتگی در هر دو لاین واگرا می‌توان انتخاب را برای وزن بدن در سن چهار هفتگی انجام داد و از فوائد آن در زمینه تغییر در میزان ضریب تبدیل استفاده نمود. همچنین وجود شاخص انتخاب و در نظر گرفتن همه صفات اقتصادی نظیر وزن بدن، مصرف خوراک و ضریب تبدیل خوراک نسبت به انتخاب در جهت یک صفت خاص می‌تواند بسیار مفید تر باشد.

منابع

۱. آیت اللهی، الف. ۱۳۸۶. انتخاب برای صفات رشد و تولید مثل در بلدرچین ژاپنی. رساله دکتری دانشگاه تهران.
2. Aggrey, S. E., B. A. Ankra-Badu, and H. L. Marks. 2003. Effect of long-term divergent selection on growth characteristics in Japanese quail. Poultry sci. 82:538-542.
3. Anthony, N. B., K. E. Nestor, and H. L. Marks. 1996. Short-term selection for four-week body weight in Japanese quail. Poultry sci. 75:1192-1197.

4. Marks, H. L. 1981. Selection environment influences on feed and water intake of Japanese quail following long- term selection for four-week body weight. Poultry Sci. 60:2571-2580.
5. Marks, H. L. 1991. Divergent selection for growth in Japanese quail under split and complete nutritional environments. 5. Feed intake and efficiency patterns following nineteen generation of selection. Poultry Sci. 70:1047-1056.
6. Marks, H. L. 1993. Carcass composition feed intake and feed efficiency following long-term selection for four-week body weight in Japanese quail. Poultry Sci. 72:1005-1011.
7. Marks, H. L. 1996. Long-term selection for body weight in Japanese quail under different environments. Poultry Sci. 75:1198-1203.

Divergent selection for four Weeks Body Weight on feed intake and feed conversion ratio in Japanese quail

H. ARABI^{1*}, M. MORADI SHAHRBABA² AND A. NEJATI JAVAREMI³

1, 2, 3, Postgraduate Student, Professor, and Associate Professor. University College of Agriculture & Natural Resources, University of Tehran

*Corresponding author: homa.arabi1981@gmail.com

ABSTRACT

The purpose of this study was to investigate the effect of divergent selection for 4 and 5-wk body weight on feed conversion ratio and feed intake in Japanese quail. For this purpose, HW and LW lines were subjected to selection for increase and decrease in body weight in four weeks during eight generations, respectively. Also, C line was used as random bred control population with three generations random mating. In each generation and each selected line for body weight and the control group, 400 females and 200 males in three replicates and three subsequent hatches were used to calculate the efficiency of feed conversion and feed intake for the next generation. Four week body weights in divergently selected lines were obtained in each generation and quails (birds) were selected for next (subsequent) generation, while feed conversion ratio and feed efficiency were also recorded. Results indicated that the average feed intake for all generations in LW line (the line which is selected for decrease in body weight at four weeks of age) was lower than HW line (the line which is selected for increase body weight at four weeks of age) and C line (as control), respectively. In all generations, Average daily weight gain in HW line was higher than LW line and the control group. Also in all generations, average feed conversion ratio in HW line was lower than the control group, but it was significant with this group in the 8th generation ($P \leq 0.01$). In order to increase and decrease in body weight at four weeks of age during the 6th to 8th generations, feed conversion ratio in HW line was decreased 0.18 and in LW line was increased 0.25.

Key words: Japanese quail - feed conversion rate - body weight - correlation

بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت گوسفند لری-بختیاری با استفاده از اطلاعات شجره
بهزاد رجبی مرند^۱، رسول واعظ ترشیزی^۲، علی اکبر مسعودی^۳، کمال رهنما^۱ و سید احمد رضا سید علیان^۳
۱ - دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دانشگاه تربیت مدرس، ۲ - عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه
تربیت مدرس و ۳ - کارشناس ارشد مرکز اصلاح نژاد دام کشور
* نویسنده مسئول: رسول واعظ ترشیزی (rasoult@modares.ac.ir)

چکیده

هدف از مطالعه حاضر بررسی ساختار ژنتیکی و تغییرات اندازه جمعیت گوسفندان نژاد لری-بختیاری ایستگاه شولی واقع در استان چهارمحال و بختیاری، با استفاده از اطلاعات شجره حیوانات متولد شده بین سال‌های ۱۳۶۸ تا ۱۳۸۸ بود. متوسط همبستگی ($\bar{C}$)، اندازه موثر جمعیت (N_e) و همچنین پارامترهای احتمال منشا ژن (f_g ، f_e و f_{ne}) برای جمعیت مورد نظر برآورد شد. متوسط همبستگی در طی سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۸ از ۰/۶ درصد به ۰/۷۲ درصد افزایش یافت. مقدار f_e تا سال ۱۳۷۶ روند صعودی داشت اما بعد از آن تا سال ۱۳۸۸ به تدریج به مقدار ثابت ۱۳۴ رسید. مقدار f_g نیز همانند f_e تا سال ۱۳۷۶ سیر صعودی داشت ولی بعد از این سال به سرعت کاهش یافت. بطوری‌که در سال ۱۳۸۸ به کمترین مقدار خود (۶۹) رسید. کاهش قابل ملاحظه‌ای در برآورد f_{ne} از ۳۶۸ در سال ۱۳۷۰ به ۱۴۱ در سال ۱۳۸۸ مشاهده شد. در کل دوره مقدار f_e کمتر از f_{ne} بود که این امر نشان می‌دهد در رابطه با کاهش تنوع ژنتیکی در این جمعیت، مشارکت نامساوی حیوانات بنیان‌گذار مهم‌تر از رانش تصادفی ژن بعد از نسل پایه بود.

واژه‌های کلیدی: ساختار شجره، احتمال منشا ژن، گوسفند لری-بختیاری، ایران

مقدمه

در طی ۵۰ سال گذشته به دلیل تغییرات گسترده در سیستم‌های تولیدی، تغییر تقاضای بازار و تلاقی دام‌های بومی با نژادهای دیگر، ذخایر ژنتیکی بومی در سراسر دنیا در مرحله‌ای بحرانی قرار گرفته است. به موازات افزایش پیشرفت ژنتیکی، حفظ تنوع ژنتیکی در جمعیت، به منظور اجازه دادن به جمعیت جهت مقابله با تغییرات اقتصادی و محیطی آینده و اطمینان از پاسخ بلند مدت به انتخاب برای صفات، اهمیت زیادی دارد (۱). کاهش تنوع ژنتیکی در نتیجه ی کاهش اندازه موثر جمعیت با پدیده‌های نامطلوب مختلفی از جمله افت هم‌خونی در صفات مرتبط با شایستگی در ارتباط است. اندازه موثر جمعیت (N_e) معیاری برای تعیین مشابهت آلل‌های یک جایگاه ژنی در نتیجه وجود جد مشترک^{۱۵۲} (IBD) بوده و مشخص کننده سطح هم‌خونی و میزان واریانس ژنتیکی کاهش یافته به دلیل رانش تصادفی ژن است. مطالعات مختلف نشان داده است در جمعیتی که در آن انتخاب صورت می‌گیرد بدلیل این که بسیاری از افراد سهم اندک و یا در برخی موارد هیچ سهمی در خزانه ژنی نسل‌های آینده ندارند مقدار N_e غالباً از تعداد واقعی مولدها کمتر است (۸). از این رو مدیریت مطلوب جمعیت به منظور جلوگیری از کاهش تنوع ضروری به نظر می‌رسد. مقدار برآورد پارامترهایی مانند اندازه موثر جمعیت، هم‌خونی و همبستگی، به طور قابل توجهی به اطلاعات شجره بستگی دارد. جهت بررسی یک جمعیت، پارامترهای توصیفی بیشتری با استفاده از تجزیه و تحلیل اطلاعات شجره پیشنهاد شده است که امکان توصیف شرایط یک جمعیت را با توجه به اثرات حیوانات بنیان‌گذار (حیواناتی که والدین نامشخصی دارند)، رانش ژنی و تنگه‌های ایجاد شده به دلیل استفاده از تعداد معدودی حیوانات به عنوان والدین نسل آینده را

فراهم می سازد (۳ و ۶). مهم ترین مزیت این پارامترها حساسیت کمتر آنها نسبت به سایر پارامترهای مرتبط با تنوع، به میزان کامل بودن شجره است (۲). هدف از مطالعه حاضر تلفیق پارامترهای بدست آمده از اطلاعات شجره در بررسی میزان تنوع ژنتیکی و نشان دادن مهم ترین دلیل کاهش آن در جمعیت گوسفند لری- بختیاری بود.

مواد و روش ها

در این تحقیق از اطلاعات مربوط به ۶۳۸۹ گوسفند لری-بختیاری (۳۰۲۶ راس بره نر و ۳۳۶۳ راس بره ماده) که طی ۲۱ سال (۱۳۶۸-۱۳۸۸) در ایستگاه تحقیقاتی شولی، واقع در استان چهار محال و بختیاری، نگهداری و ثبت شجره شده بودند، استفاده گردید. برای هر گوسفند، فایل اطلاعات شجره، حاوی شماره حیوان، پدر، مادر، جنس و تاریخ تولد بره بود. جهت توصیف تنوع ژنتیکی، ضریب هم خونی، ضریب هم تباری، اندازه موثر جمعیت و پارامترهای مشتق شده از روش آنالیز احتمال منشا ژن مورد استفاده قرار گرفت. پارامترهای مربوط به روش آنالیز احتمال منشا ژن از قبیل اندازه موثر حیوانات بنیان گذار (f_e)، معادل ژنومی حیوانات بنیان گذار (f_g) و تعداد موثر ژنوم حیوانات غیر بنیان گذار (f_{ne}) به ترتیب از رابطه های $f_g = 1/(2\bar{c})$ ، $f_e = 1/(\sum_{i=1}^f p_i^2)$ و $f_{ne} = 1/((\frac{1}{f_g} - \frac{1}{f_e}))$ محاسبه شدند. در این روابط، f نشان دهنده تعداد کل حیوانات بنیان گذار، p_i نشان دهنده متوسط رابطه خویشاوندی i امین حیوان بنیان گذار با افراد موجود در جمعیت و $\bar{c}$ بیانگر متوسط هم تباری جمعیت است (۳ و ۶). این پارامترها به همراه ضریب هم تباری از سال ۱۳۶۸ تا ۱۳۸۸ برای هر نسل (سه سال) با استفاده از نرم افزار CFC محاسبه گردید.

نتایج و بحث

برآورد پارامترهای f_{ne} و f_g ، f_e ، N_e ، C در جدول ۱ نشان داده شده است. با وجود اینکه متوسط هم تباری از ۰/۶ درصد در سال ۷۰ به ۰/۷۲ درصد در سال های اخیر افزایش یافته است ولی میزان تغییر آن از نظر آماری معنی دار نبود ($p > 0/05$). متوسط هم تباری حیوانات در یک جمعیت متوسط هم خونی نسل آینده را پیش بینی می کند. به همین دلیل این پارامتر می تواند برای محاسبه اندازه موثر جمعیت در آینده مورد استفاده قرار گیرد. هم تباری بالا در یک جمعیت به معنای تنوع پایین بوده و به دلیل کاهش واریانس بین افراد، منجر به کاهش پاسخ به انتخاب می شود. در برنامه های حفاظت از گونه ها و نژادهای در معرض انقراض، اندازه موثر جمعیت (N_e) به عنوان یک پارامتر کلیدی علاوه بر نشان دادن میزان رانش ژنی بیانگر قابلیت زنده ماندن یک جمعیت نیز می باشد (۴). علیرغم افزایش تعداد افراد از ۲۱۵ در سال ۷۰ به ۱۱۰۲ در سال ۸۸ مقدار N_e در این بازه زمانی کاهش داشته است. این موضوع بیانگر این واقعیت است که به موازات افزایش در تعداد افراد، متوسط رابطه خویشاوندی بین مولدها در نتیجه آمیزش های فامیلی نیز افزایش یافته است. این افزایش منجر به کاهش N_e و در نتیجه افزایش متوسط هم خونی در جمعیت شده است. به منظور انتخاب موثر و جلوگیری از کاهش شایستگی (مانند باروری و زنده ماندن) حیوانات در نسل آینده، حداقل مقدار N_e برابر ۱۰۰ توصیه شده است (۷). N_e روند معنی داری ($p < 0/01$) در طی سال های مختلف نشان داد به طوری که از ۳۷۰ در سال ۷۳ به مقدار بحرانی ۹۶ در سال ۸۸ رسید. این میزان با مقداری که برای جمعیت گوسفند زندگی گزارش شده است مطابقت داشت (۵). در یک جمعیت ممکن است فراوانی برخی از حیوانات بنیان گذار در ایجاد نتاج نسل بعد بیشتر از دیگر حیوانات بنیان گذار باشد. این مساله باعث می شود این حیوانات سهم بیشتری نسبت به سایرین بر مخزن ژنی جمعیت داشته باشند. برای تصحیح این عامل، اندازه موثر حیوانات بنیان گذار (f_e) برآورد شد. در صورتی که حیوانات بنیان گذار مشارکت یکسانی داشته باشند، f_e با تعداد کل حیوانات بنیان گذار (f) برابر خواهد بود. مقدار f_e در فواصل سال های ۷۰، ۷۳، ۷۶، ۷۹، ۸۲، ۸۵ و ۸۸ به ترتیب ۱۰۷، ۱۲۰، ۱۴۰، ۱۳۹، ۱۳۳، ۱۳۴ و ۱۳۴ برآورد شد. به رغم افزایش تعداد حیوانات بنیان گذار

(f) به ۴۳۳ رأس در سال ۸۸ مقدار f_e در این سال ۱۳۴ بود که حاکی از مشارکت نامساوی حیوانات بنیان‌گذار در ایجاد نتاج بود. مهم‌ترین محدودیتی که f_e دارد همگرا شدن سهم ژنتیکی حیوانات بنیان‌گذار بعد از چندین نسل است که منجر به ثابت باقی ماندن مقدار f_e می‌گردد.

جدول ۱. پارامترهای برآورد شده بین سال‌های مختلف برای جمعیت گوسفند لری-بختیاری

سال	N	f	c	N_e	f_e	f_g	f_{ne}	f_e/f	f_e/f_g
۱۳۶۸-۱۳۷۰	۲۱۵	۱۸۸	۰/۶۰	-	۱۰۷	۸۳	۳۶۸	۰/۵۶	۱/۲۹
۱۳۷۱-۱۳۷۳	۶۴۳	۳۲۲	۰/۵۶	۳۷۰	۱۲۰	۹۰	۳۷۰	۰/۳۷	۱/۳۳
۱۳۷۴-۱۳۷۶	۱۰۸۷	۳۵۵	۰/۴۹	۲۹۴	۱۴۰	۱۰۶	۴۳۴	۰/۳۹	۱/۳۲
۱۳۷۷-۱۳۷۹	۱۱۹۷	۳۶۵	۰/۵۰	۲۰۰	۱۳۹	۹۵	۳۰۳	۰/۳۸	۱/۴۶
۱۳۸۰-۱۳۸۲	۱۱۶۹	۳۸۹	۰/۵۷	۱۲۸	۱۳۳	۸۲	۲۰۸	۰/۳۴	۱/۶۲
۱۳۸۳-۱۳۸۵	۹۷۶	۴۱۱	۰/۶۶	۱۰۴	۱۳۴	۷۴	۱۶۷	۰/۳۲	۱/۸۱
۱۳۸۶-۱۳۸۸	۱۱۰۲	۴۳۳	۰/۷۲	۹۶	۱۳۴	۶۹	۱۴۱	۰/۳۰	۱/۹۴

N: تعداد افراد، f: تعداد حیوانات بنیان‌گذار، c: متوسط هم‌تباری، N_e : اندازه موثر تحقق یافته، f_e : اندازه موثر حیوانات

بنیان‌گذار، f_g : معادل ژنوم حیوانات بنیان‌گذار، f_{ne} : تعداد موثر ژنوم حیوانات غیر بنیان‌گذار

پارامتر دیگر معادل ژنوم حیوانات بنیان‌گذار (f_g) بود که علاوه بر مشارکت نامساوی حیوانات بنیان‌گذار (مثل f_e) کاهش تصادفی ژن‌ها هنگام انتقال از والدین به نتاج را نیز در نظر می‌گیرد. به همین دلیل مقدار f_g همیشه از مقدار f_e کوچک‌تر بوده و در طول زمان به سرعت کاهش می‌یابد. مقدار f_g در سال‌های ۷۰، ۷۳، ۷۶، ۷۹، ۸۲، ۸۵ و ۸۸ به ترتیب ۸۳، ۹۰، ۱۰۶، ۹۵، ۸۲، ۷۴ و ۶۹ بود. همانطور که انتظار می‌رفت مقدار f_g در طی سال‌های مورد مطالعه در مقایسه با f_e کاهش داشت. نسبت f_e/f_g در کل دوره بیشتر از ۱ بود که نشان دهنده وجود تنگه ژنتیکی و رانش ژنی در جمعیت است. تعداد موثر ژنوم حیوانات غیر بنیان‌گذار (f_{ne}) نیز پارامتر دیگری بود که فقط اثر رانش ژنی بعد از نسل پایه را محاسبه می‌کند. با استفاده از این پارامتر می‌توان مهم‌ترین دلیل کاهش تنوع ژنتیکی در یک جمعیت را مشخص کرد. در صورتی که $f_e > f_{ne}$ باشد رانش ژنی تجمع یافته بعد از نسل پایه و اگر $f_e < f_{ne}$ باشد مشارکت نامساوی حیوانات بنیان‌گذار مهم‌ترین دلیل کاهش تنوع ژنتیکی در جمعیت به شمار می‌رود. در جمعیت مطالعه شده از سال ۶۸ تا ۸۸ مقدار f_{ne} در کل دوره بسیار بیشتر از f_e بود که نشان می‌دهد مشارکت نامساوی حیوانات بنیان‌گذار در خزانه ژنی نسل آینده مهم‌ترین دلیل کاهش تنوع در این جمعیت بوده است. بطور کلی نتایج بدست آمده از این مطالعه نشان می‌دهد که در جمعیت‌های کوچک، بخصوص جمعیت‌هایی که در آنها انتخاب اعمال می‌شود تنوع ژنتیکی می‌تواند با سرعت بالایی کاهش یابد که دو پیامد مهم را در بر خواهد داشت: اولاً باعث کاهش هتروزیگوسیتی و به موجب آن باعث بروز افت هم‌خونی و ثانیاً باعث کاهش تنوع آلی در جمعیت شده که باعث محدود شدن پاسخ به انتخاب می‌گردد. روش‌های مختلفی به منظور حداکثر کردن پاسخ به انتخاب در سطح قابل قبولی از هم‌خونی پیشنهاد شده است. استفاده متعادل از حیوانات به عنوان والدین نسل بعد، محدود کردن اندازه خانواده‌ها، ایجاد لاین‌های فرعی، استفاده محدود از روش BLUP در

انتخاب افراد و انتخاب مولدها با حداقل همتباری (۳) نمونه هایی از این روش ها می باشد. اجرای چنین روش هایی در گله گوسفند لری-بختیاری می تواند در رسیدن به پاسخ به انتخاب مطلوب با حداقل تجمع هم خونی در آینده کمک قابل توجهی کند.

References

1. Barker, J.S.F. 2001. Conservation and management of genetic diversity: a domestic animal perspective. *Canadian Journal of Forest Research*. 31: 588-595.
2. Boichard, D., Maignel, L. and Verrier E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 29: 5-23.
3. Caballero, A. and Toro, M.A. 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res. Camb.* 75:331-343.
4. Frankham, R., Ballou, J.D. and Briscoe, D.A. 2002 *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, London, 617 pp.
5. Ghafouri-Kesbi, F. 2010. Change in genetic size of small-closed populations: Lessons from a domestic mammal population. *Genet Mol Biol* 33: 657-662.
6. Lacy, R.C. 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.* 8:111-123.
7. Meuwissen, T. H. E. 1999. Operation of conservation schemes. Pages 91-112 in *Genebanks and the Conservation of Farm Animal Genetic Resources*. J. K. Oldenbroek, ed. DLO Inst. Anim. Sci. Health, Lelystad, the Netherlands.
8. Norberg, E. and Sorenson, A.C. 2007. Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire and Oxford Down. *J. Anim Sci.* 85:299-304.

Genetic structure of Iranian Lori-Bakhtiari sheep derived from pedigree information

Rajabi Marand, B.¹ R. Vaez Torshizi,¹ A. A. Masoudi,¹ K. Rahnama¹ and S.A.R, Seyedalian²

1, Department of Animal Science, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran.

2, Animal Breeding Center of Iran, Karaj, Iran.

* Corresponding Author: Rasoult Vaez Torshizi (rasoult@modares.ac.ir)

Abstract

The objective of the current study was to study genetic structure as well as changes in genetic size of a small population of Iranian Lori-Bakhtiari sheep, using genealogical information for animal born between 1989 and 2010. Average coancestry, effective population size and the amount of probability of gene origin (f_e , f_g and f_{ne}) were estimated. Average coancestry increased from 0.60% to 0.72% during the period 1991 to 2010. The f_e had an uptrend until 1998, afterward it decreased gradually, and reached a constant value (134) in 2010. Also, the f_g increased till 1998, then decreased quickly and reached the lowest amount (76) in 2010. A considerable reduction was observed in the estimates of the f_{ne} from 368 in 1991 to 141 in 2010. In overall, the amount of f_e was lower than the f_{ne} , indicating that with respect to the loss of genetic diversity, unequal contribution of founders was more important than the random genetic drift in non-founder generations.

Keywords: Pedigree Structure, Probability of Gene Origin, Lori-Bakhtiari Sheep, Iran.

مطالعه چندشکلی اگزون ۱ ژن استیل کوآ کربوکسیلاز آلفا در گوسفندان نژاد زل و لری بختیاری

آرمان رحیمیان^۱، حسین مرادی شهراباک^۲، مصطفی صادقی^۳، محمد مرادی شهراباک^۳

۱، ۲، ۳، دانشجوی کارشناسی ارشد، استادیار و استاد گروه علوم دامی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران

Mail: Arman.Rahimian@gmail.com

چکیده

پالمیتیک اسید تقریباً ۲۲ درصد از اسیدهای چرب شیر گوسفند را تشکیل می‌دهد که جذب غذایی آن در انسان خطر ابتلا به بیماری‌های عروقی را افزایش می‌دهد. استیل کوآ کربوکسیلاز آلفا آنزیم محدود کننده سرعت بیوسنتز پالمیتیک اسید و طولیل شدن رشته‌های اسید چرب است. جهت بررسی چندشکلی ژن استیل کوآ کربوکسیلاز آلفا (ACACA) در گوسفند از تعداد ۱۳۵ رأس از نژاد زل از مرکز اصلاح نژاد شیرنگ واقع در شهرستان گرگان و ۱۶۹ گوسفند از نژاد لری بختیاری در مرکز اصلاح نژاد شولی در شهرستان شهرکرد، بوسیله لوله های ونوجکت حاوی EDTA خونگیری شد. نمونه‌های خون در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شد و استخراج DNA با روش نمکی با استفاده از پروتئیناز K انجام و پس از تایید کمیت و کیفیت بوسیله دستگاه نانودراپ و ژل آگارز، واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز با یک جفت پرایمر اختصاصی و با شرایط دمایی مناسب انجام شد. جهت تشخیص SNP مورد نظر در این جایگاه، با استفاده از برنامه Vector NTI آنالیز آنزیم‌های برشی انجام و آنزیم Hinf1 انتخاب شد و پس از هضم، نمونه‌ها با بارگذاری روی ژل آگارز ۳ درصد تعیین ژنوتیپ شدند. وجود چند شکلی در نوکلئوتید ۴۴۱۳ (Accession no.: OAR292285) تایید شد. فراوانی‌های ژنی در زل ($G=86\%$ و $A=14\%$) و در لری بختیاری ($G=95\%$ و $A=5\%$) و فراوانی ژنوتیپ‌های GG، AG و AA به ترتیب در زل ۷۷، ۱۷، ۵، ۳ درصد و در لری بختیاری، ۹۲/۷، ۴/۵ و ۲/۸ محاسبه شد. این نتایج بیانگر چندشکلی بالا و متفاوت در این دو نژاد می‌باشد. با توجه به فنوتیپ متمایز بین دو نژاد زل و لری بختیاری و همچنین نتایج به دست آمده از تحقیق حاضر به نظر می‌رسد که ارتباط صفات در این دو نژاد با ژنوتیپ‌ها ضروری می‌باشد.

کلمات کلیدی: ژن استیل کوآ کربوکسیلاز آلفا- چندشکلی -زل-لری بختیاری- PCR-RFLP

مقدمه

استیل کوآ کربوکسیلاز، یک آنزیم کلیدی در تنظیم سنتز اسیدچرب در بافت‌های حیوانی می‌باشد که به دو روش کنترل می‌شود: از طریق فسفریلاسیون برگشت پذیر و از طریق کنترل نتایج آن در تنظیم سنتز آنزیم که کنترل مزمن نامیده می‌شود (۶). در حیوانات عالی، افزایش در فعالیت سلولی استیل کوآ کربوکسیلاز، موجب افزایش تولید مالونیل کوآ در سنتز اسیدهای چرب می‌شود. این فعالیت‌ها نقش محوری در هماهنگ کردن تقسیم مواد مغذی بین کبد و بافت‌های محیطی دارد. این بخشی از استراتژی انطباقی برای پاسخ به نیازهای فیزیولوژیکی بوسیله نواحی تغذیه‌ای، گرسنگی و تولید شیر بوجود آمده است (۴). ژن ACACA بطور فراگیر بیان می‌شود، ولی بیان آن در بافت‌های لیپوژنیک (آدیپوز، کبد و غده‌های شیری) بیشتر است.

این بافتها یک متابولیسم انطباقی با مطالبات فیزیولوژیکی را نشان می‌دهند. برای مثال در مدت سنتز اسیدهای چرب در شیر، سنتز آنها در بافت چربی محدود می‌شود، و در نتیجه در تقسیم بندی در پیش‌سازهای لیپوژنیک به غده های پستانی تعلق می‌گیرد (۱). این ژن در گوسفند بر روی کروموزوم ۱۱ قرار داشته و دارای ۵۴ اگزون می‌باشد و ۲۳۴۶ آمینواسید را کد می‌کند (۵). نقش استیل

کوا کربوکسیلاز در سنتز اسیدهای چرب بسیار مهم می باشد بطوری که در حضور این آنزیم و بیوتین، استیل کوانزیم A با یک ملکول انیدرید کربونیک ترکیب شده و مالونیل کوانزیم A را بوجود می آورد (۲). ساختار و عملکرد ژن ACACA بر روی موش و گوسفند مورد بررسی قرار گرفته است (۳). در این مطالعه چندشکلی اگزون ۱ ژن ACACA در گوسفندان لری بختیاری و زل که دارای تفاوت در ذخیره چربی و رشد هستند بررسی شد.

مواد و روش ها

در این مطالعه به منظور خونگیری از دو نژاد لری بختیاری و زل طی ۲ سفر به مرکز اصلاح گوسفند نژاد لری بختیاری (مرکز اصلاح نژاد شولی) در شهرستان شهرکرد واقع در استان چهارمحال و بختیاری در آبان ماه ۱۳۸۹ و به مرکز اصلاح گوسفند نژاد زل (مرکز اصلاح نژاد شیرنگ) در ۲۰ کیلومتری شهرستان گرگان واقع در استان گرگان به ترتیب خونگیری از دو نژاد لری بختیاری و زل انجام شد. در مرکز شولی از تعداد ۱۶۹ رأس گوسفند نژاد لری بختیاری شامل ۶۳ رأس حیوان نر و ۱۰۶ رأس حیوان ماده طی ۲ روز و در مرکز اصلاح نژاد شیرنگ از تعداد ۱۳۰ رأس گوسفند نژاد زل شامل ۳۰ رأس حیوان نر و ۱۰۰ رأس حیوان ماده طی ۳ روز با ونوجکت های EDTA دار خونگیری به عمل آمد. ونوجکت های حاوی خون تا پایان خونگیری در داخل یخ خشک نگهداری و سپس به فریزر با دمای ۲۰- درجه سانتیگراد آزمایشگاه بیوتکنولوژی گروه علوم دامی منتقل شد که بعد استخراج DNA صورت گیرد. برای استخراج DNA روشهای مختلفی وجود دارد، در این پژوهش استخراج DNA به طریق استخراج نمکی با آنزیم پروتئیناز K انجام شد.

مطالعاتی مانند هضم آنزیمی و استفاده از نشانگر RFLP، به مقدار DNA بسیار حساس است. از این رو پس از استخراج کیفیت و کمیت DNA استخراج شده تعیین گردد. برای تعیین کمیت و کیفیت DNA روش های زیادی وجود دارد ولی دو روش اسپکتروفتومتری و الکتروفورز بر روی ژل آگارز معمول تر می باشند، از هر دو روش استفاده شد. جهت تعیین ژنوتیپ افراد در اگزون ۱ استیل کوا کربوکسیلاز آلفا با استفاده از Vector NTI آنزیم Hinf1 برای برش در نوکلئوتید ۱۵۰ این قطعه که جهش A به G صورت گرفته طراحی شد. توالی آغازگرها برای اگزون ۱ ژن کاندید ACACA به صورت زیر بود:

Forward primer: 5'-GTG GCA AAC GTT GTC TTT CT-3';

Reverse primer: 5'-CGT ATG GGC TTC ACT GAC TG-3';

جدول ۱- چرخه ایده آل ترین شرایط تکثیر می باشد. از دستگاه ترموسایکلر شرکت TECHNE استفاده گردید

۳۵ چرخه					
برنامه حرارتی	واشرشت اولیه	واشرشت	اتصال پرایمر	تکثیر قطعه	تکثیر نهایی
دما	۹۴ درجه سانتی- گراد	۹۴ درجه سانتی- گراد	۶۰ درجه سانتی- گراد	۷۲ درجه سانتی- گراد	۷۲ درجه سانتی- گراد
زمان	۵ دقیقه	۴۵ ثانیه	۴۵ ثانیه	۳۰ ثانیه	۵ دقیقه

جدول ۲- غلظت های مورد استفاده از مواد برای انجام واکنش PCR برای ژن آنزیم استیل کوا کربوکسیلاز

غلظت نهایی	مقدار مورد استفاده (μL)	نام ماده
Mm ۱/۵	۱/۵	MgCl ₂

PCR buffer	۲/۵	۱ x
dNTPs	۲	۰/۲Mm
Primer (Forward)	۱	۰/۴ pm/μL
Primer (Reverse)	۱	۰/۴ pm/μL
Taq DNA Polymerase	۰/۳	۱/۵ unit
DNA	۲	-
dH ₂ O	۱۴/۷	-

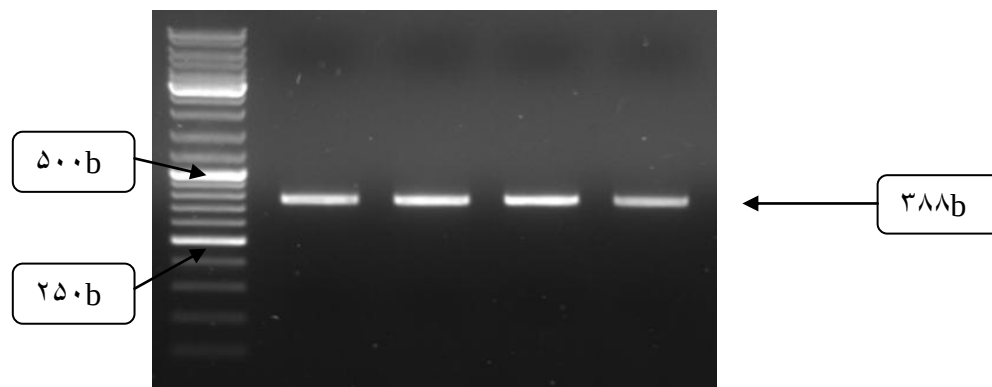
پس از ایجاد تشکیل استوک اصلی شامل بافر R، آنزیم و آب ایجاد شده و سپس به میکروتیوپ‌های حاوی محصول PCR اضافه شدند و به مدت ۱۳ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی گراد داخل دستگاه بن‌ماری قرار می‌دهیم تا آنزیم کاملاً فعالیت خود را انجام دهد. سپس نمونه‌ها روی ژل آگارز ۳ درصد با ولتاژ ۶۰ بارگذاری شد تا باندهای برش خورده از یکدیگر تفکیک شوند. سپس نمونه‌ها تعیین ژنوتیپ شدند.

نتایج و بحث

قطعه ۳۸۸ جفت بازی بوسیله واکنش پلی‌مراز تکثیر شد و بوسیله آنزیم Hinf1 مورد هضم قرار گرفت، بطوری که این قطعه در ناحیه نوکلئوتید ۱۵۰ در هر دو نژاد در معرض برش قرار گرفت. با توجه به این که آنزیم Hinf1 در صورت وجود نوکلئوتید G زنجیره DNA را برش داده و در صورت وجود نوکلئوتید A هیچگونه برشی صورت نمی‌گیرد به ۳ حالت مختلف باندهای آن روی ژل آگارز نمایان می‌شود. پس از انجام الکتروفورز و قراردادن ژل در اتیدیوم بروماید بمدت ۲۰ دقیقه و مشاهده ژل با اشعه ماورای بنفش ژنوتیپ‌های هوموزیگوت AA، هوموزیگوت GG و هتروزیگوت AG بترتیب بصورت دو باند با طول قطعات ۱۵۰ bp و ۲۳۸ bp، یک باند ۳۸۸ bp و سه باند با قطعات ۳۸۸، ۲۳۸ و ۱۵۰ bp مشاهده شد. فراوانی‌های ژنوتیپی در نژاد زل و لری بختیاری در جدول ۳ آمده است.

جدول ۳- فراوانی‌های آللی و ژنوتیپی در دو نژاد

نژاد لری بختیاری	نژاد زل	
۹۵٪	۸۶٪	فراوانی آلل G
۵٪	۱۴٪	فراوانی آلل A
۹۲/۷٪	۷۷٪	فراوانی ژنوتیپ GG
۴/۵٪	۱۷/۷٪	فراوانی ژنوتیپ AG
۲/۸٪	۵/۳٪	فراوانی ژنوتیپ AA



تصویر ۱- محصول PCR (۳۸۸ bp)

منابع

- 1- Barber, M and M. Travers.1998. Elucidation of a promoter activity that directs the expression of acetyl-CoA carboxylase _ with an alternative N-terminus in a tissue-restricted fashion. *Biochem. J.* 333, 17-25.
- 2- Brownsey, R.W., A.N. Boone, J.E. Elliott, J.E. Kulpa and W.M Lee.2006.Regulation of acetyl-CoA carboxylase. *Biochemical Society.* 34 : part 2.
- 3- Garcia-Fernandez, Marta., Beatriz Gutierrez-Gil, Elsa Garcia-Gamez and J. Arranz, Juan.2010. Identification of single nucleotide polymorphisms in the ovine acetyl-CoA carboxylase-alpha gene. *Small Ruminant Research.* 90 :34-40.
- 4- Moyioli, B., F. Napolitano, L. Orru and G. Cattilo.2005.Single nucleotide polymorphism detection in promoter I of the acetyl-CoA carboxylase- α gene in sheep. *Small Ruminant Research.* 59 :49-53
- 5-Moioli, B., F. Napolitano, L. Orru`and G.Catillo.2005. Single nucleotide polymorphism detection in promoter III of the acetyl-CoA carboxylase-a gene in sheep. *J. Anim. Breed. Genet.* 122 : 418-420
- 6- Travers, M.T and M.C barber.,(2001) Acetyl-coa carboxylase- {alpha} : Gene structure-function relationships . *Society of Animal Science.* 79 : E136-E143

Study polymorphism of first exon in ovine ACACA gene in Lori-Bakhtiari and Zel sheep with PCR-RFLP

A. Rahimian, H. Moradi Shahrababak, M. Sadeghi and M. Moradi Shahrababak
Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Science and Engineering, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran , Karaj, Iran.
MAIL Address: Arman.Rahimian@gmail.com

Abstract

The function of ACAC is to regulate the metabolism of fatty acids. When the enzyme is active, the product, malonyl-CoA is produced which is a building block for new fatty acids and can inhibit the transfer of the fatty acyl group from acyl CoA to carnitine with carnitine acyltransferase, which inhibits the beta-oxidation of fatty acids in the mitochondria. Random blood samples were collected from 169 lori-bakhtiari sheep from shahrkord and 135 zel sheep

from Gorgan for study polymorphism in ACACA gene. samples saved in -20c in Frazer of laboratory. The ACACA gene is located on the eleventh chromosome of sheep which has 54 exons and 53 introns. DNA extraction was extracted using the salting out method. Variation in the ovine ACACA gene was investigated by amplification of a 388 bp fragment containing the entire exon 1 using PCR, followed by PCR-RFLP analysis and designed the enzyme of Hinf1 for sample genotype. Result of allele frequency is calculated in zel breed (A=86%and G=14%) and Lori-Bakhtiary(A=95%and G=5%) respectively and genotype frequency were in zel(AA=77%. AG=17.7%and GG=5.3%) and in Lori-Bakhtiary(AA=92.7% ,AG=4.5% وGG=2.8%) respectively.

Key words: polymorphism-Acetyl-CoA carboxylase-sheep-fat-tail-PCR-RFLP.

استفاده از نشانگر آنزیمی NspI برای شناسایی چند شکلی تک نوکلئوتیدی در ناحیه اینترون ۵ ژن گیرنده هورمون رشد در مرغ های مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران

حامد کاظمی*، حسن حافظیان، قدرت رحیمی میانجی، الهه قاسمیان، محمد رضایی
آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام، دانشکده علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

* Email: Hamed_kazemi23@yahoo.com، حامد کاظمی، *

چکیده

ژن گیرنده هورمون رشد به عنوان یکی از مهم ترین ژن های بزرگ اثر در زمینه بهبود صفات تولیدی و تولید مثلی به حساب می آید. به منظور شناسایی فرم های مختلف آللی در جایگاه ژنی GHR از ۱۰۰ قطعه از مرغ های مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران خون گیری به عمل آمد. استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته و تکثیر یک قطعه ۷۴۰ جفت بازی از ناحیه اینترون ۵ ژن GHR توسط واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی صورت گرفت. تعیین ژنوتیپ هر یک از نمونه ها با استفاده از آنزیم برشی NspI انجام شد. فراوانی هر یک از آلل های B⁺ و B⁻ و نیز هر یک از ژنوتیپ های هاپلوئیدی B⁺ و B⁻ به ترتیب برابر با ۰/۳۲ و ۰/۶۸ درصد برآورد گردید. با توجه به نتایج این پژوهش می توان چنین نتیجه گرفت که نشانگر آنزیمی NspI قادر به شناسایی فرم های مختلف آللی در این جایگاه ژنی در جمعیت مرغ بومی مازندران می باشد. اثر ژنوتیپ های حاصل از این جایگاه نشانگری بر صفات تولیدی و تولید مثلی در دست بررسی است.

واژه های کلیدی: ژن های بزرگ اثر - گیرنده هورمون رشد - اینترون ۵ - مرغ بومی مازندران

مقدمه

ژن گیرنده هورمون رشد^{۱۵۳}، پروتئینی را با ۶۳۸ اسید آمینه و وزن مولکولی ۷۱۵۰۰ دالتون به عنوان گیرنده غشایی برای هورمون رشد کد می نماید. ژن گیرنده هورمون رشد در طیور دارای ۱۰ اکزون و ۹ اینترون است که روی کروموزوم Z قرار دارد و باند شدن آن با هورمون رشد، برای انتقال پیام هورمون رشد به داخل سلول لازم می باشد (۴). همچنین ژن گیرنده هورمون رشد به همراه سیستم هورمون رشد و فاکتور رشد شبه انسولینی نوع یک (GH-IGFI) تعداد فولیکول ها را در حیواناتی که در مرحله رشد سریع قرار دارند کنترل می کند (۷). گزارش شده است که عدم حضور گیرنده هورمون رشد فعال در جوجه های کوتوله با کاهش سنتز DNA مرتبط می باشد (۳). در پژوهش دیگری روی جوجه های کوتوله نشان داده شد جهش هایی که ژن گیرنده هورمون رشد را تغییر می دهند مانع از باند شدن گیرنده ها با هورمون رشد در بافت های هدف در جوجه های کوتوله می شود (۴). در پژوهشی رابطه بین چند ژن کاندید و صفات تولید مثلی در یک شجره از لاین مادری جمعیت مرغ های تولید کننده جوجه های گوشتی تجاری مورد بررسی قرار گرفت. در این تحقیق ارتباط بین جهش در ناحیه اینترون ۵ ژن گیرنده هورمون رشد با صفت کوتولگی وابسته به جنس در یک سویه از جوجه های گوشتی تجاری گزارش شد (۱). در تحقیق حاضر ابتدا فرم های مختلف آللی تک نوکلئوتیدی در ناحیه اینترون ۵ ژن گیرنده هورمون رشد با استفاده از نشانگر آنزیمی NspI شناسایی و سپس فراوانی آللی و ژنوتیپی در این جایگاه مورد برآورد قرار گرفت.

مواد و روش ها

در این پژوهش از ۱۰۰ قطعه از مرغ های مولد موجود در سالن نسل گیری ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران به صورت انتخابی و بر اساس ارزش اصلاحی^{۱۵۴} آنها، خون گیری از ورید زیر بال انجام گرفت. برای جلوگیری از انعقاد خون از لوله های محتوی EDTA استفاده شد. نمونه ها بلافاصله با حفظ شرایط زنجیره سرد به آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری منتقل و تا زمان استخراج DNA در دمای ۴ درجه سانتی گراد نگهداری شدند. استخراج DNA با استفاده از ۲ سی سی نمونه خون و به روش نمکی بهینه یافته^{۱۵۵} انجام شد. تعیین ویژگی های کمی و کیفی DNA نیز توسط الکتروفورز ژل آگارز انجام گرفت. در این مطالعه ناحیه اینترون ۵ از جایگاه ژنی GHR انتخاب و با یک جفت آغازگر اختصاصی (جدول ۱) قطعه ای به طول ۷۴۰ جفت باز تکثیر شد.

در مرغ بومی مازندران GHR جدول ۱- توالی آغازگرهای رفت و برگشت مورد استفاده برای تکثیر قطعه مورد نظر از ژن

منبع	اندازه قطعه تکثیری	توالی آغازگر (۳' - ۵')	موقعیت	نام جایگاه
			روی ژن	ژنی
		F: 5'- ACGAAAAGTGTTCAGTGTGA-3' R: 5'- TTTATCCCGTGTCTCTTGACA-3'	اینترون ۵	GHR
۶	۷۴۰ جفت باز			

واکنش زنجیره ای پلی مرز در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ۲/۵ میکرولیتر بافر (PCR (10x)، ۰/۵ میکرولیتر dNTPs، ۰/۲ میکرولیتر Taq polymerase، ۱/۵ میکرولیتر DNA ژنومی، ۰/۶۵ میکرولیتر $MgCl_2$ و ۱ میکرولیتر از هر یک از آغازگرهای رفت و برگشت انجام گرفت. برنامه دمایی PCR برای تکثیر این جایگاه بدین صورت بود: ۹۴ درجه سانتی گراد جهت واسرشت سازی اولیه DNA به مدت ۳۰۰ ثانیه، واسرشت ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۴۵ ثانیه، دمای ۵۶ درجه سانتی گراد جهت اتصال آغازگرها به مدت ۴۵ ثانیه، دمای ۷۲ درجه سانتی گراد جهت بسط آغازگرها به مدت ۶۰ ثانیه به تعداد ۳۵ سیکل و بسط نهایی به مدت ۳۰۰ ثانیه در ۷۲ درجه سانتی گراد انجام شد. جهت تعیین کیفیت محصول PCR از ژل آگارز ۱/۵ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید و برای آزمون صحت اندازه قطعه تکثیری از نشانگر وزنی M100 شرکت فرمتاز استفاده شد. برای تفکیک آللی و تعیین ژنوتیپ هر حیوان از تکنیک PCR-RFLP و آنزیم برشی NspI (2U برای هر نمونه) استفاده شد. اگر در ناحیه اینترون ۵ جایگاه ژن گیرنده هورمون رشد (قطعه ۷۴۰ جفت بازی) جایگاه آنزیم NspI وجود داشته باشد در اثر برش آنزیم دو قطعه ۵۴۰ و ۲۰۰ جفت بازی تولید و در نتیجه آلل B+ حاصل شده و اگر هیچ سایت برشی وجود نداشته باشد آلل B- حاصل می شود. از آنجایی که ژن گیرنده هورمون رشد در طیور روی کروموزوم Z قرار دارد، در نتیجه ژنوتیپ این جایگاه ژنی در مرغ به صورت هاپلوئید می باشد. به این معنی که وفور آللی، بیانگر وفور ژنوتیپی هم خواهد بود. در نتیجه اگر سایت برشی در هر دو آلل این جایگاه وجود داشته باشد سبب بروز ژنوتیپ B+ و اگر در هیچکدام از آلل ها وجود نداشته باشد سبب بروز ژنوتیپ B- می شود. بعد از هضم آنزیمی نمونه ها توسط آنزیم NspI، برای مشاهده باند ها از ژل آگارز ۲ درصد استفاده شد.

نتایج و بحث

¹⁵⁴ - Breeding value

¹⁵⁵ - Modified salting out method

در این پژوهش قطعه‌ی ۷۴۰ جفت بازی از ناحیه اینترون ۵ ژن گیرنده هورمون رشد در هر یک از ۱۰۰ نمونه مورد بررسی، با موفقیت تکثیر گردید. نمونه‌ای از محصولات PCR تکثیر شده در شکل ۱ آمده است.



شکل ۱- محصول PCR یک قطعه به طول ۷۴۰ جفت باز از ناحیه اینترون ۵ ژن GHR در مرغ بومی مازندران، M: نشانگر وزن مولکولی می باشد.

در شکل ۲ محصولات حاصل از هضم آنزیمی و ژنوتیپ ها نشان داده شد. همان طوری که در شکل نشان داده شده در این پژوهش دو آلل B⁺ و B⁻ و دو ژنوتیپ هاپلوئیدی B⁺ و B⁻ شناسایی شد.



شکل ۲- محصولات حاصل از هضم آنزیمی ناحیه اینترون ۵ ژن GHR در مرغ بومی مازندران، M: نشانگر وزن مولکولی می باشد.

و فور هر یک از آلل های B⁺ و B⁻ و نیز ژنوتیپ های هاپلوئید در جمعیت ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران در جدول ۲ نشان داده شده است.

های مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران در مرغ GHR جدول ۲- توزیع و فور ژنوتیپی ناحیه اینترون ۵ ژن

جایگاه ژنی	و فور آللی		و فور ژنوتیپی	
	B ⁻	B ⁺	B ⁻	B ⁺
GHR	۰/۳۲	۰/۶۸	۰/۳۲	۰/۶۸

روابط بین چند شکلی ژن GHR با صفات تولیدی و تولید مثلی در جوجه های نژاد ونچانگ^{۱۵۶} چین توسط محققین مورد بررسی قرار گرفت. آنها برای شناسایی ژنوتیپ ها از روش PCR-RFLP استفاده کردند. نسبت آللی A₁ و A₂ حاصل از برش آنزیم HindIII برای ژن GHR در اینترون ۲ به ترتیب برابر با ۰/۰۶ و ۰/۹۴ در حالیکه این نسبت برای آلل های B₁ و B₂ حاصل از برش آنزیم NspI در اینترون ۵ به ترتیب برابر با ۰/۲۰ و ۰/۸۰ گزارش گردید (۵). چند شکلی ژن های هورمون رشد در اینترون ۴ (۱۱۶۸ جفت باز) و ژن گیرنده هورمون رشد در اینترون ۲ (۷۱۸ جفت باز) در مرغ های بومی مازندران و با استفاده از تکنیک PCR-RFLP و آنزیم های برشی SacI (برای ژن GH) و HindIII (برای ژن GHR)، توسط محققین مورد بررسی قرار گرفت. در این پژوهش مشاهده شد که در مکان ژنی هورمون رشد و گیرنده آن، آلل A بیشترین و فور را نسبت به



بقیه آلل ها داشته و مقدار آن از ۰/۹۹ تا ۰/۷۹ متغیر بود. همچنین وفور ژنوتیپ هموزایگوس BB در بین تمامی مکان های ژنی کمترین (۰/۰۳)، درحالیکه ژنوتیپ هموزایگوس AA بیشترین وفور (۰/۷۶) را در بین مکان های ژنی مورد مطالعه نشان داد. نتایج به دست آمده از پژوهش این محققین نشان داد که وفور آلل A در مکان ژنی هورمون رشد و گیرنده آن به عنوان یک آلل غالب می تواند به دلیل استراتژی انتخاب بلند مدت باشد که در این جمعیت استفاده شد (۲). در تحقیق دیگری تاثیر چند شکلی ژن GHR بر صفات کیفی تخم مرغ مورد مطالعه قرار گرفت. این محققین با استفاده از تکنیک PCR-RFLP و آنزیم NspI، چند شکلی یک قطعه به طول ۷۴۰ جفت باز در ناحیه اینترون ۵ ژن GHR در جوجه های نژاد ونچانگ چین را مورد مطالعه قرار دادند. نسبت های آللی و ژنوتیپی با فعالیت آنزیم برشی NspI در اینترون ۵ ژن GHR به ترتیب برای آلل های B₁ و B₂ و ژنوتیپ های حاصله، ۰/۲۰ و ۰/۸۰ گزارش گردید. در بررسی این محققین هیچ رابطه معنی داری بین ژن GHR و واحد هاو^{۱۵۷}، وزن تخم مرغ، وزن پوسته تخم مرغ و مقاومت پوسته مشاهده نشد اما اثر معنی داری بین چند شکلی ژن GHR در اینترون ۵ و صفت ضخامت پوسته تخم مرغ و نیز یک اثر افزایشی از اینترون ۵ ژن GHR بر این صفت یافت شد. آنها با آنالیز داده های مرتبط به یک نسل از مرغ های نژاد ونچانگ پیشنهاد کردند که ژن GHR می تواند در کنترل ضخامت پوسته تخم مرغ نقش داشته باشد (۶).

در پژوهش حاضر مطابق با پژوهش این محققین دو ژنوتیپ B⁺ و B⁻ حاصل از فعالیت آنزیم برشی NspI در ناحیه اینترون ۵ ژن GHR در مرغ های مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران مشاهده شد، اما نسبت های آللی به ترتیب برای آلل های B⁺ و B⁻ و نیز هاپلوژنوتیپ های B⁺ و B⁻ برابر با ۰/۳۲ و ۰/۶۸ برآورد گردید. با توجه به نتایج این پژوهش می توان چنین نتیجه گرفت که جایگاه ژنی گیرنده هورمون رشد و نواحی اینترون مرتبط با آن نقش مهمی در شناسایی چند شکلی های تک نوکلئوتیدی مرتبط با صفات تولیدی و تولید مثلی مهم در صنعت پرورش طیور داشته و می توانند در برنامه های اصلاح نژادی و پیشرفت ژنتیکی طیور مفید باشند. در ادامه این پژوهش قرار است اثر ژنوتیپ های حاصل از این جایگاه ژنی بر صفات تولیدی در جمعیت مرغ های مولد بومی این ایستگاه مورد آنالیز قرار گیرد.

منابع

1. Dunn, I.C., Y.W. Miao, A. Morris, M.N. Romanov, P.W. Wilson, and D. Waddington. 2004. A study of association between genetic markers in candidate genes and reproductive traits in one generation of a commercial broiler breeder hen population. *Heredity*. 92: 128-34.
2. Enayati, B., and G. Rahimi. 2009. Genomic growth hormone, growth hormone receptor and transforming growth factor β 3 gene polymorphism in breeder hens of Mazandaran native fowls. *African Journal of Biotechnology*. 8(14): 3154-3159.
3. Goddard, C., R. Johnson, H.J. Gilhooley, J.O. Gardner, A. Gray, R.S. Wilkie, and S.C. Butterwith. 1996. Decreased muscle cell proliferation in chicks with deletion in the GH receptor gene. *Endocrinal*. 17: 67-78
4. Hull, K.L., J.A. Marshal, and S. Harvey. 1999. A missense mutation in the GHR gene of Cornell sex-linked dwarf chickens does not abolish serum GH binding. *Journal of Endocrinology*. 161: 495-501.
5. Li, H., W. Zhu, K. Chen, X. Wu, Q. Tang, and Y. Gao. 2007. Association between GHR and IGF1 gene polymorphisms, and reproductive traits in Wenchang chickens. *Turk. J. Vet. Anim. Sci.* 32(4): 281-285.
6. Li, H., W. Zhu, K. Chen, W. Song, J. Shu, and W. Han. 2010. Effects of the polymorphisms of GHR gene and IGF1 gene on egg quality in Wenchang chicken. *Research Journal of Poultry Sciences*. 3(2): 19-22.

7. Monget, P., S. Fabre, P. Mulsant, F. Lecerf, J.M. Elsen, S. Mazerbourg, C. Pisselet, and D. Monniaux. 2002. Regulation of ovarian folliculogenesis by IGF and BMP system in domestic animals. *Domest. Anim. Endocrinol.* 23: 139-154.

Using enzyme marker NspI for detection of single nucleotide polymorphism
in intron 5 of growth hormone receptor gene in breeder hens
of Mazandaran native fowls breeding station

Hamed Kazemi*, Hasan Hafezian, Ghodrat Rahimi Mianji, Elaheh Ghasemian, Mohammad Rezaei

Laboratory for Molecular Genetics and Animal Biotechnology, Department of Animal Sciences,
Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

Email: Hamed_kazemi23@yahoo.com*

Abstract

Growth hormone receptor gene considered as an important candidate genes with major effect on improving production and reproduction traits. In order to identify different allelic forms in growth hormone receptor (GHR) gene, blood samples of 100 individual breeder hens were collected from Mazandaran native fowls breeding station. DNA was extracted using modified salting out method. A 740bp length fragment in intron 5 of GHR gene was amplified by polymerase chain reaction using specific primer pairs. Genotyping of each sample was performed using restriction enzyme NspI. Two alleles of B- and B+ and two haploid genotypes of B- and B+ were detected with the frequency of 0.32 and 0.68, respectively. With the results of the present study, it can be concluded that the enzyme marker NspI can detect different allelic forms at this site in native fowls population. The effect of resulted genotypes of this marker site on production traits is under investigation.

Key words: Major genes- Growth hormone receptor- Intron 5- Mazandaran native fowl

ارزش اقتصادی تداوم شیردهی بر اساس یک معیار مبتنی بر اختلاف تولید
سجاد فلاحپور^{۱*}، عبدالاحد شادپور^۱، نوید قوی حسین زاده^۱ و مختار مهدی زاده اسطوخ کوهی^۲
۱- گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گیلان ۲- معاونت بهبود تولیدات دامی، جهاد کشاورزی استان گیلان.
* نویسنده مسئول: سجاد فلاحپور، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گیلان، sfalahpour@gmail.com.

چکیده

در این پژوهش به منظور برآورد ارزش اقتصادی تداوم شیردهی از مؤلفه های زیست- اقتصادی دو واحد صنعتی گاو شیری و سامانه تولید گاوهای هلشتاین ایران استفاده شد. اختلاف شیر تولیدی روز ۶۰ دوره شیردهی از شیر تولیدی روز ۲۸۰ دوره شیردهی به عنوان معیار ارزیابی تداوم شیردهی مورد استفاده قرار گرفت. به دلیل اینکه منحنی سود سالانه گاو بر حسب تداوم شیردهی دارای یک نقطه بیشینه بود، ارزش اقتصادی صفت تداوم شیردهی برای ناحیه قبل از نقطه بیشینه و پس از آن بصورت مجزا با استفاده از تجزیه رگرسیون برآورد شد. ارزش اقتصادی تداوم شیردهی در ناحیه قبل از نقطه بیشینه سود ۱۱۵۰۶۵ ریال و پس از آن ۱۲۹۶۶۳- ریال برآورد شد. مقدار بهینه تداوم شیردهی برای معیار مورد استفاده در این پژوهش ۵/۳۳- بدست آمد. ارزش اقتصادی صفت تداوم شیردهی و مقدار بهینه آن به معیار تداوم شیردهی مورد استفاده بستگی دارد. اگر میانگین تداوم شیردهی در جامعه کمتر از مقدار بهینه معیار باشد، افزایش میانگین تداوم شیردهی منجر به افزایش سود سامانه تولید خواهد شد و باید انتخاب در جهت بهبود این صفت در جامعه صورت پذیرد. ارزش اقتصادی می تواند به عنوان یکی از ملاک های قضاوت در مورد انتخاب معیار تداوم شیردهی مناسب جهت ورود به اهداف اصلاحی مورد استفاده قرار گیرد.
واژگان کلیدی: ارزش اقتصادی- شبیه سازی- مدل رگرسیونی- معیار تداوم شیردهی.

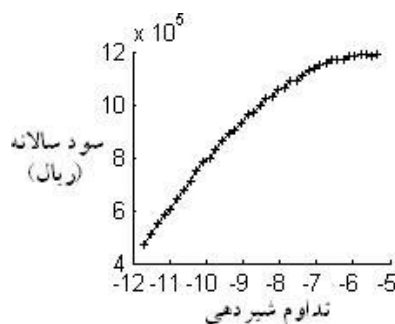
مقدمه

صفت تداوم شیردهی یکی از صفات اقتصادی مورد توجه در اصلاح نژاد گاو شیری است که بر وارد کردن آن در اهداف اصلاحی گاو شیری در کنار صفات دیگر تاکید شده است (۳). برای این صفت در منابع، تعاریف مختلفی ارائه شده است که از آن جمله می توان به نرخ کاهش تولید شیر پس از اوج تولید و یکنواختی منحنی شیردهی اشاره نمود. در نتیجه این تعاریف مختلف، معیارهای متفاوتی نیز برای اندازه گیری این صفت پیشنهاد شده است (۵). تنوع معیارهای تداوم شیردهی موجب گردیده است که فراسنجه های ژنتیکی و ارزش اقتصادی این صفت به معیار مورد استفاده بستگی داشته باشد (۳ و ۵). تاکنون پژوهش های اندکی در زمینه محاسبه ارزش اقتصادی تداوم شیردهی در مقایسه با سایر صفات اقتصادی صورت پذیرفته است. در پژوهشی که توسط دکرز و همکاران (۱۹۹۸) صورت پذیرفت ارزش اقتصادی تداوم شیردهی بر اساس سه معیار مختلف ارزیابی شد. در پژوهش دیگری که توسط فلاحپور و همکاران (۱۳۸۹) صورت پذیرفت از یک مدل رگرسیونی برای محاسبه ارزش اقتصادی تداوم شیردهی بر اساس معیاری مبتنی بر نسبت تولید شیر در بخش های مختلف دوره شیردهی، همزمان با ارزش اقتصادی تولید شیر و فاصله بین دو زایش استفاده شد. از آنجا که برآورد ارزش اقتصادی تداوم شیردهی بر اساس هر معیار می تواند در تعیین معیار مناسب برای ورود در اهداف اصلاحی استفاده گردد، لذا در این پژوهش ارزش اقتصادی تداوم شیردهی بر اساس یک معیار مبتنی بر اختلاف تولید شیر در بخش های مختلف دوره شیردهی محاسبه شده است.

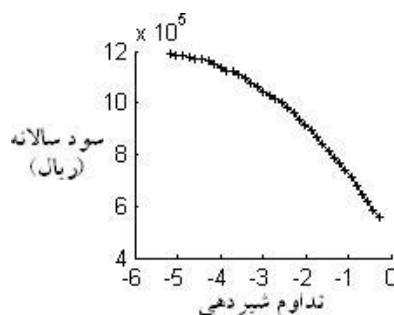
مواد و روش ها

در این پژوهش با استفاده از مؤلفه های زیست- اقتصادی دو واحد صنعتی گاو شیری و سامانه تولید گاوهای هلشتاین ایران (۱، ۴ و ۶)، هفتاد و پنج منحنی تولید شیر شبیه سازی شد. حالت های تولیدی مذکور از نظر فراسنجه های تابع وود (۸) با یکدیگر تفاوت داشته، زمان رسیدن به اوج تولید، مقدار تولید در اوج، تعداد روز شیردهی و فاصله بین دو زایش آنها نیز با یکدیگر متفاوت بودند. درآمدها و هزینه ها در هر حالت تولیدی بر حسب گاو در سال محاسبه شد و شامل درآمدهای حاصل از فروش شیر، گوساله تازه متولد شده و کود، هزینه تغذیه گاو، هزینه های غیر تغذیه ای گاو شامل هزینه های خالص جایگزینی، انرژی، نیروی انسانی، سلامتی، بهداشت، تلقیح مصنوعی، استهلاک و تعمیر و نگهداری تاسیسات و تجهیزات و هزینه پرورش گوساله بود. سود سالانه هر یک از حالت های تولیدی از طریق کسر هزینه های سالانه از درآمدهای سالانه محاسبه گردید. اختلاف شیر تولیدی روز ۶۰ دوره شیردهی از شیر تولیدی روز ۲۸۰ دوره شیردهی به عنوان معیار ارزیابی تداوم شیردهی در هر حالت شبیه سازی مورد استفاده قرار گرفت (۷). به دلیل اینکه منحنی سود سالانه گاو بر حسب تداوم شیردهی دارای یک نقطه بیشینه بود (۲)، ارزش اقتصادی صفت تداوم شیردهی برای ناحیه قبل از نقطه بیشینه و پس از آن بصورت مجزا برآورد شد. علت مجزا کردن دو بخش این بود که در غیر این صورت ارزش اقتصادی تداوم شیردهی به میانگین آن صفت در جامعه وابسته می شد. در هر یک از بخش های مذکور، مقادیر تداوم شیردهی و سودهای سالانه حالت های شبیه سازی شده به ترتیب به عنوان متغیر مستقل و وابسته در تجزیه رگرسیون وارد شدند. ضریب رگرسیون برآورد شده، نشان دهنده ارزش اقتصادی صفت تداوم شیردهی بود (۳).
نتایج و بحث

با توجه به نوع تعریف معیار تداوم شیردهی، مقادیر حاصل در این تحقیق برای تداوم شیردهی همگی منفی بودند اما مقادیر نزدیک تر به صفر نشان دهنده تداوم شیردهی بهتر بود. شکل ۱ و شکل ۲ تغییرات سود سالانه حالت های شبیه سازی شده را به ترتیب در بخش های قبل و بعد از مقدار بیشینه سود نشان می دهد.



شکل ۱- تغییرات سود سالانه در حالت های شبیه سازی شده قبل از مقدار بیشینه سود.



شکل ۲- تغییرات سود سالانه در حالت های شبیه سازی شده بعد از مقدار بیشینه سود.

مقدار بهینه تداوم شیردهی که متناظر با مقدار تداوم شیردهی در حداکثر سود سالانه گاو است، ۵/۳۳- بدست آمد. مقایسه مقدار بهینه تداوم شیردهی بر اساس معیار مورد استفاده در این پژوهش با مقدار ۰/۹۵۳۶ که توسط فلاچپور و همکاران (۱۳۸۹) گزارش گردیده است، نشان می دهد حد بهینه برای صفت تداوم شیردهی به معیار مورد استفاده بستگی دارد. ضرایب رگرسیون سود به تداوم شیردهی در بخش های قبل و بعد از مقدار بهینه در جدول ۱ نشان داده شده است.

جدول ۱- برآورد ($\pm$ انحراف معیار) ضرایب رگرسیون سود به تداوم شیردهی در بخش های قبل و بعد از مقدار بیشینه سود.

بخش	ضریب رگرسیون
قبل از بیشینه سود	114606 ± 473971
بعد از بیشینه سود	-129663 ± 550925

ارزش اقتصادی تداوم شیردهی در بخش قبل از مقدار بهینه، ۱۱۴۶۰۶ ریال برآورد شد. عدد مذکور بیانگر این مطلب است که اگر میانگین تداوم شیردهی بر اساس معیار مورد استفاده در جامعه کمتر از مقدار بهینه فوق باشد، افزایش میانگین تداوم شیردهی منجر به افزایش سود سامانه تولید خواهد شد و باید انتخاب در جهت بهبود این صفت در جامعه صورت پذیرد. منفی بودن ارزش اقتصادی تداوم شیردهی در بخش بعد از مقدار بهینه نشان می دهد که اگر میانگین تداوم شیردهی در جامعه بیشتر از مقدار بهینه باشد، افزایش میانگین تداوم شیردهی بر اساس معیار مورد استفاده در جامعه، منجر به کاهش سود سامانه تولید به میزان ۱۲۹۶۶۳ ریال خواهد شد. در پژوهشی که توسط فلاچپور و همکاران (۱۳۸۹) با استفاده از یک معیار مبتنی بر نسبت تولید شیر در بخش های مختلف دوره شیردهی صورت پذیرفت، مقدار کاهش سود سامانه تولید در اثر بهبود هر واحد تداوم شیردهی بعد از مقدار بهینه، ۶۵۲۴۴۲۹ ریال گزارش شد. چنین تفاوتی در ارزش اقتصادی تداوم شیردهی علاوه بر متفاوت بودن معیار تداوم شیردهی می تواند ناشی از متفاوت بودن مدل رگرسیونی مورد استفاده نیز باشد. نتایج مطالعه دکرز و همکاران (۱۹۹۸) نیز بر متفاوت بودن ارزش اقتصادی معیارهای مختلف تداوم شیردهی تاکید دارد. بنابراین علاوه بر مولفه های ژنتیکی مانند وراثت پذیری و همبستگی ژنتیکی، کمیت ارزش اقتصادی معیارهای تداوم شیردهی نیز می تواند به عنوان یکی از ملاک های قضاوت در مورد انتخاب معیار مناسب جهت ورود به اهداف اصلاحی گاو شیری مورد استفاده قرار گیرد. بر این اساس معیاری که از نظر مولفه های ژنتیکی مطلوبتر باشد و ارزش اقتصادی بیشتری نیز داشته باشد و یا به عبارت دیگر بهبود آن موجب افزایش بیشتری در سود سامانه تولید گردد، به عنوان مناسب ترین معیار انتخاب می گردد.

۱. فرهنگ فر، ه و نعیمی پور یونسی، ح. ۱۳۸۶. برآورد پارامترهای فنوتیپی و ژنتیکی صفات تولید و تولید مثل در نژاد گاو هلشتاین ایران. علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی، سال یازدهم، شماره اول (ب). صفحه ۴۳۱ تا ۴۴۰.
۲. فلاحپور، س. شادپرور، ع. ا.، قوی حسین زاده، ن و مهدی زاده اسطخ کوهی م. ۱۳۸۹. برآورد ارزش اقتصادی تداوم شیردهی در گاوهای هلشتاین استان گیلان. چهارمین کنگره علوم دامی ایران. صفحه ۳۰۰۲ تا ۳۰۰۵.
3. Dekkers, J.C.M., J.H. Ten Hag and A. Weersink. 1998. Economic aspects of persistency of lactation in dairy cattle. *Livestock Production Science*. 53:237-252.
4. FallahKhair, A., R. Seyedsharifi, A.A. Shadparvar and M.P. Eskandarinasab. 2009. Investigation of possibility of using predicted herd life records in genetic evaluation of Iranian Holstein cows. *Journal of Animal and Veterinary Advances*. 8(6):1165-1168.
5. Gengler, N. 1996. Persistency of lactation yields: A review . *Proceedings of international workshop on genetic improvement of functional traits in cattle*. Gembloux, Belgium. *Interbull bulletin*. 12: 87-96.
6. Ghavi Hossein-Zadeh, N., A. Nejati-Javaremi, S.R. Miraei-Ashtiani, H. Kohram and M. Honarvar. 2011. Bio-economic model to evaluate twinning rate using sexed embryo transfer in dairy herds. *Animal*. 5: 1705-1719.
7. Jamrozik, J. and L.R. Schaeffer. 1997. Estimating of genetic parameters for a test day model with random regression for production of first lactation Holsteins. *Journal of Dairy Science*. 80: 762-770.
8. Wood, P.D.P. 1967. Algebraic model of the lactation curve in cattle. *Nature*. 216: 164-165.

Economic value of milk yield persistency based on a measure of yield variation
Sajad Falahpour^{1*}, Abdol Ahad Shadparvar¹, Navid Ghavi Hossein zadeh¹ and Mokhtar Mehdi Zadeh Stalkh Kohi²

1- Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Guilan 2- Jihad-e-Agriculture Organization of Guilan Province.

* Corresponding E-mail address: sfalahpour@gmail.com.

Abstract

In this study, bio-economical parameters of two dairy cattle farms and Iranian Holstein dairy cattle system were used to estimate economic value of milk yield persistency. Difference between milk yield on 60th days in milk and milk yield on 280th days in milk was used to evaluate milk yield persistency in each state. Since annual profit curve based on milk yield persistency had a maximum point, economic value of milk yield persistency was estimated for before and after the maximum profit point separately using a regression analysis. Economic value of milk yield persistency was estimated 115065 Rls for the before maximum profit and -129663 Rls for the after maximum profit. The optimum value of milk yield persistency for measure that used in this study was estimated -5.33. Economic value and the optimum value of persistency depend on persistency measure that used. If mean of persistency in population is less than the optimum value, increase in the value of mean will lead to higher profit and then selection should be made to improve this trait in population. Economic value can use as one of the judging criteria to choose suitable measure for including in the breeding goals.

Keywords: Economic value- simulation- regression model- persistency measure.

شناسایی فرم های مختلف آللی تک نوکلئوتیدی در ناحیه اینترون ۱ ژن هورمون رشد در مرغ های مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران

حامد کاظمی*، حسن حافظیان، قدرت رحیمی میانجی، محمد رضایی، الهه قاسمیان
آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام، دانشکده علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

* Email: Hamed_kazemi23@yahoo.com، حامد کاظمی،

چکیده

در نشخوارکنندگان و طیور ژن هورمون رشد به عنوان یکی از مهم ترین ژن های کاندیدا و بزرگ اثر در زمینه بهبود صفات تولیدی و عملکردی به حساب می آید. به منظور شناسایی فرم های مختلف آللی در جایگاه ژنی GH از ۱۰۰ قطعه از مرغ های مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران خون گیری به عمل آمد. استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته و تکثیر یک قطعه ۷۷۶ جفت بازی از ناحیه اینترون ۱ ژن هورمون رشد توسط واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی صورت گرفت. تعیین ژنوتیپ هر یک از نمونه ها با استفاده از آنزیم برشی MspI انجام شد. فراوانی هر یک از آلل های A، B و C به ترتیب برابر با ۰/۳۱۵، ۰/۱۰۰ و ۰/۵۸۵ و فراوانی هر یک از ژنوتیپ های AA، BB، CC، AB و AC و BC به ترتیب برابر با ۰/۰۹، ۰/۰۲، ۰/۳۵، ۰/۰۷، ۰/۳۸ و ۰/۰۹ برآورد گردید. با توجه به نتایج این پژوهش می توان چنین نتیجه گرفت که نشانگر آنزیمی MspI قادر به شناسایی فرم های مختلف آللی در این جایگاه ژنی در جمعیت مرغ بومی مازندران می باشد. اثر ژنوتیپ های حاصل از این جایگاه نشانگری بر صفات تولیدی و تولید مثلی در دست بررسی است.

واژه های کلیدی: ژن های بزرگ اثر- هورمون رشد- اینترون ۱- مرغ بومی مازندران

مقدمه

هورمون رشد پروتئینی با وزن مولکولی ۲۲ کیلو دالتون بوده که از ۱۹۱ اسید آمینه تشکیل شده است (۱). ژن هورمون رشد^{۱۵۸} در طیور دارای ۴۰۹۸ جفت باز، ۵ اگزون و ۴ اینترون بوده و روی کروموزوم ۱۹ قرار دارد (۵). ژن هورمون رشد جوجه شبیه به ژن هورمون رشد پستانداران بوده، اما اینترون های ژن هورمون رشد در جوجه به طور معنی داری بزرگتر می باشند (۴). اثر این هورمون در تخمگذاری مرغ از طریق افزایش در تعداد فولیکول های کوچک تخمدان و نیز بهبود ضخامت پوسته گزارش شده است (۳). بر اساس نتایج به دست آمده از پژوهش استفن^{۱۵۹} و همکاران، چند شکلی حاصل از ژن GH در جمعیت مرغ های بومی ممکن است در آنالیز تکامل نژادی و همچنین در طرح برنامه های اصلاح نژادی مورد استفاده قرار گیرد (۷). نای^{۱۶۰} و همکاران با بررسی تنوع ژن هورمون رشد در چهار نژاد مرغ بومی چین مشاهده کردند بیشترین چند شکلی تک نوکلئوتیدی در ناحیه اینترون ۱ و ۴ وجود داشت که با رشد فیبر ماهیچه ران در ارتباط بود (۶). ناحیه اینترون ۱ ژن GH با توجه به ارتباط آن با

158 - Growth hormone gene

159 - Stephen

160 - Nie

صفات تولیدی در طیور، نقش مهمی در برنامه های انتخاب و اصلاح نژاد جمعیت مرغ های بومی دارد (۲). در تحقیق حاضر ابتدا فرم های مختلف آللی تک نوکلئوتیدی در ناحیه اینترون ۱ ژن GH با استفاده از نشانگر آنزیمی MspI شناسایی و سپس فراوانی آللی و ژنوتیپی در این جایگاه مورد برآورد قرار گرفت.

مواد و روش ها

در این پژوهش از ۱۰۰ قطعه از مرغ های مولد موجود در سالن نسل گیری ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران به صورت انتخابی و بر اساس ارزش اصلاحی^{۱۶۱} آنها، خون گیری از ورید زیر بال انجام گرفت. برای جلوگیری از انعقاد خون از لوله های محتوی EDTA استفاده شد. نمونه ها بلافاصله با حفظ شرایط زنجیره سرد به آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری منتقل و تا زمان استخراج DNA در دمای ۴ درجه سانتی گراد نگهداری شدند. استخراج DNA با استفاده از ۲ سی سی نمونه خون و به روش نمکی بهینه یافته^{۱۶۲} انجام شد. تعیین ویژگی های کمی و کیفی DNA نیز توسط الکتروفورز ژل آگارز انجام گرفت. در این مطالعه ناحیه اینترون ۱ از جایگاه ژنی GH انتخاب و با یک جفت آغازگر اختصاصی (جدول ۱) قطعه ای به طول ۷۷۶ جفت باز تکثیر شد.

جدول ۱- توالی آغازگرهای رفت و برگشت مورد استفاده برای تکثیر قطعه مورد نظر از ژن GH در مرغ بومی مازندران

منبع	اندازه قطعه تکثیری	توالی آغازگر	موقعیت	نام جایگاه
		(۵' - ۳')	روی ژن	ژنی
		F: 5'- ATCCCCAGGCAAACATCCTC-3' R: 5'- CCTCGACATCCAGCTCACAT-3'	ایترون ۱	GH
۷	۷۷۶ جفت باز			

واکنش زنجیره ای پلی مرز در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ۲/۵ میکرولیتر بافر PCR (10x)، ۰/۵ میکرولیتر dNTPs، ۰/۲ میکرولیتر Taq polymerase، ۱/۵ میکرولیتر DNA ژنومی، ۰/۶۵ میکرولیتر MgCl₂ و ۱ میکرولیتر از هر یک از آغازگرهای رفت و برگشت انجام گرفت. برنامه دمایی PCR برای تکثیر این جایگاه بدین صورت بود: ۹۵ درجه سانتی گراد جهت واسرشت اولیه DNA به مدت ۲۴۰ ثانیه، واسرشت ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، دمای ۶۹ درجه سانتی گراد جهت اتصال آغازگرها به مدت ۴۵ ثانیه، دمای ۷۲ درجه سانتی گراد جهت بسط آغازگرها به مدت ۶۰ ثانیه به تعداد ۳۵ سیکل و بسط نهایی به مدت ۳۰۰ ثانیه در ۷۲ درجه سانتی گراد انجام شد. جهت تعیین کیفیت محصول PCR از ژل آگارز ۱/۵ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید و برای آزمون صحت اندازه قطعه تکثیری از نشانگر وزنی M100 شرکت فرمنتاز استفاده شد. به منظور تفکیک آللی و تعیین ژنوتیپ هر حیوان از تکنیک PCR-RFLP و آنزیم برشی MspI (۵U برای هر نمونه) استفاده شد. اگر در ناحیه اینترون ۱ جایگاه ژن هورمون رشد (قطعه ۷۷۶ جفت بازی) جایگاه آنزیم MspI وجود داشته باشد در اثر برش آنزیم سه آلل A، B و C و شش ژنوتیپ AA، BB، CC، AB، AC و BC حاصل می شود. بدین ترتیب اگر در اثر برش آنزیم سه قطعه ۴۱۴، ۲۳۷ و ۱۴۷ جفت بازی تولید شود ژنوتیپ AA، چهار قطعه ۲۶۷، ۲۳۷، ۱۴۷ و ۱۲۵ جفت بازی تولید شود

¹⁶¹ - Breeding value

¹⁶² - Modified salting out method

ژنوتیپ BB، دو قطعه ۵۳۹ و ۲۳۷ جفت بازی تولید شود ژنوتیپ CC، پنج قطعه ۴۱۴، ۲۶۷، ۲۳۷، ۱۴۷ و ۱۲۵ جفت بازی تولید شود ژنوتیپ AB، چهار قطعه ۵۳۹، ۴۱۴، ۲۳۷ و ۱۴۷ جفت بازی تولید شود ژنوتیپ AC و در نهایت اگر پنج قطعه ۵۳۹، ۲۶۷، ۲۳۷، ۱۴۷ و ۱۲۵ جفت بازی تولید شود ژنوتیپ BC حاصل می شود. بعد از هضم آنزیمی نمونه‌ها توسط آنزیم MspI برای مشاهده باند ها از ژل آگارز ۲ درصد استفاده شد.

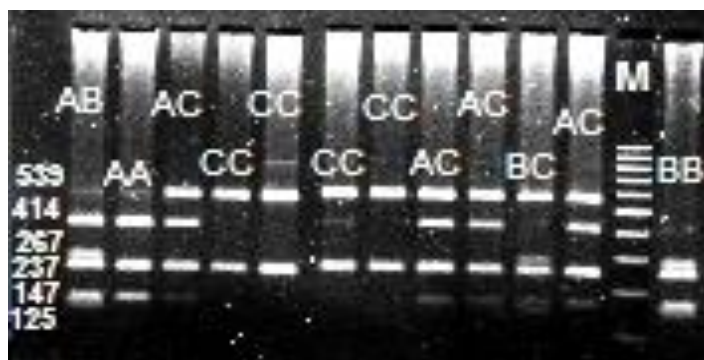
نتایج و بحث

در این پژوهش قطعه‌ی ۷۷۶ جفت بازی از ناحیه ایترون ۱ ژن هورمون رشد در هر یک از ۱۰۰ نمونه مورد بررسی، با موفقیت تکثیر گردید. نمونه‌ای از محصولات PCR تکثیر شده در شکل ۱ آمده است.



شکل ۱- محصول PCR یک قطعه به طول ۷۷۶ جفت باز از ناحیه ایترون ۱ ژن GH در مرغ بومی مازندران، M: نشانگر وزنی مولکولی می باشد.

در شکل ۲ محصولات حاصل از هضم آنزیمی و ژنوتیپ ها مشخص شده است. همان طوری که در شکل نشان داده شده در این پژوهش سه آلل A، B و C و شش ژنوتیپ AA، BB، CC، AB، AC و BC شناسایی شد.



شکل ۲- محصولات حاصل از هضم آنزیمی ناحیه ایترون ۱ ژن GH در مرغ بومی مازندران، M: نشانگر وزن مولکولی می باشد.

و فور هر یک از آلل های A، B و C و ژنوتیپ های AA، BB، CC، AB، AC و BC در جمعیت ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران در جدول ۲ نشان داده شده است.

در مرغ های مولد ایستگاه اصلاح نژاد مرغ بومی مازندران GH جدول ۲- و فور ژنوتیپی ناحیه ایترون ۱ ژن

جایگاه ژنی	و فور آللی			و فور ژنوتیپی					
	A	B	C	AA	BB	CC	AB	AC	BC
GH									

۰/۰۹	۰/۳۸	۰/۰۷	۰/۳۵	۰/۰۲	۰/۰۹	۰/۵۸۵	۰/۱۰۰	۰/۳۱۵	

در پژوهشی چند شکلی یک قطعه ۷۷۶ جفت بازی از ناحیه اینترون ۱ ژن GH در یکی از نژاد های جوجه بومی چین^{۱۶۳} مورد بررسی قرار گرفت. برای شناسایی چند شکلی ها از آنالیز PCR-RFLP و آنزیم برشی MspI استفاده شد. در این پژوهش سه آلل I، II و III و شش نوع ژنوتیپ شناسایی شد. فراوانی هر یک از آلل های I، II و III به ترتیب برابر با ۰/۶۰، ۰/۲۰ و ۰/۲۰ گزارش گردید (۷)، اما در پژوهش حاضر فراوانی سه آلل A، B و C در جمعیت مرغ بومی مازندران به ترتیب برابر با ۰/۳۱۵، ۰/۱۰۰ و ۰/۵۸۵ برآورد گردید. در پژوهشی دیگر، محققین چند شکلی یک قطعه ۷۷۶ جفت بازی از ناحیه اینترون ۱ ژن GH در مرغ بومی خوزستان را به کمک تکنیک PCR-RFLP و استفاده از آنزیم برشی MspI مورد بررسی قرار دادند. آنها در این جمعیت دو آلل A و B و سه ژنوتیپ AA، AB و BB را شناسایی کردند. فراوانی هر یک از آلل های A و B به ترتیب برابر با ۰/۶۸۵ و ۰/۳۱۵ گزارش گردید. همچنین در این جمعیت فراوانی برای هر یک از ژنوتیپ های AA، AB و BB به ترتیب برابر با ۰/۳۹۰، ۰/۵۹۰ و ۰/۰۲۰ برآورد شد. این محققین با نتایج به دست آمده پیشنهاد کردند که در اصلاح نژاد جمعیت مرغ های بومی معیارهای انتخاب مرتبط با میزان عملکرد می تواند از طریق ارتباط آن ها با ژن GH انجام گیرد (۲). اما در پژوهش حاضر در جمعیت مرغ بومی مازندران علاوه بر دو آلل A و B، آلل C نیز شناسایی و شش ژنوتیپ با فراوانی های متفاوت برای این جایگاه به دست آمد. با توجه به نتایج این پژوهش می توان چنین نتیجه گرفت که جایگاه ژنی هورمون رشد و نواحی اینترون مرتبط با آن نقش مهمی در شناسایی چند شکلی های تک نوکلئوتیدی مرتبط با صفات تولیدی و تولید مثلی مهم در صنعت پرورش طیور داشته و می توانند در برنامه های اصلاح نژادی و پیشرفت ژنتیکی طیور مفید باشند. برآورد اثر ژنوتیپ های حاصل از این جایگاه ژنی بر صفات تولیدی در جمعیت مرغ های مولد بومی این ایستگاه در دست بررسی است.

منابع

1. Arámburo, C., M. Carranza, R. Sanchez, and G. Perera. 1989. Partial biochemical and biological characterization of purified chicken growth hormone (cGH). Isolation of cGH change variants and evidence that cGH is phosphorylated. *Gen. Comp. Endocrinol.* 76: 330-339.
2. Darabi, A., J. Fayazi, H. Roshanfekar, and M.T. Nasiri. 2010. Investigation of growth hormone gene polymorphism using PCR-RFLP technique in native poultry in Khouzestan province. *Journal of Animal and Veterinary Advances.* 9: 255-257.
3. Donoghue, D.J., R.M. Campbell, and C.G. Scanes. 1990. Effect of biosynthetic chicken growth hormone on egg production in White Leghorn hens. *Poult. Sci.* 69: 1818-1821.
4. Fotouhi, N., C.N. Karatzas, U. Kuhnlein, and D. Zadworny. 1993. Identification of growth hormone DNA polymorphisms which respond to divergent selection for abdominal fat content in chickens. *Theor. Appl. Genet.* 85: 931-936.
5. Lechniak, D., G. Machnik, M. Szydlowski, and M. Switonski. 1999. Growth hormone gene polymorphism and reproductive performance of AI bulls. *Theriogenology.* 52(3): 1145-1152.
6. Nie, Q., B. Sun, D. Zhang, C. Luo, N.A. Ishag, M. Lei, G. Yang, and X. Zhang. 2005. High diversity of the chicken growth hormone gene and effects on growth and carcass traits. *Journal of Heredity.* 96(6): 698-703.

7. Stephen, C.Y.Ip., X. Zhang, and F.C. Leung. 2001. Genomic growth hormone gene polymorphisms in native Chinese chickens. *Experimental Biology and Medicine*. 226(5): 458-462.

Detection of single nucleotide polymorphism in intron 1 of growth hormone gene in breeder hens of Mazandaran native fowls breeding station

Hamed Kazemi*, Hasan Hafezian, Ghodrat Rahimi Mianji, Mohammad Rezaei, Elaheh Ghasemian

Laboratory for Molecular Genetics and Animal Biotechnology, Department of Animal Sciences, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

Email: Hamed_kazemi23@yahoo.com*

Abstract

Growth hormone (GH) is considered as one of the most important candidate and major genes that can improve production and functional traits in ruminants and poultry. In order to identify different allelic forms in GH gene, blood samples of 100 breeder hens were collected from Mazandaran native fowls breeding station. DNA was extracted using modified salting out method. A 776 bp length fragment in intron 1 of GH gene was amplified by polymerase chain reaction using specific primer pairs. Genotyping of each sample was performed using restriction enzyme MspI. Three alleles of A, B and C were detected with the frequency of 0/315, 0/100 and 0/585, respectively. The six genotypes of AA, BB, CC, AB, AC and BC were detected with the frequency of 0/09, 0/02, 0/35, 0/07, 0/38 and 0/09, respectively. With the results of the present study, it can be concluded that the enzyme marker MspI can detect different allelic forms at this marker site in native fowls population. The effect of resulted genotypes of this marker site on production traits is under investigation.

Key words: Major genes- Growth hormone- Intron 1- Mazandaran native fowl

شناسایی چند شکلی جایگاه اگزون ۴ ژن IGF-1 در

بزهای نژاد مهابادی با استفاده از تکنیک PCR-SSCP

لیلا قره داغی^۱، حسین مرادی شهربابک^۲، مصطفی صادقی^۱، مهدی گنج خانلو^۲

۱ و ۲ به ترتیب دانشجو و استادیار پردیس کشاورزی و منابع طبیعی کرج دانشگاه تهران

لیلا قره داغی leilagharedaghi@ut.ac.ir

چکیده

فاکتور رشد شبه انسولین (IGF-1) پلی پپتیدی است با ساختار مولکولی مشابه با هورمون انسولین که بخش عمده آن در کبد تحت تاثیر هورمون رشد (GH) سنتز می شود، که نقش مهمی را در فرآیند های فیزیولوژیکی بدن مانند رشد، تولیدمثل، شیردهی و سیستم ایمنی ایفا می کند. مطالعه پلی مورفیسم ژن های کاندیدا و ارتباط آن ها با صفات رشد و تولید شیر یک هدف مهم در صنعت پرورش بز می باشد. هدف از این مطالعه، بررسی چند شکلی جایگاه اگزون ۴ ژن IGF-1 در بزهای مهابادی می باشد. در این پژوهش از ۱۴۰ رأس بز نژاد مهابادی موجود در مزرعه پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران واقع در کرج، با استفاده از ونوجکت های حاوی EDTA خونگیری شد. استخراج DNA از خون کامل با روش فنل-کلروفرم صورت گرفت و واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) جهت تکثیر قطعه 326 جفت بازی جایگاه اگزون ۴ ژن IGF-1 انجام شد. تفاوت فرم فضایی رشته های منفرد (PCR-SSCP) برای تعیین ژنوتیپ نمونه ها استفاده شد. الکتروفورز محصولات PCR پس از تک رشته ای شدن قطعات، بر روی ژل پلی اکریل آمید انجام و رنگ آمیزی نیز به روش نیترات نقره طی سه مرحله تثبیت، لکه گذاری و ظهور صورت گرفت، که طی آن 2 الگوی بانندی متفاوت با فراوانی ۶۵/۷٪ و ۳۴/۳٪ مشاهده شد. این تنوع ژنتیکی حاکی از آن است که در این قطعه تکثیر شده IGF-1 اختلافاتی وجود دارد که می توان ارتباط این تنوع ژنتیکی با صفات تولیدی را در بزهای مهابادی مورد بررسی قرار داد.

کلمات کلیدی: چند شکلی - ژن IGF-1 - بز مهابادی - PCR-SSCP

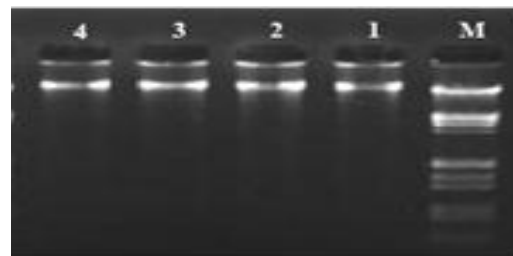
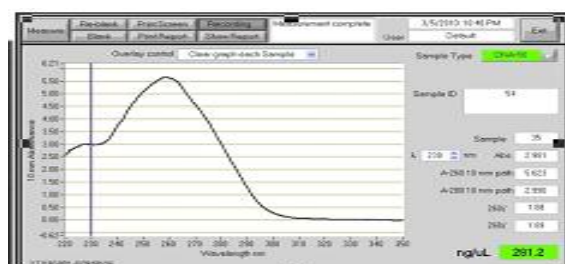
مقدمه

IGF-1 (فاکتور رشد شبه انسولین)، پلی پپتیدی تک زنجیره ای با وزن مولکولی ۷۶۴۹ دالتون، و شامل ۷۰ اسید آمینه می باشد که به آن سوماتومدین C نیز گفته می شود. هورمون رشد، محرک آزاد سازی این سوماتومدین از کبد و دیگر بافت های موضعی می باشد. به دلیل اینکه سوماتومدین ها اثراتی شبیه انسولین بر سلول ها دارند فاکتور های رشد شبه انسولینی نامیده شده اند. ولی برخلاف انسولین در مایعات بیولوژیکی تقریباً ۹۸٪ آن به یکی از ۶ پروتئین باند شونده (IGFBP) وصل می شود (5). IGF-1 در بسیاری از فرآیندهای فیزیولوژیکی بدن مانند رشد، شیردهی، تولیدمثل و سیستم ایمنی نقش دارد (1). نقش این هورمون در رشد بافت های مختلف بدن (سلول های ماهیچه، غضروف و استخوان)، تحریک سنتز پروتئین، افزایش متابولیسم قندها و چربی ها در بدن، محرک تقسیم میتوز، تحریک ازدیاد سلول های اپتیلیال غده پستانی، سنتز و بیان ژن کازئین و حمل گلوکز شناخته شده است (5). IGF-1 در تنظیم بسیاری از هورمون هایی که برای سیستم تولیدمثلی حیاتی هستند نیز نقش اساسی ایفا می کند (2). برای بررسی اثر IGF-1 روی تولید شیر، تزریق شریانی این هورمون به غده پستانی در بزهای شیرده نشان داده شد که باعث افزایش تولید شیر می شود (5). Liu Wu-Jun و همکاران در سال ۲۰۱۰ چند شکلی اگزون ۴ ژن IGF-1 را در دو نژاد بز چینی گزارش کردند که این جهش مرتبط با تولید کشمیر بود (4). ژن IGF-1 در گاو بر روی کروموزوم شماره ۵ قرار گرفته که

دارای ۶ اگزون و ۵ اینترون می باشد (6). هدف از این مطالعه بررسی چندشکلی در اگزون ۴ ژن IGF-1 در بزهای نژاد مهابادی می باشد.

مواد و روش ها

در این مطالعه از ۱۴۰ رأس بز نژاد مهابادی موجود در مزرعه پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران واقع در کرج، با استفاده از ونوجکت های حاوی EDTA از سیاهرگ وداجی خونگیری انجام شد. استخراج DNA با روش استخراج نمکی تغییر یافته صورت گرفت. کمیت و کیفیت DNA استخراج شده با استفاده از ژل آگارز (شکل ۱) و دستگاه نانودراپ (شکل ۲) مورد بررسی قرار گرفت.



شکل ۲- تعیین کمیت و کیفیت DNA با دستگاه

شکل ۱- نمونه های DNA بر روی ژل آگارز

نانودراپ

برای تکثیر قطعه bp ۳۲۶ از آغازگر رفت و برگشت که توسط نرم افزار (3) Vector NTI طراحی شد، استفاده گردید که این آغازگر ها توسط شرکت متابیون سنتز شد. توالی آغازگرها به شرح زیر می باشد:

توالی آغازگر رفت: 5'-ATTTGAACAGACAAGCCCAC-3'

توالی آغازگر برگشت: 5'-TTTGACACTATGAGCCAGAAG-3'

جهت بهینه سازی واکنش PCR برنامه های حرارتی مختلفی استفاده شد. ولی در نهایت برنامه های حرارتی زیر با ۳۵ سیکل، ایده آل ترین شرایط برای تکثیر ژن IGF-1 تشخیص داده شد. واسرشت سازی اولیه DNA به مدت ۵ دقیقه در دمای ۹۵ درجه سانتی گراد، واسرشت سازی DNA به مدت ۳۰ ثانیه در دمای ۹۵ درجه سانتی گراد، اتصال آغازگر به DNA به مدت ۳۰ ثانیه در دمای ۶۱/۴ درجه سانتی گراد، بسط DNA به مدت ۳۰ ثانیه در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد و بسط نهایی به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد انجام شد. حجم PCR انجام شده در نهایت ۲۵ میکرولیتر بود که مواد و مقادیر مورد نیاز برای انجام واکنش ۲۵ میکرولیتری به شرح زیر می باشد.

جدول شماره ۱: مواد و مقادیر مورد نیاز برای انجام واکنش ۲۵ میکرولیتری PCR

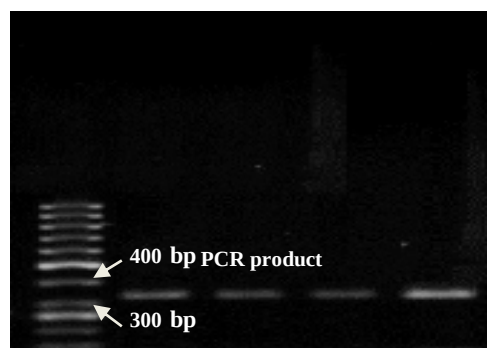
غلظت نهایی	حجم مورد استفاده	نام ماده
۱/۵mM	۱/۵μL	MgCl ₂
1X	۲/۵μL	PCR buffer
۰/۲ mM	۲μL	DNTPs
۰/۵ pm/μL	۱μL	Primer (Forward)

Primer (Reverse)		۱ μL	۰/۵ pm/μL
Taq	DNA	۰/۳ μL	۱/۵ Unit
Polymerase			
	DNA	۲ μL	۲۰۰ ng
dH2O		۱۴/۷ μL	-

الکتروفورز محصولات PCR بر روی ژل آگارز ۲ درصد، با ولتاژ ۹۲ ولت، به مدت نیم ساعت صورت گرفت. برای رنگ آمیزی ژل مربوطه، پس از حل کردن آگارز در بافر TAE از ماده ای به نام DNA Safe Stain استفاده می شود. پس از انجام الکتروفورز از دستگاه اشعه ماورای بنفش برای بررسی قطعه تکثیر شده استفاده می شود. به منظور انجام واکنش SSCP، رشته های DNA تکثیر شده، با استفاده از SSCP dye به نسبت ۴ به ۱۶ به مدت زمان ۱۰ دقیقه در دمای ۹۶ درجه تک رشته ای شدند که بلافاصله پس از این مرحله در داخل یخ قرار گرفتند. الکتروفورز محصولات تک رشته ای شده، بر روی ژل اکریل امید ۱۰ درصد، با ولتاژ ۳۰۰ به مدت ۲۴ ساعت جهت بررسی چند شکلی ها انجام، و رنگ آمیزی ژل با استفاده از نیترا نقره طی سه مرحله تثبیت، لکه گذاری و ظهور صورت گرفت.

نتیجه و بحث

تکثیر اختصاصی قطعه مورد نظر روی ژل آگارز در شکل ۳ مشاهده می شود.



شکل ۳- تکثیر اختصاصی قطعه ۳۲۶ bp ژن IGF-1 بر روی ژل آگارز
شکل ۴- الگوهای حاصل از الکتروفورز محصولات SSCP آگرون ۴

ژن IGF-۱ در بزهای مهابادی

نتایج حاصل از SSCP و رنگ آمیزی ژل اکریل امید بیانگر دو الگو باندی برای نژاد مهابادی بودند که در شکل ۴ آورده شده اند. تکنیک PCR-SSCP یک روشی برای نمایان سازی جهش های موجود در قطعه تکثیر شده با دقت بالا می باشد که برای تعیین ژنوتیپ های مختلف مورد استفاده قرار می گیرد. کل جمعیت مورد مطالعه ۱۴۰ رأس بز نژاد مهابادی بود که ۹۲ رأس (۶۵/۷٪) دارای الگوی ۱ و ۴۸ رأس (۳۴/۳٪) دارای الگوی ۲ می باشد. همانطور که وانگ کونگ و همکاران در سال ۲۰۱۱

چندشکلی را در این جایگاه در بزهای چینی گزارش کرده بودند نتایج حاصل از SSCP و الگوهای متفاوت، بیانگر چند شکلی در این جایگاه در بزهای نژاد مهابادی نیز می باشد که ارتباط این تنوع ژنتیکی با صفات تولیدی باید مورد بررسی قرار بگیرد.

منابع

1. Martin, M. B., and A. Stoica. 2002. Insulin-like growth factor-I and estrogen interactions in breast cancer. J Nutr 132: 3799S-3801S.
2. Sirotkin A V, Mertin D, Suvegova K, Makarevich A V, Mikulova E. 2003. Effect of GH and IGF-I treatment on reproduction, growth, and plasma hormone concentrations in domestic nutria (*Myocastor coypus*). General and Comparative Endocrinology, 131, 296-301.
3. Vector NTI Advance.™ 9.0, Users manual. 2003. Invitrogen life science software.
4. Waldron, D. F., Strategies for Genetic Improvement of Carcass Value in Lambs. Texas Agricultural Experiment Station, Texas A and M University System, San Angelo.
5. Williams, J.L. 2008. Genetic control of meat quality traits. Meat Biotechnology.
6. Wu-Jun, L., Guang-Xin, F., Yi, F., ke-Chuan, T., Xi-Xia, et al. 2010. The Polymorphism of a Mutati of IGF-1 Gene on Two Goat Breeds in China. Animal and Veterinary Advances, 9(4): 790-794.

Study Polymorphism of IGF-1 candidate Gene in mahabadi goat using PCR-SSCP
L. Gharedaghi¹, H. Moradi-Shahrehabak², M. Sadeghi², M. [Ganjkhanelou](#)²

1, 2- respectively, MSc Student, Assistant Professor, Department of Animal Science, University
College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran. Karaj.

Abstract

Insulin-like growth factor (IGF-1) is a polypeptide with similar molecular structure to insulin. IGF-I is produced primarily by the liver as an endocrine hormone, that plays an important role in physiological processes like growth, reproduction, lactation and immune system. Searching for effects of candidate gene polymorphism on growth traits and milk production is an important goal for goat industry. In this study, blood samples were taken from 140 Mahabadi goat that reared in the farm of department of animal science Tehran university (Karaj). DNA was extracted of whole blood with using phenol-chloroform method. specific primers used for amplification of 326 bp fragment in the IGF-1 gene exon 4. Single Strand Conformation Polymorphism (SSCP) was used for genotyping. After using the SSCP marker, the SSCP products were developed with Silver-nitrate (AgNO₃). The result PCR SSCP analysis of the exon 4 locus revealed two band patterns. The frequency of two patterns is 65.7% and 34.2% respectively. This study investigated polymorphism in insulin-like growth factor-1 (IGF-1) in Mahabadi goat. Therefore the result of PCR-SSCP in Mahabadi goats showed polymorphism different binding pattern in exon 4 of IGF-1 gene. This gene plays an important role in productive traits and milk production, hence it can be considered candidate gene in breeding programs for selection of the best animals.

Keywords: polymorphism- IGF-1 gene- Mahabadi goat-PCR-SSCP

مطالعه‌ای بر روش‌های مختلف تخمین وزن دنبه با استفاده از ابعاد دنبه و حجم آب در گوسفند لری

امیر حسین خلت آبادی فراهانی^۱، محمد مرادی شهر بابک^۲، حسین مرادی شهر بابک^۳، لیلا قره داغی^۴

۱، ۲، ۳ و ۴- به ترتیب استادیار گروه علوم دامی دانشگاه اراک، استاد، استادیار و دانشجوی ارشد، پردیس کشاورزی و

منابع طبیعی کرج، دانشگاه تهران

امیر حسین خلت آبادی فراهانی، hmoradis@ut.ac.ir

چکیده

تحقیق حاضر بر روی ۲۳۵ گوسفند لری واقع در مجتمع کشت و صنعت پرواربندی هرات و مروست در استان یزد به منظور تعیین مناسب ترین روش برآورد وزن دنبه در حیوانات زنده و مشخص نمودن رابطه اندازه دنبه با میزان ذخیره چربی حفره بطنی انجام شد. در این پرواربندی مواد اولیه جیره غذایی بره های پرواری یکسان بوده و دوره پرواربندی بره ها بر حسب رده سنی ۳/۵- ۳ ماه بود و بره ها در سنین مختلف کشتار می شدند که این مطالعه بر روی بره هایی که سن آن ها بین ۷ تا ۱۷ ماهه بودند صورت گرفت. نتایج حاصل نشان داد که در مدل تابعیت، صفات طول طرف راست ($p < 0/0005$)، عرض پایین ($p < 0/0005$) و عرض وسط ($p < 0/0005$) دنبه بر روی وزن دنبه معنی دار و صفات طول وسط، قطر بالا، پایین، وسط و عرض بالای دنبه معنی دار نبودند. اثر میانگین عرض ها ($p < 0/0001$) و طول ها ($p < 0/0001$) بر روی تغییرات وزن دنبه معنی دار ولی اثر میانگین قطر معنی دار نبود. در مدل تابعیت، حجم آب ($p < 0/01$) بر وزن دنبه معنی دار بود. ضریب همبستگی وزن دنبه با طول طرف راست، طول وسط، طول طرف چپ، عرض بالا، عرض وسط، عرض پایین، قطر بالا، قطر وسط، قطر پایین، میانگین طول ها، میانگین عرض ها، میانگین قطرهای دنبه و حجم آب به ترتیب ۰/۸۲۵، ۰/۲۳، ۰/۵۷۵، ۰/۴۱۵، ۰/۳۵، ۰/۶، ۰/۱۶۳، ۰/۳۵، ۰/۱۸، ۰/۵۴، ۰/۶۱، ۰/۲۷ و ۰/۷۷ است. این نتایج نشان می دهد که می توان با برآزش مدل ها با استفاده از ابعاد دنبه، تخمین دقیقی از وزن دنبه داشت و دام های برتر را بدون نیاز به کشتار انتخاب کرد.

واژه های کلیدی: گوسفند لری- اندازه ابعاد دنبه- وزن دنبه- چربی حفره بطنی- ضریب همبستگی

مقدمه

یکی از اهداف اصلی پرورش گوسفند، تولید بره جهت کشتار است که ارزش این بره ها به کمیت و توزیع چربی و ماهیچه در لاشه بستگی دارد (۴). در حال حاضر تولید و فروش گوشت بره به منظور برآورده کردن نیاز مصرف کنندگان برای چربی کمتر به علت ارتباط بین سطوح بالای چربی های اشباع شده حیوانی در رژیم غذایی و بیماری های قلبی عروقی به یکی از چالش های اساسی برای صنعت گوسفند داری تبدیل شده است (۳). گوسفند نژاد لری یکی از نژادهای درشت جثه بوده و هدف اصلی از پرورش آن تولید گوشت میباشد. ولی به لحاظ داشتن بیشترین دنبه نسبت به سایر نژادهای دنبه دار در کشور شایستگی آن در جهت تولید گوشت نیز تحت الشعاع قرار گرفته است (۱). زیرا شایستگی نسبی نژادهای مختلف گوسفند برای تولید گوشت به وسیله نسبت بالای تولید گوشت و نسبت پایین چربی و استخوان تعیین می شود (۲). پرورش دهندگان گوسفند به

لحاظ انگیزه های مالی، جهت افزایش گوشت و کاهش چربی ذخیره ای تا سطح قابل قبول مصرف کنندگان، در کوتاه مدت به راه هایی نظیر کشتار بره ها در وزن سبک تر، اخته نکردن بره های نر و دستکاری کمی و کیفی در جیره ی غذایی یا قطع دنبه مبادرت میکنند (۵). موفقیت در افزایش گوشت همراه با کاهش دنبه، مستلزم استفاده از ژنوتیپ هایی است که به طور ژنتیکی گوشت بیشتری تولید و دنبه (چربی) کمتری ذخیره می کنند (۴). هدف از اجرای این تحقیق تعیین مناسب ترین روش برآورد وزن دنبه برای گوسفند نژاد لری و مشخص نمودن رابطه اندازه دنبه با میزان چربی حفره بدنی می باشد.

مواد و روش ها :

تحقیق حاضر با استفاده از دام های موجود در مجتمع کشت و صنعت پرواربندی هرات و مروست واقع در استان یزد انجام شد. که در این پرواربندی بره ها به صورت دسته جمعی به حالت ۷۰۰ رأس در هر آغل تغذیه می شدند و جیره غذایی آن ها بر حسب مقدار مورد نیاز تنظیم می شد. و دوره پرواربندی بره ها برحسب رده سنی ۵/۳-۳ ماه بود و بره ها در سنین مختلف کشتار می شدند تحقیق ما بر روی بره هایی که سن آن ها بین ۷ تا ۱۷ ماهه بود انجام شد. برای انجام این آزمایش بره ها به صورت تصادفی انتخاب می شدند پارامترهای اندازه گیری شده به شرح زیر می باشد. ۱- اندازه گیری عرض دنبه در سه نقطه یعنی در بالاترین قسمت دنبه یا همان عرض بالایی به این صورت انتخاب می شد که با تکان دادن دنبه، محل بالاترین قسمت دنبه مشخص و عرض آن اندازه گیری می شد و سپس عرض قسمت میانی و بعد از آن عرض پایین دنبه اندازه گیری می شود. ۲- اندازه طول دنبه در سه قسمت طرف راست، طرف چپ و قسمت میانی دنبه. ۳- قطر دنبه در سه قسمت بالایی، وسط و پایین دنبه توسط کولیس اندازه گیری شد معمولاً سعی می شد همان شروع سه خطی که عرض دنبه اندازه گیری می شد، اندازه گیری قطر نیز انجام شود. ۴- چهارمین مرحله کار کاغذ های پوستی بر روی یک لایه کارتن ثابت می شد در زیر دنبه قرار داده می شد و سپس دور دنبه با خطی که توسط ماژیک کشیده می شد تا سطح زیرین دنبه بر روی کاغذ پوستی تصویر شود. ۵- اندازه گیری حجم واقعی دنبه از طریق فرو بردن آن در ظرف مخصوص و مدرج پر از آب که این ظرف دارای ابعادی ۱/۲۰ متر ارتفاع، ۰/۶ متر طول و ۰/۲ متر عرض بود که برای این کار طراحی شده بود. ۶- آخرین مرحله بر روی دام زنده انجام می شد تعیین سن و اندازه گیری وزن زنده دام بود، پس از این عملیات بره ها در کشتارگاه خصوصی مجتمع گوشت یزد کشتار می شدند و پس از کشتار یکسری از پارامترها به ترتیب زیر اندازه گیری شد: ۱- بعد از کشتار دام و پوست کنی و در مرحله خالی کردن امعاء و احشاء از حفره بطنی چربی حفره بطنی جدا و وزن می شد. ۲- دنبه از لاشه جدا و وزن می شد. ۳- لاشه بدون دنبه نیز وزن می شد.

نتایج و بحث:

ارتباط بین وزن دنبه با ابعاد مختلف آن با استفاده از آنالیز تابعیت به روش عقب گرد (back ward) محاسبه شد که نتایج حاکی از آن است که ارتباط معنی دار بالایی بین وزن دنبه با ابعاد مختلف دنبه ($p < 0.01$) وجود دارد. متغیرهای موجود در این مدل شامل صفات عرض از مبدا، اندازه طول طرف چپ دنبه، اندازه طول طرف راست دنبه، اندازه عرض پایین دنبه، و اندازه

عرض وسط دنبه بود که آنالیز واریانس این عوامل نشان داد اندازه طول طرف راست و چپ دنبه و همچنین اندازه عرض پایین و وسط دنبه با وزن دنبه ارتباط معنی داری دارد ($p < 0.01$). که در این مدل بیشترین ارتباط وزن دنبه با طول طرف راست دنبه بود. ارتباط وزن دنبه با میانگین طول ها و عرض ها ی دنبه با استفاده از آنالیز تابعیت به روش عقب گرد (backward) نشان داد که وزن دنبه با میانگین طول ها و عرض های دنبه دارای ارتباط معنی دار بالایی می باشد ($p < 0.01$).

آنالیز تابعیت ارتباط بین حجم آب و میانگین طول ها و قطر ها نشان داد که ارتباط معنی داری بین حجم آب و میانگین طول ها و قطر ها وجود دارد. و میانگین قطر ها نسبت به میانگین طول ها دارای ارتباط بیشتری با حجم آب می باشد.

متغیر های موجود در مدل تابعیت ارتباط حجم آب با ابعاد دنبه شامل عرض از مبدا، قطر بالای دنبه، قطر وسط دنبه، طول طرف راست، عرض پایین و عرض وسط دنبه بود که آنالیز واریانس این صفات نشان داد که همه اجزای موجود در این مدل معنی دار می باشد و بیشترین ارتباط مربوط به قطر وسط دنبه با حجم آب بود. بررسی تابعیت ارتباط حجم آب و وزن دنبه نشان داد که ارتباط معنی داری بین حجم آب و وزن دنبه وجود دارد. برای پیدا کردن ارتباط وزن دنبه با ابعاد دنبه و دور حفره بطنی عوامل بکار برده شده در آنالیز تابعیت شامل طول طرف راست دنبه، عرض وسط دنبه، عرض پایین دنبه و دور حفره بطنی بود که آنالیز واریانس این متغیر ها نشان داد که وزن دنبه دارای ارتباط معنی داری با این عوامل می باشد.

تجزیه همبستگی بین وزن دنبه و ابعاد دنبه با استفاده از برنامه آماری SAS و با رویه Corr انجام شد که بیشترین میزان همبستگی بین وزن دنبه و اندازه طول طرف راست به میزان 0/۸۲۵۰ بود. همبستگی بین وزن دنبه با اندازه طول طرف چپ دنبه، اندازه عرض پایین دنبه و اندازه عرض وسط دنبه به ترتیب 0/575، 0/60 و 0/35 می باشد. همبستگی بین وزن دنبه، ابعاد ظاهری دنبه، حجم آب و دور حفره بطنی به طور خلاصه در جدول ۱ آورده شده است. که نشان می دهد ضریب همبستگی بین حجم آب با طول طرف راست دنبه و عرض پایین دنبه یکسان و به میزان 0/60 برآورد شده است و میزان همبستگی حجم آب با قطر بالای دنبه و وسط دنبه به ترتیب 0/13 و 0/38 می باشد.

جدول ۱ - جدول ضریب همبستگی بین وزن دنبه، ابعاد ظاهری دنبه، حجم آب و دور حفره بطنی در گوسفند لری

صفت	اندازه طول	اندازه	اندازه عرض	اندازه	میانگین	میانگین	قطر	قطر	وزن دنبه	دور حفره بطنی
	طرف راست	طول	پایین دنبه	عرض	طول ها	قطرها	بالای	وسط		
	دنبه	طرف		وسط دنبه			دنبه	دنبه		
		چپ دنبه								
وزن دنبه	0/825	0/۵۷۵	0/۶	0/۳۵	0/۵۴	0/۲۷				0/۲۱
حجم	0/۶۸		0/۶۸	0/۶۶	0/۵۷	0/۶۹	0/13	0/۳۸	0/۷۷	

نتایج آنالیز تابعیت و همبستگی وزن دنبه با ابعاد دنبه و حجم آب، نشان داد که می توان در این نژاد با استفاده از تابعیت وزن دنبه از ابعاد دنبه و حجم آب، وزن دنبه را تخمین زد و از این مدل های تابعیت جهت انتخاب دام های برتر یعنی با وزن دنبه کمتر قبل از کشتار سود جست.

منابع:

• کیانزاد، م.ر. ۱۳۷۷؛ بررسی امکان کاربرد تکنیک اولترا سوند و اندازه های بدن به منظور برآورد ترکیبات فیزیکی و شیمیایی لاشه گوسفندان زنده ایرانی در گله های اصلاحی، گزارش نهائی طرح تحقیقاتی، موسسه تحقیقات علوم دامی کشور. ۱۱۲ ص.

- farid, A. .1991; Carcass physical and chemical composition of three fat-tailed breed of sheep. Meat Sci. 29: 109 – 120.
- Kempster, A.J., G.L. Cook, and M. Grantley – Smith, .1986; National estimates of the body composition of British cattle, sheep and Pigs with special reference to trends in fatness. A review. Meat Sci. 17, 107 – 138.
- Lamb, N.R., M.J. Young, K.A. M.J. Young, K.A. Mclean, J. Conington, and G. Smim. 2003; Prediction of total tissue weights in Scottish Blackface ewes using computed tomography Scanning. Anim. Sci. 76: 191-197.
- Nsoso, S.J., M.J. Young and P.R. Beatson. .1999; The genetic control and manipulation of lean tissue growth and body composition in sheep. Anim. Breed. Abst. 67: 6, 433 – 444.

Study of prediction methods of fat-tailed weight with using fat-tailed dimensions and water volume in Lori sheep

A.H. khalatabadi Farahani¹, M. Moradi-Shahrehabak², H. Moradi-Shahrehabak³.

L. Gharedaghi⁴

1, 2, 3 and 4 respectively, Assistant Professor, Professor , Assistant Professor and MSc Student,

Department of Animal Science, University College of Agriculture and Natural Resources,

University of Tehran. Karaj.

Abstract

This study has been done on 235 Lori sheep that are located in Harat and Marvast farming and fattening industry in Yazd province, the purpose is determination of the most appropriate method for estimating fat-tailed weight in livestock and also recognition the relationship between fat-tailed size and the fat that is saved in abdominal part. In these fattening, identical ingredients is used for all fattening lambs. The period of fattening lambs in based of aged groups was between 3 to 3/5 month. The lambs were slaughtered in different ages. This study has been done on lambs that were between 7 to 17 month old. The results showed in Regression model, the traits including fat-tailed right length ($P < 0.0005$), lower width ($P < 0.0005$), and middle width of fat-tailed ($P < 0.0005$) had a significant effect on fat-tailed weight. The size of middle length, top diameter, low, middle and the top width of fat-tailed on fat-tailed weight had not significant effect. The effect of widths and lengths average ($P < 0.0001$) on the variation of fat-tailed weight was significant. But the effect of diameters average was not significant. In Regression model, water volume ($P < 0.01$) on fat-tailed weight had a significant effect. The fat-tail weight correlation coefficient with the right length size, middle length, left length, upper width, middle width, downer width, up diameter, middle diameter, lower diameter, lengths average, widths average, fat-tail diameters average and water volume are respectively 0.825, 0.23, 0.575, 0.415, 0.35, 0.6, 0.163, 0.35, 0.18, 0.54, 0.61, 0.27, 0.77. This results is showed that it can be accurate estimated from fat-tailed weight with fitting models with using fat-tailed dimension. Hence it is possible selection the best animals for next generation without slaughtering.

Key word: Lori sheep- the size of fat-tailed dimensions- fat-tailed weight- Abdominals fat- correlation coefficient.

برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفت چندقلوزایی در گوسفند نژاد مهربانی با مدل آستانه‌ای

میثم لطیفی^{۱*}، صادق علیجانی^۲، غلامعلی مقدم^۳، مهدی بهلولی^۱، علی محمدی^۱، امین یوسفی^۱

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه تبریز

۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

*نویسنده مسئول: میثم لطیفی، ml_ganjnameh@yahoo.com

چکیده

هدف از این تحقیق برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفت چندقلوزایی در گوسفند نژاد مهربانی با استفاده از ۵۰۶۹ رکورد چندقلوزایی بود که توسط جهاد کشاورزی استان همدان از سال ۱۳۷۳ الی ۱۳۸۹ جمع‌آوری شده بود. اطلاعات استفاده شده برای شجره از سال ۱۳۶۶ تا ۱۳۸۹ را شامل می‌شد. برای تعداد بره‌ی متولد شده به ازای هر زایش از رکوردهای تکرار شده و مدل آستانه‌ای استفاده شد. اثرات ثابت شامل گله، سال و شکم زایش مادر بود. معنی‌دار بودن اثرات ثابت با رویه‌ی Logistic نرم-افزار SAS انجام شد. پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش بیزی و نرم‌افزار Thrgibbs1f90 برآورد شد. مقادیر وراثت پذیری مستقیم، وراثت‌پذیری مادری و تکرارپذیری در این تحقیق به ترتیب 0.02 ± 0.04 ، 0.04 ± 0.12 و 0.66 ± 0.07 برآورد شد. برآورد کم وراثت‌پذیری مستقیم و مادری و تکرارپذیری بدست آمده برای صفت چندقلوزایی در این تحقیق نشان داد که پیشرفت ژنتیکی کمی بر اساس انتخاب امکان پذیر است.

کلمات کلیدی: پارامترهای ژنتیکی، مدل آستانه‌ای، روش بیزی، گوسفند نژاد مهربانی

مقدمه

در حال حاضر بیش از ۴۲٪ گوشت قرمز تولیدی که نزدیک به ۲۹۳ هزار تن در سال است به وسیله بیش از ۵۰ میلیون گوسفند در ۲۷ نژاد سازگار با شرایط اقلیمی، اقتصادی و اجتماعی مناطق مختلف تولید می‌شود (۳). صفات تولید مثلی از مهمترین صفات موثر بر سودآوری در پرورش گوسفند می‌باشند، و ماهیت آستانه‌ای دارند. بازده تولید مثلی یکی از عوامل اساسی در میزان تولید محصول همه حیوانات اهلی می‌باشد و از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. دو روش عمده برای بهبود بازده تولید مثلی شامل بهبود شرایط محیطی و بهبود وضعیت ژنتیکی دام می‌باشد (۱). تعداد بره‌ی متولد شده در هر زایش تحت تاثیر عوامل مختلفی مانند نرخ تخم‌کریزی، نرخ لقاح، زنده‌ماندنی جنین و تحت تاثیر عوامل ژنتیکی (۹) و عوامل غیر ژنتیکی می‌باشد بنابراین با شناسایی این عوامل و کنترل آنها می‌توان توان تولید و تولیدمثلی حیوان را افزایش داد (۲). صفات تولید مثلی مانند باروری، فراوانی بره‌زایی و چند قلوزایی عموماً دارای وراثت‌پذیری پایینی هستند و این وراثت‌پذیری پایین بیان‌کننده‌ی این است که این صفات تحت تاثیر عوامل محیطی هستند (۸). هدف از این تحقیق برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفت چند قلوزایی در گوسفند نژاد مهربانی با مدل آستانه‌ای به روش بیزی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

اطلاعات این تحقیق شامل ۵۰۶۹ رکورد چندقلوزایی گوسفند نژاد مهربانی بود، که توسط جهاد کشاورزی استان همدان از سال ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۹ جمع‌آوری شده بود. اطلاعات استفاده شده برای شجره از سال ۱۳۶۶ تا ۱۳۸۹ را شامل می‌شد. تعداد بره‌های متولد

شده در هر نوبت زایش میش (۴ و ۳، ۲، ۱ قلو) بودند. با توجه به اینکه صفت چندقلوزایی صفتی آستانه‌ای می‌باشد یک مدل آستانه‌ای در نظر گرفته شد و مقادیر حساسیت (U_i) با سه آستانه‌ی نامعلوم (t_1, t_2, t_3) به صورت زیر طبقه بندی شد:

$$Y = \begin{cases} 1 & \text{اگر } -\infty < U_i \leq t_1 \\ 2 & \text{اگر } t_1 < U_i \leq t_2 \\ 3 & \text{اگر } t_2 < U_i \leq t_3 \\ 4 & \text{اگر } t_3 < U_i \leq +\infty \end{cases}$$

به منظور برآورد مولفه‌های (کو)واریانس ژنتیکی و محیطی و تخمین پارامترهای ژنتیکی از روش بیزی با استفاده از مدل تکرارپذیری و با استفاده از نرم‌افزار Thrgibbs1f90 یک زنجیره‌ی نمونه‌برداری گیبس با ۵۰۰۰۰۰ دوره تشکیل شد که ۵۰۰۰۰ دوره‌ی اول دوره‌ی سوخته، و فاصله‌ی نمونه‌برداری ۱۰۰ در نظر گرفته شد. مدل‌های حیوانی ذیل برای برآورد اجزای واریانس استفاده شد:

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

$$Y = Xb + Z_1a + Z_2c + e \quad (2)$$

$$Y = Xb + Z_1a + Z_3m + e \quad \text{با } \text{Cov}(a, m) = 0 \quad (3)$$

$$Y = Xb + Z_1a + Z_3m + e \quad \text{با } \text{Cov}(a, m) = A\sigma_{am} \quad (4)$$

Y بردار مشاهدات، b بردار اثرات ثابت (گله، سال و نوبت زایش)، a و m به ترتیب بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، c بردار اثر عوامل تصادفی محیط دائمی میش، e بردار اثر عوامل تصادفی باقیمانده و Z_1, Z_2, Z_3 ماتریس‌های ضرایب متناظر با اثرات هستند.

نتایج

آمار توصیفی صفت چندقلوزایی گوسفند نژاد مهربانی در جدول (۱) آمده است. میانگین چندقلوزایی در گوسفند نژاد مهربانی ۱/۱۳ به ازای هر میش می‌باشد. این میانگین در نژاد مغانی ۱/۳۸ و نژاد بلوچی در نوبت زایش‌های مختلف ۱/۲۱-۱/۰۷ گزارش شده است (۶ و ۱۰). مقدار ضریب تغییرات چندقلوزایی در نژاد مغانی ۳۶٪ و در نژاد بلوچی در نوبت زایش‌های مختلف در دامنه‌ی ۳۳/۳-۲۴/۸۸٪ گزارش شد است که در این تحقیق ۳۱٪ برآورد شد (۶ و ۱۰). معنی‌دار بودن اثرات ثابت با رویه‌ی Logistic نرم افزار SAS انجام شد. اثرات ثابت شامل گله، سال و نوبت زایش بودند. معنی‌دار بودن اثرات گله و سال می‌تواند به علت متفاوت بودن مدیریت در گله‌ها و تغییرات ناشی از مقدار بارندگی، رطوبت، دمای محیط، کمیت و کیفیت علوفه در سال-های مختلف باشد. همچنین معنی‌دار بودن اثر نوبت زایش می‌تواند به دلیل افزایش سن مادر و افزایش فضای رحم مادر، در زایمان‌های مختلف باشد.

جدول ۱- آمار توصیفی صفت چندقلوزایی گوسفند نژاد مهربانی

صفت	تعداد رکورد	میانگین	انحراف معیار	ضریب تغییرات (%)
چندقلوزایی	۵۰۶۹	۱/۱۳	۰/۳۵۸	۳۱

برآورد واریانس و اجزای واریانس صفت چندقلوزایی گوسفند مهربانی با مدل‌های مختلف، در جدول (۲) گزارش شده است. بهترین مدل با معیار انحراف اطلاعات^{۱۶} (DIC) برای صفت چندقلوزایی به صورت پرنک نشان داده شده است (مدل ۴).

جدول ۲- برآورد واریانس و اجزای واریانس صفت چندقلوزایی در گوسفند نژاد مهربانی

مدل	σ_a^2	σ_m^2	σ_e^2	σ_p^2	h_a^2	h_m^2	σ_{pe}^2	σ_{am}	c^2	r	DIC
۱	۰/۰۰۶	-	۰/۱۱۳	۰/۱۱۹	۰/۰۴۸±۰/۰۲	-	-	-	-	-	۳۶۰۳/۸۰
۲	۰/۰۰۵	-	۰/۱۱۱	۰/۱۱۹	۰/۰۳۹±۰/۰۲	-	۰/۰۰۳	-	۰/۰۳±۰/۰۲	۰/۰۶۶	۳۵۹۷/۵۵
۳	۰/۰۰۵	۰/۰۱۱	۰/۱۱۲	۰/۱۲۸	۰/۰۴±۰/۰۲	۰/۰۸۶±۰/۰۳	-	-	-	-	۳۵۹۸/۳۲
۴	۰/۰۰۶	۰/۰۱۶	۰/۰۱۱	۰/۱۳۴	۰/۰۴۴±۰/۰۲	۰/۱۲۳±۰/۰۴	-	-۰/۰۰۸	-	-	۳۵۹۳/۲۸

σ_a^2 = واریانس افزایشی، σ_m^2 = واریانس ژنتیکی مادری، σ_e^2 = واریانس باقی‌مانده، σ_p^2 = واریانس فنوتیپی، σ_{pe}^2 = واریانس محیط پایدار

مادری، σ_{am} = کواریانس ژنتیکی مستقیم و مادری، h_a^2 = وراثت‌پذیری مستقیم، h_m^2 = وراثت‌پذیری مستقیم مادری، c^2 = اثر محیط پایدار

مادری و X: تکرار‌پذیری

مقدار وراثت‌پذیری مستقیم در این تحقیق ۰/۰۴۴ برآورد شد. مقادیر وراثت‌پذیری مستقیم صفت چندقلوزایی در گوسفند مرینو ترکی ۰/۰۵۳۳، مغانی ۰/۱ و در گوسفند راسا آراگوسا ۰/۰۷۷ گزارش شده است (۵، ۶ و ۷). محققین دیگر وراثت‌پذیری مستقیم صفت چندقلوزایی را در نژادهای مختلف در محدوده ۰/۰۶-۰/۰۴ گزارش کردند (۷). مقدار وراثت‌پذیری مادری در این تحقیق ۰/۱۲۳ برآورد شد که از مقادیر گزارش شده در گوسفند مغانی (۰/۱۷) کمتر است (۶). مقدار تکرار‌پذیری با مدل ۲ در این تحقیق ۰/۰۶۶ برآورد شد. مقادیر تکرار‌پذیری در گوسفند نژاد مرینو ترکی ۰/۰۷۸، در گوسفند مغانی ۰/۰۴۸ و در گوسفند راسا آراگوسا ۰/۱۴۱ گزارش شده است (۵، ۶ و ۷). برآوردهای کم توارث‌پذیری و تکرار‌پذیری بدست آمده از صفت چندقلوزایی گوسفند نژاد مهربانی در این تحقیق نشان داد که انتخاب بر اساس عملکرد میش می‌تواند سبب پیشرفت ژنتیکی کمتری در این نژاد شود.

منابع

۱. پژمان، ل.، زمانی، پ و صالحیان، ح. ۱۳۸۹. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدمثلی در گوسفند نژاد مهربان با استفاده از تجزیه دومتغیره. چهارمین کنگره علوم دامی کشور، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران.
۲. ساور سفلی، س.، نجاتی جوارمی، ا.، عباسی، م.ع. واعظ ترشیزی، ر و چمنی، م. ۱۳۸۹. برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولیدمثلی در گوسفند مغانی. چهارمین کنگره علوم دامی کشور، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران.
۳. وطن‌خواه، م.، مرادی شهربابک، م.، نجاتی جوارمی، آ.، میرایی آشتیانی، س.ر و واعظ ترشیزی، ر. ۱۳۸۳. مروری بر اصلاح نژاد گوسفند ایران. اولین کنگره علوم دامی و آبزیان. ۲: ۵۹۷-۵۹۱.

4. Altariba, J., L.Varona, L.A. Garcia-Cortes and C. Moreno. 1998. Bayesian inference of variance components for litter size in Rasa Aragonesa Sheep. J. Anim. Sci. 76: 23-28.

¹ Deviance information criterion

5. Eküz, B., M. Zcan and A. Yilmaz. 2005. Estimates of phenotypic and genetic parameters for ewe productivity traits of Turkish Merino (Karacabey Merino) Sheep. Turk. J. Vet. Anim. Sci. Pp: 557-564.
6. Ghavi Hossein-Zadeh, N and M. Ardalan. 2010. Estimation of genetic parameters for body weight traits and litter size of moghani sheep, using a Bayesian approach via Gibbs sampling. J. Agricultural. Sci. 148: 363-370.
7. Maxa, J., E. Norberg, P. Berg and J. Pedersen. 2007. Genetic parameters for growth traits and litter size in Danish Texel, Shropshire, Oxford Down and Suffolk. Small Rumin. Res. 68: 312-317.
8. Rosati, A., E. Mousa, , L. D. Van Vleck and L. D. Young. 2002. Genetic parameters of reproductive traits in sheep. Small Rumin. Res. 43: 65-74.
9. Shoenionand. S.G and P.J. Burfening. 1990. Ovulation rate, lambing rate, litter size and embryo survival of Rambouillet sheep selected for high and low reproductive rate. J. Anim. Sci. 68: 2263-2270.
10. Yazdi, M. H., K. Johansson, P. Gates, A. Nasholm, H. Jorjani and L. E. Lilledhl. 1999. Bayesian analysis of birth weight and litter size in Baluchi sheep using Gibbs sampling. J. Anim. Sci. 77: 533-540.

Estimation of Genetic Parameters of Litter size trait in Mehrabani Sheep by threshold model

Latifi, M¹., S. Alijani²., Gh. Moghaddam²., M. Bohluli¹., A. Mohammadi¹ and A. Usefi¹

1- MSc Student of Aimal Breeding and Genetics, University of Tabriz

2- Member of scientific board, department of Animal Science, University of Tabriz

* Corresponding E-mail address: ml_ganjnameh@yahoo.com

Abstract

The present research was carried out to estimate genetic and phenotypic parameters for litter size in Mehraban sheep using a threshold model. Data file included the litter size of 5069 ewes which collected from 1994 to 2010 at Mehraban Sheep Breeding center under supervision of Agriculture-Jahad Organization of Hamedan. The pedigree file consist the information of animals from 1987 to 2010 year of birth. For number of lambs per ewe lambing, repeated records and threshold model were used. The effects of herd, year, and lambing time were fitted in the model as fixed effects. The significant of fixed effects were carried out using Logistic procedure of SAS software. The analysis was carried out for trait, using the Thrgibbs1f90 program. Estimates of direct heritability, maternal heritability and repeatability were 0.44 ± 0.02 , 0.123 ± 0.02 and 0.066 respectively. The low estimates of direct heritability, maternal heritability and repeatability obtained in the current study for litter size trait indicate that may hinder their rapid improvement through selection.

Key words: Genetic parameters- threshold model- bayesian method- mehrabani sheep.

مقایسه‌ی توابع چندجمله‌ای در مدل‌های رگرسیون تصادفی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روزآزمون تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران

علی محمدی^{۱*}، صادق علیجانی^۲، عباس رأفت^۲، مهدی بهلولی^۱، میثم لطیفی^۱

۱- دانشجوی کارشناس ارشد اصلاح و ژنتیک دام دانشگاه تبریز

۲- اعضای هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

* نویسنده مسئول: علی محمدی، دانشگاه تبریز آدرس ایمیل: alimohamadi36@gmail.com

چکیده

در این تحقیق از ۷۰۱۲۱۲ رکورد روز-آزمون تولید شیر دوره شیردهی اول ۱۹۹۹۰۳ رأس گاو شیری هلشتاین رکوردگیری شده از سال ۱۳۸۵ تا ۱۳۸۹ توسط مرکز اصلاح نژاد کرج استفاده شد. مدل رگرسیون تصادفی با توابع چندجمله‌ای لژاندر، ویلمینک و علی-شیفر جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی تولید شیر مقایسه شد. پارامترهای ژنتیکی مقدار شیر تولیدی با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML)، در مدل حیوانی برآورد شد. واریانس باقیمانده در کل دوره شیردهی همگن در نظر گرفته شد. برای مقایسه مدل‌ها از واریانس باقیمانده (RV)، معیار اطلاعات آکایک (AIC)، 2Logl و معیار اطلاعات بیزی (BIC) استفاده گردید. دامنه وراثت‌پذیری با توابع چندجمله‌ای لژاندر و ویلمینک بین ۰/۰۹ تا ۰/۱۹ و با تابع علی-شیفر بین ۰/۰۸ تا ۰/۲۳ برآورد شد. واریانس محیط دائمی در اوایل و اواخر دوره شیردهی بالاتر از اواسط دوره شیردهی بود. مدل رگرسیون تصادفی با تابع علی-شیفر بر اساس معیارهای مورد ارزیابی پایین‌ترین صحت و تابع ویلمینک بالاترین صحت را برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت مقدار شیر نشان داد.

کلمات کلیدی: مدل رگرسیون تصادفی- وراثت‌پذیری- توابع چندجمله‌ای - معیار مقایسه

مقدمه

تولید شیر یکی از صفات مهم اقتصادی در صنعت پرورش گاو شیری می‌باشد که به صورت ماهانه رکوردبرداری می‌گردد. از مهمترین‌ترین برنامه‌های اصلاح نژادی برآورد صحیح پارامترهای ژنتیکی این صفت توسط مدل‌های مختلف است. شفر و دکرز (۱۹۹۴) مدل رگرسیون تصادفی (RRM) را برای آنالیز رکوردهای روزآزمون در گاو شیری پیشنهاد کردند (۷). این مدل برای افزایش صحت تخمین ارزش ارثی، اخیراً در ارزیابی‌های ژنتیکی گاوهای شیری در بیشتر کشورها مورد استفاده قرار می‌گیرد (۶). در مدل رگرسیون تصادفی اثر ژنتیکی افزایشی حیوان با تعدادی ضریب رگرسیون تصادفی جایگزین می‌شود، در این مدل منحنی شیردهی هر حیوان از طریق برازش ضرایب رگرسیون تصادفی برای هر حیوان در مدل منظور می‌گردد (۴). با توجه به اینکه انتخاب تابع ریاضی مناسب برای توصیف اثرات ثابت و تصادفی عنصر کلیدی در مدل‌های رگرسیون تصادفی است، بنابراین با انتخاب مناسب این توابع برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی از جمله تولید شیر، می‌توانیم ارزیابی دقیق‌تری داشته باشیم. انتخاب تابع مناسب تحت تاثیر تعداد پارامترهای مورد ارزیابی از جمله مولفه‌های کو(واریانس) است (۲). کو(واریانس) بین رکوردها برای اثرات ژنتیک افزایشی و محیط دائمی می‌تواند با استفاده از توابع مختلف، از جمله چندجمله‌ای‌های لژاندر، ویلمینک و علی-شیفر توصیف شود (۵). هدف از این تحقیق مقایسه‌ی سه تابع چند جمله‌ای لژاندر، ویلمینک و علی-شیفر،

بوسیله معیارهای RV، AIC، $-2\log L$ و BIC، برای برآورد پارامترهای ژنتیکی تولید شیر گاوهای شیری هلشتاین ایران می-باشد و در نهایت دست‌یابی به اینکه کدام توابع دقت بالایی در برآورد صفت مورد بررسی خواهد داشت.

مواد و روش‌ها

رکوردهای روز-آزمون تولید شیر گاوهای شیری که از مرکز اصلاح نژاد کرج تهیه گردید، برای شکم اول در دامنه‌ی ۲۱ تا ۶۶ ماهگی از سال ۱۳۸۵ تا ۱۳۸۹، بعد از انتخاب رکوردهای موجود در بازه ۵ تا ۳۰۵ روز از دوره شیردهی (DIM)، تولید شیر در دامنه ۱/۵ تا ۷۰ کیلوگرم و گاوهای شیری دارای بیش از ۵ رکورد روز-آزمون، گله-سال‌های دارای بیش از ۴ گاو شیرده، و نیز با انتخاب گاوهای ماده‌ای که پدرشان بیش از ۵ نتاج داشت، تعداد رکوردها به ۷۰۱۲۱۲ مورد رسید. گاوها براساس سن در زمان زایش به ۶ گروه به ترتیب، زیر ۲۶ ماه، ۲۶ تا ۲۸ ماه، ۲۸ تا ۳۰ ماه، ۳۰ تا ۳۲ ماه، ۳۲ تا ۳۳ ماه و بزرگتر از ۳۳ ماه قرار گرفتند. آزمون معنی‌داری اثرات ثابت در نرم‌افزار SAS با استفاده از رویه GLM، مورد بررسی قرار گرفت. مدل حیوانی روز-آزمون رگرسیون تصادفی مورد استفاده:

$$y_{tijklm} = HTD_i + YC_j + MT_k + \sum_{n=1}^p AS_{mnl} x_n + \sum_{n=0}^r a_{mn} x_n + \sum_{n=0}^r pe_{mn} x_n + e_{tijklm}$$

که در این مدل، y_{tijklm} ، آمین رکورد روزآزمون در زیر گروه‌های گله-سال-ماه رکورد روزآزمون (HTD) i ، در سال گوساله زایی (YC) j ، و دفعات دوشش (M) k (۲، ۳)، مربوط به حیوان m ؛ AS_{mn} ، آمین ضریب رگرسیون ثابت برای سن-فصل زایش (۱ تا ۶، l ، برای هر کلاس سن-فصل زایش منحنی شیردهی ثابتی در نظر گرفته شده است) حیوان m ؛ a_{mn} و pe_{mn} به ترتیب n آمین ضریب رگرسیون تصادفی اثر ژنتیک افزایشی و اثر محیط دائمی حیوان m ؛ p درجه برازش رگرسیون ثابت (۳ تا ۵، p)، r ، تعداد درجات توابع مختلف (۳ تا ۵، r)، چندجمله‌ای‌های لژاندر، ویلمینک و علی-شیفر n ، برای روز t مرتبط با حیوان m می‌باشد. اثرات تصادفی باقیمانده است. برای محاسبه روز شیردهی استاندارد (d_t^*)، از رابطه زیر استفاده شد:

$$d_t^* = -1 + 2(d_t - d_{min}) / (d_{max} - d_{min})$$

که d_{min} و d_{max} حداقل و حداکثر روزهای شیردهی و d_t ، آمین روز شیردهی می‌باشند. برای آمین روز استاندارد شده شیردهی (d_t^*)، n آمین چندجمله‌ای لژاندر $\Phi(d_t^*)_i$ به این صورت تعریف شد:

$$\Phi(d_t^*)_i = \frac{1}{2^i} \sqrt{\frac{2i+1}{2}} \sum_{m=0}^{i/2} (-1)^m \binom{i}{m} \binom{2i-2m}{i} (d_t^*)^{i-2m}$$

که، i ، درجه چندجمله‌ای لژاندر است. در تابع ویلمینک؛ $x_{tn1} = 1$ ، $x_{tn2} = DIM_t$ ، $x_{tn3} = \exp^{(-0.05DIM_t)}$ ، که DIM_t ، آمین روز شیردهی مد نظر می‌باشد؛ در تابع علی-شیفر؛ $x_{tn1} = 1$ ، $x_{tn2} = (t_n/305)$ ، $x_{tn3} = (x_{tn2})^2$ ، $x_{tn4} = \ln(1/305)$ ، $x_{tn5} = (x_{tn4})$ ، x_{tn} ، آمین روز شیردهی می‌باشند. با استفاده از آزمون نسبت درستنمایی بهترین تابع مشخص شد. برای محاسبه وراثت‌پذیری روز مد نظر از رابطه زیر استفاده شد:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2}$$

که $\sigma_a^2 = qGq'$ ، $\sigma_{pe}^2 = qPq'$ و σ_e^2 ، که σ_a^2 ، σ_{pe}^2 و σ_e^2 به ترتیب واریانس ژنتیک افزایشی، واریانس محیط دائمی مربوط به حیوان و واریانس باقیمانده می‌باشند. G و P به ترتیب ماتریس (کو)واریانس به دست آمده برای ضرایب رگرسیون تصادفی اثرات

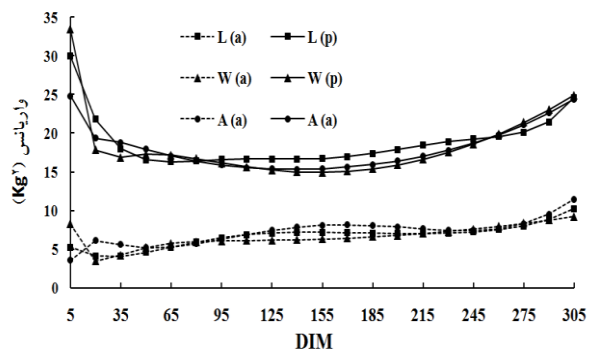
ژنتیک افزایشی و محیط دائمی حیوانات بوده و q نیز بردار چندجمله‌ای‌های روز مد نظر می‌باشد. برای آماده‌سازی داده‌ها از نرم‌افزارهای ویژوال فاکس‌پرو و SAS استفاده گردید. پارامترهای ژنتیکی با روش حداکثر درستنمایی محدودشده (REML) و با استفاده از نرم‌افزار REMLF90 (میشل و همکاران) برآورد شدند.

نتایج

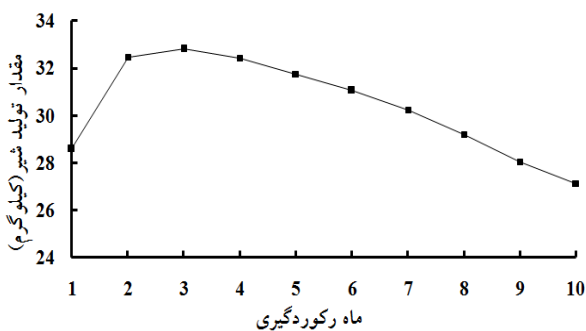
اطلاعات آماری و تعداد حیوانات موجود در داده، در جدول ۱، نشان داده شده است. میانگین تولید شیر در ماه‌های مختلف شیردهی در شکل ۱، نشان داده شده است. واریانس باقیمانده در کل دوره شیردهی همگن در نظر گرفته شد. وراثت‌پذیری مقدار شیر بوسیله توابع مختلف مدل رگرسیون تصادفی در تابعی از روزهای شیردهی در شکل ۲، نشان داده شده است. وراثت‌پذیری مقدار شیر در اوایل دوره شیردهی برای هر سه تابع مذکور پایین و در اواسط دوره شیردهی بالا برآورد شد (۳). دلیل پایین بودن میزان وراثت‌پذیری در اوایل دوره شیردهی می‌تواند به دلیل بالا بودن واریانس محیط دائمی و پایین بودن میزان واریانس ژنتیک افزایشی در این مرحله از دوره شیردهی باشد (۱). واریانس‌های ژنتیک افزایشی و محیط دائمی در شکل ۳، نشان داده شده است. واریانس محیط دائمی در اوایل دوره شیردهی بالاتر از واریانس ژنتیک افزایشی برآورد شد.

جدول ۱- اطلاعات آماری و تعداد حیوانات موجود در فایل داده

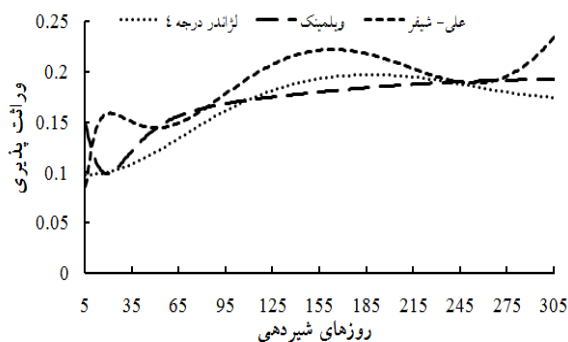
داده	تعداد
تعداد رکوردهای روز-آزمون	۷۰۱۲۱۲
تعداد کل حیوانات رکورد دار	۸۳۴۰۷
تعداد کل حیوانات	۱۹۹۹۰۳
تعداد ماده‌ها	۱۲۵۶۵۲
سن در زمان زایش (ماه)	۲۱-۴۶
تعداد گله-سال-ماه رکوردگیری	۱۶۸۸۰
تعداد گله-سال زایش	۱۵۱۹
حداقل تعداد نتاج به ازای هر گاو نر	۵



شکل 3- واریانس‌های ژنتیک افزایشی (a) و محیط دائمی (p) برای صفت مقدار شیر با استفاده از تابع چندجمله‌ای لژاندر (L)، ویلمینک (W) و علی-شیفر (A)، در تابعی از روزهای شیردهی (DIM)



شکل 4- میانگین تولید شیر براساس ماه‌های رکوردگیری مختلف



شکل 5- وراثت‌پذیری تولید شیر با استفاده از توابع مختلف در مدل رگرسیون تصادفی در تابعی از روزهای شیردهی

سطوح معیارهای مقایسه (RV، AIC، -2Logl و BIC)، در جدول ۲، نشان داده شده است. مدل رگرسیون تصادفی با تابع علی- شیفتر بالاترین مقادیر را برای معیارهای مختلف نشان داد، با تابع ویلمینک کمترین مقادیر را برای سه معیار مقایسه AIC، -2Logl و BIC و با تابع چندجمله‌ای لژاندر کمترین واریانس باقیمانده (RV)، را نشان دادند. این نشان می‌دهد انتخاب بهترین تابع به نوع معیار مقایسه بستگی دارد.

تابع	تعداد پارامتر	RV	AIC	-2 Logl	BIC
لژاندر درجه ۴	۱۳	۱۳/۲۲	۴۵۵۵۰۱۵/۵۶۲	۴۵۵۴۹۷۳/۵۶۲	۴۵۵۵۰۹۵/۱۰۹
ویلمینک	۱۳	۱۴	۴۴۴۸۷۱۹/۷۸۸	۴۴۴۸۶۹۳/۷۸۸	۴۴۴۸۷۶۹/۷۸۴
علی- شیفتر	۳۱	۱۴/۰۹	۴۶۶۸۴۵۳/۸۶۴	۴۶۶۸۳۹۱/۸۶۴	۴۶۶۸۵۷۳/۰۸۵

طبق نتایج بدست آمده می‌توان گفت که مدل رگرسیون تصادفی با تابع علی- شیفتر نسبت به دو تابع دیگر بر اساس معیارهای مقایسه دقت پایین‌تری در خصوص برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت مورد بررسی و مدل رگرسیون تصادفی با توابع ویلمینک و چندجمله‌ای لژاندر دقت بالاتری دارند.

منابع

۱. مقدس‌زاده اهرابی، س. اسکندری نسب، م. علیجانی، ص. عباسی، م.ع. ۱۳۸۳. مقایسه کارایی دو مدل ساختار واریانس باقیمانده صفت تولید شیر براساس تجزیه رکودهای روزآزمون در مدل رگرسیون تصادفی. مجله علوم کشاورزی و منابع طبیعی. سال دوازدهم.
2. Biassus L D O, Cobuci J A, Costa C N, Rorato P R N, Neto J B, Cardoso L L. 2011. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. Journal Revista Brasileira de Zootecnia, 40: 85-94.
3. Jakobsen, J.H., P. Madsen, J., J. Jensen, L.G. Pedersen and D.A. Sorensen. 2002. Genetic Parameters for Milk Production and Persistency for Danish Holsteins Estimated in Random Regression Models using REML. Journal Dairy Science. 85:1607-1616.
4. Jamrozik, J., L.R. Schaeffer and J.C.M. Dekkers .1997. Genetic Evaluation of Dairy Cattle Using Test Day Yields and Random Regression Model. Journal Genetics and Breeding. 80:1217-1226.
5. Lopez-Romero, P and M.J. Carabano. 2003. Comparing alternative random regression models to analyses first lactation daily milk yield data in Holstein-Friesian cattle. Journal Livestock Production Science. 82:81-96.
6. Schaeffer, L.R. 2004. Application of random regression models in animal breeding. Journal Livestock production science. 86:35-45.
7. Takma, C. and Y. Akbas. 2007. Estimates of genetic parameters for test day milk yields of a Holstein Friesian herd in Turkey with random regression models. Journal Archiv Tierzucht Dummerstorf. 50:32-336

8. Takma, C. and Y. Akbas. 2009. Comparison of Fitting Performance of Random Regression Models to Test Day Milk Yields in Holstein Friesians. Journal Kafkas University Veterinary Fakultesi Dergisi. 15:261-266.

Comparison of different polynomial functions in random regression models for estimation of genetic parameters to Test Day Milk Yields of Iranian Holstein dairy cattle

Ali Mohammadi^{*1}, Sadegh Alijani², Abbas Rafat², Mehdi Buhloli¹, Meysam Latify¹

¹ MSc student of Animal Breeding and Genetics, Tabriz University

² Members of scientific boards, department of Animal Breeding and Genetics, Tabriz University, Iran

Corresponding E-mail address: alimohamadi36@gmail.com

Abstract

In this research, were used to 701212 test day records first lactation milk yields of 199903 Holstein cows from 2006 to 2010 that were collected by Karaj breeding center. Random regression model with Legendre polynomial, Wilmink and Ali-Schaeffer functions were compared for estimated genetic parameters milk yield. Genetic parameters for milk yield were estimated using restricted maximum likelihood (REML) in animal model. Residual variances were considered homogeneous over the lactation period. For comparison of models, from residual variance, Akaike's information criterion -2logL, Bayesian information criterion was used. Was estimated heritability range with Wilmink and Legendre polynomials functions between 0.09 to 0.19, and with Ali-Schaeffer function 0.08 to 0.23. Was higher the permanent environment variance in beginning and end lactation than middle. Random regression model with Ali-Schaeffer function showed based on the evaluation criteria's lowest accuracy and with Wilmink the highest accuracy for Estimate genetic parameters milk yield trait.

Key word: Random Regression Model – Heritability – polynomial functions – comparison criteria

برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفند نژاد مهربانی با استفاده از روش بیزی
میثم لطیفی^{۱*}، صادق علیجانی^۲، اکبر تقی زاده^۲، مهدی بهلولی^۱، امین یوسفی^۱، علی محمدی^۱
- دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه تبریز

۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

*نویسنده مسئول: میثم لطیفی، ml_ganjnameh@yahoo.com

چکیده

این مطالعه به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات رشد در گوسفند نژاد مهربانی با استفاده از ۶۶۴۵ رکورد وزن تولد، ۳۶۸۵ رکورد وزن سه ماهگی، ۲۴۰۶ رکورد وزن شش ماهگی و ۱۶۸۴ رکورد وزن نه ماهگی بود. که از سال ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۹ توسط جهاد کشاورزی استان همدان گردآوری شده بود، انجام شد. اطلاعات استفاده شده برای شجره از سال ۱۳۶۶ تا ۱۳۸۹ را شامل می شد. اثرات ثابت مدل شامل گله-سال زایش، فصل زایش، جنسیت، تیپ زایش و سن مادر (در ۶ گروه) بود. به دلیل متفاوت بودن روز وزن کشی حیوانات، روز وزن کشی به عنوان متغیر کمکی در نظر گرفته شد. آزمون معنی داری اثرات ثابت با استفاده از رویه GLM نرم افزار SAS انجام گرفت و سپس پارامترهای ژنتیکی با روش بیزی و با نرم افزار GIBBS3F90 برآورد گردید. وراثت پذیری مستقیم برای وزن تولد، وزن سه ماهگی، وزن شش ماهگی و وزن نه ماهگی با بهترین مدل به ترتیب 0.21 ± 0.04 ، 0.61 ± 0.05 ، 0.43 ± 0.08 و 0.25 ± 0.1 برآورد گردید. مقدار وراثت پذیری مادری برای وزن تولد و نه ماهگی به ترتیب 0.04 ± 0.01 و 0.12 ± 0.04 برآورد گردید.

کلمات کلیدی: پارامترهای ژنتیکی - روش بیزی - وزن بدن - گوسفند مهربانی.

مقدمه

گوسفند گوشتی - پشمی نژاد مهربانی، گوسفند غالب استان همدان می باشد. در این استان شهرستان کبودر آهنگ و بخش مهربان نقطه‌ای اصلی تمرکز این نژاد می باشد. بر اساس آمار منتشر شده در سال ۱۳۸۲ جمعیت این گوسفند بالغ بر ۲ میلیون راس برآورد گردیده است (۱). بالا بردن صحت ارزیابی ارزش اصلاحی یکی از بهترین ابزار موجود برای پیشرفت پاسخ به انتخاب می باشد (۵)، لذا داشتن اطلاعات در مورد پارامترهای ژنتیکی و وراثت پذیری اهمیت زیادی در ارزیابی ژنتیکی و انتخاب بهترین برنامه‌ی اصلاحی دارد (۶). وراثت پذیری صفات رشد تحت تاثیر عوامل محیطی و در نژادهای مختلف متفاوت می باشد. نتایج حاصل از تحقیقات متعدد نشان داده است که اثرات مادری یک منبع تنوع قابل ملاحظه برای صفات مربوط به رشد در حیوانات جوان است و لحاظ نکردن این عامل در مدل باعث اریب دار شدن برآوردها می شود. هدف از این مطالعه برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن تولد، سه ماهگی، شش ماهگی و نه ماهگی گوسفند نژاد مهربانی می باشد.

مواد و روش‌ها

اطلاعات این تحقیق شامل ۶۶۴۵ رکورد وزن تولد، ۳۶۸۵ رکورد وزن سه ماهگی، ۲۴۰۶ رکورد وزن شش ماهگی و ۱۶۸۴ رکورد وزن نه ماهگی گوسفند نژاد مهربانی بود که توسط جهاد کشاورزی استان همدان از سال ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۹ تهیه شد. اطلاعات استفاده شده برای شجره از سال ۱۳۶۶ تا ۱۳۸۹ را شامل می شد. به منظور برآورد مولفه‌های (کو) واریانس ژنتیکی و محیطی و تخمین

پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن در سنین مختلف از روش بیزی به صورت آنالیز تک متغیره و تحت مدل‌های حیوانی ذیل و با نرم افزار GIBBS3F90 انجام شد، که یک زنجیره‌ی نمونه‌برداری گیبس با ۵۰۰۰۰۰ دوره تشکیل شد که ۵۰۰۰۰ دوره‌ی اول دوره‌ی سوخته، و فاصله‌ی نمونه‌برداری ۱۰۰ در نظر گرفته شد.

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

$$Y = Xb + Z_1a + Z_2m + e \quad \text{با} \quad \text{Cov}(a, m) = 0 \quad (2)$$

$$Y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e \quad \text{با} \quad \text{Cov}(a, m) = 0 \quad (3)$$

Y بردار مشاهدات، b بردار اثرات ثابت، a و m به ترتیب بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، c بردار اثر عوامل تصادفی محیط دائمی میش، e بردار اثر عوامل تصادفی باقیمانده و X ، Z_1 ، Z_2 و Z_3 ماتریس‌های ضرایب متناظر با اثرات هستند.

نتایج

آمار توصیفی صفات مورد بررسی در جدول (۱) آماده است. اثرات ثابت شامل گله-سال، فصل، جنسیت، تیپ زایش (۲، ۳ و ۴)، (اقلو) و سن مادر (در پنج گروه) بود. به دلیل متفاوت بودن روز وزن‌کشی حیوانات، روز وزن‌کشی به عنوان متغیر کمکی در نظر گرفته شد (به استثناء وزن تولد). معنی‌دار بودن اثرات گله-سال و فصل می‌تواند به علت مدیریت، تغییرات ناشی از مقدار بارندگی، رطوبت، دمای محیط، کمیت و کیفیت علوفه در سال‌های مختلف می‌باشد. معنی‌دار بودن اثر جنس می‌تواند به علت عوامل فیزیولوژیکی دوجنس باشد. معنی‌دار بودن تیپ زایش می‌تواند به علت محدود بودن فضای رحمی و رقابت جنین‌ها برای غذای دریافتی از مادر باشد. اثر سن مادر هنگام زایش فقط برای وزن تولد معنی‌دار بود که می‌تواند به علت افزایش فضای رحمی با افزایش سن مادر باشد. تنها اثراتی که با رویه‌ی GLM نرم افزار SAS در سطح کمتر از ۰/۰۵ معنی‌دار بودند در مدل آورده شدند (جدول ۲).

جدول ۱- تعداد رکورد، میانگین، انحراف معیار و ضریب تغییرات

صفات	تعداد رکورد	میانگین (kg)	انحراف معیار (kg)	ضریب تغییرات (%)
وزن تولد	۶۶۴۵	۳/۶۸	۰/۷۶۱	۲۰/۶۸
وزن سه ماهگی	۳۶۸۵	۲۱/۷۵	۴/۰۵	۱۸/۶۲
وزن شش ماهگی	۲۴۰۶	۳۵/۱	۵/۰۲	۱۴/۳۱
وزن نه ماهگی	۱۶۸۴	۴۳/۸۷	۵/۴۴	۱۲/۴۱

جدول ۲- اثرات ثابت معنی دار شده با رویه ی GLM

صفات	وزن تولد	وزن سه ماهگی	وزن شش ماهگی	وزن نه ماهگی
گلّه سال تولد	**	**	**	**
فصل	**	**	**	**
جنسیت	**	**	**	**
تیب زایش	**	**	**	**
سن مادر	**	ns	ns	ns
روز وزن کشتی	-	**	**	**

#: معنی داری در سطح $P < 0.05$; **: معنی داری در سطح $P < 0.01$; ns: غیر معنی دار

برآورد واریانس و اجزای واریانس صفات وزن بدن سنین مختلف گوسفند مهربانی در جدول (۳) گزارش شده است. بهترین مدل با معیار انحراف اطلاعات^{۱۶۰} (DIC) برای هر صفت به صورت پررنگ نشان داده شده است. برای وزن تولد مدل ۳، وزن سه ماهگی و شش ماهگی مدل ۱ و وزن نه ماهگی مدل ۲ به عنوان مدل مناسب انتخاب شدند.

جدول ۳- برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن

صفات وزن	مدل	σ_a^2	σ_m^2	σ_e^2	σ_p^2	h_a^2	h_m^2	σ_{pe}^2	σ_{am}	c^2	h_e^2	DIC
وزن تولد	۱	۰/۰۶	-	۰/۱۷	۰/۲۴	۰/۲۸±۰/۰۴	-	-	-	-	۰/۲۸	۹۱۲۱/۷۷
	۲	۰/۰۵	۰/۰۱	۰/۱۸	۰/۲۴	۰/۲۱۵±۰/۰۴	۰/۰۴۷±۰/۰۱	-	-	-	۰/۲۴	۹۰۲۵/۰۶
	۳	۰/۰۵	۰/۰۱	۰/۱۸	۰/۲۴	۰/۲۱±۰/۰۴	۰/۰۴±۰/۰۱	۰/۰۰۴	-	۰/۰۲±۰/۰۱	۰/۲۲	۸۳۵۴/۲۰
وزن سه ماهگی	۱	۲/۷۹	-	۱/۷۵	۴/۵۵	۰/۶۱±۰/۰۵	-	-	-	-	۰/۶۱	۱۴۳۸۳/۷۴
	۲	۱/۳۴	۰/۶۶	۲/۴۹	۴/۵۱	۰/۲۹±۰/۰۸	۰/۱۴±۰/۰۳	-	-	-	۰/۳۷	۱۴۸۶۷/۶۴
	۳	۱/۳۷	۰/۶۲	۲/۴۶	۴/۵۲	۰/۳±۰/۰۸	۰/۱۳±۰/۰۳	۰/۰۵	-	۰/۰۱±۰/۰۱	۰/۳۷	۱۵۴۴۵/۴۲
وزن شش ماهگی	۱	۴/۰۹	-	۵/۳۸	۹/۴۸	۰/۴۳±۰/۰۸	-	-	-	-	۰/۴۳	۱۱۶۹۲/۷۶
	۲	۱/۶۹	۱/۴۵	۶/۳۵	۹/۴۸	۰/۱۸±۰/۰۹	۰/۱۵±۰/۰۴	-	-	-	۰/۲۶	۱۲۳۴۶/۸۶
	۳	۱/۶	۰/۹۹	۶/۳۱	۹/۵۱	۰/۱۶±۰/۰۸	۰/۱±۰/۰۴	۰/۵۹	-	۰/۰۶±۰/۰۴	۰/۲۲	۱۲۱۶۵/۱۴
وزن نه ماهگی	۱	۴/۲۹	-	۴/۸۶	۹/۱۶	۰/۴۶±۰/۱	-	-	-	-	۰/۴۶	۸۳۸۷/۰۶
	۲	۲/۰۷	۱/۲۷	۵/۸۰	۹/۱۵	۰/۲۵±۰/۱	۰/۱۲±۰/۰۴	-	-	-	۰/۲۹	۸۲۳۲/۴۹۱
	۳	۱/۹۴	۱/۰۲	۵/۸۵	۹/۱۵	۰/۲۱±۰/۱	۰/۱۱±۰/۰۴	۰/۳۱	-	۰/۰۳±۰/۰۲	۰/۲۶	۸۲۴۴/۷۰

σ_a^2 = واریانس افزایشی، σ_m^2 = واریانس ژنتیکی مادری، σ_e^2 = واریانس باقی مانده، σ_p^2 = واریانس فنوتیپی، σ_{pe}^2 = واریانس محیط پایدار مادری، σ_{am} = کواریانس ژنتیکی مستقیم و مادری، h_a^2 = وراثت پذیری مستقیم، h_m^2 = وراثت پذیری مستقیم مادری، c^2 = اثر محیط پایدار مادری، h_e^2 = وراثت پذیری کل

در تحقیقات متفاوت مقادیر وراثت پذیری مستقیم برای وزن تولد در گوسفند نژاد مهربانی ۰/۱۹ و ۰/۳ گزارش شده است (۱ و ۲). مقادیر وراثت پذیری مستقیم برای وزن تولد در نژاد کرمانی ۰/۱-۰/۶۲ برآورد شده است (۲). در این تحقیق، وراثت-پذیری مستقیم ۰/۲۱ برآورد شد که در دامنه ی گزارشات این محققین می باشد. وراثت پذیری مادری در این تحقیق (۰/۰۴) برآورد

^۱ Deviance information criterion

شد که از مقادیر گزارش شده توسط این محققین (۴ و ۲) کمتر بود. وراثت‌پذیری محیط پایدار مادری در این تحقیق (۰/۰۲) کمتر از مقادیر گزارش شده (۴) در گوسفند نژاد مهربانی کمتر بود.

مقادیر وراثت‌پذیری مستقیم برای وزن سه‌ماهگی در گوسفند نژاد مهربانی ۰/۲۵ و ۰/۳ گزارش شده است (۴ و ۱). مقادیر وراثت‌پذیری مستقیم برای وزن تولد در نژاد کرمانی ۰/۵۹-۰/۱۹ برآورد شده است (۲). در این تحقیق، وراثت‌پذیری مستقیم ۰/۶۱ برآورد شد که از مقادیر گزارش شده توسط این محققین بیشتر می‌باشد.

مقادیر وراثت‌پذیری مستقیم برای وزن شش‌ماهگی در گوسفند نژاد مهربانی ۰/۲۳ و ۰/۳۵ گزارش شده است (۴ و ۱). مقادیر وراثت‌پذیری مستقیم برای وزن تولد در نژاد کرمانی ۰/۶۶-۰/۰۹ برآورد شده است (۲). در این تحقیق، وراثت‌پذیری مستقیم ۰/۴۳ برآورد شد که در دامنه‌ی مقادیر گزارش شده توسط این محققین می‌باشد.

مقادیر وراثت‌پذیری مستقیم برای وزن نه‌ماهگی در گوسفند نژاد مهربانی ۰/۳۱ و ۰/۳۷ گزارش شده است (۴ و ۱). مقادیر وراثت‌پذیری مستقیم برای وزن تولد در نژاد کرمانی ۰/۴۱-۰/۱۲ برآورد شده است (۸). در این تحقیق، وراثت‌پذیری مستقیم ۰/۲۵ برآورد شد که در دامنه‌ی مقادیر گزارش شده توسط این محققین می‌باشد. وراثت‌پذیری مادری برای وزن نه‌ماهگی در گوسفند نژاد مهربانی ۰/۰۱ و ۰/۱۲ گزارش شده است (۴ و ۱). وراثت‌پذیری مادری در گوسفند نژاد کرمانی ۰/۱۸ گزارش شده است (۲). در این تحقیق، وراثت‌پذیری مادری ۰/۱۲ برآورد شد که در دامنه‌ی مقادیر گزارش شده توسط این محققین می‌باشد.

منابع

۱. سوری، م و نوریان سرور، ا. ۱۳۸۵. راهنمای پرورش گوسفند. نژادهای گوسفند. (انتشارات دانشگاه رازی).

2. Aghaali Gamasaee, V., S. H. Hafezian, A. Ahmadi, H. Baneh, A. Farhadi and A. Mohamadi. 2010. Estimation of genetic parameters for body weight at different ages in Mehraban sheep. *Afr. J. Biotechnol.* 9:5218-5223.
3. Bahreini Behzadi, M. R., F. E. Shahroudi and L. Dale Van Vleck. 2007. Estimates of genetic parameters for growth traits in Kermani sheep. *J. Anim. Breed. Genet.* 124: 296-301.
4. Ghafouri Kesbi, F., M. Eskandarinasab and A. Hassanabadi. 2008. Estimation of genetic parameters for lamb weight at various ages in Mehraban sheep. *ITAL. J. ANIM. SCI.* 7:95-103.
5. Ghavi Hossein-Zadeh, N and M. Ardalan. 2010. Estimation of genetic parameters for body weight traits and litter size of moghani sheep, using a Bayesian approach via Gibbs sampling. *J. Agricultural Sci.* 148: 363-370.
6. Maxa, J., E. Norberg, P. Berg and M. Milerski. 2007. Genetic parameters for body weight, longissimus muscle depth and fat depth for Suffolk sheep in the Czech Republic. *Small Rumin. Res.* Pp: 87-91.

Estimation of Genetic Parameters of Body Weight Traits in Mehrabani Sheep by Bayesian method

M, Latifi^{*1}, Alijani, S², Taghizadeh, A², Bohluli, M¹, Usefi, A¹ and Mohammadi, A¹

3- MSc Student of Aimal Breeding and Genetics, University of Tabriz

4- Member of scientific board, department of Animal Science, University of Tabriz

* Corresponding E-mail address: ml_ganjnameh@yahoo.com

Abstract

The present research was carried out to estimate genetic and phenotypic parameters for growth traits of Mehraban sheep. The used data included the birth weight (BW, n=6645), 3-month weight (3MW, n=3685), 6- month weight (6MW, n= 2406) and 9-month weight (9MW, n=1684) records that collected from 1994 to 2010 at Mehraban Sheep Breeding center under supervision of Agriculture-Jahad Organization of Hamedan. The pedigree file consist the information of animals from 1987 to 2010 year of birth. The effects of herd-year, season, sex, type birth and age of dam in lambing were fitted in the model as fixed effects. Due to the differences between ages at weighting of lambs this effect considered as a covariate in the model. The significant of fixed effects were carried out using general linear model (GLM) procedure of SAS software. The analysis was done for traits, using the GIBBS3F90 program. The estimated direct heritability's with most appropriate model were 0.21 ± 0.04 , 0.63 ± 0.05 , 0.43 ± 0.08 and 0.25 ± 0.1 for BW, 3MW, 6MW and 9MW traits, respectively. The estimated maternal heritability's were 0.04 ± 0.01 and 0.12 ± 0.04 for BW and 9MW, respectively.

Keywords: Genetic parameters- bayesian method-body weight- Mehrabani sheep.

شناسایی چند شکلی ژنتیکی در ناحیه اگزون ۲۰ ژن گیرنده لپتین با استفاده از نشانگر آنزیمی Taq1 در گاوهای نژاد هلشتاین

آرزو قربانی*، حسن حافظیان، قدرت رحیمی

دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی ساری

arezu_ghorbani@yahoo.com*

چکیده

گیرنده لپتین^{۱۶۶} گلیکوپروتئین با قابلیت نفوذ در داخل غشا سلولی است و در اکثر بافت ها ظاهر می شود. به منظور شناسایی چند شکلی ژن گیرنده لپتین از تعداد ۱۰۰ راس گاو نژاد هلشتاین خون گیری به عمل آمد. استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته^{۱۶۷} و تکثیر یک قطعه ۴۰۰ جفت بازی از ناحیه اگزون ۲۰ توسط واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) با استفاده از یک جفت پرایمر اختصاصی صورت گرفت. تعیین ژنوتیپ هر یک از نمونه ها با استفاده از آنزیم برشی TaqI انجام شد. در پژوهش حاضر برای این ژن در جایگاه مورد مطالعه دو آلل C و T با فراوانی هر یک به ترتیب ۰/۷۰۵ و ۰/۲۹۵ و دو ژنوتیپ CC و CT با فراوانی هر یک برابر با ۰/۴۱ و ۰/۵۹ شناسایی شد. در جمعیت مورد مطالعه ژنوتیپ هموزایگوس TT مشاهده نشد.

کلمات کلیدی: گیرنده لپتین-گاو هلشتاین- آنزیم برشی Taq1

مقدمه

مدل های استفاده شده در ژنتیک کمی عمدتاً اثر تجمعی ژنهای را که عهده دار ایجاد تنوع در صفات می باشند مورد توجه قرار می دهند و فرض اصلی در این مدل ها، تفکیک همزمان بسیاری از ژنهای کوچک اثر می باشد. این موضوع مورد تردید است که همه ژنهای مؤثر بر صفات کمی اثرات جزئی داشته باشند و ممکن است برخی از این ژنها سهم عمده ای در تنوع صفات به خود اختصاص دهند. با توجه به پیشرفت هایی که در زمینه ژنتیک ملکولی صورت گرفته است، استفاده از نشانگرهای DNA در اصلاح دام به علت تاثیر نپذیرفتن آن از شرایط محیطی، زمینه مناسبی جهت بررسی صفات مهم در دام ها و شناسایی سریع و دقیق ژن های کنترل کننده صفات تولیدی فراهم کرده است (۱). ژن لپتین را می توان یک QTL تصور کرد که صفات تولیدی متعددی مثل صفات پرواری و صفات تولید مثلی، را تحت تاثیر قرار می دهد. ژن لپتین در چند سال اخیر مورد توجه قرار گرفته است و مطالعات اولیه آن در ارتباط با صفات رشد و پروار بوده است (۵). مناسب ترین مدل های ژنتیکی که اساس ارزیابی های مولکولی ژن لپتین قرار می گیرد به دلیل وجود نقش گیرنده لپتین می باشد که فعالیت و سطح لپتین را تحت تاثیر قرار داده و در نتیجه اتصال لپتین به گیرنده آن جزء مهمی از فعالیت بیولوژیکی لپتین را تشکیل می دهند. جولانتا و همکاران (۲۰۰۶)، ارتباط بین پلی مورفیسم تک نوکلئوتیدی در ناحیه اگزون ۲۰ با صفت تولید شیر در گاو های جرسی بررسی کردند که دو آلل C و T به ترتیب دارای فراوانی ۰/۷۹ و ۰/۲۱ بود و آنها در این تحقیق هیچ ارتباطی بین این پلی مورفیسم و تولید شیر یافت نشد (۳). در

¹⁶⁶ Leptin

¹⁶⁷ Modified salting out method

این پژوهش، با توجه به گزارشات و اهمیت جایگاه مورد مطالعه در صنعت دامپروری، فرم های مختلف آلی ناحیه اگزون ۲۰ با استفاده از نشانگر آنزیمی TaqI مورد ارزیابی قرار گرفت.

مواد و روش ها

نمونه برداری و استخراج DNA

در این پژوهش از ۱۰۰ راس گاو هلشتاین خونگیری به عمل آمد. جهت استخراج DNA از ۵ تا ۱۰ سی سی خون و جهت جلوگیری از انعقاد خون از محلول EDTA به نسبت ۱ به ۱۰ استفاده شد. نمونه ها بلافاصله با حفظ شرایط زنجیره سرد به آزمایشگاه ژنتیک مولکولی دانشگاه علوم کشاورزی ساری منتقل و تا زمان استخراج DNA در دمای ۴ درجه سانتی گراد نگهداری شدند. جهت استخراج DNA از پروتکل استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته و برای تعیین ویژگی های کمی و کیفی DNA از الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد.

واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR)

در این مطالعه در ناحیه اگزون ۲۰ از جایگاه ژنی گیرنده Leptin انتخاب و با یک جفت پرایمر اختصاصی (جدول ۱) قطعه ای به طول 400 جفت باز تکثیر شد.

جدول شماره ۱: آغازگرهای اختصاصی مورد استفاده برای ناحیه اگزون ۲۰ ژن گیرنده لپتین

منبع	اندازه قطعه تکثیری	توالی آغازگر (۳' - ۵')	موقعیت	نام جایگاه ژنی
۳	۴۰۰ جفت باز	F: 5'- GCAACTACAGATGCTCTACTTTTGT -3'	روی ژن	LEPR اگزون ۲۰
		R: 5'- CAGGGAAATTTCCCTCAAGTTTCAA -3'		

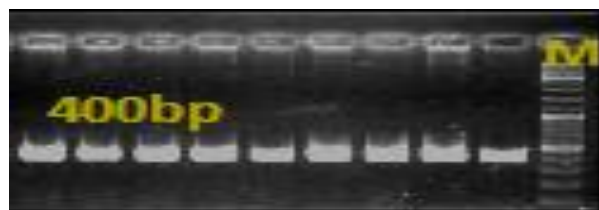
واکنش زنجیره ای پلی مرز در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ۲/۵ میکرولیتر بافر (PCR (10x)، ۰/۵ میکرولیتر dNTPs، ۰/۲ میکرولیتر Taq polymerase، ۱۰۰ نانو گرم DNA ژنومی و ۱ میکرولیتر $MgCl_2$ که در نهایت با آب مقطر به حجم ۲۵ میکرولیتر رسیده است، انجام گرفت. سپس چرخه های PCR با برنامه حرارتی شامل: ۹۴ درجه سانتی گراد جهت واسرشت اولیه DNA به مدت ۳۰۰ ثانیه، واسرشت ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، دمای ۵۶ درجه سانتی گراد جهت اتصال پرایمرها به مدت ۴۵ ثانیه، دمای ۷۲ درجه سانتی گراد جهت بسط آغازگرها به مدت ۴۵ ثانیه به تعداد ۳۰ سیکل و بسط نهائی به مدت ۳۰۰ ثانیه در ۷۲ درجه سانتی گراد انجام شد. جهت تعیین کیفیت محصول PCR از ژل آگارز ۳ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید و برای آزمون صحت اندازه قطعه تکثیری از نشانگر وزنی M100 شرکت فرمنتاز استفاده شد.

تعیین ژنوتیپ

برای تفکیک آلی و تعیین ژنوتیپ هر حیوان از تکنیک PCR-RFLP و الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد. بعد از هضم آنزیمی نمونه‌ها توسط آنزیم TaqI، برای مشاهده باند ها از ژل آگارز 3 درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید استفاده شد. اگر آنزیم اختصاصی جایگاه برش داشته باشد در اثر برش دو قطعه ۳۷۵ و ۲۵ جفت بازی ایجاد میشود که ال C نامیده شد. در صورت عدم وجود جایگاه برش قطعه ۴۰۰ جفت بازی ایجاد شده که آل T نامیده شد.

نتایج و بحث

در این پژوهش با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی، قطعه مورد نظر از جایگاه ژنی Leptin receptor شامل ناحیه اگزون ۲۰ به طول ۴۰۰ جفت باز تکثیر شد. نمونه‌ای از محصولات PCR تکثیر شده در شکل ۱ آمده است.



شکل ۱- نمونه هایی از محصولات PCR ژن leptin receptor به طول ۴۰۰ جفت باز ، M (نشانگر وزن مولکولی ۱۰۰ جفت بازی از شرکت سیناژن)

اگر در ناحیه اگزون ۲۰ جایگاه ژن گیرنده لپتین (قطعه ۴۰۰ جفت بازی) جایگاه آنزیم Taq1 وجود داشته باشد در اثر برش آنزیم سه قطعه ۴۰۰ و ۳۷۵ و ۲۵ جفت بازی تولید می شود. قطعه ۲۵ جفت بازی به دلیل اندازه کوچک و درصد پایین ژل آگارز قابل مشاهده نبود. همان طور که در شکل ۲ نشان داده شده است در نمونه های مورد مطالعه در این جایگاه ژنی هر دو آل C و آل T در نتیجه ژنوتیپ CC و CT مورد شناسایی قرار گرفت.



شکل ۲- محصولات حاصل از هضم با قطعه تکثیری با آنزیم Taq1، M: نشانگر وزن مولکولی ۱۰۰ جفت بازی از شرکت سیناژن)

وفور ژنی و ژنوتیپی جایگاه ژنی گیرنده لپتین در جمعیت مورد مطالعه در جدول ۱ خلاصه شده است.
جدول ۱- وفور ژنی ژنوتیپی در جایگاه ژنی گیرنده لپتین در گاو هلشتاین

جایگاه ژنی	وفور آلی		وفور ژنوتیپی	
	C	T	CC	TT
گیرنده لپتین	۰/۷۰۵	۰/۲۹۵	۰/۴۱	۰/۵۹

لی فرز و همکاران در سال ۲۰۰۴ ارتباط جهش در ژن گیرنده لپتین گاو و غلظت لپتین در خون در طول اواخر آبستنی را در ۳۲۳ گاو هلشتاین- فرزین مورد بررسی قرار دادند. در این بررسی در آگزون ۲۰ یک جهش T به C یافت شد که در موقعیت ۱۱۵ نوکلئوتیدی قرار داشته که موجب جانشینی اسید آمینه در موقعیت ۹۴۵ پروتئین می شود (T945M). فراوانی آلل های C و T به ترتیب برابر با ۰/۹۳ و ۰/۰۷ بوده است. جهش (T945M) با غلظت لپتین فقط در اواخر آبستنی مشاهده شد، به طوریکه ژنوتیپ CC یک غلظت بالاتر در مقایسه با ژنوتیپ CT در طول این دوره داشته است. ژنوتیپ TT در جمعیت مورد مطالعه مشاهده نشد(۴). در آزمایش که در سال ۲۰۱۰ انجام شد جولانتا و همکاران اثر پلی مورفیسم ژن گیرنده لپتین روی صفات عملکردی شامل سلول های سوماتیک در شیر، طول عمر و صفات تولید مثلی در گاو های لهستانی هلشتاین _فرزین مورد بررسی قرار دادند. یک پلی مورفیسم تک نوکلوتید در ژن گیرنده با استفاده از روش PCR-RFLP آنالیز شد. در این تحقیق نشان داده شد که ژنوتیپ LEPR-T945M که در ناحیه آگزون ۲۰ از ژن گیرنده لپتین وجود داشته است که با سن اولین تلقیح مرتبط بود(۲). با توجه به نتایج این پژوهش می توان چنین نتیجه گرفت که نشانگر TaqI قادر به شناسایی فرم های مختلف آللی در جایگاه مذکور میباشد.

منابع

۱. الیاسی زرین قبایی ق.، جوانمرد آ.، سلامت دوست ر و پیراهی ا. ۱۳۸۵. معرفی چند شکلی ژنهای کاندید در برنامه نوین اصلاح نژاد دام و طیور. پژوهش و سازندگی در امور دام و آبزیان. مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی اذربایجان شرقی
2. Jolanta, k. 2010. Impact of LEP and LEPR gene polymorphisms on functional traits in Polish Holstein- Friesian cattle. *Animal Science*, 28:133-141
3. Jolanta, k., Zbigniew, D. 2006. The relationship between the T945M single nucleotide polymorphism in the leptin receptor gene (LEPR) and milk production traits in Jersey cows. *Animal science*, 4,271-277
4. Liefers, SC., Veerkamp, RF., Pas, MF., Delavaud, C., Chilliard, Y and Vander Lent, T. 2004. A missense mutation in the bovine leptin receptor gene is associate with leptin concentrations during late pregnancy. *Animal sciences*, 35, 138-141
5. Madeja, T., Adamowicz, A., Chmurzynska, T., Jankowski, J., Melonek, MS and Stabl, T. 2004. effect of leptin gene polymorphism on breeding Value for Milk Production Traits. *Dairy science*, 87:3925-3927

Detection of genetic polymorphism in exon 20 of leptin receptor gene in Holstein cattle using enzyme marker Taq1

Abstract

Leptin receptor is a glycoprotein with high capacity of permeability for inside porous region of cell membrane that has being expressed in many tissues. In order to identify the leptin receptor gene polymorphism blood samples were collected from 100 Holstein cows. DNA was extracted by modified salting out method and a gene fragment with the size of 400 bp from part of exon 20

of leptin receptor gene was amplified using polymerase chain reaction (PCR) and specific primer pairs. Genotyping of each sample was performed using restriction enzyme TaqI. In the present study we have found two alleles of C and T with the frequency of 0.705 and 0.295, respectively. Two genotypes of CC and CT were found with the frequency of 0.41 and 0.59, respectively. No homozygous TT genotype was found at studied population.

Key words: Leptin receptor gene- Holstein cattle- Taq1 restriction enzyme

برآورد پارامترهای ژنتیکی شمار سلول‌های بدنی گاوهای هلشتاین

صادق چراغی سرای *^۱، خبات خیرآبادی^۱، صادق علیجانی^۲، غلامعلی مقدم^۲، سید عباس رأفت^۲

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشگاه تبریز ۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

* نویسنده مسئول: صادق چراغی سرای، (s_cheraghi89@yahoo.com)

چکیده

محاسبه و اندازه‌گیری SCC به طور روز افزون به عنوان معیار و شاخصی برای انتخاب ژنتیکی در مقابل ورم پستان بالینی و غیر بالینی، که یکی از پر هزینه‌ترین امراض گاوهای شیری است، مطرح می‌باشد. اطلاع از تکرار پذیری صفات اقتصادی مهم می‌تواند کمک قابل توجهی در تصمیم‌گیری‌های مدیریتی برای حذف گاوها در نوبت بعدی تولید آنها باشد؛ بدین منظور مولفه‌های (کو) واریانس شمار سلولهای بدنی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از مدل روز آزمون رگرسیون تصادفی و روش Bayesian برآورد شدند. فایل داده‌ها شامل ۲۶۵۹۵ حیوان با ۲۳۵۲۳۵ رکورد روز آزمون، مربوط به گاوهایی می‌شدند که زایش آنها بین سالهای ۱۳۸۰ تا ۱۳۹۰ صورت گرفته بود. به منظور در نظر گرفتن شکل تغییرات شمار سلولهای سوماتیک دوره شیردهی در سطوح ژنتیکی، بخش‌های رگرسیون ثابت و تصادفی با استفاده از چند جمله‌ای‌های لژاندر (مرتبه ۳) از روزهای شیردهی، به ترتیب در داخل گروه‌های سن در موقع زایش- فصل زایش، ژنتیک افزایشی و محیط دائمی به صورت آشیانه‌ای در مدل منظور شدند و توارث پذیری روزانه دوره شیردهی برای شمار سلولهای بدنی محاسبه و ۳ تا ۶٪ برآورد گردید.

واژگان کلیدی: شمار سلول‌های بدنی - رکوردهای روز آزمون - مدل روز آزمون رگرسیون تصادفی - گاو هلشتاین

مقدمه

ورم پستان پرهزینه‌ترین بیماری و منبع عمده زیان اقتصادی، عمدتاً از طریق افزایش هزینه‌های درمانی و کاهش شیرتولیدی، برای مزارع لبنی محسوب می‌شود. محاسبه شمار سلول‌های بدنی (SCC)، یکی از مهم‌ترین و دقیق‌ترین محاسبات برای اطلاع از بهداشت و سلامتی پستان می‌باشد (۵). در گذشته از عملکرد ۳۰۵ روز گاوهای شیری برای اهداف اصلاحی استفاده می‌شد. عملکرد ۳۰۵ روز با استفاده از قوانین نسبتاً ساده، برای تک رکوردهای فردی برآورد می‌شود. در نظر گرفتن عملکرد دوره به عنوان یک رکورد برای ارزیابی‌های ژنتیکی منجر به افزایش اریب می‌شود، چرا که عملکرد روزهای مختلف تحت تاثیر شرایط محیطی متفاوتی قرار می‌گیرد. در این مدل فرض می‌شود که برای هر حیوان همبستگی ژنتیکی بین کلیه جفت رکوردها برابر با یک بوده، واریانس همه رکوردها مساوی است و همبستگی محیطی بین کلیه جفت رکوردها نیز یکسان و برابر می‌باشد (۴). با استفاده از مدل روزآزمون (Test day= TD) برخی از مشکلات مدل ۳۰۵ روز رفع می‌شود. در مدل TD بسط دوره شیردهی لازم نبوده و نیز اثرات محیطی برای روز آزمون‌های متفاوت در نظر گرفته می‌شود. یک مدل مناسب برای آنالیز داده‌های تکرار شده در سنین مختلف، مدلی است که ساختار میانگین و کواریانس را، که در طول زمان و یا زندگی حیوان متغیر می‌باشد، در برآورد پارامترهای ژنتیکی مدنظر قرار دهد (۴). این تحقیق با هدف برآورد پارامترهای ژنتیکی SCS با استفاده از مدل روز آزمون رگرسیون تصادفی و روش بیزی بر روی گاوهای هلشتاین ایران انجام شد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از رکوردهای TD جمع‌آوری شده‌ی نخستین دوره شیردهی گاوهای هلشتاین ایران توسط مرکز اصلاح نژاد کرج، استفاده شد و از بین رکوردهای جمع‌آوری شده، برای سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۹۰، تنها از گله‌هایی که امکان ثبت رکوردهای SCC را داشتند استفاده گردید. به منظور بهبود ساختار فایل داده‌ها فقط حیواناتی بکار گرفته شد که در فایل شجره دارای پدر و مادر بوده باشند. در ساخت فایل داده، گاوهای با نخستین رکورد ثبت شده بالاتر از ۶۰ روزگی دوره شیردهی، از فایل داده‌ها حذف شدند و رکوردهایی مورد استفاده قرار گرفت که برای هر گاو ۲ الی ۳ بار در روز (Milking time = MT) ثبت رکورد شده باشند. فواصل بین رکوردها به نحوی تنظیم شدند که در نهایت فاصله بین رکوردهای باقی مانده در فایل داده کمتر از ۱۵ روز نباشند. در این تحقیق رکوردها برای ۵ تا ۳۰۵ روزگی دوره شیرواری محدود شدند و به منظور حذف رکوردهای غیر معمول، تنها از SCC ثبت شده برای مقدار شیر تولیدی ۱/۵ تا ۷۰ کیلوگرم استفاده شد. سن در موقع زایش برای روزهای ۶۶۰ تا ۱۰۰۰ محدود گردید و به ۳ کلاس سنی (<۸۰۰، ۸۰۰-۹۰۰، >۹۰۰) تقسیم شدند (۶). همچنین برای فصل زایش کلاس‌بندی به چهار فصل مختلف (بهار، تابستان، پاییز و زمستان) صورت گرفت، بطوریکه در نهایت برای اثر ثابت سن-فصل در موقع زایش (Age season of calving = AS) ۱۲ کلاس تعیین شد. حداقل تعداد رکورد TD، برای گاوهای دارای رکورد در فایل نهایی، ۸ رکورد منظور گردید و جهت اطمینان از ارتباط مناسب بین داده‌ها و کاهش اشتباه برآوردها، حداقل زایش سالانه در هر گله ۱۰ راس و نیز همین تعداد به عنوان حداقل تعداد دختران به ازاء هر والد نر منظور شدند.

فایل داده‌ها در نهایت شامل ۲۳۵۲۳۵ رکورد TD جمع‌آوری شده از ۲۶۵۹۵ گاو شیری هلشتاین برای نخستین دوره شیردهی بود. از فایل شجره دارای ۱۰۰۲۵۰۱ راس حیوان ثبت شده برای سال‌های ۱۳۶۹ تا ۱۳۹۰ استفاده شد و برای توصیف منحنی صفات تولیدی، تابع لژاندر درجه ۲ (با ۳ ضریب) بکار گرفته شد. دوره نمونه برداری گیس برای این تحقیق ۵۵۰۰۰ دور تعیین، و ۵۰۰۰ دور نخست به عنوان دوره سوخته منظور گردید. رکوردهای TD برای SCC (میلی لیتر شیر/۱۰۰۰) از طریق مقیاس لگاریتمی به SCS تبدیل شدند که توضیحات تکمیلی برای فایل داده‌ها در جدول ۱ آورده شده است.

$$SCS = \log_2 (SCC/100) + 3$$

مدل برآورد اجزاء واریانس:

$$y_{ijklm} = YCi + HTDj + ASk + \sum_{m=0}^4 \alpha ln + \sum_{m=0}^4 peln + e_{ijklm},$$

توضیح اینکه: y_{ijklm} = امین رکورد گاو l ، برای k امین کلاس AS ، و j امین HTD ؛ YCi = اثر ثابت سال زایش؛ $HTDj$ = اثر ثابت گله- تاریخ رکورد برداری؛ ASk = اثر ثابت سن- فصل زایش؛ αln و $peln$ = به ترتیب ضرایب رگرسیون تصادفی ژنتیک افزایشی و محیط دائمی؛ e_{ijklm} = واریانس باقی مانده مربوط به y_{ijklm} .

نتایج و بحث

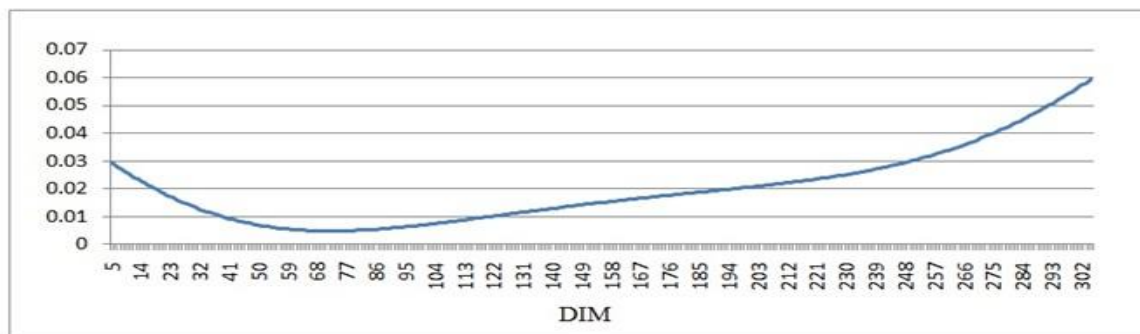
طبق نتایج تحقیقات صورت گرفته ارتباط ژنتیکی بین شمار سلول‌های بدنی و ورم پستان بالینی حدود ۷۰٪ و ارتباط ژنتیکی بین تولید شیر و ورم پستان بالینی حدود ۳۰٪ است. SCC موجود در شیر همبستگی بالایی با وضعیت پستان دارد، بنابراین می‌توان از

آن به عنوان یک روش غیرمستقیم و دقیق جهت بررسی وضعیت بهداشت و سلامت دام، کیفیت شیر تولیدی و در نهایت برنامه‌های اصلاحی استفاده کرد. توارث پذیری روز آزمون‌های مختلف دوره‌شیردهی در شکل ۱ آورده شده است. در این تحقیق توارث پذیری روزهای مختلف دوره‌شیردهی برای SCS، ۳ تا ۶٪ برآورد گردید که نزدیک به نتایج حاصل از تحقیق گروسمن و میشل (۰/۰۵) و کمی پائین‌تر از مقدار گزارش شده (۸-۱۱٪) در تحقیق زاوادیلا و همکاران (۲۰۱۱) می‌باشد. نتایج همبستگی ژنتیکی روزهای مختلف دوره شیردهی در شکل ۲ نشان داده شده است که با توجه به تئوری ژنتیک کمی، این امر بیانگر نیاز به داشتن رکوردهای مکرر از گاو برای امتیاز سلول‌های سوماتیک است که بتوان بر اساس آن، صحت انتخاب بالاتر را به هنگام ارزیابی ژنتیکی حیوانات ایجاد نمود. بنابراین برای افزایش صحت و دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات اقتصادی مهم از جمله شمار سلول‌های بدنی نیاز به ثبت دقیق و مکرر این قبیل صفات در طی دوره شیردهی است که باید مدنظر مسئولین قرار گیرد. سپاسگذاری

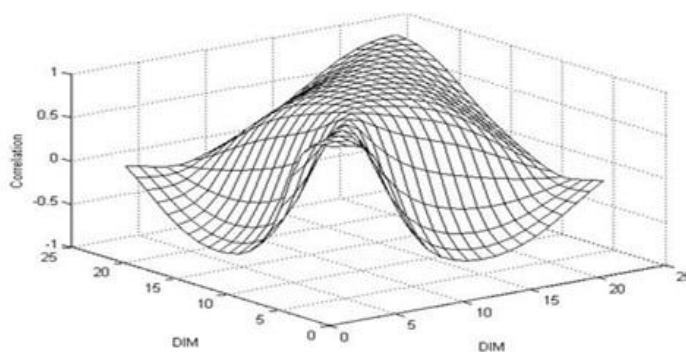
بدین وسیله از مرکز اصلاح نژاد کرج جهت تهیه اطلاعات مورد نیاز کمال تشکر و قدردانی را داریم.

جدول ۱: توضیح فایل داده‌ها

۲۶۵۹۵	تعداد حیوانات رکورددار
۱۰۰۲۵۰۱	تعداد حیوانات در فایل شجره
۲۳۵۲۳۵	تعداد رکوردهای TD
۵۷۸	تعداد والد نر
۴۶	متوسط تعداد دختران به ازاء هر والد نر
۹/۵۲	متوسط تعداد رکوردهای TD به ازاء هر حیوان
۴۹/۸۴	متوسط تعداد رکوردهای TD به ازاء هر کلاس HTD



شکل ۱: توارث پذیری TDهای مختلف دوره شیردهی



شکل ۲: همبستگی ژنتیکی بین روزهای مختلف دوره شیردهی

منابع

۱. رزم کبیر، م.، مرادی شهربابک. م، پاکدل. ع، و نجاتی جوارمی. الف. ۱۳۸۷. برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روزآزمون تولید شیر در گاوهای شیری. سومین کنگره علوم دامی کشور.
2. Grossman, Y. DA. M., and I. Misztal. 1992. Estimation of Genetic Parameters for Somatic Cell Score in Holsteins. J Dairy Sci. 75:2265-2271.
3. Monardes, H. G., R. I. Cue, and J. F. Hayes. 1990 . Correlation between udder conformation traits and somatic cell count in Canadian Holstein cows. J. Dairy Sci. 73:1337-1342.
4. Mrode, R. A. 2005. Linear models for the prediction of animal breeding values. Second Edition
5. Nemcova, E., M. Stipkova, L. Zavadilova, J. Bouska, and M. Vacek. 2007. The relationship between somatic cell count, milk production and six linearly scored type traits in Holstein cows. Caech J. Anim. Sci. 12:437-446
6. Zavadilova, L., J. Wolf, M. Stipkova, E. Nemcova, and J. Jamrozik. 2011. Genetic parameters for somatic cell score in the first three lactations of Czech Holstein and Fleckvieh breeds using a random regression model. Czech J. Anim. Sci. 6:251-260.

Estimate of Genetic parameters of somatic cell score of Holstein cows
S. Cheraghi Saray^{1*}, Kh. Kheirabadi¹, S. Alijani², Gh. Moghaddam², S.A. Rafat²

1- MSc Student of Animal Science, Tabriz University, Tabriz, Iran

2- Prof. of Departments of Animal Science, Tabriz University, Tabriz, Iran

* Corresponding Author's E-mail address: s_cheraghi89@yahoo.com

Abstract:

SCC measurement is a criterion for genetic selection to identify clinical and non-clinical mastitis, which is one of the costliest diseases among dairy cows, incidence. If we are aware of repetitiveness of important economical traits, we can make better decisions later. So that (Co) variance components of somatic cell count were estimated for Iranian Holstein cows with used of random regression test day model and Bayesian method. Data file included 26595 cows with 235235 test-day records. Records were of cows calving from 2001 to 2011. Part of fixed and random regression with used of the Legendre polynomial (3 order), respectively, nested to age-season of calving, additive genetic and permanent environmental. Daily Heritabilities for somatic cell count through lactation were estimated 3 to 6 percentages.

Keywords: cell count – Test day records – Test day random regression model – Holstein cow

برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روزآزمون تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران بوسیله مدل رگرسیون تصادفی

علی محمدی^{۱*}، صادق علیجانی^۲، عباس رأفت^۲، مهدی بهلولی^۱، میثم لطیفی^۱

۱- دانشجوی کارشناس ارشد اصلاح و ژنتیک دام دانشگاه تبریز

۲- اعضای هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

*نویسنده مسئول: علی محمدی، دانشگاه تبریز آدرس ایمیل: alimohamadi36@gmail.com

چکیده

هدف از این تحقیق برآورد پارامترهای ژنتیکی مقدار شیر و درصد چربی شیر گاوهای هلشتاین ایران بود که برای صفات مدنظر به ترتیب از ۷۰۱۲۱۲ و ۶۵۷۰۰۴ رکورد روزآزمون از ۱۹۹۹۰۳ و ۱۹۰۷۲۶ رأس گاو استفاده شد. رکوردهای مربوط به سالهای ۱۳۸۵ تا ۱۳۸۹ جمع‌آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد کرج استفاده گردید. اثرات ژنتیک افزایشی و محیط دائمی با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) برآورد شدند. مدل رگرسیون تصادفی با چندجمله‌ایهای لژاندر درجه ۳ تا ۵ استفاده شد. واریانس باقیمانده برای کل دوره شیردهی همگن در نظر گرفته شد. برای صفات مورد بررسی، واریانس‌های ژنتیک افزایشی و محیط دائمی در اوایل دوره شیردهی بالا بود و در اواسط و اواخر دوره شیردهی پایین‌تر برآورد شد. به طور کلی، واریانس محیط دائمی در سراسر دوره شیردهی بالاتر از واریانس ژنتیک افزایشی برآورد شد. وراثت‌پذیری تولید شیر و درصد چربی به ترتیب در محدوده ۰/۰۹ تا ۰/۲۱ و ۰/۰۶ تا ۰/۱۷ برآورد گردید. روند ژنتیکی تولید شیر در طول ۱۰ سال اخیر سیر صعودی بیشتری را نشان داد، در حالیکه برای درصد چربی شیر روند نزولی وجود داشت که به دلیل وجود پاسخ همبسته منفی از طریق انتخاب ژنتیکی برای تولید شیر می‌باشد. برای تولید شیر و درصد چربی، همبستگی ژنتیکی بین روزهای مختلف شیردهی به ترتیب در دامنه ۰/۴۵ تا ۱ و برای ۰/۳۲ تا ۱ برآورد شد. چندجمله‌ای لژاندر درجه ۵ برای برازش اثرات ژنتیک افزایشی و محیط دائمی صفات مقدار تولید شیر و درصد چربی پیشنهاد شد.

کلمات کلیدی: گاو شیری- وراثت‌پذیری- روند ژنتیکی- همبستگی ژنتیکی

مقدمه

اخیراً روش‌های خاصی برای ارزیابی ژنتیکی صفات تولیدی شیر در گاوهای شیری بر اساس تولید روز آزمون بکار برده می‌شود. از مزایای استفاده از مدل‌های روزآزمون می‌توان به توانایی محاسبه اثرات محیطی برای هر روزآزمون، توانایی محاسبه روند شیردهی برای یک ژنوتیپ خاص و یا گروهی از حیوانات، و امکان ارزیابی ژنتیکی برای تداوم تولید اشاره نمود (۶). یک مدل مناسب برای آنالیز داده‌های تکرار شده در سنین مختلف (داده‌های تکرار شده در زمان) مدلی است که ساختار میانگین و (کو)واریانس را که در طول زندگی حیوان متغیر می‌باشد، در برآورد پارامترهای ژنتیکی مورد نیاز منظور نماید (۵). مدل‌هایی مثل تکرار پذیری، رگرسیون ثابت و چند صفت از جمله مدل‌های روز آزمون یک مرحله‌ای هستند که پس از چندین سال استفاده جهت آنالیز رکوردهای روز آزمون اخیراً به دلایلی از جمله عدم توجه به بخشی از خصوصیات ژنتیکی صفات قابل رکوردگیری در طول زمان و ثابت فرض کردن واریانس‌های ژنتیک افزایشی و محیط دائمی در سراسر دوره شیردهی، کمتر مورد استفاده قرار می‌گیرند (۲). مدل‌های رگرسیون تصادفی قادر به برآورد ساختار کوواریانس بین رکوردهای روز آزمون در تابعی از روزهای مد نظر می‌باشد (۸). چند جمله‌ایهای لژاندر، عموماً برای برآورد مولفه‌های (کو)واریانس به دلیل سهولت اجرا، خصوصیات همگرایی

خوب و همچنین به دلیل اینکه هیچ فرضی در مورد شکل منحنی ندارند، نسبت به توابع دیگر بیشتر مورد استفاده قرار می‌گیرد (۱). هدف از این تحقیق برآورد پارامترهای ژنتیکی رکوردهای روزآزمون صفات مقدار شیر و درصد چربی گاوهای هلشتاین ایران بوسیله مدل رگرسیون تصادفی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

رکوردهای روزآزمون تولید شیر و درصد چربی گاوهای شیری از مرکز اصلاح نژاد کرج فراهم گردید. رکوردها برای شکم اول در دامنه‌ی سنی ۲۱ تا ۴۶ ماهگی برای سال‌های ۱۳۸۵ تا ۱۳۸۹، و در بازه زمانی بین ۵ تا ۳۰۵ روز شیردهی (DIM)، تولید شیر در دامنه ۱/۵ تا ۷۰ کیلوگرم و درصد چربی در دامنه ۱/۵ تا ۹ درصد و گاوهای شیری دارای بیش از ۵ رکورد روز-آزمون، گله-سال دارای حداقل ۴ گاو شیرده، و انتخاب ماده‌هایی که پدرشان بیش از ۵ نتاج داشت، تعداد رکوردها برای مقدار شیر و درصد چربی به ترتیب به ۷۰۱۲۱۲ و ۶۵۷۰۰۴ مورد رسید. گاوها براساس سن در زمان زایش در ۶ گروه به ترتیب، زیر ۲۶ ماه، ۲۶ تا ۲۸، ۲۸ تا ۳۰، ۳۰ تا ۳۲، ۳۲ تا ۳۳ و بزرگتر از ۳۳ ماه قرار گرفتند. اطلاعات مربوط به فایل شجره از سال ۱۳۶۲ تا ۱۳۸۹ بود. آزمون معنی‌داری اثرات ثابت در نرم‌افزار SAS با استفاده از رویه GLM، صورت گرفت. مدل حیوانی روز-آزمون رگرسیون تصادفی مورد استفاده به صورت زیر بود:

$$y_{tijk m} = HTD_i + YC_j + MT_k + \sum_{n=1}^p AS_{mnl} \Phi_n + \sum_{n=0}^r a_{mn} \Phi_n + \sum_{n=0}^r pe_{mn} \Phi_n + e_{tijk m}$$

که، $y_{tijk m}$ ، آمین رکورد روزآزمون در زیر گروه‌های گله-سال-ماه رکورد روزآزمون (HTD) i ام، در سال گوساله‌زایی (YC) j ام و دفعات دوشش (M) k ام ($k=2,3$) مربوط به حیوان m ام، AS_{mnl} ، آمین ضریب رگرسیون ثابت برای سن-فصل زایش (۱) تا $l=6$ ، برای هر کلاس سن-فصل زایش منحنی شیردهی ثابتی در نظر گرفته شده است) حیوان m ام، a_{mn} و pe_{mn} به ترتیب n آمین ضریب رگرسیون تصادفی اثر ژنتیک افزایشی و اثر محیط دائمی حیوان m ام، p درجه برازش رگرسیون ثابت (۳ تا ۵) p ؛ r ؛ تعداد درجات چندجمله‌ایهای لژاندر مختلف (۳ تا ۵) r ؛ Φ_n ، چندجمله‌ایهای لژاندر (۷) n ام برای روز t ام مرتبط با حیوان m ام؛ $e_{tijk m}$ ، اثرات تصادفی باقیمانده مربوط به $y_{tijk m}$ است. میانگین ارزش اصلاحی حیوانات بر اساس سال تولد جهت محاسبه روند ژنتیکی تولید شیر و درصد چربی استفاده شد. بر ای محاسبه همبستگی ژنتیکی بین روزهای مختلف شیردهی از فرمول زیر استفاده شد:

$$r_g = \frac{Covg(i,j)}{\sqrt{Var_g(i,i) \times Var_g(j,j)}}$$

که $Covg(i,j)$ ، کواریانس ژنتیکی بین روز i ام و j ام؛ $Var_g(i,i)$ و $Var_g(j,j)$ به ترتیب واریانس ژنتیک افزایشی روز i ام و j ام می‌باشد. برای آماده‌سازی داده‌ها از نرم‌افزارهای Visual FoxPro 9.0 و SAS 9.1 و Pedigree استفاده گردید. ماتریس‌های (کو)واریانس ضرایب رگرسیون تصادفی با استفاده از روش REML و بوسیله برنامه REMLF90، تحت سیستم عامل Linux برآورد شدند.

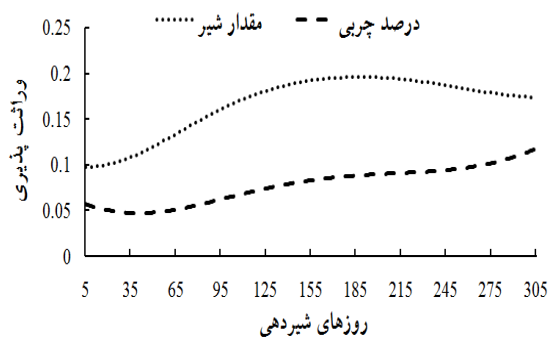
نتایج

اطلاعات آماری داده‌های مورد آنالیز در این تحقیق، در جدول ۱، همچنین وراثت‌پذیری روزهای مختلف شیردهی برای صفت مقدار شیر و درصد چربی، در شکل ۱، نشان داده شده است. وراثت‌پذیری تولید شیر در اوایل دوره شیردهی پایین و در اواسط

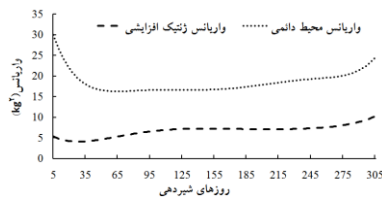
دوره بالاتر از سایر مراحل شیردهی برآورد شد و برای درصد چربی نیز وراثت‌پذیری برآورد شده در اوایل دوره شیردهی پایین بود و با رسیدن به اواخر دوره شیردهی روند افزایشی را نشان داد. میزان وراثت‌پذیری برای تولید شیر نسبت به درصد چربی بالاتر بدست آمد (۹ و ۲). دلیل اینکه میزان وراثت‌پذیری در اوایل دوره شیردهی پایین می‌باشد این است که واریانس محیط دائمی در این مرحله از دوره شیردهی بالا به دست آمده است. با توجه به اینکه واریانس فنوتیپی در اوایل دوره شیردهی بالا می‌باشد، بدین معنی است که تغییرات زیادی در درصد چربی حیوانات در این بخش از دوره شیردهی وجود دارد و بدلیل اینکه سهم بیشتری از این واریانس به واریانس محیط دائمی مربوط می‌شود، لذا وراثت‌پذیری درصد چربی در این مرحله کمترین مقدار می‌باشد. واریانس ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی (شکل ۲ و ۳) برای صفت تولید شیر و درصد چربی در اوایل دوره شیردهی بالا برآورد شد (۹ و ۲). روند ژنتیکی تولید شیر و درصد چربی بر اساس سال تولد در شکل ۴ و ۵ نشان داده شده است. روند ژنتیکی منفی برای درصد چربی در نتیجه انتخاب جهت بهبود تولید شیر و عدم توجه به درصد چربی در طول سال‌های اخیر می‌باشد که بدلیل وجود همبستگی منفی بین این دو صفت است. در شکل ۶ و ۷ همبستگی ژنتیکی بین روزهای مختلف شیردهی به ترتیب برای مقدار شیر و درصد چربی نشان داده شده است. همبستگی ژنتیکی در هر روز برابر ۱ و با افزایش فاصله بین روزهای مختلف شیردهی همبستگی ژنتیکی بین آن‌ها کمتر می‌شود. واریانس باقیمانده در کل دوره شیردهی همگن در نظر گرفته شد.

جدول ۱- آمار توصیفی حیوانات موجود در داده

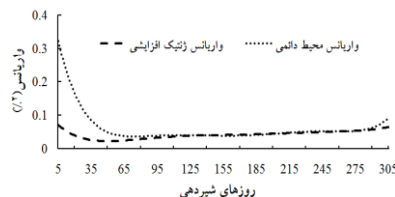
اطلاعات	مقدار شیر (کیلوگرم)	درصد چربی
تعداد رکوردهای روز-آزمون	۷۰۱۲۱۲	۶۵۷۰۰۴
تعداد کل حیوانات رکورددار	۸۳۴۰۷	۷۹۸۵۶
تعداد کل حیوانات	۱۹۹۹۰۳	۱۹۰۷۲۶
تعداد ماده‌ها	۱۲۵۶۵۲	۱۱۹۶۶۱
سن در زمان زایش	۲۱-۴۶	۲۱-۴۶
میانگین تولید	۳۰/۵۶	۳/۳۵
تعداد گله-سال-ماه رکوردگیری	۱۶۸۸۰	۱۶۰۲۹
تعداد گله-سال زایش	۱۵۱۹	۱۴۶۳



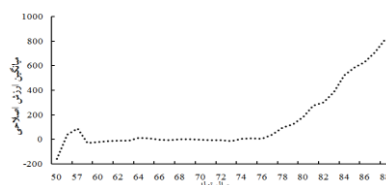
شکل ۱- وراثت‌پذیری مقدار شیر و درصد چربی در تابعی از روزهای شیردهی



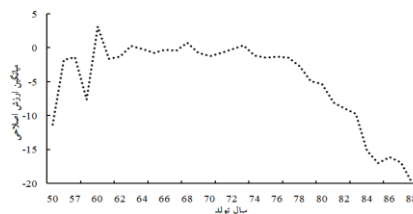
شکل ۲- واریانس‌های ژنتیک افزایشی و محیط دائمی شیر در تابعی از روزهای شیردهی



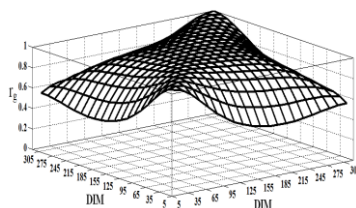
شکل ۳- واریانس‌های ژنتیک افزایشی و محیط دائمی درصد چربی در تابعی از روزهای شیردهی



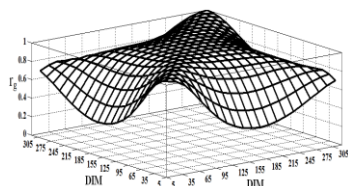
شکل ۴- روند ژنتیکی تولید شیر بر اساس سال تولد حیوانات



شکل ۵- روند ژنتیکی درصد چربی بر اساس سال تولد حیوانات



شکل ۶- همبستگی ژنتیکی افزایشی (rg) صفت تولید شیر در تابعی از روزهای شیردهی (DIM)



شکل ۷- همبستگی ژنتیکی افزایشی صفت درصد چربی در تابعی از روزهای شیردهی (DIM)



مقایسه برخی مدل‌های مورد استفاده در این تحقیق در جدول ۲ ارائه شده است. با توجه به نتایج بدست آمده مشخص شد با افزایش درجه برازش چند جمله‌ای دقت عملکرد مدل‌های مورد استفاده افزایش می‌یابد. مقادیر معیارهای مقایسه با افزایش درجه چند جمله‌ای لژاندر کاهش یافته و بنابراین چند جمله‌ای لژاندر درجه ۵ برای برازش پارامترهای ژنتیکی صفات مورد بررسی به عنوان بهترین چند جمله‌ای معرفی شد (۴).

جدول ۲- مقایسه برخی چند جمله‌ای‌های لژاندر در مدل رگرسیون تصادفی برای صفات تولید شیر و درصد چربی

درصد چربی			تولید شیر			صفت	
BIC	-2logL	AIC	BIC	-2logL	AIC	لژاندر	پارامتر
۱۷۸۶۵۶۲/۱۳۱	۱۷۸۶۴۸۶/۶۴۲	۱۷۸۶۵۱۲/۶۴۲	۴۵۵۹۸۵۶/۹۸۱	۴۵۵۹۷۸۰/۴۹۲	۴۵۵۹۸۰۶/۴۹۲	۱۳	۳,۳
۱۷۴۶۰۹۷/۲۵۵	۱۷۴۵۹۷۶/۳۱۲	۱۷۴۶۰۱۸/۳۱۲	۴۵۵۵۰۹۶/۱۰۹	۴۵۵۴۹۷۳/۵۶۲	۴۵۵۵۰۱۵/۵۶۲	۲۱	۴,۴
۱۷۲۳۷۹۲/۶۷۱	۱۷۲۳۶۱۲/۶۶۰	۱۷۲۳۶۷۴/۶۶۰	۴۵۴۷۵۹۴/۵۱۸	۴۵۴۷۴۱۳/۶۱۵	۴۵۴۷۴۷۵/۶۱۵	۳۱	۵,۵

منابع

۱. رفیعی، ف.، امام جمعه، ن. و ننه کرانی، ش. ۱۳۸۶. کاربرد مدل‌های خطی در پیش بینی ارزش ارشی حیوانات. ویرایش دوم. ترجمه (مروود، ۲۰۰۵). انتشارات حق شناس.
2. Abdollahpour R, Moradi S M, 2011. Genetic analysis of daily milk, fat percentage and protein percentage of Iranian first lactation Holstein cattle. World Applied Sciences Journal, 10: 1040-1046.
3. Biassus L D O, Cobuci J A, Costa C N, Rorato P R N, Neto J B, Cardoso L L. 2011. Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models Genetic parameters for production traits in primiparous Holstein cows estimated by random regression models. Journal Revista Brasileira de Zootecnia, 40: 85-94.
4. Costa N C, Melo C M R D, Pakcer I U A F D, Teixeira N M, Cobuci J A. 2008. Genetic parameters for test day milk yield of first lactation Holstein cows estimated by random regression using Legendre polynomials. Revist Brasileira de Zootecnia, 37: 602-608.
5. Jamrozik, J., Schaeffer, L.R. & Dekkers, J.C.M, 1997. Genetic Evaluation of Dairy Cattle Using Test Day Yields and Random Regression Model. Journal Genetics and Breeding. 80: 1217-1226.
6. Jensen J. 2001. Genetic Evaluation of Dairy Cattle Using Test-Day Models. Journal Dairy Science, 84: 2803-2812.
7. Krikpatric M, Lofsvold D, Bulmer M. 1990. Analysis of the inheritance, selection and evaluation of growth trajectories. Journal Genetics Society of America, 124:979-993.
8. Schaeffer L R. 2004. Application of random regression models in animal breeding. Journal Livestock Production Science, 86: 35-45.
9. Shadparvar A A, Yazdanshenas M S. 2005. Genetic parameters of milk yield and milk fat percentage test day records of Iranian Holstein cows. Journal Animal Science, 9:1231-1236.



Estimation of genetic parameters for milk yield test day records by random regression model of Iranian Holstein dairy cattle

Ali Mohammadi^{*1}, Sadegh Alijani², Abbas Rafat², Mehdi Buhloli¹, Meysam Latify¹

1-MSc student of Animal Breeding and Genetics, Tabriz University

2- Members of scientific boards, department of Animal Breeding and Genetics, Tabriz University, Iran

*Corresponding E-mail address: alimohamadi36@gmail.com

Abstract

The objective of this research was to estimate genetic parameters for milk yield and fat percentage of Iranian Holstein dairy cattle using 701212 and 657004 test-day records from 199903 and 190726 cows for traits considered respectively. Records relating to the 2006 to 2010 years, collected by Karaj breeding center used. The additive genetic and permanent environmental effects were estimated using method REML. Random regression model with

Legendre polynomials from order 3 to 6 were used. Residual variances were considered homogeneous over the lactation period. The heritability estimates ranged from 0.09 to 0.21 and 0.06 to 0.17 for milk yield and fat percentage, respectively. For traits considered, the genetic additive and permanent environment variances was large at the beginning and lower than in middle and end of the lactation. Generally, The permanent environment variance was estimated larger than genetic variances throughout the lactation. Genetic trend of milk yield has increased during the 10 years ago, while the genetic trend for fat percentage declined as a result of correlated negative response to genetic selection for milk. Was estimated Genetic correlation between different day's lactation in the range 0.45 to 1 and 0.32 to 1 for milk yield and fat percentage, respectively. Legendre polynomials order 5, were proposed for fitting additive genetic and permanent environment effects for the milk yield and fat percentage traits.

Key word: Dairy cattle - Heritability - Genetic trend - Genetic correlation



در گاو هلشتاین Hph1 لپتین با استفاده از نشانگر آنزیمی شناسایی چند شکلی ژنتیکی در اگزون ۳ ژن

آرزو قربانی^{*}، حسن حافظیان، قدرت رحیمی

دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی ساری

arezu_ghorbani@yahoo.com^{*}

چکیده

به منظور شناسایی چند شکلی ژن لپتین از تعداد ۱۰۰ راس گاو نژاد هلشتاین ایران خون گیری به عمل آمد. استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته^{۱۶۸} و تکثیر یک قطعه ۳۳۱ جفت بازی از ناحیه اگزون ۳ توسط واکنش زنجیره‌ای پلی مرز (PCR) با استفاده از یک جفت پرایمر اختصاصی صورت گرفت. تعیین ژنوتیپ هر یک از نمونه ها با استفاده از آنزیم برشی HphI انجام شد. در پژوهش حاضر برای این ژن در جایگاه مورد مطالعه دو آلل C و T به ترتیب با فراوانی ۰/۷۲ و ۰/۲۸ و دو ژنوتیپ CC و TT با فراوانی هر یک به ترتیب ۰/۴۴ و ۰/۵۶ مشاهده شد. ژنوتیپ هموزیگوت TT در این مطالعه مشاهده نشد.

کلمات کلیدی: ژن لپتین - گاو هلشتاین - آنزیم برشی Hph1

مقدمه

ژن لپتین را می توان از ژن های بزرگ اثری^{۱۶۹} دانست که صفات تولیدی متعددی از جمله صفات مربوط به لاشه و صفات تولید مثلی را تحت تاثیر قرار می دهد (۶). فعالیت بیولوژیکی لپتین در بافت های مختلف از طریق اتصال به گیرنده های اختصاصی آن انجام می شود که در بافت های مختلف به شکل های گوناگون حضور دارند (۴). ژن لپتین در کروموزوم شماره ۴ گاو واقع شده است و طول این ژن حدود ۴۰۶۷ جفت باز می باشد و دارای ۳ اگزون و ۲ اینترون است که اگزون ۱ آن برای تولید پروتئین ترجمه نمی شود. مکان کنترل کننده صفات کمی (QTL) برای صفات تولید شیر در ۸۲٫۸ سانتی مورگان و درصد چربی و پروتئین شیر در ۷۵ و ۹۵ سانتی مورگان ژن لپتین مکان یابی شده است (۱). در مطالعه ای اثر چند شکلی قطعات حاصل از هضم در نقاط اینترون ۲، اگزون ۳ و اگزون ۲ به ترتیب با استفاده از آنزیم های HphI، Sau3AI و Kpn2I در ژن لپتین در ۱۳۰ گاو سیاه و سفید لهستانی بررسی شد. بررسی ها نشان داد چند شکلی مربوط به اگزون ۳ اثر مهمی روی تولید شیر و پروتئین دارد. ارزش ارثی حیوانات با ژنوتیپ TT در ناحیه اگزون سه، برای تولید شیر و پروتئین تقریباً دو برابر برآورد شد، اما هیچ اثری برای دو ژنوتیپ دیگر در این جایگاه پیدا نشد (۵). در یک آزمایش که در سال ۲۰۱۰ انجام شد، اثر چند شکلی ژن لپتین روی صفات عملکردی که شامل شمار سلول های سوماتیک در شیر، طول عمر و صفات تولید مثلی است در گاو های لهستانی هلشتاین_فرزین بررسی شد. چهار چند شکلی در ژن لپتین با استفاده از روش-PCR RFLP شناسایی شدند که ژنوتیپ های LEP-A80V و LEP-C(-963)T، LEP-Y7F، LEP-R25C به ترتیب در ناحیه اگزون ۲، اگزون ۲، پروموتور و اگزون ۳ آشکار شدند. نتایج نشان داد که پلی مورفیسم ژن LEP-Y7F تاثیر بر صفات مورد نظر نداشت (۲). با توجه به گزارشات و اهمیت جایگاه مورد مطالعه در صنعت دامپروری، هدف از این پژوهش شناسایی فرم های مختلف آللی در ناحیه اگزون ۳ ژن لپتین با استفاده از نشانگر آنزیمی HphI در گاو هلشتاین بود.

مواد و روش ها

¹⁶⁸ Modified salting out method

¹⁶⁹ Major gene



نمونه برداری و استخراج DNA

در این پژوهش از ۱۰۰ راس گاو هلشتاین استان مازندران خونگیری به عمل آمد. جهت استخراج DNA از ۵ تا ۱۰ سی سی خون و جهت جلوگیری از انعقاد خون از محلول EDTA به نسبت ۱ به ۱۰ استفاده شد. نمونه ها بلافاصله با حفظ شرایط زنجیره سرد به آزمایشگاه ژنتیک مولکولی دانشگاه علوم کشاورزی ساری منتقل و تا زمان استخراج DNA در دمای ۴ درجه سانتی گراد نگهداری شدند. جهت استخراج DNA از رویه استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته و برای تعیین ویژگی های کمی و کیفی DNA از الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد.

واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR)

در این مطالعه ناحیه اگزون ۳ از جایگاه ژنی لپتین انتخاب و با یک جفت پرایمر اختصاصی قطعه ای به طول ۳۳۱ جفت باز (جدول ۱) تکثیر شد.

جدول شماره ۱: آغازگرهای اختصاصی مورد استفاده برای ناحیه اگزون ۳ ژن لپتین

منبع	اندازه قطعه تکثیری	توالی آغازگر (۵' - ۳')	موقعیت	نام جایگاه ژنی
۵	۳۳۱ جفت باز	F: 5'- GGG AAGG GCAGAAAGATAG - 3' R: 5'- TGGCAGACTGTTGAGGATC -3'	اگزون ۳	LEP

واکنش زنجیره ای پلی مرز در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ۲/۵ میکرولیتر بافر PCR (10x)، ۰/۵ میکرولیتر dNTPs، ۰/۲ میکرولیتر Taq polymerase، ۱/۵ میکرولیتر DNA و ۱ میکرولیتر $MgCl_2$ که در نهایت با آب مقطر به حجم ۲۵ میکرولیتر رسیده است، انجام گرفت. سپس چرخه های PCR با برنامه حرارتی شامل: ۹۴ درجه سانتی گراد جهت واسرشت اولیه DNA به مدت ۳۰۰ ثانیه، واسرشت ثانویه در دمای ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، دمای ۵۹ درجه سانتی گراد جهت اتصال پرایمرها به مدت ۳۳ ثانیه، دمای ۷۲ درجه سانتی گراد جهت تکثیر آغازگرها به مدت ۴۵ ثانیه به تعداد ۳۳ سیکل و تکثیر نهائی به مدت ۳۰۰ ثانیه در ۷۲ درجه سانتی گراد انجام شد. جهت تعیین کیفیت محصول PCR از ژل آگارز ۳ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید و برای آزمون صحت اندازه قطعه تکثیری از نشانگر وزنی M100 شرکت فرمتاز استفاده شد.

تعیین ژنوتیپ

برای تفکیک آلی و تعیین ژنوتیپ هر حیوان از تکنیک PCR-RFLP و الکتروفورز ژل آگارز استفاده شد. بعد از هضم آنزیمی نمونه ها توسط آنزیم HphI، برای مشاهده باند ها از الکتروفورز ژل پلی اکریل آمید ۱۰٪ و رنگ آمیزی با نیترا نقره استفاده شد. اگر آنزیم اختصاصی جایگاه برش داشته باشد در اثر برش دو قطعه ۳۱۱ و ۲۰ جفت بازی ایجاد میشود که آل A نامیده شد. در صورت عدم وجود جایگاه برش قطعه ۳۳۱ جفت بازی ایجاد شده که آل T نامیده شد.

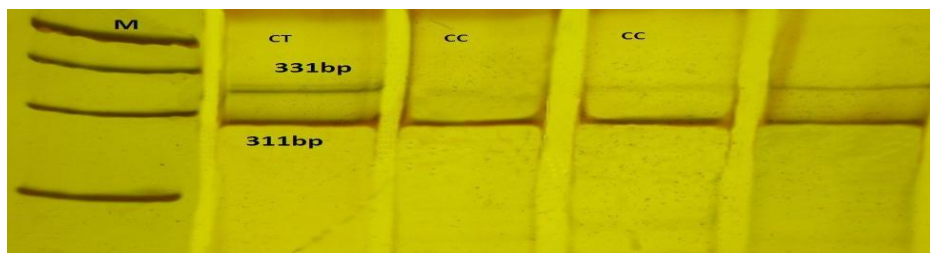
نتایج و بحث

در این پژوهش با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی، قطعه مورد نظر از جایگاه ژنی لپتین شامل ناحیه اگزون ۳ به طول ۳۳۱ جفت باز تکثیر شد. نمونه ای از محصولات PCR تکثیر شده در شکل ۱ آمده است.



شکل ۱- نمونه هایی از محصولات PCR ژن لپتین به طول ۳۳۱ جفت باز، M (نشانگر وزن مولکولی ۱۰۰ جفت بازی از شرکت فرمنتاز)

اگر در ناحیه اگزون ۳ جایگاه ژن لپتین (قطعه ۳۳۱ جفت بازی) جایگاه آنزیم HphI وجود داشته باشد در اثر برش آنزیم سه قطعه ۳۳۱ و ۳۱۱ و ۲۰ جفت بازی تولید می شود. قطعه ۲۰ جفت بازی به دلیل اندازه کوچک و درصد پایین ژل آگارز قابل مشاهده نبود. در شکل ۲ همه نمونه های مورد مطالعه در این جایگاه ژنی شامل دو آلل C و T و دو ژنوتیپ CT و TT نشان داده شده است. در این جایگاه دو آلل C و T به ترتیب با فراوانی ۰/۷۲ و ۰/۲۸ و دو ژنوتیپ CC و CT با فراوانی هر یک به ترتیب ۰/۴۴ و ۰/۵۶ مشاهده شد.



شکل ۲- محصولات حاصل از هضم با قطعه تکثیر با آنزیم HphI، M: نشانگر وزن مولکولی ۱۰۰ جفت بازی از شرکت فرمنتاز)

در بررسی که توسط کولیگ و همکاران در سال ۲۰۰۹ انجام شد، همبستگی بین چند شکلی ژن لپتین و سلول های سوماتیک در شیر گاوهای جرسی مورد ارزیابی قرار گرفت، در مجموع ۱۸۱ گاو جرسی در این تحقیق استفاده شدند، که ۳ پلی مورفیسم تک نوکلئوتید^{۱۷۰} SNP با استفاده از روش PCR-RFLP شناسایی شد. چند شکلی R4C، در اگزون ۲، چند شکلی SAU3AI در اینترون ۲ و چند شکلی A59V در اگزون ۳ ردیابی شد. آنالیز آماری نشان داد که چند شکلی R4C و SAU3AI به طور مشخص بر شمار سلول های سوماتیک اثر داشتند هم چنین همبستگی بین چند شکلی A59V با SCC در این مطالعه یافت نشد. نتایج نشان داد که انتخاب حیوانات برای ژنوتیپ R4C در جایگاه CC و ژنوتیپ TT در جایگاه SAU3A ممکن است به کاهش سلول های سوماتیک شیر در گاو های جرسی کمک کند (۳). در مطالعه ای اثر چند شکلی قطعات حاصل از هضم در نقاط اینترون ۲، اگزون ۳ و اگزون ۲ به ترتیب با استفاده از آنزیم های HphI، Sau3AI، و Kpn2I در ژن لپتین در ۱۳۰ گاو سیاه و سفید لهستانی بررسی شد. بررسی ها نشان داد چند شکلی HphI اثر مهم روی تولید شیر و پروتئین دارد. ارزش ارثی حیوانات با ژنوتیپ TT در ناحیه اگزون سه، برای تولید شیر و پروتئین تقریباً دو برابر برآورد شد، اما هیچ اثری برای دو چند شکلی دیگر این جایگاه پیدا نشد (۵). نتایج پژوهش نشان داد که نشانگر HphI قادر به شناسایی فرم های مختلف آللی در جایگاه مورد نظر در ژن لپتین می باشد. ژنوتیپ هموزیگوس TT در این مطالعه مشاهده نشد.

¹⁷⁰ Single nucleotide polymorphism



۱. جوانمرد آ. ۱۳۸۵. بررسی چند شکلی موجود در ناحیه اینترون دو ژن لپتین گاو نژاد سرابی. پژوهش و سازندگی در امور دام و آبزیان. مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی اذربایجان شرقی
2. Jolanta, k. 2010. Impact of LEP and LEPR gene polymorphisms on functional traits in Polish Holstein- Friesian cattle. *Animal Science*, 28:133-141
3. Kulig, H., Kmiec, M., Wojdak-Maksymiec, K. 2010. Associations between Leptin gene polymorphisms and somatic cell count in milk of Jersey cows. *Genetics and Animal Breeding*, 79: 237-242
4. Liefers, SC., Veerkamp, RF., Pas, MFW., Delavaud, C., Chilliard, Y and Vander Lent, T. 2004. A missense mutation in the bovine leptin receptor gene is associate with leptin concentrations during late pregnancy. *Animal sciences*, 35, 138-141
5. Liefers, SC., Tepas, MFW., Veerkamp, RF and Vander Lent, T. 2002. Association between Leptin gene polymorphism and production, live weight, energy balance, feed intake, and fertility in Holstein heifers. *Dairy Science*, 85: 1633-1638
6. Madeja, T., Adamowicz, A., Chmurzynska, T., Jankowski, J., Melonek, MS and Stabl, T. 2004. effect of leptin gene polymorphism on breeding Value for Milk Production Traits. *Dairy science*, 87:3925-3927.
7. Tartaglia, LA., Dembski, M., Weng, X., Deng, N., Culpepper, J and Devos, R. 1997. Identification and expression cloning of a leptin receptor. *Journal of Biological Chemistry*, 995;83(7):1263-71.

3 of leptin gene by using enzyme marker Detection of genetic polymorphism in exon Hph1 in Holstein cattle

Abstract

In order to identify the leptin gene polymorphism blood samples were collected from 100 Holstein cattle. DNA was extracted using modified salting out method. A DNA fragment with the length of 331bp from part of exon 3 of leptin gene was amplified by polymerase chain reaction (PCR) using specific primer pairs. Genotyping of each sample was performed using restriction enzyme HphI. . Two alleles of C and T with the frequency of 0.74 and 0.26 and two genotypes of CC and CT with the frequency of 0.48 and 0.52, respectively were observed. But no homozygous TT genotype was observed.

Key words: Leptin- Holstein cattle- Hph1 restriction enzyme.



برآورد مولفه‌های واریانس صفت چندقلوزایی گوسفندماکویی با استفاده از مدل تک‌متغیره و روش نمونه‌برداری گیبس

سیدامین مرتضوی^{۱*}، صادق علیجانی^۲ و سیدعباس رافت^۳، میثم لطیفی^۴

۳ - دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام، دانشگاه تبریز

۴ - عضو هیات علمی گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

* نویسنده مسئول: سیدامین مرتضوی، آدرس ایمیل aminmrt@hotmail.com

چکیده

داده‌های مورد استفاده در این تحقیق شامل ۹۲۴۳ رکورد چندقلوزایی حاصل از چهار شکم زایش اول گوسفندان نژاد ماکویی بود که طی سالهای ۱۳۷۳ تا ۱۳۹۰ توسط ایستگاه اصلاح نژاد گوسفندان ماکویی شهرستان ماکوی ارومیه جمع‌آوری گردید. مدل آماری مورد استفاده برای آنالیز صفت چندقلوزایی یک مدل آستانه‌ای تک‌متغیره بود که در آن اثرات ثابت سال‌زایش و اثر گله گنجانده شده بود. برآورد بیزی مولفه‌های واریانس ژنتیکی و محیطی توسط نرم‌افزار THRGIBBS1F90 حاصل شد. میانگین پسین واریانس افزایشی در شکم‌های زایش اول، دوم، سوم و چهارم به ترتیب برابر با ۰/۰۰۸، ۰/۰۰۴، ۰/۰۰۹ و ۰/۰۲۴ و برای وراثت‌پذیری آن در شکم‌های مزبور به ترتیب مقادیر ۰/۱، ۰/۰۵۱، ۰/۰۸۶ و ۰/۳۱۳ بدست آمد. واژگان کلیدی: گوسفند ماکویی - چندقلوزایی - نمونه‌گیری گیبس - مدل آستانه‌ای تک‌متغیره.

مقدمه

افزایش روزافزون تقاضا برای گوشت باعث شده تا نیاز به تولید گوشت به ازای هر راس دام بیش از پیش احساس شود. در این میان بهترین روش برای افزایش تولید گوشت که از بازدهی و پایداری برخوردار باشد، روش اصلاح ژنتیکی است. چندقلوزایی درمیش مهمترین معیار انتخاب برای پیشرفت ژنتیکی صفت تولید گوشت است. برنامه‌های اصلاح ژنتیکی کارآمد بر پایه‌ی پارامترهای ژنتیکی برآوردشده استوار هستند (۴). برای ایجاد برنامه‌های اصلاحی موفق برای میش‌ها می‌بایست علاوه بر در نظر گرفتن صفات رشد و لاشه صفات مادری را همچون صفات تولیدمثلی نیز مدنظر داشت (۶). اما در برنامه‌های بهبود ژنتیکی گوسفندان، برای صفات تولیدمثلی به دلیل داشتن وراثت‌پذیری پایین، فنوتیپ گسسته و محدود به جنس بودن، انتخاب صورت نمی‌گیرد. بنابراین شدت انتخاب برای این صفات پایین بوده و میزان پیشرفت ژنتیکی در هر نسل کم است (۴). برای داشتن بیشترین پیشرفت ژنتیکی باید پارامترهای ژنتیکی صفت چندقلوزایی را با بهترین مدل آماری و بالاترین دقت و صحت محاسبه کرد. فاکتورهای مهمی که می‌بایست در تحلیل ژنتیکی صفت چندقلوزایی مدنظر داشت این است که صفت چندقلوزایی علاوه بر داشتن حالت دسته‌بندی شده، در هر شکم تاحدودی توسط ژنهای متفاوتی کنترل می‌شود، در نتیجه برای برآورد دقیق و صحیح مولفه‌های واریانس می‌بایست، علاوه بر آنالیز این صفت با مدل‌های آستانه‌ای، هر شکم زایش را نیز باید به عنوان صفات جداگانه‌ای در نظر گرفت (۶). بنابراین هدف از این تحقیق تحلیل بیزی صفت چندقلوزایی در گوسفندان نژاد ماکویی با مدل آستانه‌ای تک‌متغیره است.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه برای برآورد اجزای واریانس صفت چندقلوزایی در گوسفند نژاد ماکویی از مدل آستانه‌ای تک‌متغیره و از ۵۴۵۸ رکورد چندقلوزایی شکم زایش اول، ۲۴۴۳ رکورد شکم دوم، ۹۳۳ رکورد شکم سوم و ۴۰۹ رکورد از شکم چهارم



استفاده شد. رکوردها از سال ۱۳۷۳ تا ۱۳۹۰ جمع آوری شده بودند. نرم افزارهای SAS 9.1 برای تعیین معنی داری عوامل محیطی موثر بر صفت چندقلو زایی و نرم افزار THRGIBBS1F90 برای برآورد پارامترهای ژنتیکی این صفت با مدل آستانه‌ای و به روش بیزی مورد استفاده قرار گرفتند. در این آنالیز هر شکم زایش خود به عنوان یک صفت جداگانه در نظر گرفته شد. توزیع پیشین تخت برای اثرات ثابت، توزیع پیشین نرمال چندمتغیره برای اثرات ژنتیکی افزایشی و توزیع ویشارت معکوس برای مولفه‌های واریانس در نظر گرفته شدند. برای تحلیل صفت چندقلو زایی به روش بیزی ۲۰۰۰۰۰ سیکل محاسباتی و فاصله‌ی بین دوره نمونه‌گیری ۱۰۰ در نظر گرفته شد. ۱۰۰۰۰ نمونه‌ی اولی به عنوان دوره‌های سوخته حذف شدند. با استفاده از روش نمونه‌گیری گیبس میانگین توزیع پسین حاشیه‌ای پارامترهای ژنتیکی صفت چندقلو زایی برآورد شدند. و از نمونه‌های ذخیره شده برای رسم نمودارهای توزیع پسین استفاده شد. برای هر کدام از شکم‌های زایش، مدل حیوانی زیر به عنوان مدل مورد استفاده برای آنالیز صفت چندقلو زایی استفاده شد.

$$Y = Xb + Zu + e \quad \{1\}$$

Y ، متغیرنامبری پیوسته مشاهده شده برای صفت چندقلو زایی با نقطه‌ی آستانه‌ای t_1 که این نقطه بین متغیرنامبری و دو گروه چندقلو زایی رابطه برقرار می‌کند، b بردار اثرات ثابت، u بردار اثرات افزایشی، e اثرات تصادفی باقیمانده، X و Z هم به ترتیب ماتریس‌های مرتبط با بردارهای b و u هستند.

نتایج و بحث

تعداد کل حیوانات استفاده شده در این تحقیق ۴۰۷۸۳، تعداد کل نرها ۶۸۲، تعداد کل ماده‌ها ۱۴۹۶۸ و از مجموع حیوانات ۱۵۶۵۰ حیوان دارای نتاج بودند. در جدول ۱ آمار توصیفی صفت چندقلو زایی شکم‌های زایش مختلف در گوسفندان نژاد ماکویی نشان داده شده است.

جدول یک - آمار توصیفی صفت چندقلو زایی در گوسفندان نژاد ماکویی در شکم‌های مختلف زایش

شکم زایش	تعداد کل	تک قلوزا	دوقلوزا	میانگین	واریانس	انحراف معیار	ضریب تغییرات
شکم ۱	۵۴۵۸	۴۹۹۷	۴۶۱	۱/۰۸	۰/۰۸	۰/۲۸	۲۶/۱۷
شکم ۲	۲۴۴۳	۲۲۲۹	۲۱۴	۱/۰۸	۰/۰۸	۰/۲۸	۲۶/۱۷
شکم ۳	۹۳۳	۸۱۸	۱۱۵	۱/۱۲	۰/۱۱	۰/۳۳	۲۹/۶۵
شکم ۴	۴۰۹	۳۶۸	۴۱	۱/۱۰	۰/۰۹	۰/۳۰	۲۷/۳۲
تعداد کل یا میانگین	۹۲۴۳	۸۴۱۲	۸۳۱	۱/۰۹	۰/۰۹	۰/۲۹	۲۷/۳۲

اثرات ثابت موثر بر صفت چندقلو زایی توسط رویه‌ی LOGISTIC نرم افزار SAS 9.1 در سطح ($P < 0.05$) مورد آزمون قرار گرفتند و تنها اثرات گله و سال تولد معنی دار شدند. نتایج برآورد واریانس ژنتیکی مستقیم σ_a^2 ، واریانس خطا σ_e^2 ، واریانس فنوتیپی σ_p^2 ، وراثت‌پذیری مستقیم h_a^2 در جدول ۲ نشان داده شده است.



جدول ۲- برآورد مولفه‌های واریانس صفت چندقلوزایی در شکم‌های زایش مختلف گوسفندان ماکویی با مدل آستانه‌ای تک متغیره

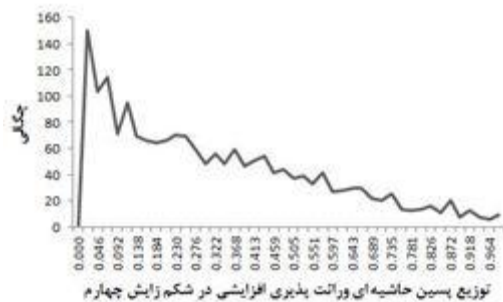
شکم زایش	σ_a^2	σ_p^2	σ_e^2	h_a^2
شکم ۱	۰/۰۰۸	۰/۰۶۹	۰/۰۷۶	۰/۱ ± ۰/۰۳۶
شکم ۲	۰/۰۰۴	۰/۰۷۳	۰/۰۷۷	۰/۰۵۱ ± ۰/۰۲۲
شکم ۳	۰/۰۰۹	۰/۰۹۷	۰/۱۰۶	۰/۰۸۶ ± ۰/۰۷۳
شکم ۴	۰/۰۲۴	۰/۰۵۴	۰/۰۷۸	۰/۳۱۳ ± ۰/۱۸۵

توضیحات: σ_a^2 = واریانس ژنتیکی افزایشی، σ_p^2 = واریانس باقیمانده، σ_e^2 = واریانس فنوتیپی، h_a^2 = وراثت پذیری افزایشی.

در این تحقیق مولفه‌های واریانس افزایشی و فنوتیپی ناچیز برآورد شدند. مقادیر واریانس افزایشی در گوسفند نژاد مرینو ترکی (۳) ۰/۰۱۲ و در نژاد ریپولسا (۲) ۰/۱۷ گزارش شده است. مقادیر واریانس افزایشی برآورد شده در این تحقیق در شکم-های مختلف زایش از ۰/۰۰۴ در شکم زایش دوم تا ۰/۰۲۴ در شکم زایش چهارم برآورد گردید. مقدار وراثت‌پذیری‌های گزارش شده برای صفت چندقلوزایی در نژادهای ریپولسا (۲) ۰/۱۳، مرینو ترکی (۳) ۰/۰۵۳۳ و در نژاد بلوچی (۹) در شکم زایش‌های مختلف بین ۰/۲۹-۰/۳۷ گزارش شده است. مقدار وراثت‌پذیری مستقیم در این تحقیق در شکم‌های مختلف از کمترین مقدار ۰/۰۵۱ در شکم زایش دوم تا ۰/۳۱۳ در شکم زایش چهارم برآورد گردید که در دامنه‌ی گزارشات این محققین می‌باشد در شکل یک نمودار توزیع پسین حاشیه‌ای وراثت‌پذیری صفت چندقلوزایی در شکم زایش‌های مختلف نشان داده شده است. همان‌طور که مشاهده می‌شود میانگین توزیع پسین وراثت‌پذیری برای شکم اول ۰/۱ و برای شکم‌های دوم، سوم و چهارم به ترتیب مقادیر ۰/۰۵۱، ۰/۰۸۶ و ۰/۳۱۳ برآورد شدند. میانگین پسین وراثت‌پذیری افزایشی از شکم اول تا دوم کاهش یافت و سپس همین مولفه تا شکم زایش چهارم روندی صعودی داشتند، که این روند می‌تواند به دلیل ساختار خاص رکوردهای تولیدمثلی در این نژاد باشد. چون در هر شکم زایش مختلف عوامل ژنتیکی و محیطی تاثیرگذار وجود دارد (۶) توصیه می‌شود برای برآورد دقیق و صحیح پارامترهای ژنتیکی صفت چندقلوزایی، هر شکم زایش را به عنوان صفات جداگانه‌ای در نظر گرفت.

شکل ۴- نمودارهای توزیع پسین حاشیه‌ای وراثت‌پذیری افزایشی صفت چندقلوزایی در شکم‌های مختلف





منابع

۱. علی پور، ط.، وطن خواه، م.، و میرزایی، ح. ر. ۱۳۸۶. مطالعه عملکرد و برآورد فرآیندهای ژنتیکی صفات تولیدمثلی گوسفند لری بختیاری ایستگاه شولی با استفاده از مدل های خطی و آستانه ای. مجله پژوهش و سازندگی،

۱۳۲-۱۲۶، ۷۶

2. Cassellas, J., Caja, J., Ferret, A., & Piedrafita, J. 2007. Analysis of litter size and days to lambing in the Ripollesa ewe. II. Estimation of variance components and response to phenotypic selection on litter size. J. Anim. Sci, 85, 625-631.
3. Ekiz, B., Ozcan, M., & Yilmaz, A. 2005. Estimation of phenotypic and genetic parameters for ewe productivity traits of Turkish merino (karacabey merino) Turk, J. Vet. Anim. Sci, 29, 557-564.
4. Forgarty, N., Dickerson, M, G, E., & Young, L, D. 1985. Lamb production and its components in pure breeds and composite lines. III. genetic parameters. J. Anim. Sci, 60-40.
5. Ghavi Hosseini-Zadeh, N. and Ardalan, M. 2010. Estimation of genetic parameters for body weight traits and litter size of Moghani sheep, using a Bayesian approach via Gibbs sampling. Journal of Agricultural Science. 148: 363-370.
6. Mekkiawy, W., Roehe, R., Lewis, R, M., Davis, M. H., Bunger, I., Simm, G., & Hareisign, W. 2010. Comparison of repeatability and multiple trait threshold models in sheep using observed and simulated data in Bayesian analyses. J. Anim Breed and Genet, 127, 261-271.
7. Noguera, J, L., Varona, L., Babot, D., & Estany, J. 2002. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: I. Bayesian variance component estimation. J. Anim. Sci, 80, 2540-2547.
8. Roehe, R., & Kennedy, B, W. 1995. Estimation of genetic parameters for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine with each parity of farrowing treated as a different trait. J. Anim. Sci, 73, 2959-2970.
9. Yazdi, M, H., Johansson, K., Gates, P., Nasholm, A., Jorjani, H., & Liljedahl, L, E. (1999). Bayesian analysis of birth weight and litter size in Baluchi sheep using Gibbs sampling. J. Anim. Sci, 77: 533-540.

Estimation of variance components of litter size in Makui sheep using univariate models and Gibbs sampling

Amin mortazavi^{1*}, Sadegh Alijani², Abbas Rafat², Mysam Latify¹
^{1,2} Department of genetic and animal breeding, Tabriz University, Iran
* Corresponding E-mail address: aminmrt@hotmail.com

Abstract:

The data used in this research were comprised of 9243 records of litter size in the first four parities of Makui sheep. The data were collected within years 1373 to 1390 from breeding station of Makui sheep, Urumia, to estimate additive genetic variation. A Bayesian estimate of variance components was obtained by THRGIBBS1F90 software. A Univariate threshold animal model was adopted for fixed effects consist of year birth and herd. Posterior means of the additive genetic variances of litter size in parities 1, 2, 3 & 4 were 0.008, 0.004, 0.009 & 0.024 respectively. And also estimated heritability for litter size trait in parities 1 to 4 was as 0.1, 0.051, 0.086 & 0.313 respectively.

Keywords: Makui sheep- litter size- Threshold Univariate model- Gibbs sampling.



تنوع ژنتیکی جایگاه اگزون دوم ژن MHC-DRB1 در گوسفندان نژاد ماکوئی

فرشته اشرفی^{۱*}، علی هاشمی^۲، کریم مردانی^۳، کاوه خاکپور^۱

۱- کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه ارومیه، ۲- استادیار دانشکده کشاورزی گروه علوم دامی دانشگاه

ارومیه، ۳- دانشیار گروه بهداشت و کنترل مواد غذایی دانشکده دامپزشکی دانشگاه ارومیه

* نویسنده مسئول: fereshtehashrafi@ymail.com

چکیده

در مطالعه حاضر برای شناسایی چندشکلی ناحیه اگزون ۲ ژن MHC (مجتمع اصلی سازگاری بافتی) در جمعیت گوسفندان نژاد ماکویی مرکز پرورش و اصلاح نژاد استان آذربایجان غربی، از تعداد ۹۰ گوسفند خونگیری انجام گرفت. DNA ژنومی از نمونه‌های خون استخراج گردید و قطعه‌ای به اندازه ۲۷۹ جفت باز از ناحیه اگزون ۲ ژن MHC با استفاده از واکنش زنجیره ای پلی‌مراز تکثیر شده و محصولات PCR بدست آمده به وسیله آنزیم برشی RsaI هضم شدند و بر روی ژل آگارز ۲ درصد الکتروفورز گردیدند. نتایج بدست آمده حاکی از وجود ۱۰ نوع آلل A, B, E, F, I, M, O, P, Q و V در این جایگاه بود که فراوانی آنها در کل جمعیت به ترتیب ۴۷/۵۶، ۹/۷۶، ۱/۸۳، ۳/۶۶، ۵/۴۹، ۱/۲۲، ۱۰/۹۸، ۹/۱۵، ۸/۵۴ و ۱/۸۳ محاسبه شد و تعداد ۱۸ ترکیب ژنوتیپی AA, AB, AE, AF, AM, BO, EO, IO, AP, OM, BP, OP, PP, AQ, OQ, PQ، AV و QQ شناسایی شدند که فراوانی ژنوتیپی محاسبه شده آنها در جمعیت به ترتیب برابر ۳۱/۷۰، ۱۵/۸۵، ۱/۲۱، ۳/۶۵، ۱/۲۱، ۲/۴۳، ۲/۴۳، ۱۰/۹۷، ۱/۲۱، ۴/۸۷، ۱/۲۱، ۴/۸۷، ۱/۲۱، ۳/۶۵، ۳/۶۵، ۴/۸۷، ۳/۶۵ بدست آمد. شاخص هتروزیگوتی و تعداد آلل مؤثر برای این جایگاه به ترتیب ۰/۷۳۱۴ و ۳/۷۲ بدست آمد. آزمون کای اسکوار برای گوسفندان ماکویی مرکز پرورش و اصلاح نژاد استان آذربایجان غربی نشان داد که جامعه در تعادل هاردی-واینبرگ قرار ندارد. بر اساس نتایج بدست آمده می‌توان نتیجه‌گیری نمود که ژنوتیپ‌های لوکوس مورد مطالعه تحت تأثیر عوامل تغییر دهنده مانند انتخاب، جهش و یا مهاجرت بوده است.

واژگان کلیدی: مجتمع اصلی سازگاری بافتی - چند شکلی - گوسفند ماکویی - PCR-RFLP.



مقدمه

ناحیه ژنتیکی MHC که دانشمندان امروزه به عنوان مجتمع اصلی سازگاری بافتی معرفی می کنند، توسط Peter Gorer در سال (۱۹۳۶) در ارتباط با واکنش های پذیرش بافتی شناسایی شد (۱). جایگاه ژنی مجموعه سازگاری بافتی کدکننده آنتی ژن-ها و پروتئین های سطح لوکوسیت ها می باشند که در واکنش های دفاعی بدن و شناسایی پروتئین های خارجی نقش دارند. در اگزون ۲ از جایگاه DRB1 یک میکروستالیت پیدا شده که برای بررسی تنوع ژنتیکی DRB1 در داخل MHC استفاده شده است و انتظار می رود نقش مهمی در باروری گوسفند داشته باشد (۹). چندشکلی وسیع در ژن های MHC امکان شناسایی تعداد زیادی از پپتیدهای خارجی برای شروع یک واکنش ایمنی را به میزبان می دهد و برای اولین بار در سال (۱۹۷۸) این جایگاه ژنی در گوسفند، با کمک مطالعات سرولوژیکی انجام شده بر روی آنتی ژن های لمفوسیتی مورد شناسایی قرار گرفت و به نام Ovar معروف شد که در سه دسته ژنی وبر روی کروموزوم ۲۰ قرار دارند (۴). از این بین جایگاه ژنتیکی DRB1 بسیار متنوع و پلی مورفیک بوده و مورد توجه خاص قرار گرفته است به طوری که تنها در اگزون دوم این جایگاه بیش از ۱۰۶ آلل مختلف شناسایی شده اند که بر روی بسیاری از صفات مرتبط با ایمنی دامها، ورم پستان تولیدی چون تولید شیر، تولید برة و افزایش وزن برة اثر دارند (۵ و ۹). هدف از مطالعه حاضر بررسی تنوع ژنتیکی جایگاه اگزون دوم ژن Ovar-DRB1 در گوسفند نژاد ماکویی با استفاده از واکنش زنجیره ای پلی مرز و روش تفاوت طول قطعات حاصل از هضم (RFLP) می باشد.

مواد و روش ها

در این تحقیق از تعداد ۹۰ رأس گوسفند بالغ از جمعیت گوسفندان مرکز پرورش و اصلاح نژاد شهرستان ماکو، به صورت تصادفی و به شکل انفرادی که مخلوطی از هر دو جنس نر و ماده بودند، انتخاب و خون گیری شدند. نمونه های خون در لوله های حاوی EDTA مخصوص جمع آوری خون، در مجاورت یخ به آزمایشگاه گروه علوم دامی دانشگاه ارومیه منتقل و تا زمان استخراج DNA در دمای 20°C - نگهداری شدند. DNA ژنومی از نمونه های خون با استفاده از کیت استخراج DNA (سیناژن-ایران) استخراج شده و کمیت و کیفیت DNA استخراج شده روی ژل آگارز یک درصد تهیه شده از بافر TBE با غلظت نیم و رنگ آمیزی با اتیدیوم بروماید بررسی شد. با استفاده از یک جفت پرایمر اختصاصی پیشنهاد شده توسط (۳)، یک قطعه ۲۷۹ جفت بازی از ناحیه اگزون ۲ ژن MHC بوسیله واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) تکثیر گردید که توالی پرایمرها به صورت زیر بود:

پرایمر رفت ۵'-TCTCTGCAGCACATTTCTGG-3'

پرایمر برگشت ۵'-CTCGCCGCTGCACAGTGAAAC-3'

واکنش PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر، شامل ۴ میکرولیتر dNTP ۱/۲۵ میلی مولار، ۵۰ میلی مولار MgCl_2 ، ۰/۵ میکرولیتر از هریک از پرایمرها با غلظت ۲۵ میکرومولار، ۲/۵ میکرولیتر از بافر PCR با غلظت ۱۰ برابر، ۰/۵ میکرولیتر از آنزیم Taq پلی مرز و حدود ۱۰۰ نانو گرم از DNA ژنومی انجام گرفت. تکثیر قطعه مورد نظر با استفاده از یک مرحله ابتدایی و اسرشت سازی 94°C به مدت ۵ دقیقه و ۳۵ چرخه شامل (واسرشت سازی 94°C به مدت ۹۰ ثانیه، اتصال آغازگرها 60°C به مدت ۳۰ ثانیه و تکثیر 72°C به مدت ۹۰ ثانیه) و یک دمای تکثیر نهایی 72°C به مدت ۱۰ دقیقه جهت گسترش زنجیره انجام گرفت. محصولات PCR روی ژل آگارز دودرصد حاوی اتیدیوم بروماید با استفاده از دستگاه الکتروفورز افقی مشاهده و به کمک دستگاه UV عکس برداری از آنها انجام گرفت.

واکنش هضم آنزیمی (RFLP)



واکنش هضمی آنزیم در حجم ۱۵ میکرولیتر حاوی ۰/۵ میکرولیتر آنزیم *RsaI*، یک میکرولیتر بافر مربوطه و هفت میکرولیتر محصول PCR و ۶/۵ میکرولیتر آب مقطر دیونیزه در دمای 37°C به مدت ۵ دقیقه مورد هضم آنزیمی قرار گرفت و بعد از هضم محصولات برش داده شده با استفاده از ژل آگارز دودرصد حاوی اتیدیوم بروماید الکتروفورز گردیدند. فراوانی‌های آللی، ژنوتیپی، هتروزیگوتی مورد انتظار و مشاهده شده و آزمون تعادل H.W با استفاده از نرم‌افزار Popgene32 محاسبه شد.

نتایج و بحث

محصولات PCR شامل قطعه‌ای به طول ۲۷۹ جفت بازازگون دوم ژن مجتمع اصلی سازگاری بافتی بود که توسط پرایمرهای اختصاصی فوق‌الذکر تکثیر گردید. نتایج هضم آنزیمی محصولات PCR (شکل ۱)، حاکی از وجودده نوع آلل A, B, E, F, I, M, O, P, Q و V در این جایگاه بود که این آلل‌ها در هجده ترکیب ژنوتیپی AA, AB, AE, AF, AM, BO, EO, JO, OM, AP, BP, OP, PP, AQ, OQ, PQ و QQ دسته‌بندی شدند که فراوانی‌های آنها در جدول یک ارائه شده است. شاخص هتروزیگوتی و تعداد آلل موثر برای این جایگاه به ترتیب ۰/۷۳۱۴ و ۳/۷۲ بدست آمد. آزمون کای اسکوار در این جمعیت از گوسفندان نژاد ماکویی نشان داد که جمعیت در حالت تعادل هاردی-واینبرگ قرار ندارد (جدول ۱). در مقایسه بادیدگر گونه‌های نشخوارکنندگان، جایگاه Ovar-DRB1 در نژادهای متنوع گوسفند ضعیف شناسایی شده و روش‌های متفاوتی برای شناسایی Ovar-DRB1 و آشکار کردن چندشکلی MHC-DRB1 به کار گرفته شده است ولی اغلب روش PCR-RFLP برای شناسایی آلل‌های DRB1 در حیوانات پیشنهاد شده است (۷۸ و ۱۰). در این مطالعه، ده آلل و هجده ترکیب ژنوتیپی برای اگزون دوم ژن مجتمع اصلی سازگاری بافتی در گوسفندان نژاد ماکویی شناسایی شد که آلل A با فراوانی ۴۷/۵۶ و ژنوتیب AA با فراوانی ۳۱/۷۰ دارای بیشترین فراوانی‌های آللی و ژنوتیپی بودند همچنین آلل‌های E, M, V و ژنوتیب‌های AE, AM, OM, BP, OQ و PQ دارای فراوانی‌های ناچیزی بودند. محققان در گوسفندان نژاد شال با استفاده از روش PCR-RFLP تعداد ۸ ترکیب ژنوتیپی و ۵ آلل DRB1 را شناسایی کردند که باتوجه به الگوهای هضم اگزون مطالعه شده توسط آنزیم *RsaI*، آلل g دارای بیشترین فراوانی (۰/۲۹۰۲) بود (۲). این نتایج مشابه نتایجی بود که محققان با مطالعه اگزون دوم ژن Ovar-DRB1 در گوسفندان لهستانی با استفاده از روش PCR-RFLP ارائه داده بودند در این نژاد تعداد ۱۴ ترکیب ژنوتیپی شناسایی و آلل g همانند مطالعه نیکبخت بروجنی و همکاران دارای بیشترین فراوانی بود (۶). نتایج بدست آمده در این تحقیق حاضر تفاوت قابل ملاحظه‌ای با دو مطالعه‌ای که اشاره شد، داشت. این تحقیق اولین مطالعه روی جایگاه اگزون ۲ ژن مجتمع اصلی سازگاری بافتی برای بررسی تنوع ژنتیکی این جایگاه در گوسفند ماکویی بود و اطلاعات خیلی کمی برای مقایسه با نژادهای مختلف گوسفندان ایرانی در دسترس است. نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که ناحیه اگزون ۲ ژن MHC، چندشکلی قابل ملاحظه‌ای دارد و بیانگر وجود تنوع ژنتیکی بسیار بالایی برای این جایگاه در این جمعیت می‌باشد.





شکل ۱. الگوهای RFLP حاصل از هضم محصولات PCR ژن MHC-DRB1 توسط آنزیم *RsaI* الکتروفورز شده بر روی ژل آگارز دو درصد. از سمت چپ چاهکهای ۱ و ۲۰: نشانگر مولکولی ۵۰bp (Vivantis, SK)، چاهک ۲: ژنوتیپ AE، چاهکهای ۳ و ۱۴: ژنوتیپ AA، چاهکهای ۴ و ۹: ژنوتیپ AB، چاهکهای ۶، ۱۳ و ۱۵: ژنوتیپ IO، چاهک ۷: ژنوتیپ PQ، چاهکهای ۸ و ۱۸: ژنوتیپ OP، چاهکهای ۱۰ و ۱۲: ژنوتیپ BO، چاهکهای ۱۱ و ۱۷: ژنوتیپ OM، چاهک ۱۶: ژنوتیپ EO، چاهک ۱۸: ژنوتیپ OP، چاهک ۱۹: ژنوتیپ OQ.

جدول ۱- فراوانی های آللی، ژنوتیپی، کای اسکوار، اندازه موثر آللی و شاخص هتروزیگوتی در گوسفندان نژاد ماکوئی

ژن	تعداد نمونه	فراوانی ژنوتیپی (%)	فراوانی آللی (%)	اندازه موثر آللی	شاخص هتروزیگوتی
MHC-DRB1					
A	47/56	AA	31/70		
B	9/76	AB	15/85		
E	1/83	AE	1/21		
F	3/66	FF	3/65		
I	5/49	AM	1/21		
M	1/22	BO	2/43		
O	10/98	EO	2/43		
P	9/15	IO	10/97		
Q	8/54	OM	1/21		
V	1/83	AP	4/87		
		BP	1/21		
		OP	3/65		
		PP	3/65		
		AQ	4/87		
		OQ	1/21		
		PQ	1/21		
		QQ	4/87		
		AV	3/65		
0.7314		3/72	*237/72		
ns: not significant (p>0.05)		90	(اگر 2)		

منابع

- فرید حسینی، ر. محمودی، م. رضایی، ع. ۱۳۸۰. ایمونولوژی سلولی و مولکولی. انتشارات جهاد دانشگاهی مشهد. ۸۱-۶۸ ص.
- نیکبخت بروجنی، غ. ر. امام، م. حامد منفرد، ا. طالب نیا، ر. رضایی، ح. ۱۳۸۸. بررسی تنوع ژنتیکی اگزون دوم جایگاه ژنتیکی DRB1 در گوسفندان توده شال با استفاده از روش واکنش زنجیره ای پلیمرز به همراه بررسی تنوع قطعات محدود شده. پایان نامه جهت دریافت دکترای تخصصی دامپزشکی، دانشگاه تهران.
- Ammer, H. Schwaiger, F.W. Kammerbauer, C. Gomolka, M. Arriens, A. Lazary, S and Epplen, J. 1992. Exonic polymorphism vsintronic simple repeat hypervariability in MHC-DRB gene. *Journal of Immunogenetic*.35:332-340.
- Ballingall, K. T. Wright, H. Redmond, J. Dutia, B. M. Hopkins, J. Lang, J. Deverson, E.V. Howard, J. C. Puri, N and Haig, D. 1992. Expression and characterization of ovine major histocompatibility complex class II (OLA-DR) genes. *Animal Genetic*. 23: 347-359.
- Geldermann, H. Mir, M. R. Kuss, A.W. and Bartenschlager, H. 2006. OLA-DRB1 microsatellite variants are associated with ovine growth and reproduction traits. *Genetic. Se1.Evol*. 38:431-444.
- Gruszczynska, J. Brokowska, k. Charon, K. M and Swiderek, W. P. 2005. Restriction Fragment Length polymorphism of exon 2 Ovar-DRB1 gene in Polish Heath Sheep and Polish Lowland Sheep. *Journal of Applied genetic*.46:311-314.
- Konnai, S. Nagaoka, Y. Takesima, S. Onuma, M and Aida, Y. 2003. Technical note: DNA typing for ovine MHC DRB1 using polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP). *Journal of Dairy Science*. 86:3362-3365.



8. Kostia, S. Kantanen, J. Kolkkala, M and Varvio, S. L. 1998. Applicability of SSCP analysis for MHC genotyping: fingerprinting of Ovar- DRB1 exon 2 alleles from Finnish and Russian breeds. *Animal Genetics*. 29: 453-455.
9. Mir, M. R and Geldermann, H. (2008). Variant molecular marker in MHC effect fertility trait in sheep. *Biotechnology*, 7(4):787-792.
10. Schwaiger, F. W. Weyers, E. Buitkamp, J. Ede, A. J. Crawford, A and Epplen, J. T. 1994. Interdependent MHC-DRB exon-plus-intron evolution in artiodactyls. *Molecular Biology and Evolution*. 11:239-249.

Genetic variation of exone2 of MHC-DRB1 gene in Makoei sheep

Fereshteh ashrafi^{1*}, Ali Hashemi¹, Karim Mardani³, Kaveh Khakpour¹

1- Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, West Azerbaijan, Iran

2- Division of Molecular epidemiology, Department of Food Hygiene and Quality Control, Faculty of Veterinary Medicine, Urmia University, Urmia, Iran

* Corresponding E-mail address: fereshtehashrafi@ymail.com

Abstract:

In the present study in order to investigating the polymorphism of the exone2 of MHC (major histocompatibility complex) gene in Makoei sheep from West Azerbaijan breeding station, blood samples from 90 sheep were collected. Genomic DNA was extracted from the blood sample and a 279 bp MHC exon 2 segment was amplified using polymerase chain reaction (PCR). PCR products were subjected to digestion using RsaI endonuclease. Digested PCR products were electrophoresed on 2% agarose gel. The results showed the existence of 10 allele, A, B, E, F, I, M, O, P, Q, V for the exon 2 of MHC gene, with frequencies of 47.56, 9.76, 1.83, 3.66, 5.49, 1.22, 10.98, 9.15, 8.54, 1.83 respectively. A number of 18 genotypes including AA, AB, AE, FF, AM, BO, EO, IO, OM, AP, BP, OP, PP, AQ, OQ, PQ, QQ, AV were identified which their frequencies were 31.70, 15.85, 1.21, 3.65, 1.21, 2.43, 10.97, 1.21, 4.87, 1.21, 3.65, 3.65, 4.87, 1.21, 1.21, 4.87, 3.65 respectively. Effective heterozygosity and number of effective alleles for the examined region of the gene were 0.7314, 3.72 respectively. The test of chi-square for Makoei sheep in breeding station of west Azerbaijan showed that the examined sheep population was not in Hardy-Weinberg equilibrium. According to obtained results it was concluded that locus genotype in this study had been influenced by variable factors such as selection, mutation and immigrant.

Keywords: major histocompatibility complex -polymorphism - Makoei sheep – PCR-RFLP.



تعیین خصوصیات ژنتیکی جمعیت‌های حیوانی با استفاده از اطلاعات ژنوتیپی نشانگرهای مولکولی

فرجاد رفیعی^{۱*}، علیرضا ترنگ^۲، رامین صیقلانی^۲، محمدحسین پالیزدار^۱، عطاالله شرفی^۲ و مصطفی لطفی فرخد^۲

۱- گروه علوم دامی دانشگاه آزاد اسلامی واحد چالوس

۲- پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی منطقه شمال کشور، رشت

* نویسنده مسئول: فرجاد رفیعی، چالوس، خیابان هفده شهریور، دانشگاه آزاد اسلامی واحد چالوس، دانشکده کشاورزی،

farjad.rafeie@gmail.com گروه علوم دامی

چکیده:

معمولاً تنوع ژنتیکی بین نژادها بر مبنای تفاوت‌های مشاهده شده در مجموعه‌ای از فراوانی‌های آلی گزارش می‌شوند. معمول-ترین معیارهایی که برای بیان تنوع مورد استفاده قرار می‌گیرند عبارتند از: شاخص‌های تثبیت (یا تنوع ژنی) رایت (با نی) و فاصله‌های ژنتیکی بین نژادها. فاصله‌های ژنتیکی را می‌توان برای ترسیم درختان فیلوژنتیکی و خوشه‌بندی نژادها نیز به کار گرفت. علاوه بر این معیارهایی نظیر همبستگی آللی کُل که معیار جدیدتری برای سنجش شباهت بین افراد و جمعیت‌ها است، به جای استفاده از فراوانی‌های آللی، مستقیماً ژنوتیپ‌های افراد در جمعیت‌ها را با هم مقایسه نموده و می‌تواند شباهت جمعیت‌ها به خودشان که معیاری از سطح تنوع موجود در هر جمعیت است را نیز ارائه نماید. در این مقاله روش‌های مرسوم برای تعیین خصوصیات ژنتیکی جمعیت‌های حیوانی مورد بررسی قرار گرفته‌اند.

واژگان کلیدی: خصوصیات ژنتیکی - نشانگرهای مولکولی - فاصله ژنتیکی - فیلوژنی - تنوع آللی

مقدمه:

پژوهش‌های مختلف و تجارب بشری حاکی از آن است که هر قدر خصوصیات ژنتیکی ذخایر حیوانی بهتر و دقیق‌تر تعیین شده باشند، اتخاذ تصمیم و استفاده از آنها نیز بهتر و بیشتر خواهد بود. تعیین خصوصیات ژنتیکی جوامع حیوانی می‌تواند در چندین سطح صورت گیرد. یکی از این سطوح نژادها هستند که بخش‌هایی از ذخایر ژنتیکی حیوانی در ذیل هر گونه را شامل شده و اطلاعات مربوط به آنها در سطوح ملی و در برخی از مواقع در سطح بین‌المللی حفظ و طبقه‌بندی می‌گردند. جداسازی و دسته‌بندی حیوانات در سطح نژادها می‌تواند براساس وقایع تکاملی صورت گیرد (۱۱).

اطلاعات ژنوتیپی نشانگرهای ژنتیکی به دلیل استقلالشان از اثرات محیطی می‌توانند به طور مستقیم معیاری از تنوع ژنتیکی ارائه دهند. علاوه بر این نشانگرهای مولکولی بایستی از چند ویژگی مهم نیز برخوردار باشند (نظیر چندشکلی و پراکنش مناسب در سطح ژنوم) تا بتوان آنها را برای مطالعات تنوع ژنتیکی داخل و بین نژادی استفاده نمود. در حال حاضر حجم بالایی از اطلاعات مولکولی نژادهای مختلف در انواع گونه‌های حیوانی از پژوهش‌های مختلف در دسترس است. در این پژوهش روش‌های مختلف تعیین خصوصیات ژنتیکی جمعیت‌های حیوانی با کمک اطلاعات ژنوتیپی نشانگرهای مولکولی مورد بحث و بررسی قرار می‌گیرد.

شاخص‌های تثبیت رایت و تنوع ژنی نی:

شاید بتوان گفت که قدیمی‌ترین شاخص ارائه شده برای تنوع در جمعیت‌ها، شاخص‌های تثبیت رایت (F) هستند. سه نوع شاخص توسط رایت تعریف شده‌اند که ارتباط آنها با یکدیگر در قالب معادله $(1-F_{IT}) = (1-F_{IS})(1-F_{ST})$ نشان داده شده است. در واقع این F ها مفهوم ضریب همخوانی را به سطح جوامعی که به بخش‌های کوچکتر تقسیم شده‌اند، تعمیم می‌دهند. شاخص F_{IT} همخوانی افراد در کل جامعه بوده و شاخص F_{IS} همخوانی افراد در هر زیرجمعیت را نشان می‌دهد. F_{ST} نیز نشان دهنده همبستگی بین دو گامت تصادفی در دو زیرجمعیت مختلف از یک جمعیت واحد بوده و شاخصی از میزان تمایز ژنتیکی بین زیرجمعیت‌ها است (۷).

نی (۱۹۷۳) مفهوم جدیدی تحت عنوان تنوع ژنی کل (H_T) را بر مبنای هتروزیگوسیتی‌های واقعی (H) در چندین جایگاه تعریف کرد که می‌توان آنرا به تنوع‌های ژنی درون‌جمعیتی (H_S) و بین‌جمعیتی (D_{ST}) تقسیم نمود ($H_T = H_S + D_{ST}$). هتروزیگوسیتی‌های H_T و H_S همان هتروزیگوسیتی‌های مورد انتظار در فرض آزمون تعادل هاردی - وینبرگ بوده و در نتیجه به فراوانی‌های آللی مشاهده شده بستگی خواهند داشت (۵). سپس نی (۱۹۷۷) شاخص‌های F مشابه شاخص‌های رایت را براساس هتروزیگوسیتی‌های مورد انتظار (H_T و H_S) و هتروزیگوسیتی کل مشاهده شده (H_O) تعریف نمود که عبارت بودند از (۶): $F_{ST} = 1 - H_S / H_T$ ، $F_{IS} = 1 - H_O / H_S$ و $F_{IT} = 1 - H_O / H_T$. این ضرایب F معادله رایت را نیز پوشش می‌دهند. علاوه بر این نی و کومار (۲۰۰۰) ضریبی تحت عنوان تمایز ژنی (G_{ST}) نیز تعریف نمودند ($G_{ST} = D_{ST} / H_T$) که از نظر ظاهری مشابه F_{ST} رایت است (۷). به‌طور کلی رایت یک جایگاه را بر روی تعداد زیادی از جمعیت‌ها مورد بررسی قرار داد ولی نی روند معکوسی را طی کرده و با هدف ارزیابی تنوع ژنومی، چندین جایگاه را بر روی تعداد محدودی از جمعیت‌ها بررسی نمود (۱۱).

فاصله ژنتیکی، فیلوژنی و تنوع:

با توجه به اینکه شاخص تمایز ژنی (G_{ST}) برای حداقل دو جمعیت نیز قابل استفاده است، بنابراین می‌توان آنرا به‌عنوان معیاری برای سنجش فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌ها نیز به‌کار گرفت. همان‌گونه که در فوق نیز اشاره شد، G_{ST} تابعی از هتروزیگوسیتی‌های H_T و H_S تحت تعادل هاردی - وینبرگ بوده و به همین دلیل نیز این معیار فاصله ژنتیکی از فراوانی‌های ژنی در دو زیرجمعیت تبعیت می‌نماید. چندین معیار دیگر نیز برای فاصله ژنتیکی پیشنهاد شده‌اند که اغلب آنها تابعی از فراوانی‌های ژنتیکی می‌باشند (۷).

اگر جمعیتی متشکل از N زیرجمعیت باشد، می‌توان یک ماتریس $N \times N$ از فاصله‌های ژنتیکی بین آنها تشکیل داد. بزرگی فاصله ژنتیکی بین دو زیرجمعیت، به‌طور نسبی نشان‌دهنده زمانی است که از انشقاق آنها از یک جمعیت مشترک اجدادی سپری شده است. بر این اساس می‌توان با کمک ماتریس مزبور، یک درخت فیلوژنی ترسیم نمود. در مطالعات ژنتیک مولکولی که فاصله‌های ژنتیکی بر مبنای تنوع موجود در توالی‌های DNA محاسبه می‌شوند، فرض پایه این است که آهنگ تکامل توالی‌های مزبور ثابت است (نظریه ساعت مولکولی). در مورد فراوانی‌های آللی، فرض بر این است که پدیده انشقاق ناشی از فرآیند رانش ژنتیکی می‌باشد. با جمع‌بندی دو فرض فوق می‌توان نتیجه گرفت که آهنگ این رانش ژنتیکی یکنواخت بوده و این موضوع نیز تلویحاً ناظر بر آن است که اندازه موثر جمعیت‌ها یکسان است. الگوریتم‌های مختلفی برای ترسیم درختان فیلوژنتیکی و محاسبه طول شاخه‌های آنها بر مبنای ماتریس‌های فاصله ژنتیکی ارائه شده است (۴). هر قدر N بزرگتر باشد تعداد درختان ممکن (توپولوژی) نیز بیشتر خواهد بود. توپولوژی نهایی حاصل از یک ماتریس فاصله ژنتیکی بیانگر محتمل‌ترین حالت در بین تعداد زیادی از توپولوژی‌های ممکن است. در اینجا بحث میزان دقت درخت ترسیم شده



پیش می‌آید. این دقت را معمولاً با کمک تکنیک بوت‌استرپ محاسبه می‌کنند (۳). صحت اجرای این تکنیک به میزان زیادی بستگی به برقراری این پیش‌فرض دارد که واحدهای آزمایشی همگن باشند. این پیش‌فرض در اغلب موارد برای کارهای جانوری در جایگاه‌های مختلف ممکن است برقرار نباشد (۱۱).

تنوع ژنتیکی درون نژادی و تنوع آلی:

علاوه بر هتروزیگوسیتی که یک معیار سنتی برای سنجش تنوع در داخل هر زیرجمعیت و نژاد است، معیارهای دیگری نظیر تعداد آل موجود به‌ازای هر جایگاه در هر زیرجمعیت نیز می‌توانند برای این منظور مورد استفاده قرار گیرند (۱). این معیار که برای سنجش تنوع در داخل جمعیت‌ها تعریف شده است، تنوع آلی نامیده می‌شود. پتیت و همکاران (۱۹۹۸) برای برآورد میزان مشارکت هر زیرجمعیت در هتروزیگوسیتی کل جمعیت، تفاوت بین هتروزیگوسیتی کل را در دو حالت حضور و عدم-حضور زیرجمعیت مزبور محاسبه نمودند. به همین ترتیب می‌توان سهم هر زیرجمعیت را در تنوع آلی کل محاسبه نموده و تنوع مزبور را نیز به دو بخش داخل زیرجمعیت‌ها و بین زیرجمعیت‌ها تقسیم نمود (۱۲). البته لازم به‌ذکر است که معیار تنوع آلی به‌شدت تحت تاثیر اندازه نمونه واقع می‌شود. هر قدر اندازه نمونه مورد آزمایش افزایش یابد، احتمال یافتن تعداد بیشتری آل نیز در آن افزایش خواهد یافت. برای رفع این آریبی، پتیت و همکاران (۱۹۹۸) پیشنهاد کردند که تنوع آلی محاسبه شده در نمونه‌ها، برای تنوع آلی کوچکترین نمونه تصحیح شوند (۱۲).

شباهت ژنتیکی بین جمعیت‌ها:

اغلب روش‌های موجود برای محاسبه فاصله‌های ژنتیکی، بر مبنای فراوانی‌های آلی نشانگرها عمل می‌کنند (۱۰). در مطالعاتی که برای بررسی روابط تکاملی بین جمعیت‌ها با استفاده از اطلاعات ریزماهواره‌ها و با کمک شبیه‌سازی رایانه‌ای صورت گرفت، مشخص شد که دقت ترسیم درخت فیلوژنی و برآورد زمان‌های تکاملی با استفاده از ماتریس فاصله ژنتیکی استاندارد نی بیشتر و مناسب‌تر از سایر معیارها بوده است (۷). به‌همین دلیل نیز این معیار فاصله ژنتیکی در مقیاس گسترده‌ای مورد استفاده قرار گرفته است. البته این روش نیز دارای معایبی می‌باشد. به‌عنوان مثال، همخوانی باعث افزایش هموزیگوسیتی در جمعیت‌ها می‌شود. دو جمعیت ممکن است با وجود دارا بودن فراوانی‌های آلی یکسان، به‌دلیل برخورداری از سطوح متفاوت همخوانی، در جایگاه‌های مورد مطالعه فراوانی‌های ژنوتیپی متفاوتی داشته و از تعادل هاردی - وینبرگ انحراف نشان دهند. روش نی بدون در نظر گرفتن سطوح هموزیگوسیتی و با توجه به تشابه فراوانی‌های آلی در این جمعیت‌ها، فاصله آنها را برابر با صفر برآورد می‌کند (۱۰). اصول محاسبه ضرایب خویشاوندی رایت نیز نتایج متفاوتی را در هنگام سنجش رابطه هر فرد با خودش نشان می‌دهد. یعنی اگر فردی همخون باشد ضریب خویشاوندی آن فرد با خودش بیشتر از یک شده ولی میانگین آن برای افرادی که در جمعیت‌های غیرهمخون هستند برابر با یک خواهد شد. بنابراین اگر کل ژنوتیپ‌های افراد در یک جمعیت به عنوان یک ژنوتیپ برای آن جمعیت فرض شود، روش‌های قبلی محاسبه فاصله ژنتیکی مانند فاصله ژنتیکی استاندارد نی قادر به در نظر گرفتن میانگین همخوانی بین افراد جمعیت‌های مورد مقایسه و تفاوت‌های ژنوتیپی ناشی از آن نیستند (۱۰). اغلب روش‌های ذکر شده در فوق نیازمند این پیش‌فرض هستند که جمعیت‌ها برای نشانگرهای مورد نظر در حال تعادل باشند. زیرا تنها در حالت تعادل است که فراوانی‌های ژنوتیپی، تابعی از فراوانی‌های آلی هستند. ولی در بیشتر موارد، محققین با جمعیت‌های محدود و برخورداری از سطوح مختلف همخوانی سروکار دارند که در حال تعادل نیز نیستند. این موضوع نیز یکی دیگر از ایرادات وارد بر روش‌های فوق است (۱۰).



نجاتی جوارمی و همکاران (۱۹۹۷)، روشی را جهت برآورد ضریب خویشاوندی بین افراد براساس ژنوتیپ آنها در جایگاه‌های مورد مطالعه ارائه کردند (۸ و ۹). همچنین با استفاده از این روش می‌توان میانگین شباهت افراد از جمعیت‌های مختلف را محاسبه نموده و در نتیجه شباهت ژنتیکی بین جمعیت‌ها را نیز به‌دست آورد (۹ و ۱۰). با کمک این روش جمعیت‌های همخون، شباهت ژنتیکی بیشتری با یکدیگر خواهند داشت. در واقع میانگین خویشاوندی آللی کل (TAR) محاسبه شده برای هر جفت از افراد دو جمعیت، نشان دهنده شباهت ژنتیکی آن دو جمعیت با توجه به تشابه ژنوتیپی افراد تشکیل دهنده آنها می‌باشد. فاصله ژنتیکی استاندارد نی برای جمعیت‌های غیرهمخون نتایج دقیقی را ارائه می‌دهد اما تشخیص مقدار همخونی در جمعیت‌های فاقد شجره کاری مشکل است. علاوه بر این، کلیه روش‌های پیشین محاسبه فاصله ژنتیکی، وابسته به فراوانی‌های آللی نشانگرها هستند. در برخی از موارد به‌دلیل محدودیت در اطلاعات، مقادیر محاسبه شده برای این فراوانی‌ها متنوع بوده و اعداد یکسانی برای آنها به‌دست نمی‌آید. ولی روش TAR مبتنی بر شباهت‌های ژنوتیپی بوده و مستقیماً ژنوتیپ‌ها را مورد استفاده قرار می‌دهد. ذکر این نکته نیز ضروری است که جمعیت‌های با فراوانی‌های ژنوتیپی یکسان، دارای فراوانی‌های آللی مشابهی نیز هستند ولی عکس این مطلب همیشه صادق نیست (۱۰). همان‌گونه که اشاره شد، به کمک روش TAR و با استفاده مستقیم از اطلاعات ژنوتیپی افراد و صرف‌نظر از فراوانی‌های آللی، بررسی شباهت ژنتیکی دو جمعیت امکان‌پذیر است. بنابراین این روش حتی برای تعداد محدود افراد نیز کارایی دارد. علاوه بر این، با استفاده از این روش می‌توان شباهت ژنتیکی یک فرد را نیز با یک جمعیت محاسبه نمود که روش‌های پیشین، قادر به چنین محاسبه‌ای نیستند (۱۰).

نتیجه‌گیری و پیشنهادات:

تعیین خصوصیات ژنتیکی ذخایر حیوانی یکی از زمینه‌های تحقیقاتی است که در طی سالیان متمادی جایگاه خود را در بخش پژوهش‌های ژنتیک مولکولی حفظ کرده است. تنوع روش‌های محاسبه فاصله ژنتیکی و ترسیم درختان فیلوژنتیکی یکی از مواردی است که اغلب منجر به آشفتگی ذهن محققین این شاخه از علوم زیستی می‌گردد. تهیه استانداردهایی جهت طرح و اجرای آزمایشات در زمینه مطالعات تنوع ژنتیکی و همچنین استانداردسازی محاسبات بر روی یافته‌های تحقیقاتی در این بخش می‌تواند منجر به فراهم آمدن امکان مقایسه نتایج تحقیقاتی از این دست در سطح بین‌المللی گردد. به‌عنوان مثال در سال ۲۰۰۴ سازمان خواربار و کشاورزی ملل متحد (FAO) همراه با جامعه بین‌المللی ژنتیک حیوانی (ISAG) لیست مشترکی از نشانگرهای ریزماهواره با چندشکلی بالا را در حیوانات اهلی اعلام کردند تا ضمن استفاده در کشورهای مختلف، امکان مقایسه نتایج آنها نیز در سطح جهانی فراهم گردد (۲). مشابه چنین فعالیتی در زمینه استانداردسازی محاسبات بر روی نتایج حاصل از تحقیقات مزبور نیز ضروری به‌نظر می‌رسد.

منابع:

1. Barker, J.S.F. 2001. Conservation and management of genetic diversity: a domestic animal perspective. Canadian. Journal For Research. 31: 588-595.
2. FAO. 2004. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. Bradley, D.G., Fries, R., Bumstead, N., Nicholas, F.W., Cothran, E.G., Ollivier, L. and Crawford, A.M (eds). Food and Agricultural Organization of United Nations.
3. Felsenstein, J. 2004. Inferring phylogenies. Sinaur Associates, Inc. USA.



4. Hedrick, P.W. 2005. Genetics of populations (3rd editon). Jones and Bartlett Publishers, USA.
5. Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided popuations. Proc. Natl. Acad. Sci. 70:3321-3323.
6. Nei, M. 1977. F-Statistics and analysis of gene diversity in subdevided populations. Ann. Hum. Genet. 41:221-233.
7. Nei, M. and S. Kumar. 2000. Molecular evolution and phylogenetics. Oxford University Press, New York, USA.
8. Nejati-Javaremi, A., Gibson, J.P. and Smith, C. 1994. Gain in accuracy of evalution by including total allelic identity. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Guelph, Canada. 171-174.
9. Nejati-Javaremi, A., Smith, C. and Gibson, J.P. 1997. Effect of total allelic relationship on accuracy of evaluation and response to selection. Journal of Animal Science. 75:1738-1745.
10. Nejati-Javaremi A., Rahimi G. 2002. Using individual genotypes at marker loci to measure genetic similarity among populations. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier, France.
11. Olivier, L., C. Chevalet and J.L. Folley. 2004. The use of markers for characterising genetic resources. Conservation genetics of endangered horse breeds, EAAP, Slovenia.
12. Petit, R.J., A. El Mousadik and O. Pons. 1998. Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. Conserv. Biol. 12: 844-855.

Genetic Characterization of Animal Populations by Genotyping of Molecular Markers

Farjad Rafeie^{1*}, Alireza Tarang², Ramin Seighalani², Mohammad Hosein Palizdar¹, Ataollah Sharafi², Mostafa Lotfi Farokhad²

1- Islamic Azad University, Chalous Branch, Chalous, Iran

2- Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran, North Region Branch, Rasht, Iran

* Corresponding Author: Farjad Rafeie

Farjad.rafeie@gmail.com

Abstract:

Genetic variation between breeds is generally reported based on variation in set of allelic frequencies. Usual criterions of diversity are Wrigh's or Nei's fixation indices (gene diversity) and genetic distances between breeds. Genetic distances may be used to build phylogenetic trees or to perform breed clustering. Also, Total Allelic Relationship (TAR) that is a new criterion to measure correlation between individuals and populations compares individual genotypes in subpopulations directly and is able to measure correlation of population with itself (a measurement of within population variability). In this paper, traditional methods for genetic characterizing animal resources on the basis of molecular makers are reviewed.

Keywords: Genetic characterization - Molecular markers - Genetic distances - Phylogeny - Allelic richness



بررسی کاربرد نشانگرهای ریزماهواره برای آزمون‌های انتساب در جمعیت‌های اسب ایران

فرجاد رفیعی^{۱*}، علیرضا ترنگ^۲، سیروس امیری‌نیا^۳، اردشیر نجاتی جوارمی^۴، سیدضیالالدین میرحسینی^۵، رامین صیقلانی^۲ و عطاالله شرفی^۲

۱- گروه علوم دامی دانشگاه آزاد اسلامی واحد چالوس

۲- پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی منطقه شمال کشور، رشت

۳- بخش تحقیقات بیوتکنولوژی، موسسه تحقیقات علوم دامی، کرج

۴- گروه علوم دامی دانشگاه تهران، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی کرج

۵- گروه علوم دامی دانشگاه گیلان، رشت

* نویسنده مسئول: فرجاد رفیعی، چالوس، خیابان هفده شهریور، دانشگاه آزاد اسلامی واحد چالوس، دانشکده کشاورزی،

گروه علوم دامی farjad.rafeie@gmail.com

چکیده:

به‌منظور بررسی استفاده از جایگاه‌های ریزماهواره جهت آزمون انتساب، از اطلاعات ژنوتیپی ۱۷ نشانگر ریزماهواره توصیه شده توسط ISAG و FAO بر روی ۹۵۳ نمونه از ۱۰ جمعیت مختلف اسب استفاده گردید. برای انتساب صحیح نمونه‌ها به جمعیت‌های مبدأ از روش‌های مبتنی بر درست‌نمایی و مبتنی بر فاصله ژنتیکی استفاده گردید. نتایج حاکی از آن بود که در بین روش‌های مبتنی بر درست‌نمایی، روش بیزی و در بین روش‌های مبتنی بر فاصله ژنتیکی، استفاده از فاصله ژنتیکی نأرب نی بیشترین صحت را دارا می‌باشند. با توجه به نتایج حاصل در این پژوهش و وجود مقادیر بسیار اندک تا مقادیر بسیار زیاد فاصله ژنتیکی بین جوامع اسب مورد مطالعه، نشانگرهای مورد استفاده توانسته‌اند در حدود ۸۰ درصد از موارد، در انتساب حیوانات به جمعیت‌های مبدأشان موفق عمل نموده و از این نظر برای آزمون‌های انتساب در جمعیت‌های اسب ایرانی قابل توصیه هستند.

واژگان کلیدی: نشانگرهای ریزماهواره - درست‌نمایی - فاصله ژنتیکی - جمعیت‌های اسب ایران - آزمون انتساب

مقدمه:

با گسترش روز افزون جمعیت و تغییر حجم و جهت‌گیری نیازهای انسان، تحولی در پرورش کلیه حیوانات اهلی ایجاد گردیده که در طی آن نژادهای خاص با عملکرد خوب در داخل هر گونه شناسایی شده و به‌طور وسیعی مورد استفاده قرار می‌گیرند. در این بین برخی از نژادها و یا گروه‌های ژنتیکی بومی که معمولاً نسبت به محدودیت‌های محیطی و بیماری‌ها مقاوم هستند، مورد بی‌مهری قرار گرفته و در نتیجه از بین رفته و یا در معرض خطر نابودی قرار می‌گیرند. نژادهای بومی بعد از سال‌ها انتخاب طبیعی و گذر از موانع بسیار و غلبه بر ناملایمات و شرایط نامساعد محیطی همچنان به حیات خویش ادامه داده و به تکثیر و ازدیاد نسل پرداخته‌اند. از این رو این موجودات در هر کشوری به‌عنوان سرمایه ملی و ذخایر کلیدی بوده و حفظ و تکثیر آنها از ارزش و اهمیت بالایی برخوردار است. از طرف دیگر همواره پرورش‌دهندگان جمعیت‌هایی که از ارزش



اقتصادی و بازارپسندی بالایی برخوردارند، با دغدغه حفظ خلوص و ویژگی‌های نژادی جمعیت‌های خود مواجه بوده و مایلند که حیوانات ادعایی را از نظر انتساب یا عدم انتساب به یک جمعیت خاص مورد آزمون و سنجش قرار دهند (۲). هدف از اجرای این پژوهش بررسی کاربرد نشانگرهای ریزماهواره برای آزمون‌های انتساب و امکان‌سنجی اجرای این آزمون‌ها با صحت بالا در جمعیت‌های اسب ایرانی بوده است.

مواد و روش‌ها:

از ۹۵۳ راس اسب متعلق به ۱۰ جمعیت (شامل: ۱۲۴ راس کاسپین، ۱۲۶ راس گُرد، ۱۷۰ راس ترکمن، ۱۸۵ راس عرب ایرانی، ۱۹ راس قره‌باغ، ۸۳ راس قشقایی (دره‌شوری)، ۶۱ راس تروبرد، ۲۶ راس عرب دوخون، ۱۶ راس عرب خارجی و ۱۴۳ راس بومی شمال کشور) در ۱۸ استان، ۷۲ شهرستان و ۱۴۲ دهستان از سراسر کشور نمونه‌گیری خون به‌عمل آمد. استخراج DNA از نمونه‌های خون کامل با استفاده از کیت استخراج DNA با نام تجاری AccuPrep® (BIONEER، کره‌جنوبی) و بر مبنای روش توصیه شده توسط شرکت سازنده صورت گرفت. برای سنجش کیفیت DNA استخراج شده، از الکتروفورز بر روی ژل آگارز با غلظت یک درصد و برای سنجش کمیت DNA استخراج شده، از دستگاه اسپکتروفتومتری NanoDrop 2000 (Thermo، آمریکا) بهره گرفته شد. از ۱۷ نشانگر ریزماهواره توصیه شده مشترک توسط سازمان خواربار و کشاورزی ملل متحد (FAO) و جامعه بین‌المللی ژنتیک حیوانی (ISAG) استفاده به‌عمل آمد (۷) (جدول ۱). کلیه آغازگرهای پیش‌رو در سمت 5' با یکی از برچسب‌های فلورسنت نشاندار شدند (جدول ۱). تمامی واکنش‌های PCR نیز از نظر زمان‌بندی چرخه‌ها و ترکیبات، بهینه‌سازی شدند. موئین الکتروفورز با استفاده از دستگاه Genetic Analyzer 3130 (Applied Biosystems، آمریکا) با کالیبراسیون طیفی DS33 (مجموعه رنگی G5) صورت گرفته و داده‌ها پس از جمع‌آوری با نرم‌افزار Data Collection نسخه ۳/۰، توسط نرم‌افزار GeneMapper نسخه ۴/۰ تعیین ژنوتیپ گردیدند (۲). فاصله‌های ژنتیکی ناآریب نی (۱۰) به کمک نرم‌افزار PHYLIP نسخه ۳/۶۹ (۶) محاسبه گردید. به منظور بررسی امکان استفاده از جایگاه‌های ریزماهواره مزبور جهت انتساب صحیح نمونه‌ها به جمعیت‌های مبدأ، از نرم‌افزار GeneClass v.2 (۱۱) که از روش‌های مبتنی بر درست‌نمایی (شامل روش‌های فراوانی و بیزی که در آنها فرد به جمعیتی منتسب می‌گردد که احتمال روی دادن ژنوتیپ فرد در آن بالاتر بوده و به عبارت دیگر، دارای بیشترین درست‌نمایی برای ژنوتیپ مورد نظر باشد) و مبتنی بر فاصله ژنتیکی (شامل روش‌های استاندارد نی، ناآریب نی و کوالی‌اسفُز و ادواردز که در آنها فرد به جمعیتی انتساب می‌یابد که کمترین فاصله ژنتیکی را با آن دارا باشد) برای این کار استفاده می‌کند، بهره گرفته شد (۴). علاوه بر این، آزمون مزبور با استفاده از شبیه‌سازی و تکرار داده‌ها (۱۰۰۰ تکرار) نیز انجام گرفت.

جدول ۱: نشانگرهای مورد استفاده، دماهای اتصال و برچسب‌های فلورسنت به‌کاربرده شده جهت نشاندار کردن آنها

نشانگر	دمای اتصال (°C)	برچسب فلورسنت	نشانگر	دمای اتصال (°C)	برچسب فلورسنت
AHT04	۶۰	6-FAM TM	HMS07	۶۰	6-FAM TM
AHT05	۵۸	VIC [®]	HTG04	۵۵	6-FAM TM
ASB02	۵۵	VIC [®]	HTG06	۶۰	VIC [®]
ASB17	۶۰	PET [®]	HTG07	۶۰	NED TM
ASB23	۵۸	VIC [®]	HTG10	۵۵	NED TM
HMS01	۶۰	PET [®]	LEX33	۶۰	PET [®]



PET [®]	۶۰	UDCEQ425	NED TM	۶۰	HMS02
6-FAM TM	۶۰	VHL20	NED TM	۶۰	HMS03
			VIC [®]	۶۰	HMS06

نتایج و بحث:

صحت آزمون‌های صورت گرفته در جدول ۲ ارائه شده است. همان‌گونه که در این جدول نیز ملاحظه می‌شود، روش‌های مبتنی بر درستنمایی، نسبت به روش‌هایی که از فاصله ژنتیکی استفاده می‌کنند، از صحت بیشتری برخوردارند. در بین روش‌های مبتنی بر درستنمایی، روش بیزی و در بین روش‌های مبتنی بر فاصله ژنتیکی، استفاده از فاصله ژنتیکی ناآریب نی بیشترین صحت و روش مبتنی بر فاصله ژنتیکی کاوالی اسفرزا و ادواردز کمترین صحت را دارا می‌باشند. نتایج حاصل از شبیه‌سازی و تکرار داده‌ها نیز مؤید همین موضوع است. البته نتایج حاصل از داده‌های خام نسبت به داده‌های شبیه‌سازی شده از نظر عددی اندکی بزرگتر است ولی نتایج حاصل از داده‌های شبیه‌سازی شده به دلیل استفاده از تعداد بیشتری از داده‌ها از دقت بیشتری برخوردار خواهد بود. در مطالعات دیگر نیز صحت روش‌های مبتنی بر درستنمایی، به‌ویژه روش بیزی بیشتر از روش‌های مبتنی بر فاصله ژنتیکی به‌دست آمده است (۴).

جدول ۲: صحت آزمون انتساب نمونه‌های مورد مطالعه به جمعیت‌های مبدأ

روش آزمون انتساب					
مبتنی بر فاصله ژنتیکی			مبتنی بر درستنمایی		
کاوالی اسفرزا و ادواردز	ناآریب نی	استاندارد نی	فراوانی	بیزی	نوع داده
۸۲/۵۱٪	۸۵/۲۹٪	۸۴/۳۴٪	۸۵/۹۲٪	۸۷/۳۹٪	خام
۸۰/۰۶٪	۸۳/۷۱٪	۸۱/۹۶٪	۸۲/۷۵٪	۸۶/۱۵٪	شبیه‌سازی

مطالعات شبیه‌سازی نشان می‌دهد که قدرت آزمون‌های انتساب به تعداد نشانگرهای مورد استفاده در آزمون، تعداد آلل‌ها، میزان فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌ها و اندازه نمونه در جمعیت بستگی دارد (۴ و ۸). برای آنکه پاسخ آزمون انتساب از دقت مناسبی برخوردار باشد، بایستی میزان فاصله و تمایز بین زیرجمعیت‌ها در روش‌های مختلف آزمون انتساب، حداقل بین ۵ تا ۱۰ درصد باشد (۴ و ۹). هر قدر فاصله بین جمعیت‌ها کمتر باشد، برای افزایش دقت آزمون بایستی از تعداد نمونه بیشتری استفاده نمود. فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌های اسب مورد مطالعه در این پژوهش از مقادیر بسیار اندک (بین جمعیت‌های کاسپین و بومی شمال کشور و بین جمعیت‌های عرب ایران، قره‌باغ و عرب دوخون) تا مقادیر بسیار بالا (بین جمعیت‌های کاسپین و بومی شمال کشور با سایر جمعیت‌ها) متغیر بوده است (جدول ۳). ولی با وجود این تنوع در فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌ها، آزمون‌های انتساب در بیش از ۸۰ درصد از موارد صحیح عمل نموده‌اند.



جدول ۳: فواصل ژنتیکی بین جمعیت‌های مورد مطالعه بر مبنای روش نأاریب نی

جمعیت										نام جمعیت	شماره
کاسپین	گُرد	عرب ایران	ترکمن	دره‌شوری	قره‌باغ	تروبرد	عرب خارجی	عرب دوخون	بومی شمال		
۰/۰۰۰	۰/۶۳۶	۰/۷۲۷	۰/۵۲۹	۰/۷۱۱	۰/۶۳۲	۰/۵۱۳	۰/۵۰۴	۰/۶۸۲	۰/۰۹۸		
۰/۶۳۶	۰/۰۰۰	۰/۱۰۲	۰/۱۴۳	۰/۳۳۴	۰/۱۷۵	۰/۲۷۰	۰/۲۵۰	۰/۲۲۲	۰/۴۹۱		
۰/۷۲۷	۰/۱۰۲	۰/۰۰۰	۰/۱۸۰	۰/۲۷۳	۰/۰۴۲	۰/۲۷۱	۰/۱۸۶	۰/۰۷۵	۰/۶۲۵		
۰/۵۲۹	۰/۱۴۳	۰/۱۸۰	۰/۰۰۰	۰/۰۹۵	۰/۱۳۰	۰/۱۹۴	۰/۱۹۶	۰/۱۱۴	۰/۴۰۶		
۰/۷۱۱	۰/۳۳۴	۰/۲۷۳	۰/۰۹۵	۰/۰۰۰	۰/۱۴۹	۰/۲۷۱	۰/۲۰۴	۰/۱۳۰	۰/۵۸۲		
۰/۶۳۲	۰/۱۷۵	۰/۰۴۲	۰/۱۳۰	۰/۱۴۹	۰/۰۰۰	۰/۲۲۹	۰/۱۸۶	۰/۱۴۷	۰/۵۸۵		
۰/۵۱۳	۰/۲۷۰	۰/۲۷۱	۰/۱۹۴	۰/۲۷۱	۰/۲۲۹	۰/۰۰۰	۰/۱۸۶	۰/۱۵۸	۰/۴۸۹		
۰/۵۰۴	۰/۲۵۰	۰/۱۸۶	۰/۱۹۶	۰/۲۰۴	۰/۱۴۷	۰/۱۸۶	۰/۰۰۰	۰/۱۵۸	۰/۴۱۶		
۰/۶۸۲	۰/۲۲۲	۰/۰۷۵	۰/۱۱۴	۰/۰۷۵	۰/۱۳۰	۰/۱۵۸	۰/۱۵۸	۰/۰۰۰	۰/۶۲۱		
۰/۰۹۸	۰/۴۹۱	۰/۶۲۵	۰/۴۰۶	۰/۵۸۲	۰/۵۸۵	۰/۴۸۹	۰/۴۱۶	۰/۶۲۱	۰/۰۰۰		

در پژوهش‌های دیگر، تریستراپ و همکاران (۲۰۰۸) در سه جمعیت اسب دانمارکی و دَاسیس و همکاران (۲۰۰۹) در جمعیت مانگالارگامارکادور نیز از بخشی از همین نشانگرها در آزمون انتساب اسب‌ها به جمعیت‌های مبدشان استفاده کرده و به‌ترتیب صحت آنرا ۷۸ و ۸۳ درصد ذکر نمودند (۵ و ۱۲). امین‌افشار (۱۳۸۷) و ننه‌کرانی (۱۳۸۹) نیز از اطلاعات حاصل از تعیین ژنوتیپ جایگاه‌های ریزماهواره برای انجام آزمون انتساب به‌ترتیب در جمعیت‌های گاومیش و گوسفند ایرانی استفاده کرده و به‌طور متوسط صحت این آزمون‌ها را برابر با ۸۵ و ۸۲ درصد گزارش کردند (۱ و ۳).

به‌طور کلی می‌توان نتیجه گرفت که علی‌رغم اینکه فاصله ژنتیکی بین جوامع اسب مورد مطالعه از مقادیر بسیار اندک تا مقادیر بسیار زیاد متغیر بوده است، ولی نشانگرهای مورد استفاده توانستند در حدود ۸۰ درصد از موارد، در انتساب حیوانات به جمعیت‌های مبدشان موفق عمل نمایند. بدین لحاظ می‌توان آنها را برای آزمون‌های انتساب در جمعیت‌های اسب ایرانی توصیه نمود.

منابع:

- (۱) امین‌افشار، م. ۱۳۸۷. مطالعه فیلوژنتیکی گاومیش‌های ایران با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره. رساله دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام. دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات تهران.
- (۲) رفیعی، ف. ۱۳۹۰. بررسی قرابت ژنتیکی اسب کاسپین ایران با سایر نژادهای اسب ایرانی. رساله دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام. دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات تهران.
- (۳) ننه‌کرانی، ش. ۱۳۸۹. بررسی تنوع ژنتیکی گوسفندان نژاد پوستی ایران با استفاده از برخی نشانگرهای مولکولی ریزماهواره. رساله دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام. دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات تهران.



- 4) Cornuet, J.M., Piry, S., Luikart, G., Estoup, A. and Solignac, M. 1999. New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. *Genetics*. 153:1989-2000.
- 5) DeAssis, J.B., Delaat, D.M., Peixoto, M.G., Bergman, J.A.G. and Fonseca, C.G. 2009. Genetic diversity and population structure in Brazilian Mangalarga-Marchador horses. *Genetics and Molecular Research*. 8(4):1519-1524.
- 6) Felsenstein, J. 2004a. PHYLIP (Phylogeny Inference Package) v.3.69. Distributed by the author. Department of Genome Science, University of Washington, USA.
- 7) FAO. 2004. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. Bradley, D.G., R. Fries, N. Bumstead, F.W. Nicholas, E.G. Cothran, L. Ollivier, A.M. Crawford (eds). Food and Agricultural Organization of United Nations.
- 8) Guinand, B., Scribner, K.T., Topchy, A., Page, K.S., Punch, W. and Burnham-Curtis, M.K. 2004. Sampling issues affecting accuracy of likelihood-based classification using genetical data. *Environmental Biology of Fishes*. 69:245-259.
- 9) Manel, S., Berthier, P. and Luikart, G. 2002. Detecting wildlife poaching: Identifying the origin of individuals with bayesian assignment tests and multilocus genotypes. *conservation Biology*. 16(3):650-659.
- 10) Nei, M., Tajima, F. and Tateno, Y. 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data II. Gene frequency data. *Journals of Molecular Evolution*. 19(2):153-170.
- 11) Piry, S., Alapetite, A., Cornuet, J.M., Paetkau, D., Baudouin L. and Estoup, A. 2004. GeneClass 2: a software for genetic assignment and first generation migrant detection. *Journal of Heredity*. 95(6):536-539.
- 12) Thirstrup, J.P., Pertoldi, C. and Loeschcke, V. 2008. Genetic analysis, breed assignment and conservation priorities of three native Danish horse breeds. *Animal Genetics*. 39:496-505.

The Use of Microsatellite Markers for Assignment Tests in Horse Populations of Iran

Farjad Rafeie^{1*}, Alireza Tarang², Cyrus Amirinia³, Ardeshtir Nejati Javaremi⁴, Seyed Ziaeddin Mirhoseini⁵, Ramin Seighalani², Ataollah Sharafi²

1- Islamic Azad University, Chalous Branch, Chalous, Iran

2- Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran, North Region Branch, Rasht, Iran

3- Department of Biotechnology, Animal Science Research Institute, Karaj, Iran

4- Department of Animal Science, Tehran University, Karaj, Iran

5- Department of Animal Science, University of Guilan, Rasht, Iran

* Corresponding Author: Farjad Rafeie

Farjad.rafeie@gmail.com

Abstract

The use of microsatellite markers for assignment tests was studied in 953 samples from 10 horse populations of Iran with genotyping in 17 microsatellites recommended by FAO and ISAG commonly. Assignment test was performed with methods based on likelihood and genetic distances. The results were displayed that Bayesian method and Nei's unbiased genetic distance method were provided highest accuracy. With respect to high variation in genetic distances between these populations and high accuracy in assigning animals to their true populations, these set of microsatellites may be recommended to assignment tests in horse populations of Iran.



Keywords: Microsatellite markers - Likelihood - Genetic distance - Horse populations of Iran
- Assignment test



بررسی ساختار ژنتیکی جمعیتی از گاو هلشتاین ایران با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره نشاندار شده فلوروستی

منا هاشمی^{۱*}، سیروس امیری نیا^۲، محمد طاهر هرکی نژاد^۳، محمد حسین بنابازی^۲

۱ - دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح دام دانشگاه زنجان ۲ - عضو هیئت علمی موسسه تحقیقات علوم دامی کشور ۳ -

عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه زنجان

منا هاشمی: M_hashemi@znu.ac.ir

چکیده

به منظور بررسی ساختار ژنتیکی جمعیتی از گاو هلشتاین ایران، تعداد ۹۴ راس برای ۱۲ جایگاه ریزماهواره‌ای نشاندار شده فلوروستی تعیین ژنوتیپ گردیدند. پس از استخراج DNA ژنومی از نمونه‌های خون و اسپرم، ۱۲ جایگاه ریزماهواره‌ای در قالب یک واکنش چندگانه PCR (Multiplex PCR) تکثیر شدند. نتایج حاصل از تعیین ژنوتیپ به صورت اندازه آلی دقیق برای هر فرد در هر جایگاه مشخص گردید. در مجموع ۱۱۹ آلل در این جمعیت بدست آمد. بررسی تعادل هاردی-واینبرگ در این جمعیت ۵ جایگاه را در تعادل و ۷ جایگاه را خارج از تعادل نشان داد ($p < 0.05$). نتایج حاصل از شاخص‌های تنوع درون جمعیتی و شاخص‌های چندشکلی در جایگاههای مورد مطالعه از جمله تعداد آلل‌های واقعی و موثر، محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) و هتروزیگوسیتی حاکی از سطح بالایی از تنوع و چندشکلی در جمعیت و جایگاههای مورد بررسی بود. در مجموع، نتایج این تحقیق کارایی این مجموعه از نشانگرهای ریزماهواره‌ای نشاندار شده فلوروستی را که از میان فهرست مشترک فائو و انجمن بین المللی ژنتیک حیوانی (ISAG) انتخاب شده است و بصورت یک واکنش PCR چندگانه ارائه گردید، نشان داد که در مقایسه با بررسی تک تک جایگاهها از نظر اقتصادی نیز به صرفه تر خواهد بود.

کلمات کلیدی: ساختار ژنتیکی - گاو هلشتاین ایران - نشانگر ریزماهواره - چندشکلی

مقدمه

یکی از عواملی که برای مدیریت موفق یک پروژه اصلاحی لازم است، دسترسی و آگاهی از میزان تنوع در مجموعه‌های ژنتیکی در مراحل مختلف پروژه‌های اصلاحی است. در شرایطی که کار اصلاح نژادی به یک جمعیت یا گله محدود میشود، روند اصلاح انتخابی به احتمال زیاد منجر به کاهش معنی دار تنوع ژنتیکی خواهد شد که به نوبه خود یکی از فاکتورهای اساسی در تعیین بازده اصلاح نژادی است (۱). نشانگرهای مولکولی در این بین به یک ابزار ژنتیکی مهم در مطالعات ژنتیک حیوانی تبدیل شده‌اند که امکان آنالیز تغییرپذیری ژنتیکی در درون و بین گله‌ها را فراهم می‌سازند. نشانگرهای ریزماهواره به دلیل محتوای اطلاعات چندشکلی بالا، توزیع گسترده در سطح ژنوم یوکاریوت و روش کار آسان به طور گسترده در مطالعات جمعیتی و تایید شجره در گاو مورد استفاده قرار می‌گیرند. بیش از ۱۴۰۰ ریزماهواره در ژنوم گاو نقشه یابی شده‌اند و تنها تعدادی از آنها در مطالعات ژنتیک جمعیت و تایید شجره بکار رفته‌اند (۲). در این مطالعه از ۱۲ جایگاه ریزماهواره‌ای از فهرست مشترک انجمن بین المللی ژنتیک حیوانی^{۱۷۱} و فائو^{۱۷۲} که برای آزمون انسب در گاو پیشنهاد شده است در قالب یک واکنش PCR جهت بررسی تنوع ژنتیکی در جمعیت گاو هلشتاین ایران استفاده گردید.

مواد و روش‌ها

نمونه‌های خون و اسپرم از ۹۴ راس گاو هلشتاین جمع آوری گردید. استخراج DNA از نمونه‌های اسپرم به روش فنل - کلروفرم و از نمونه‌های خون به روش تغییر و بهینه یافته میلر و همکاران (۱۹۸۸) صورت گرفت. پس از تعیین کمیت و کیفیت DNAهای استخراج شده توسط دستگاه نانودراپ، تکثیر PCR بر روی نمونه‌ها برای ۱۲ جایگاه ریزماهواره‌ای که

¹⁷¹ - International Society for Animal Genetics (ISAG)

¹⁷² - Food and Agriculture Organization (FAO)



هر یک در انتهای ۵' با یک رنگ فلئوروسنت نشانگذاری شده بودند صورت گرفت. جدول ۱ مشخصات جایگاه‌ها همراه با توالی پرایمر استفاده شده در تکثیر این جایگاه‌ها را نشان می‌دهد.

جدول ۱- مشخصات جایگاه‌ها و پرایمرهای استفاده شده در تکثیر جایگاه‌های ریزماهواره

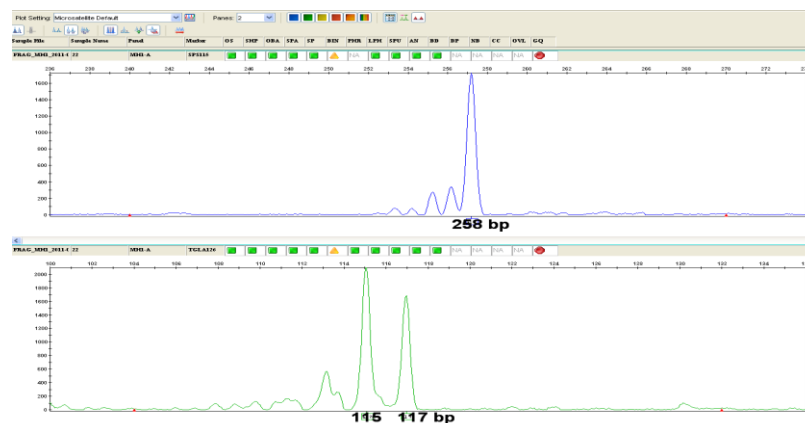
رنگ	دامنه اندازه آلل (جفت باز)	توالی پرایمر	کروموزوم	جایگاه
FAM	۶۳-۱۱۵	F: CGA ATT CCA AAT CTG TTA ATT TGC T R: ACA GAC AGA AAC TCA ATG AAA GCA	۱۸	TGLA227
FAM	۱۱۶-۱۴۶	F: GCT GCC TTC TAC CAA ATA CCC R: CTT CCT GAG AGA AGC AAC ACC	۲	BM2113
FAM	۱۴۷-۱۹۷	F: GCTTTCAGAAATAGTTTGCATTCA R: ATCTTCACATGATATTACAGCAGA	۱۶	TGLA53
FAM	۱۹۸-۲۳۴	F: GTT CAG GAC TGG CCC TGC TAA CA R: CCT CCA GCC CAC TTT CTC TTC TC	۵	ETH10
FAM	۲۴۰-۲۷۰	F: AAA GTG ACA CAA CAG CTT CTC R: AAC GAG TGT CCT AGT TTG GCT GTG	۱۵	SPS115
VIC	۱۰۴-۱۳۲	F: CTA ATT TAG AAT GAG AGA GGC TTC T R: TTG GTC TCT ATT CTC TGA ATA TTC C	۲۰	TGLA126
VIC	۱۳۳-۱۹۳	F: CCC TCC TCC AGG TAA ATC AGC R: AAT CAC ATG GCA AAT AAG TAC ATA C	۲۱	TGLA122
VIC	۱۹۴-۲۳۶	F: GAG TAG AGC TAC AAG ATA AAC TTC R: TAA CTA CAG GGT GTT AGA TGA ACT C	۳	INRA23
VIC	۲۴۸-۲۷۶	F: AGCTGGGAATATAACCAAGG R: AGTGCTTTCAAGGTCCATGC	۲۳	BM1818
NED	۸۹-۱۳۱	F: GAACCTGCCTCTCCTGCATTGG R: ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG	۱۹	ETH3
NED	۱۳۲-۱۶۶	F: GAT CAC CTT GCC ACT ATT TCC T R: ACA TGA CAG CCA GCT GCT ACT	۹	ETH225
NED	۱۷۰-۲۱۸	F: GAG CAA GGT GTT TTT CCA ATC R: CAT TCT CCA ACT GCT TCC TTG	۱	BM1824

برای تکثیر جایگاه‌ها از یک کیت تجاری تعیین ژنوتیپ گاوی ساخت شرکت FINNZYMES DIAGNOSTICS (Panel 1.2, F-904) استفاده شد. واکنش در قالب یک واکنش چندگانه^{۱۷۳} و در حجم ۲۰ میکرولیتر و طبق دستورالعمل موجود در کیت استفاده شده صورت گرفت. برنامه دمایی PCR به این شرح بود: یک سیکل واسرشته سازی اولیه در دمای ۹۸ درجه سانتی گراد (۱ دقیقه)، ۳۰ سیکل شامل واسرشته سازی ۹۸ درجه (۲۰ ثانیه)، اتصال پرایمر ۶۰ درجه (۷۵ ثانیه)، بسط ۷۲ درجه (۳۰ ثانیه) و یک سیکل بسط نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۵ دقیقه. سپس ۱/۵ میکرو لیتر از هر محصول PCR مطابق با روش ذکر شده در دستورالعمل کیت مذکور آماده سازی و جهت الکتروفورز به دستگاه Genetic Analyzer ABI 3130 (ساخت شرکت ABI) انتقال یافت. در کلیه مراحل از یک نمونه کنترل مثبت حاوی DNA ژنومیک گاوی با غلظت ۰/۵ نانوگرم/میکرولیتر برای تأیید شرایط PCR و الکتروفورز استفاده شد. آنالیز قطعه‌ای^{۱۷۴} محصولات PCR توسط نرم افزار Genemapper (Appliedbiosystems.com) و بررسی پارامترهای مرتبط با تنوع ژنتیکی از جمله تعداد آلل‌های واقعی و موثر، میزان چندشکلی (PIC)، هتروزیگوسیتی، شاخص شانون و همچنین بررسی تعادل هاردی واینبرگ (HWE) توسط نسخه ۶/۴۱ نرم افزار GeneAlex صورت گرفت.

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تعیین ژنوتیپ ۹۴ نمونه مورد بررسی در نرم افزار Genemapper به صورت اندازه آللی مشخص گردید که این مقادیر از طریق پیک آللی مربوطه برای هر فرد در هر جایگاه قابل خواندن است. شکل ۱ ژنوتیپ یک فرد در دو جایگاه را برای نمونه نشان می‌دهد. بررسی فراوانی آللی ۱۲ جایگاه مورد بررسی در نمونه‌های تعیین ژنوتیپ شده ۱۱۹ آلل را در این جمعیت نشان داد. در بین جایگاه‌های ریزماهواره‌ای بررسی شده، جایگاه‌های TGLA227 و TGLA53 با ۱۷ آلل بیشترین تعداد آلل و جایگاه TGLA126 با ۵ آلل کمترین تعداد آلل را به خود اختصاص دادند.

³⁻ Single multiplex reaction
¹⁷⁴ - Fragment Analysis



شکل ۱- ژنوتیپ هموزیگوت فرد در جایگاه SPS115 (بالا) و ژنوتیپ هتروزیگوت آن در جایگاه TGLA126 (پایین) مشابه با نتایج این تحقیق کارولینو و همکاران (۲۰۰۹) با آنالیز ۱۰ نشانگر ریزماهواره بالاترین تعداد آلل را برای جایگاه TGLA227 و برابر با ۱۱ آلل گزارش کردند (۳).

جدول ۲- پارامترهای جمعیتی حاصل از ۱۲ جایگاه ریزماهواره‌ای

جایگاه	تعداد آلل واقعی (Na)	تعداد آلل موثر (Ne)	PIC	He	شاخص شانون (I)
TGLA2	۱۷	۷/۵۲	۰/۸۵	۰/۸۷۱۰	۲/۳۲
BM211	۹	۴/۵۸	۰/۷۵	۰/۷۸۶۲	۱/۷
ETH10	۱۱	۴/۱۴	۰/۷۳	۰/۷۶۲۸	۱/۸
SPS115	۷	۳/۳۷	۰/۶۶	۰/۷۰۷۹	۱/۴۸
TGLA1	۵	۲/۷۷	۰/۵۸	۰/۶۴۳۵	۱/۲۲
TGLA1	۱۴	۴/۶۶	۰/۷۶	۰/۷۸۹۹	۲
INRA0	۸	۴/۵۶	۰/۷۴	۰/۷۸۵۴	۱/۶۶
BM181	۶	۲/۹۵	۰/۶۰	۰/۶۶۵۶	۱/۲۷
ETH3	۹	۳/۲۹	۰/۶۵	۰/۷۰۰۴	۱/۴۵
ETH22	۸	۴/۳۳	۰/۷۳	۰/۷۷۳۸	۱/۷۱
BM182	۸	۵/۳۴	۰/۷۸	۰/۸۱۸۵	۱/۸۱
TGLA5	۱۷	۶/۴۱	۰/۸۲	۰/۸۵۱۵	۲/۱۸
میانگین	۹/۹۲	۴/۴۹	۰/۷۲	۰/۷۶۳۰	۱/۷۲

بررسی تعادل هاردی-واینبرگ با آزمون کای اسکور در این جمعیت ۵ جایگاه را در تعادل و ۷ جایگاه را خارج از تعادل نشان داد ($p < 0.05$). در زمینه میزان اطلاعات چندشکلی (PIC)، ریهوت و همکاران (۲۰۰۶) و اوزکان و همکاران (۲۰۰۹) به ترتیب در بین ۱۰ و ۱۲ جایگاه ریزماهواره‌ای بیشترین مقدار PIC را در جایگاه TGLA227 و به ترتیب ۰/۸۱۶ و ۰/۸۴ گزارش کردند که به مقدار گزارش شده در این مطالعه (۰/۸۵) بسیار نزدیک است (۶۰۴). همانطور که در جدول ۲ مشاهده می‌شود در بین جایگاه‌های مورد بررسی هشت جایگاه مقادیر PIC بالاتر از ۰/۷ نشان دادند که این مقادیر دلیلی بر کارآمدی بالای جایگاه‌های مورد استفاده در این تحقیق برای مطالعات تنوع ژنتیکی می‌باشد. مقادیر بالای هتروزیگوسیتی در جایگاه TGLA227 در این تحقیق نیز با نتایج پوتنوا و همکاران (۲۰۱۱) مشابهت دارد (۵). بیشترین مقدار شاخص شانون نیز در جایگاه TGLA227 مشاهده گردید که با تعداد بالای آلل مشاهده شده و همچنین مقادیر بالای PIC و هتروزیگوسیت در این جایگاه قابل توضیح است. در مجموع نتایج این تحقیق کارایی این مجموعه از نشانگرهای نشاندار شده در قالب یک واکنش PCR برای بررسی ساختار ژنتیکی در جمعیت گاو هلشتاین ایران را نشان داد.

منابع:

- ۱ - قنبری، ص. عصفوری، ر. حق نظری، ع. ۱۳۸۶. قابلیت استفاده از داده‌های میکروستلایت در بررسی تنوع ژنتیکی و تشخیص فردی و والدینی. دومین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور



- 2- Cervini, M., F. Henrique-Silva., N. Mortari and E. Matheucci Jr. 2006. Genetic variability of 10 microsatellite markers in the characterization of Brazilian Nellore cattle (*Bos indicus*). *Genetics and molecular biology*. 29 (3): 486- 490.
- 3- Carolino, I., C. O.Sous., S. Ferreira., N. Carolino., F. S.Silva and L. T.Gama. 2009. Implementation of a parentage control system in Portuguese beef-cattle with a panel of microsatellite markers. *Genetics and Molecular Biotechnology*. 32(2): 306-311.
- 4- Ozkan, E., M. I. Soysal., M. Ozder., E. Koban., O. Sahin and I. Togan. 2009. Evaluation of parentage testing in the Turkish Holstein population based on 12 microsatellite loci. *Livestock Science*. 124: 101-106.
- 5- Putnova, L., I. Vrtkova., P. Srubarova and L. Stehlik. 2011. Utilization of a 17 Microsatellites Set For Bovine Traceability in Czech Cattle Populations. *Iranian journal of Animal Science*. 1(1): 33-38.
- 6- Rehout, V., E. Hradecka and J. Citek. 2006. Evaluation of parentage testing in the Czech population of Holstein cattle. *Czech Journal of Animal Science*. 12: 503-509.

Genetic structure of Iranian Holstein cattle population using fluorescent labeled microsatellite markers

Mona Hashemi^{1*}, Cyrus Amirinia², Mohammad Taher Harkinezhad³, Mohammad Hossein Banabazi²

- 1- MSc student of animal breeding in zanzan university 2- Member of scientific board in Animal Science Research Institution of Iran, Karaj 3- Member of scientific board in Zanzan university

*M_hashemi@zun.ac.ir

Abstract

To study genetic structure of Iranian Holstein population, 94 individuals were randomly sampled and genotyped for 12 fluorescent labeled microsatellite markers picked out from FAO-ISAG joint recommended list as one multiplex PCR set. Genomic DNA was extracted from semen and whole blood samples. Based on exact allele sizes, 119 alleles were totally distinguishes among the studied population. Five loci were at Hardy-Weinberg equilibrium and 7 ones deviated from ($p < 0.05$). The values of genetic variability within population and polymorphism indices including average heterozygosity, the number of observed and effective alleles, polymorphic information content (PIC), Shannon index and so on showed that the studied Holstein cattle population and used markers have still a reliable diversity and polymorphism level, respectively. In conclusion, this study has proved good efficiency of the used microsatellite set for studying of genetic structure of Holstein cattle populations. Also, it is cost and time saving compared with genotyping of loci as separately.

Keywords: Genetic structure, Iranian Holstein cattle, Microsatellite, Polymorphism.



بررسی برخی از عوامل محیطی مؤثر بر صفات رشد درگوسفندان گیلان

مریم زنده دل دلیر حقیقت

گیلان

مریم زنده دل دلیر حقیقت، رشت - گلزار - خیابان ۱۲۳ - بن بست رز - پلاک ۱۲،۳

m.zendedel41@yahoo.com

چکیده :

تحقیق حاضر جهت بررسی عوامل محیطی مؤثر بر صفات رشد در کل جمعیت گوسفندان استان گیلان انجام گرفت. رکوردهای جمع آوری شده مربوط به وزن تولد، وزن ۳ ماهگی و وزن ۶ ماهگی بره های متولد شده طی سالهای ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۸ بود و تجزیه و تحلیل داده ها با استفاده از نرم افزار SAS صورت گرفت. تعداد مشاهدات مربوط به وزن تولد، ۳ ماهگی و ۶ ماهگی بترتیب برابر با ۱۳۸۵۷، ۱۲۶۳۱ و ۹۰۷۵ بود. عوامل محیطی شامل اثر سال تولد، ماه تولد، سن مادر، جنس بره، تیپ تولد و گله و اثرات متقابل دو طرفه آن ها بودند. اثر سال تولد، ماه تولد، سن مادر، تیپ تولد و گله بر تمامی صفات معنی دار بودند ($P < 0/05$). اثر جنس بره بر صفات وزن ۳ ماهگی و ۶ ماهگی معنی دار بود ($P < 0/05$). اثر متقابل سن مادر و تیپ تولد و همچنین جنس و تیپ تولد بر صفت وزن تولد معنی دار بودند ($P < 0/05$). اثر متقابل سن مادر و جنس بره بر صفت ۶ ماهگی معنی دار بود ($P < 0/05$). معنی دار بودن اثرات متقابل نشان می دهد که صرف نظر کردن از این اثرات در ارزیابی های ژنتیکی در این جمعیت می تواند به اربابی در برآوردها منجر شود. واژه های کلیدی : عوامل محیطی - صفات رشد - گوسفند - استان گیلان

مقدمه :

گوشت گوسفند مهمترین منبع گوشت قرمز در ایران است. طبق آمار جمع آوری شده در سال ۱۳۸۸ تعداد گوسفندان کل کشور ۵۲۱۱۴۰۰۰ راس و میزان تولید گوشت گوسفند برابر با ۳۳۴۲۰۰ تن برآورد شده است. همچنین برآوردهای انجام شده در سال ۱۳۸۸ نشان می دهد که استان گیلان با دارا بودن ۹۲۶۸۴۵ راس گوسفند سالانه حدود ۵/۱۹ هزار تن گوشت گوسفند تولید می کند (۱). با توجه به اینکه مقدار گوشت قرمز تولیدی در کشور برای رفع نیاز متقاضیان کفایت نمی کند، بنابراین انجام تحقیقاتی در جهت افزایش بازده رشد در گوسفند مورد نیاز است.

تحقیقات نشان می دهد صفت رشد در گوسفند تنها متأثر از پتانسیل خود حیوان نیست بلکه عوامل محیطی نیز بر آن تأثیر زیادی دارند (۹). از آنجا که توان تولیدی حیوانات به درجات مختلف تحت تأثیر عوامل محیطی قرار می گیرد، رکوردهای هر صفت براساس فاکتورهای محیطی متأثر بر آن تصحیح میشوند و در نتیجه باعث میشود پارامترهای ژنتیکی و ارزش ارثی برآورد شده، پتانسیل ژنتیکی حیوان را نشان دهد. بنابراین تصحیح رکوردها براساس عوامل محیطی مؤثر قبل از ارزیابی بسیار مهم است (۱۱). تأثیر عوامل محیطی بر صفات وزن برای نژادهای مختلف گوسفند مانند قزل، مهربان، عربی، سنجابی، کرمانی، زندی و بسیاری از نژادهای دیگر در مقالات انتشار یافته گزارش شده است (۴، ۵، ۷، ۸، ۱۰ و ۱۱).

به جهت اینکه تا کنون میزان تأثیر عوامل محیطی بر صفات وزن در گوسفندان استان گیلان مشخص نگردیده است هدف این تحقیق شناسایی عوامل محیطی مؤثر بر صفت وزن در سنین مختلف در گوسفندان استان گیلان بود.



مواد و روش :

در این تحقیق از اطلاعات مربوط به ۱۳۸۵۷ راس بره متولد شده طی سالهای ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۸ در شهرستانهای استان گیلان و رکوردهای مربوط به صفات وزن تولد، ۳ ماهگی و ۶ ماهگی آنها استفاده شد. اطلاعات صفات مورد مطالعه و مشخصات آماری مربوط به آن در جدول شماره ۱ نشان داده شده است.

مدل آماری این تحقیق بدین شرح میباشد:

$$y_{ijklmn} = \mu + Y_i + M_j + A_k + S_l + T_m + H_n + A*S_{kl} + A*T_{km} + S*T_{lm} + e_{ijklmn}$$

در این مدل y_{ijklmn} ، μ ، Y_i ، M_j ، A_k ، S_l ، T_m ، H_n ، $A*S_{kl}$ ، $A*T_{km}$ و $S*T_{lm}$ و e_{ijklmn} به ترتیب یک مشاهده از صفت مورد نظر از یک دام، میانگین صفت در جامعه، اثر سال تولد (۱۶ سطح)، اثر ماه تولد (۴ سطح)، اثر سن مادر (۵ سطح)، اثر جنس بره (۲ سطح)، اثر تیپ تولد (۳ سطح)، اثر گله (۱۴ سطح)، اثر متقابل سن مادر و جنس بره، سن مادر و تیپ تولد، جنس بره و تیپ تولد و اثرات باقیمانده هستند. برای انجام تجزیه واریانس و آزمون معنی دار بودن عوامل محیطی برای صفات تولیدی از مدل آماری تجزیه واریانس همچنین برای محاسبه میانگین حداقل مربعات صفات از روش مدل عمومی خطی GLM نرم افزار SAS استفاده شد.

نتایج و بحث :

میانگین حداقل مربعات و خطای استاندارد صفات فوق به تفکیک ماه تولد، سن مادر، جنس بره، تیپ تولد و گله در جدول شماره ۲ نشان داده شده است. عوامل محیطی که اثر معنی دار بر وزن تولد داشتند عبارتند از: سال تولد، ماه تولد، سن مادر، تیپ تولد، گله و اثر متقابل سن مادر و تیپ تولد و همچنین جنس و تیپ تولد. تأثیر سال تولد در گزارشات دیگران نیز به چشم می خورد (۲، ۳، ۴، ۷، ۱۱). بره های متولد شده از مادران ۵ ساله وزن بیشتری نسبت به سایرین داشتند و تفاوت معنی داری با گروه های دیگر دارند (بجز متولدین از مادران ۴ ساله). میشهای ۵ ساله از نظر بلوغ جسمی کامل هستند احتمالاً بره هایشان به همین خاطر دارای وزن تولد بیشتری می باشند. این نتایج با بررسی های محمدی و همکاران (۸)، محمدی و صادقی (۳) و رشیدی و همکاران (۱۱) مطابقت دارد. وزن تولد یک قلوها نسبت به دو و سه قلوها بطور معنی داری بیشتر است. دلیل آن در منابع علمی استفاده از تمام ظرفیت رحمی مادر برای رشد و نمو بره های یک قلو بیان شده است (۶ و ۱۱). همچنین معنی دار شدن اثر متقابل سن مادر و تیپ تولد نشان می دهد که اختلاف بین وزن تولد بره های ۱ قلو، ۲ قلو و ۳ قلو در مادران با سنین مختلف یکسان نیست. معنی دار بودن اثر متقابل تیپ تولد و جنس بره منعکس کننده تفاوت اختلاف وزن تولد بره های نر و ماده در ۳ سطح تیپ تولد می باشد. اثر گله میتواند برای سنین مختلف مانند وزن تولد معنی دار باشد و این به دلیل شیوه مدیریتی، شرایط محیطی و فنوتیپ متفاوت بین گله ها است. معنی دار بودن اثر گله در تحقیقات مشابه گزارش شده است (۳ و ۴).

براساس جدول شماره ۲ عوامل محیطی که بر وزن ۳ ماهگی اثر معنی دار دارند عبارتند از: سال تولد، ماه تولد، سن مادر، جنس بره، تیپ تولد و گله. روند تغییرات این صفت در نتیجه تأثیر عامل سال تولد از سال ۷۳ تا ۸۵ تقریباً مشابه وزن تولد بوده است. معنی دار شدن این اثر با گزارشات رشیدی و همکاران (۱۱)، محمدی و همکاران (۸) و بسیاری از تحقیقات مرتبط دیگر مطابقت دارد. در وزن ۳ ماهگی اثر سن مادر و تیپ تولد روندی شبیه به وزن تولد دارد (۶، ۷ و ۸). بطور کلی میانگین وزن بدن بره های نر در سنین مختلف بیشتر از بره های ماده است و این تفاوت بخاطر شرایط فیزیولوژیکی خاص آنهاست. معنی دار بودن این اثر برای صفت وزن ۳ ماهگی با گزارشات رشیدی و همکاران (۱۱) و غفوری و همکاران (۵) مطابقت دارد.



درمورد وزن ۶ ماهگی نیز عوامل محیطی که اثر معنی داری بر این صفت دارند عبارتند از: سال تولد، ماه تولد، سن مادر، جنس بره، تیپ تولد، گله و اثر متقابل سن مادر و جنس بره. بره های متولد شده از مادران ۶ سال و بالاتر بیشترین میانگین وزنی و متولدین از مادران ۲ ساله کمترین میانگین وزنی را دارند. معنی دار شدن این اثر در وزن ۶ ماهگی با تحقیقات مختاری و همکاران (۱۰) و محمدی و همکاران (۸) و بانه و حافظیان (۴) مطابقت دارد. همچنین اثر متقابل سن مادر و جنس بره معنی دار شده است. در نتیجه اختلاف وزن ۶ ماهگی در بره های نر و ماده متولد شده از مادران دارای سنین مختلف متفاوت است. این مطلب در توافق با گزارشهای کلانتر (۲) بود. عوامل محیطی جنس بره و تیپ تولد کماکان در مورد نرها و یک قلوها باعث افزایش بیشتر وزن گردید.

جدول ۱: اطلاعات و مشخصات آماری صفات مورد مطالعه

عنوان	تولد	۳ ماهگی	۶ ماهگی
تعداد رکورد	۱۳۸۵۷	۱۲۶۳۱	۹۰۷۵
میانگین صفت (کیلوگرم)	۳/۱۴	۱۵/۲۸	۲۱/۳۶
انحراف معیار (کیلوگرم)	۰/۴۷	۲/۳۲	۲/۷۴
مقدار حداقل (کیلوگرم)	۱/۵	۸	۱۴/۵
مقدار حداکثر (کیلوگرم)	۶	۲۳	۳۶
ضریب تغییرات (درصد)	۱۴/۸۶	۱۵/۲۱	۱۲/۸۲

جدول ۲: میانگین حداقل مربعات و خطای استاندارد صفات مورد مطالعه به تفکیک عوامل مختلف محیطی

صفت	وزن تولد	وزن ۳ ماهگی	وزن ۶ ماهگی
میانگین کلی	۲/۶۵ (۰/۲۵)	۱۴/۸۴ (۰/۴۱)	۲۰/۸۲ (۰/۴۴)

آذر	۲/۶۸ ^a (۰/۰۵)	۱۵/۷۱ ^a (۰/۰۵)	۲۱/۸۰ ^a (۰/۲۲)
دی	۲/۶۶ ^a (۰/۰۵)	۱۵/۲۹ ^b (۰/۰۸)	۲۱/۵۳ ^a (۰/۱۱)
بهمن	۲/۶۶ ^a (۰/۰۵)	۱۴/۶۳ ^c (۰/۰۷)	۲۰/۵۶ ^b (۰/۱۰)
اسفند	۲/۵۸ ^b (۰/۰۵)	۱۳/۷۳ ^d (۰/۰۹)	۱۹/۴۲ ^c (۰/۱۳)

۲	۲/۵۵ ^a (۰/۰۷)	۱۴/۲۳ ^a (۰/۱۳)	۲۰/۰۷ ^a (۰/۱۸)
۳	۲/۶۵ ^a (۰/۰۶)	۱۴/۷۴ ^b (۰/۱۵)	۲۰/۶۸ ^b (۰/۲۲)
۴	۲/۶۵ ^{ab} (۰/۱۶)	۱۴/۹۶ ^{bc} (۰/۱۲)	۲۱/۰۶ ^{bc} (۰/۱۷)
۵	۲/۹۳ ^b (۰/۰۹)	۱۵/۳۴ ^d (۰/۱۴)	۲۰/۸۰ ^b (۰/۱۹)
۶ و بالاتر	۲/۴۶ ^a (۰/۰۹)	۱۴/۹۴ ^{bc} (۰/۱۵)	۲۱/۵۲ ^c (۰/۲۱)



**		**			
۲۱/۲۷ ^a (۰/۱۴)	۱۵/۱۱ ^a (۰/۱۰)	۲/۶۵ ^a (۰/۰۵)	نر	جنس بره	
۲۰/۳۸ ^b (۰/۱۳)	۱۴/۵۷ ^b (۰/۰۹)	۲/۶۴ ^a (۰/۰۷)	ماده		
**		**		**	
۲۱/۲۷ ^a (۰/۰۷)	۱۵/۲۵ ^a (۰/۰۵)	۳/۱۴ ^a (۰/۰۰۹)	۱ قلو	تیپ تولد	
۲۱/۳۸ ^b (۰/۱۷)	۱۴/۴۳ ^b (۰/۱۲)	۲/۴۸ ^b (۰/۰۲)	۲ قلو		
-	-	۲/۳۲ ^b (۰/۱۴)	۳ قلو		
**		**		**	
۰/۵۵	۰/۵۰	۰/۳۹	گلّه		
			ضریب تابعیت (R ²)		

۱- * به مفهوم معنی دار بودن در سطح ۱ درصد و ** به مفهوم معنی دار بودن در سطح ۵ درصد می باشد.

۲- حروف مشترک در هر ستون بیانگر عدم وجود تفاوت معنی دار در سطح ۵ درصد می باشد.

۳- اعداد داخل پرانتز معرف اشتباه معیار صفات است.

منابع :

- ۱- آمارنامه کشاورزی سال ۱۳۸۸. دفتر آمار و فناوری اطلاعات وزارت جهاد کشاورزی. تهران: وزارت جهاد کشاورزی، معاونت برنامه ریزی و اقتصادی، دفتر آمار و فناوری اطلاعات، ۱۳۸۹
- ۲- کلانتر نیستانی. م. ۱۳۸۳، بررسی برخی از عوامل محیطی مؤثر بر صفات رشد گوسفند نژاد زندی، پژوهش کشاورزی، جلد ۴، شماره ۲
- ۳- محمدی. ح. م. صادقی، ۱۳۸۹، برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد و تولیدمثل و روند ژنتیکی صفات رشد در گوسفند نژاد زل تحت سیستم روستائی، مجله علوم دامی ایران، ۴۱(۳): ۲۴۱-۲۳۱

- 4-Baneh. H, S. H. Hafezian, 2009, Effects of environmental factors on growth traits in Ghezel sheep, African Journal of Biotechnology, 8(12): 2903-2907.
- 5- Ghafouri Kesbi. F., M. Eskandarinasab, A.Hassanabadi. 2008. Estimation of genetic parameters for lamb weight at various ages in Mehraban sheep. Animal Science, 7: 95-103
- 6-Jafaroghli. M, A. Rashidi, M. S. Mokhtari, A. A. Shadparvar. 2010, (Co)Variance components and genetic parameter estimates for growth traits in Moghani sheep. Small Ruminant Research. 91:170-177.
- 7-Mohammadi.K, M.T. Beigi Nassiri, J. Fayazi, H. Roshanfekar, A. Aghaei. 2010. Estimates of phenotypic and genetic parameters for pre-weaning growth traits of Arabi lambs. Journal of animal and veterinary advances, 9(13): 1819-1823
- 8-Mohammadi. Y, A. Rashidi, M. S. Mokhtari, A. K. Esmailzadeh. 2010. Quantitative genetic analysis of growth traits and Kleiber ratios in Sanjabi sheep. Small Ruminant Research. 93: 88-93
- 9-Mohammadi. Y, A. Rashidi, M. S. Mokhtari, M. T. Beigi Nassiri. 2011. The estimation of (co)variance components for growth traits and Kleiber ratios in Zandi sheep. Small Ruminant Research, 99: 116-121
- 10- Mokhtari, M. S., A. Rashidi, Y. Mohammadi. 2008. Estimation of genetic parameters for post-weaning traits of Kermani sheep, Small Ruminant Research, 80: 22-27



- 13- Rashidi, A., M. S. Mokhtari, A. Safi Jahanshahi and M. R. Mohammad Abadi. 2008. Genetic parameter estimates of pre-weaning growth traits in Kermani sheep. *Small Ruminant Research*, 74: 165-171

Study on some environmental factors affecting growth traits of sheep in Guilan.

Maryam zendedel dalir haghghat

m.zendedel41@yahoo.com

Abstract :

The present study was carried out to study the effects of some environmental factors affecting growth traits of sheep in Guilan. Data were collected on birth weight (BW0), body weight at month 3 (BW3) and body weight at month 6 (BW6) from lambs born during 1994 – 2009 in Guilan province and the analysis was performed using SAS software. Number of observation was 13857, 12631 and 9075 for BW0, BW3 and BW6, respectively. The environmental factors included year of birth, month of birth, dam age, lamb sex, birth type and herd. The year of birth, month of birth, dam age, birth type and herd affected on all traits significantl ($P < 0.05$). The lamb sex had significant effect on BW3 and BW6 ($P < 0.05$). The interaction effects of dam age by birth type and lamb sex by birth type were significant for BW0 ($P < 0.05$). The interactions between dam age and lamb sex significantly affected BW6 ($P < 0.05$). Significant effects of interactions showed that ignoring this effects in genetic evaluation in this population could result in biased estimations

Key word: Environmental effects - Growth traits – sheep - Guilan province



مقایسه چند شکلی اگزون ۶ ژن کالپاستاتین در گوسفندان لری بختیاری و زل

با استفاده از تکنیک PCR-SSCP

محسن عالی^۱

محمد مرادی شهربابک^۲، حسن مرادی شهربابک^۳، مصطفی صادقی^۴

۱، ۲، ۳ دانشجوی کارشناسی ارشد، استاد و استادیار گروه علوم دامی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران

EMAIL: mohsen.ali@ut.ac.ir

چکیده:

ارزش دام‌ها به کمیت و کیفیت گوشت، توزیع چربی و وزن کل لاشه بستگی دارد. کالپاستاتین با مهار کالپاین‌ها و جلوگیری از تجزیه میوفیبریل‌های ماهیچه نقش مهمی در افزایش سرعت رشد و کاهش تردی گوشت پس از کشتار ایفا می‌کند. ژن کالپاستاتین روی کروموزوم شماره ۵ گوسفند قرار دارد که دارای ۳۶ اگزون و ۳۵ اینترون است. در این مطالعه، از تعداد ۲۴۳ رأس گوسفند لری بختیاری و ۱۹۰ رأس گوسفند زل با ونوجکت‌های حاوی EDTA از سیاهرگ و داج خون‌گیری به عمل آمد. استخراج DNA از خون کامل به روش بهینه‌یافته نمکی با استفاده از پروتئیناز K انجام و واکنش‌های زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) جهت تکثیر قطعه ۲۵۴ جفت‌بازی دربرگیرنده تمام اگزون ۶ ژن کالپاستاتین انجام گرفت. جهت تعیین ژنوتیپ نمونه‌ها، از روش PCR-SSCP استفاده شد که طی آن ۱۰ الگوی بانندی شامل شش الگوی جدید مشاهده شد که در مطالعه ژو و همکاران (۲۰۰۷) در نژادهای بی‌دنبه بومی نیوزلند شناسایی نشده بود. برخلاف نتیجه ژو و همکاران (۲۰۰۷) که بیشترین فراوانی مربوط به الگوهای ۱، ۲ و ۳ بود، در این مطالعه الگوهای ۶ و ۸ که هر دو الگوهای جدید بودند به ترتیب در نژاد لری بختیاری و زل بیشترین فراوانی (به ترتیب ۰/۴ و ۰/۲۵) را داشتند. این مطالعه نشان داد که این جایگاه بین نژادهای بومی ایران و بومی نیوزلند و نیز بین نژادهای دنبه‌دار و بی‌دنبه، دارای تعدادی چندشکلی متفاوت با فراوانی متفاوت است. بنابراین به نظر می‌رسد این جایگاه ژن کالپاستاتین کاندیدای مناسبی جهت اصلاح نژاد گوسفند برای صفات دنبه، رشد و تردی گوشت باشد.

کلمات کلیدی: چندشکلی-کالپاستاتین-گوسفند-دنبه-PCR-SSCP

مقدمه:

در حال حاضر در ایران تولید گوشت به دلیل افزایش جمعیت و تأمین نیاز پروتئین حیوانی اهمیت ویژه‌ای دارد. در این راستا نه تنها میزان گوشت تولیدی بلکه کیفیت آن نیز حائز اهمیت می‌باشد. ژن کالپاستاتین از جمله ژن‌های کاندیدای مؤثر بر صفات رشد و تردی گوشت می‌باشد که روی کروموزوم شماره ۵ گوسفند قرار داشته (۲) و دارای ۳۶ اگزون و ۳۵ اینترون است (۴). کالپاستاتین با مهار کالپاین‌ها و جلوگیری از تجزیه میوفیبریل‌های ماهیچه نقش مهمی در افزایش سرعت رشد و کاهش تردی گوشت پس از کشتار ایفا می‌کند (۳ و ۵). گوسفند لری بختیاری، درشت‌جثه و دارای قدرت پرواری مناسب و دنبه‌ای بسیار بزرگ است ولی گوسفند نژاد زل ژنوتیپ منحصر به فردی داشته و تنها نژاد بی‌دنبه در ایران است (۱). ژو و همکاران (۲۰۰۷) یک قطعه ۲۵۴ جفت‌بازی دربرگیرنده تمام اگزون ۶ ژن کالپاستاتین را به روش PCR-SSCP روی نژادهای بی‌دنبه مریوس، رامنی، کوریدال و پول دورست مورد بررسی قرار دادند که منجر به شناسایی ۹ الگوی SSCP گردید که الگوهای ۱، ۲ و ۳ دارای بیشترین فراوانی بودند. هدف از این مطالعه، بررسی چندشکلی در جایگاه ۲۵۴ جفت‌بازی شامل تمام اگزون ۶ ژن کالپاستاتین به روش PCR-SSCP برای اولین بار در نژادهای ایرانی است. ضمناً این جایگاه برای



اولین بار است که در نژادی دنبه‌دار در جهان بررسی می‌شود بنابراین به عنوان اولین مطالعه مقایسه‌ای بین نژادهای دنبه‌دار و بی‌دنبه در این جایگاه محسوب می‌شود.

مواد و روش‌ها:

در این پژوهش از ۲۴۳ رأس گوسفند لری بختیاری و ۱۹۰ رأس گوسفند زل به ترتیب از ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند شولی و شیرنگ با استفاده از ونوجکت‌های حاوی EDTA از سیاهرگ و داج خون‌گیری انجام شد. استخراج DNA به روش استخراج نمکی با استفاده از پروتئیناز K صورت گرفت. کمیت و کیفیت DNA با استفاده از ژل آگارز و دستگاه نانودراپ بررسی شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) جهت تکثیر قطعه ۲۵۴ جفت‌بازی شامل تمام اگزون ۶ ژن کالپاستاتین انجام گرفت. آغازگرهای مورد استفاده توسط ژو و همکاران (۲۰۰۷) طراحی و معرفی شدند. توالی آغازگرهای رفت و برگشت که توسط شرکت متابیون سنتز شدند به شرح زیر بود.

توالی آغازگر رفت: 5'-GTTATGAATTGCTTTCTACTC-3'

توالی آغازگر برگشت: 5'-ATACGATTGAGAGACTTCAC-3'

جدول ۱- برنامه‌ی دمایی و زمانی مورد استفاده برای تکثیر جایگاه اگزون ۶ ژن کالپاستاتین

نوع عمل	زمان	دما (سانتی‌گراد)	تعداد چرخه
واشرشت‌سازی اولیه DNA	۵ دقیقه	۹۴ درجه سانتی‌گراد	۱
واشرشت‌سازی DNA	۳۰ ثانیه	۹۴ درجه سانتی‌گراد	۳۵
اتصال آغازگر به DNA	۳۰ ثانیه	۵۷ درجه سانتی‌گراد	۳۵
بسط	۳۰ ثانیه	۷۲ درجه سانتی‌گراد	۳۵
بسط نهایی	۵ دقیقه	۷۲ درجه سانتی‌گراد	۱

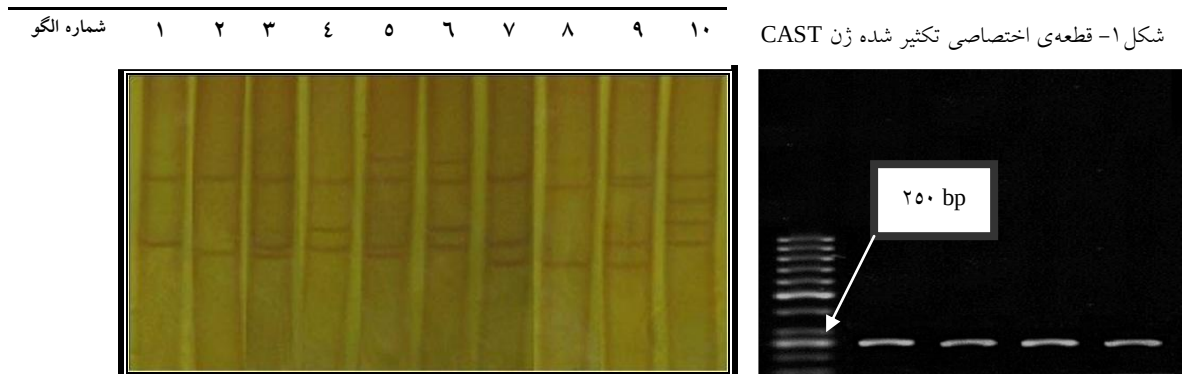
واکنش PCR در حجم نهایی ۲۰ میکرولیتر شامل ۵۰ نانوگرم DNA ژنومی، بافر ۱X، ۰/۵ میکرومولار از هر پرایمر، ۰/۲ میلی‌مولار از هر dNTP، ۲/۵ میلی‌مولار $MgCl_2$ ، یک واحد آنزیم تک‌پلیمرز و آب دیونیزه انجام شد. پس از انجام واکنش PCR برای اطمینان از تکثیر و صحت و میزان DNA تکثیر شده، الکتروفورز محصولات PCR بر روی ژل آگارز یک درصد انجام شد. برای تعیین ژنوتیپ حیوانات از روش SSCP به شرح زیر استفاده شد. شرایط SSCP: ۱۵ میکرولیتر بافر رنگی مخصوص SSCP با ۵ میکرولیتر محصول PCR مخلوط و ورتکس شد و سپس در دستگاه ترموسایکلر مدل FTGRAD2D شرکت TECHNE به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۹۶ درجه‌ی سانتی‌گراد قرار داده شد تا رشته‌های DNA واشرشت شوند. نمونه‌های واشرشت شده سریعاً روی یخ منتقل و پس از ده دقیقه درون چاهک‌های ژل اکریل‌آمید ۱۲٪ بارگذاری شدند. سپس الکتروفورز نمونه‌ها به مدت ۲۰ ساعت و با اختلاف پتانسیل ۳۰۰ ولت در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد و در نهایت رنگ‌آمیزی ژل به روش نیترات نقره انجام شد.

نتیجه و بحث:

PCR: تکثیر اختصاصی محصول PCR قطعه‌ی مورد نظر روی ژل آگارز ۲ درصد در شکل ۱ مشاهده می‌شود. وجود یک نوار مشخص روی ژل آگارز مؤید این است که پرایمرهای بکار رفته تنها دارای یک قطعه هدف روی DNA بودند و شباهت توالی در مکان‌های دیگری از DNA وجود نداشت.

SSCP: نتایج حاصل از SSCP محصولات و رنگ‌آمیزی ژل اکریل‌آمید بیان‌گر ۱۰ الگوی بانندی متفاوت برای نژاد لری بختیاری و زل بود که در شکل ۲ آورده شده‌اند.

شکل ۲- الگوهای SSCP جایگاه ژن کالپاستاتین



فراوانی‌های ژنوتیپی: با توجه به در دسترس بودن تعداد هر یک از ژنوتیپ‌ها و اندازه کل جمعیت، فراوانی‌های ژنوتیپی به روش شمارش مستقیم محاسبه شدند. فراوانی هر الگو در جدول شماره ۳ و ۴ آورده شده است.

این نتایج نشان می‌دهد نژادهای ایرانی لری بختیاری و زل مانند نژادهای بی‌دنبه مریوس، رامنی، کوریدال و پول‌دورست که توسط ژو و همکاران (۲۰۰۷) بررسی شدند، در این جایگاه از ژن کالپاستاتین دارای تنوع ژنتیکی بالایی می‌باشند که این تنوع ژنتیکی با توجه به نقش فیزیولوژیک ژن کالپاستاتین می‌تواند منشأ تنوع در سرعت رشد، تردی گوشت پس از کشتار و حتی نحوه ذخیره‌سازی چربی در بدن باشد. مطالعه ژو و همکاران (۲۰۰۷) بر روی نژادهای فوق‌الذکر منجر به شناسایی ۹ الگری SSCP گردید. در تحقیق حاضر ۱۰ الگوی بانندی شامل ۶ الگوی جدید (الگوهای ۴، ۵، ۶، ۷، ۸ و ۹) مشاهده شد که -ر مطالعه ژو و همکاران (۲۰۰۷) در نژادهای بی‌دنبه بومی نیوزلند مشاهده نشده بود.

برخلاف نتیجه ژو و همکاران (۲۰۰۷) که بیشترین فراوانی مربوط به الگوهای ۱، ۲ و ۳ بود، در این مطالعه الگوی ۶ و ۸ که هر دو الگوهای جدید بودند، به‌ترتیب در نژاد لری بختیاری و زل بیشترین فراوانی (به‌ترتیب ۰/۴ و ۰/۲۵) را داشتند. بیشترین فراوانی در مجموع دو نژاد نیز مربوط به الگوی ۶ بود (۰/۲۹). الگوی ۱۰ در نژاد لری بختیاری و الگوی ۷ در نژاد زل مشاهده نشد. این مطالعه نشان داد که این جایگاه بین نژادهای بومی ایران و بومی نیوزلند و نیز بین نژادهای دنبه‌دار و بی‌دنبه، دارای تعدادی چندشکلی متفاوت با فراوانی متفاوت است. بنابراین به‌نظر می‌رسد این جایگاه، کاندیدای مناسبی جهت اصلاح نژاد گوسفند برای صفات رشد، تردی گوشت و چربی باشد.

جدول ۲- تعداد و فراوانی الگوهای ژنوتیپی جایگاه ژن کالپاستاتین در گوسفند لری بختیاری، زل و مجموع دو نژاد



شماره	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	کل
الگو											
تعداد	۹	۳۹	۲۳	۳۷	۲۱	۹۸	۶	۹	۱	-	۲۴۳
لری											
فرآوانی	۰/۰۳۷	۰/۱۶	۰/۰۹۵	۰/۱۵۲	۰/۰۸۶	۰/۴	۰/۰۲۵	۰/۰۳۷	۰/۰۰۴	-	۱
بختیاری											
تعداد	۵	۵۱	۴	۲۲	۱۴	۲۸	-	۴۸	۱۶	۲	۱۹۰
زل											
فرآوانی	۰/۰۲۶	۰/۲۶۸	۰/۰۲۱	۰/۱۱۶	۰/۰۷۴	۰/۱۴۷	-	۰/۲۵۳	۰/۰۸۴	۰/۰۱	۱
مجموع دو نژاد	۰/۰۳۲	۰/۲۰۷	۰/۰۶۳	۰/۱۳۶	۰/۰۸	۰/۲۹	۰/۰۱۴	۰/۱۳۳	۰/۰۴	۰/۰۰۵	۱

(-): عدم مشاهده الگو در جمعیت

منابع:

- ۱ - خالداری م. ۱۳۸۷. اصول پرورش گوسفند و بز. چاپ سوم. تهران: انتشارات جهاد دانشگاهی.
- 2- Bishop, M.D., S.M. Kappes, J.W. Keele, R.T. Stone, S.L. Sunden, G.A. Hawkins, S.S. Toldo, R. Fries, M.D. Grosz and J. Yoo. 1994. A genetic linkage map for cattle. GENETICS. 136: 619-639.
- 3- Goll, D.E., V.F. Thompson, R.G. Taylor and A. Ouali. 1998. The calpain system and skeletal muscle growth. Canadian J. Anim. Sci. 78: 503-512.
- 4- Kemp. C.M., P.L. Sensky, G.B. Ronald, P.J. Buttery, and T. Parr. 2010. Tenderness – An enzymatic view. Meat Science. 84: 248–256.
- 5- Koohmaraie, M. 1996. Biochemical factors regulating the toughening and tenderization process of meat. Meat Sci. 43: 193–201.
- 6- Zhou, H., J. G. H. Hickford and H. Gong. 2007. Polymorphism of the ovine calpastatin gene. Molecular and Cellular Probes. 21: 242–244.

Comparison of Polymorphism in the exon 6 of the Calpastatin Gene in lori-Bakhtiari and zel sheep using PCR- SSCP

M. Ali, M. Moradi Shahrababak, H. Moradi Shahrababak and M. Sadeghi

Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Science and Engineering, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran , Karaj, Iran.

EMAIL: mohsen.ali@ut.ac.ir

Abstract:

Value of animals is related to quantity and quality of meat, fat distribution and carcass weight. Calpastatin has considerable roles in increasing of growth rate and decreasing of meat tenderness after slaughter by inhibition of calpains and preventing of muscle miofibrils degradation. The cast gene is located on the fifth chromosome of sheep which has 36 exons and 35 introns. Random blood samples were collected from 243 lori-bakhtiari and 190 zel



sheep. DNA was extracted using the salting out method. Variation in the ovine calpastatin gene was investigated by amplification of a 254 bp fragment containing the entire exon 6 using PCR, followed by PCR-SSCP analysis. Ten SSCP patterns were identified which Five patterns were novel and weren't observed in the study of Zhou et al(2007) on this fragment of cast gene in non fat-tailed breeds of New Zealand. patterns 1, 2 and 3 were most common in the research of Zhou et al(2007 whereas In this study, patterns 6 and 8(novel patterns) had the most frequency in lori-bakhtiari(0.4) and zel(0.25) sheep respectively. This research revealed which this fragment of cast gene had some different polymorphisms with different frequencies between Iranian and New Zealand native breeds and also between fat-tailed and non fat-tailed breeds. so it seems this region of the cast gene is suitable candidate in ovine breeding programs for growth, meat tenderness and fat-tail traits in iranian's sheep breeds.

Key words: polymorphism-calpastatin-sheep-fat-tail-PCR-SSCP.



بررسی مقاومت ژنتیکی گوسفندان نژاد قزل و آمیخته‌ی قزل-بلوچی نسبت به نماتودهای دستگاه گوارشی در استان آذربایجان شرقی

مونا حبشی زاده اصل^{۱*}، سید عباس رأفت^۲، احمد نعمت الهی^۳، غلامعلی مقدم^۲ و جلیل شجاع^۲

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشگاه تبریز، ۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه تبریز، ۳-

عضو هیئت علمی گروه دامپزشکی دانشگاه تبریز

* نویسنده مسئول: مونا حبشی زاده اصل، Mona_hza@yahoo.com

چکیده

بررسی مقاومت ژنتیکی توده‌های دامی نسبت به بیماری‌ها از جمله انگل‌ها، امروزه یکی از اهداف اصلاح نژادی جدید بحساب می‌آید. در این تحقیق گوسفندان نژاد قزل و آمیخته‌ی قزل-بلوچی ایستگاه خلعت پوشان تبریز از نظر مقاومت نسبت به نماتودهای دستگاه گوارشی مورد مقایسه قرار گرفتند و تعداد تخم انگل نماتودهای نماتودیروس، مارشالاجیا، تریشوریس و تخم انگل نماتودهای ناشناخته برای هر حیوان مورد شمارش قرار گرفت و توسط روش مک ماستر^{۱۷۵} مقدار تخم انگل در هر گرم مدفوع محاسبه شد. برای اینکه داده‌ها توزیع نرمال داشته باشند از تبدیل لگاریتمی استفاده شد. نتایج بدست آمده توسط نرم افزار SAS نشان داد که میانگین FEC در نماتودیروس ۱۴/۹۳، در مارشالاجیا ۱۵/۸۲، در تریشوریس ۱۵/۶۳ و در تخم نماتودهای ناشناخته ۵/۵۹ در نژاد قزل می‌باشد و این مقادیر برای گوسفندان قزل-بلوچی بترتیب ۴/۸۹، ۷/۷۹، ۶/۷۶ و ۳/۴۲ بود که تمامی میانگین‌ها کمتر از همان مقدار برای نژاد قزل بود و اثر نژاد و تاریخ نمونه‌گیری در مورد نماتودیروس و تریشوریس معنی‌دار بود ($P < 0.05$). به طور کلی گوسفندان آمیخته‌ی قزل-بلوچی بیشتر از گوسفندان خالص قزل نسبت به دو نماتود نماتودیروس و تریشوریس مقاوم می‌باشد.

واژگان کلیدی: نماتود- مقاومت ژنتیکی- گوسفند آمیخته‌ی قزل-بلوچی- دورگ گیری

مقدمه

انگل‌های داخلی گوسفند بخصوص در مواردی که شرایط آب و هوایی برای رشد و فعالیت انگل مناسب باشد یکی از مشکلات عمده‌ی پرورش گوسفند است. انگل‌های داخلی گوسفندان در سیستم‌های تولیدی اثرات زیان بار فراوانی را روی نشخوارکنندگان کوچک باقی می‌گذارند و یکی از مهمترین دلایل مرگ و میر و شیوع بیماری در بین گوسفندان می‌باشد (۱۲). گوسفندان به مرور زمان نسبت به داروهایی که برای درمان انگل‌ها مصرف می‌شود مقاوم می‌شوند (۱۴) بنابراین انجام برنامه‌های اصلاح نژاد در مورد یافتن ژن (ژنهای) مقاوم به این نماتودها از اهمیت ویژه‌ای برخوردار می‌باشد. هدف از این مطالعه یافتن نژاد مقاوم به نماتودهای دستگاه گوارشی در بین گوسفندان قزل و آمیخته‌ی قزل-بلوچی می‌باشد. یک روش برای این کار استفاده از صفات فنوتیپی مانند FEC^{۱۷۶} می‌باشد که بیشتر در استرالیا و نیوزلند از آن استفاده می‌شود و در این تحقیق نیز از این روش استفاده شد. که در نهایت می‌توان با اخذ نمونه‌ی خون از دام‌های مقاوم و استخراج DNA، با در اختیار داشتن ژنوتیپ و داده‌های فنوتیپی ژن (ژنهای) مقاوم را شناسایی نمود. نشان داده شده که ۶۶/۶٪ گله‌های استان

¹⁷⁵ McMaster

¹⁷⁶ faecal egg count



خوزستان به داروی لوامیزول و ۲۷٪ گله‌ها به آلبندازول مقاوم شده‌اند (۲). بنابراین لازم است تا در ایران راهکارهای مبارزه با نماتودها به طریق مقاومت ژنتیکی مورد تحقیق قرار گیرد.

مواد و روش‌ها

۲۰ رأس گوسفند یکساله از نژاد قزل و آمیخته‌ی قزل-بلوچی یعنی از هر گروه تعداد ۱۰ رأس گوسفند برای مقایسه‌ی مقاومت ژنتیکی نسبت به این بیماری‌های انگلی انتخاب شد و در سه تاریخ مختلف نمونه‌گیری انجام گرفت.

مدل آماری بصورت زیر می‌باشد:

$$Y_i = \mu + G_i + T_j + e_{ij}$$

که در این مدل Y_i هر مشاهده، μ میانگین، G_i اثر گروه ژنتیکی حیوان، T_j تاریخ نمونه‌گیری و e_{ij} اثرات باقیمانده را نشان می‌دهند، $i=1-2$ و $j=1-3$ است. برای اندازه‌گیری FEC از هر گوسفند به طور مجزا نمونه‌ی مدفوع مستقیماً از رکتوم دام جمع‌آوری شده و در آزمایشگاه انگل‌شناسی دانشگاه تبریز تعداد تخم انگل نماتودهای نماتودیروس، مارشالاژیا، تریشوریس و تخم نماتودهای ناشناخته در مدفوع برای هر حیوان مورد شمارش قرار گرفت و توسط روش مک ماستر میزان FEC محاسبه شد تا میزان آلودگی مشخص شود. برای اینکه داده‌ها توزیع نرمال داشته باشند از تبدیل لگاریتمی استفاده شد. با استفاده از رویه GLM نرم‌افزار SAS داده‌ها آنالیز شدند. میانگین حداقل مربعات (LSMeans) نیز توسط نرم‌افزار SAS محاسبه شد و برای مقایسه‌ی بین گروه‌های معنی‌دار مورد استفاده قرار گرفت.

نتایج و بحث

دو گروه ژنتیکی و سه تاریخ نمونه‌گیری در این مطالعه بررسی شد و میانگین FEC در نماتودیروس ۱۴/۹۳، در مارشالاژیا ۱۵/۸۲، در تریشوریس ۱۵/۶۳ و در تخم نماتودهای ناشناخته ۵/۵۹ در نژاد قزل بدست آمد که این مقادیر برای گوسفندان قزل-بلوچی بترتیب ۴/۸۹، ۷/۷۹، ۶/۷۶ و ۳/۴۲ بود که تمامی میانگین‌ها کمتر از همان مقدار برای نژاد قزل بود. جدول ۱ سطح معنی‌داری اثرات بررسی شده روی ویژگی‌ها مورد نماتودیروس و تریشوریس دارای اثرات معنی‌دار بوده ($P < ۰/۰۵$) و تاریخ نمونه‌گیری نیز در تمامی موارد معنی‌دار بود. گروه ژنتیکی در مورد مارشالاژیا و تخم نماتودهای ناشناخته معنی‌دار نبود.

جدول ۱: سطح معنی‌داری اثرات بررسی شده روی ویژگی‌ها

اثرات	FEC N	FEC M	FEC Tr	FEC Un
گروه ژنتیکی	۰/۰۳	۰/۰۹	۰/۰۲	۰/۶۸
تاریخ نمونه‌گیری	۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۰۷	۰/۰۰۳۴	۰/۰۰۱۱

FEC N: تعداد تخم انگل نماتودیروس در هر گرم مدفوع

FEC M: تعداد تخم انگل مارشالاژیا در هر گرم مدفوع

FEC Tr: تعداد تخم انگل تریشوریس در هر گرم مدفوع

FEC Un: تعداد تخم انگل‌های ناشناخته در هر گرم مدفوع

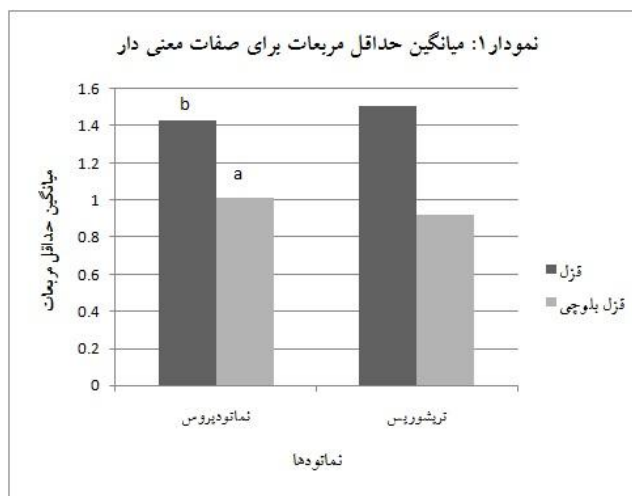
در ایران اختلافات زیادی در نوع و شدت آلودگی کرمی نشخوارکنندگان در بخش‌های مختلف مملکت وجود دارد (۱۱). وضعیت آب و هوایی و شرایط جوی یک منطقه می‌تواند بر بروز آلودگی‌های انگلی تأثیر گذار باشد، مدت زمان بقاء تخم و مراحل نوزادی نماتودها در محیط، مهاجرت نوزادان بر روی ساقه‌ی علوفه و حتی وزش باد و وقوع سیلاب با تأثیر آن بر مراحل عفونت‌زای انگل‌ها از مواردی است که در این زمینه حائز اهمیت هستند (۳).

نتایج حاصل از بررسی آلودگی‌های انگلی دستگاه گوارش در گله‌های یک روستا در کشور نپال که در ارتفاع ۲۱۰۰ متری از سطح دریا قرار دارد در مقایسه با گله‌هایی که در ارتفاع ۸۵۰ متری از سطح دریا زندگی می‌کنند نشان می‌دهد که سطح آلودگی در دو جمعیت اخیر متفاوت است (۳).



با توجه به اینکه در مورد نماتودپروس و تریشوریس اثر گروه ژنتیکی معنی دار بود با رسم میانگین حداقل مربعات برای دو گروه ژنتیکی (نمودار ۱) به این نتیجه می‌رسیم که بدلیل اینکه سطح آلودگی در هر دو مورد در گوسفندان آمیخته‌ی قزل-بلوچی کمتر از گوسفندان خالص قزل است گوسفندان قزل-بلوچی بیشتر از قزل نسبت به این دو نماتود مقاوم می‌باشند.

نژادهای مقاوم به نماتودها به عنوان یک هدف برای کنترل عفونت‌های نماتودی در گوسفندان مرتع می‌باشند (۶). برخی از نژادهای گوسفندان بیشتر از سایرین به عفونت نماتودی مقاومت نشان می‌دهند و به عبارت دیگر تنوع بین نژادی وجود دارد. برای مثال نژاد سیه چهره اسکاتلند بیشتر از نژاد فن-دورست به عفونت همونکوس کونتورتوس مقاوم است (۴). تاکنون مشخص شده که نژادهای سنت کرووا و کتجدین نسبت به نماتودهای دستگاه گوارشی مقاوم هستند. بره‌های دورپر که نژادی در آفریقای جنوبی است نیز مقاوم گزارش شده است (۷). در فرانسه نشان داده شده که نژاد رومانو بیش از لاکون به نماتود حساس است (۸). بالاترین سطح مقاومت نسبت



به انگل‌های دستگاه گوارشی در نژادهای گوسفند مویی کاراییب دیده شده است (۱۴). این نژادها و اجداد آنها در آفریقای غربی (۹) یک منبع ژنتیکی خاص برای گسترش مقاومت به انگل‌ها می‌باشند، در داخل افراد یک نژاد نیز تنوع مشاهده شده است. در این زمینه با استفاده از روش‌های ژنتیک کلاسیک، استرالیا و نیوزلند برنامه‌هایی برای گزینش دام در جهت مقاومت به نماتودها به اجرا درآورده‌اند (۵).

بره‌های تولید شده در اندونزی از قوچ‌های BB^{177} که از باربادوس وارد کشور اندونزی شده‌اند به طور معنی داری، دارای FEC کمتری نسبت به بره‌های تولیدی توسط قوچ‌های VIW^{178} هستند (۱۰). قوچ‌های اخته حاصل از $BB \times VIW$ دارای FEC کمتری نسبت به کتجدین هستند (۱۳).

نشان داده شده که ۶۶/۶٪ گله‌های استان خوزستان به داروی لوامیزول و ۲۷٪ گله‌ها به آلبندازول مقاوم شده‌اند (۲). همچنین مقاومت دارویی نماتودهای دستگاه گوارش گوسفندان علیه داروی آلبندازول گزارش شده از استان خوزستان در مطالعات دیگر مورد تأیید قرار گرفته است (۱). بنابراین لازم است تا در ایران راهکارهای مبارزه با نماتودها به طریق مقاومت ژنتیکی مورد تحقیق قرار گیرد.

منابع

۱. برجی ح. ۱۳۸۵. تعیین مقاومت دارویی علیه آلبندازول در کرم‌های تلادورسازیا سیر کومسینکتا و همونکوس کونتورتوس با روش PCR-RFLP. دانشگاه تهران. دانشکده دامپزشکی. گروه انگل شناسی. رشته انگل شناسی. ۹۷ صفحه.

¹⁷⁷ Barbados Blackbelly

¹⁷⁸ Virgin Islands White



۲. غلامیان ع. اسلامی ع. نبوی ل. راسخ ع. ۱۳۸۵. بررسی صحرایی وجود مقاومت نسبت به لوامیزول در نماتودهای دستگاه گوارش گوسفندان استان خوزستان. مجله تحقیقات دامپزشکی (سال شصت و یکم)، شماره ۱ (پیاپی ۲۴۱)، صفحه ۷ تا ۱۴.

۳. مشگی ب. سرائیان ا. محمدپور د. مرتضوی ا. ۱۳۸۵. بررسی فون انگل‌های کرمی لوله گوارش گوسفند و بز در شهرستان شهرکرد. مجله دامپزشکی ایران، دوره ۵ دوم، شماره ۲، صفحه ۸۲ تا ۸۷.

4. Altaif, K.I., J.D. Dargie. 1978. Genetic resistance to helminthes. The influence of breed and hemoglobin type on the response of sheep to re-infection with *Haemonchus contortus*. *Parasitology*, 77: 177-187.
5. Axford, R.F.E., S.C. Bishop, F.W. Nicholas, J.B. Owen. 2000. Breeding for disease resistance in farm animals. 2nd edition. CABI publishing; 2000.
6. Bishop, S.C., M.J. Stear. 2001. Inheritance of faecal egg counts during early lactation in Scottish Blackface ewes facing mixed, natural nematode infections. *Journal of Animal Science*, 73: 389-395.
7. Burke J.M., J.E. Miller. 2004. Relative resistance to gastrointestinal nematode parasites in Dorper, Katahdin, and St. Croix lambs under conditions encountered in the southeastern region of the United States. *Small Ruminant Research* 54: 43-51.
8. Gruner, L., J. Cabaret, C. Sauve, R. Pailhories. 1986. Comparative susceptibility of romanov and lacaune sheep to gastrointestinal nematodes and small lungworms *Veterinary Parasitology* 19: 85-93.
9. Notter, D.R., S.A. Andrew, A.M. Zajac. 2003. Responses of hair and wool sheep to a single fixed dose of infective larvae of *Haemonchus contortus*. *Journal of Small Ruminant Research*, 47: 221-225.
10. Romjali, E., V.S. Pandey, R.M. Gatenby, M. Doloksaribu, H. Sakul, A. Wilson, A. Verhulst. 1997. Genetic resistance of different genotypes of sheep to natural infections with gastro-intestinal nematodes. *Animal Science*, 64: 97-104.
11. Skerman, K.O., A.A. Shahlapoor, A. Eslami, M. Eliazian. 1967. Observations on the incidence, epidemiology, control and economic importance of gastrointestinal parasites of sheep and goat in Iran. *Veterinary Medicine Review*. 141-152.
12. Umberger, S.H., Notter, D.R. 1987. A profile of the Virginia sheep industry. *SID Res. Digest* 4 (1): 9-13.
13. Vanimisetti, H.B., S.P. Greiner, A.M. Zajac, D.R. Notter. 2004. Performance of hair sheep composite breeds: Resistance of lambs to *Haemonchus contortus*. *Journal of Animal Science*, 82: 595-604.
14. Zajac, A.M., G.W. Moore. 1993. Treatment and control of gastrointestinal nematodes in sheep. *Compendium Cont. Educ. Pract. Vet.* 15: 999-1013.



Study of genetic resistance relative to gastrointestinal nematode parasites in Ghezel breed and Ghezel-Baluchi crossbred of East Azerbaijan

M. Habashi Zadeh Asl^{1*}, S.A. Rafat², A. Nematollahi³, Gh. Moghaddam², J. Shodja²

1- M.Sc Student of Animal Science, Tabriz University, Tabriz, Iran, 2- Prof. of Department of Animal Science, Tabriz University, Tabriz, Iran, 3- Prof. of Department of Veterinary, Tabriz University, Tabriz, Iran

* Mona Habashi Zadeh Asl, Mona_hza@yahoo.com

Abstract

Nowadays study of genetic resistance to diseases in animal population, including parasites is considered one of the new breeding goals. In this study sheep of the Ghezel breed and the Ghezel-Baluchi crossbred of Khalatpooshan station of Tabriz were compared relative to resistance to gastrointestinal nematode parasites and the parasite eggs of *Nematodirus*, *Marshallagia*, *Trichuris* and unknown nematode parasite eggs for each animal were counted and parasite eggs per gram of feces were calculated by the method of McMaster. Logarithmic transformation was used to normalize the data. Results found by SAS software indicated that FEC mean achieved in *Nematodirus* 14.93, in *Marshallagia* 15.82, in *Trichuris* 15.63 and Unknown nematode eggs 5.59 in Ghezel breed and these values were 4.89, 7.79, 6.76 and 3.42 respectively which all means were lower than Ghezel breed and the breed and date of sample collection have a significant effect on *Nematodirus* and *Trichuris* ($P < 0.05$). Generally Ghezel-Baluchi crossbred sheep are more resistant than pure Ghezel sheep to *Nematodirus* and *Trichuris*.

Keywords: nematode - genetic resistance- Ghezel-Baluchi crossbred sheep – crossbreeding



شناسایی ژنومیک مناطق کروموزومی کاندیدای مرتبط با ذخیره چربی در گوسفند

محمد حسین مرادی^{۱،*}، اردشیر نجاتی جوارمی^۱، محمد مرادی شهر بابک^۱، کین دادس^۳، جان مک‌ایوان^۳
^۱ پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج، ایران؛ ^۲ دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه اراک، اراک، ایران؛
^۳ مرکز ژنومیکس و تولید مثل اینورمی، AgResearch، نیوزیلند
^{*} نویسنده مسئول، آدرس ایمیل: Moradi.hosein@gmail.com or Hoseinmoradi@ut.ac.ir

چکیده

صفات مرتبط با ذخیره چربی، از دیدگاه اقتصادی در پرورش گوسفند و همچنین از لحاظ ایجاد بیماری‌های مرتبط با چاقی در انسان دارای اهمیت زیادی می‌باشند. ذخیره چربی در دنبه یا قسمت‌های احشایی بدن صفتی است که بر اساس آن تمام نژادهای اهلی شده گوسفند را می‌توان به دو گروه تقسیم‌بندی کرد. با وجود انجام تحقیقات مختلف در زمینه آمیخته‌گری در بین نژادهای دنبه‌دار و بدون دنبه، هنوز ژن‌ها یا مناطق ژنومی مؤثر بر این صفت ناشناخته هستند. این تحقیق با همکاری پروژه Sheep HapMap با هدف بررسی ژنومیک نشانه‌های انتخاب در سطح ژنوم گوسفند با استفاده از حدود ۵۰،۰۰۰ مارکر SNP و شناسایی جایگاه‌های ژنومی کاندیدای مرتبط با ذخیره چربی انجام شد. به این منظور دو سری اطلاعاتی مستقل شامل نژادهای ایرانی‌ل-لری بختیاری و داده‌های ژنوتایپ پروژه Sheep HapMap طراحی شد. بررسی تمایز جمعیتی با استفاده از آماره‌های F_{ST} سه منطقه ژنومی را در کروموزوم‌های ۵، ۷ و X در هر دو سری اطلاعاتی نمایان کرد که با این صفت در ارتباط بودند. در مرحله بعد این مناطق ژنومی برای انجام آزمایش‌های مکان‌یابی دقیق انتخاب شدند و نمونه‌های نژادهای ایرانی زل و لری بختیاری با چگالی مارکری بالا تعیین ژنوتیپ شدند. آنالیزهای آماری با استفاده از آماره‌های مبتنی بر عدم تعادل لینکاژی همچون XP-EHH انجام شد. نتایج حاصل از مکان‌یابی دقیق این مناطق ژنومی نیز وجود سیگنال‌های انتخاب در این مناطق را تأیید کرده و نشان داد که دو منطقه ژنومی در کروموزوم‌های ۵ و X بیانگر انتخاب در جهت افزایش فراوانی جهش‌های مؤثر بر روی اندازه دنبه می‌باشند.

کلمه‌های کلیدی: کاوش ژنومیک- نشانه‌های انتخاب- ذخیره چربی- پروژه Sheep HapMap- مکان‌یابی دقیق

مقدمه

حدود ۲۵٪ از جمعیت گوسفند جهان به صورت دنبه‌دار هستند که به طور گسترده‌ای در نقاط مختلف جهان از جمله آسیا و آفریقا پراکنده شده‌اند. در این مناطق که عمدتاً جزء مناطق خشک و نیمه خشک محسوب می‌شوند گوسفند نقش مهمی در اقتصاد خانواده‌ها و تأمین پروتئین حیوانی مورد نیاز کشورها ایفا می‌کند. در طی سالیان اخیر تحقیقات مختلفی در زمینه آمیخته‌گری بین نژادهای دنبه‌دار و بدون دنبه و بررسی چگونگی توارث این صفت در نقاط مختلف دنیا انجام شده است (۷). اما بررسی این تحقیقات عموماً با نتایج متناقضی همراه بوده و لذا منطقه یا مناطق ژنومی مؤثر بر این صفت همچنان ناشناخته باقی‌مانده است. بنابراین شناسایی مناطق ژنومی مرتبط با ذخیره چربی یکی از مهمترین و چالش‌برانگیزترین حوزه‌های تحقیقاتی در بسیاری از کشورهای پرورش‌دهنده این نژادها محسوب می‌شود.



انتخاب برای افزایش فراوانی جهش‌های جدیدی که فقط در برخی از زیرجمعیت‌ها سودمند هستند باعث باقی گذاشتن نشانه‌هایی^{۱۷۹} در سطح ژنوم می‌شود. این نشانه‌ها از طریق بررسی طیف فراوانی آللی و عدم تعادل لینکاژی (LD^{۱۸۰}) قابل شناسایی هستند (۱). شناسایی این مناطق ژنومی با توجه به اینکه عمدتاً با ژن‌های عمده‌اثر و صفات مهم اقتصادی همراه هستند دارای اهمیت زیادی می‌باشد و می‌توانند منابع اطلاعاتی مناسبی برای اجرای تحقیقات بعدی فراهم آورند (۳). تاکنون تحقیقات موفقیت‌آمیز مختلفی در این زمینه در انسان و برخی از حیوانات اهلی گزارش شده است (۶). در گذشته مهمترین محدودیت در اجرای این تحقیقات در گوسفند فقدان ابزار مناسب جهت ارزیابی الگوی تنوع ژنتیکی و LD در تمام سطح ژنوم محسوب می‌شد. تا اینکه در سال ۲۰۰۹ طراحی اولین SNP Chip در گوسفند در قالب پروژه Sheep HapMap گزارش شد (۵).

هدف از این تحقیق استفاده از SNP Chip‌های طراحی شده، جهت تعیین ژنوتیپ دو نژاد شاخص گوسفند ایرانی شامل نژادهای زل و لری بختیاری و همچنین استفاده از داده‌های موجود در پروژه Sheep HapMap به عنوان یک سری اطلاعاتی مستقل جهت شناسایی مناطقی از ژنوم است که به عنوان مناطق کاندیدای ذخیره چربی در هر دو سری اطلاعاتی مورد تایید قرار می‌گیرد. گام بعدی در اجرای این تحقیق مکان‌یابی دقیق^{۱۸۱} جایگاه‌های کاندیدای شناسایی شده مرتبط با ذخیره چربی است. هدف از اجرای این بخش تأیید نتایج حاصل از مراحل قبلی با به کارگیری آماره‌های مبتنی بر LD و بررسی ماهیت انتخاب‌های انجام شده در جایگاه‌های کاندیدای مرتبط با ذخیره چربی می‌باشد. این تحقیق نخستین ارزیابی گسترده در سطح ژنوم در نژادهای دنبه‌دار و بدون دنبه بوده و همچنین جزء اولین گام‌ها در ترسیم نقشه انتخاب در گوسفند محسوب می‌شود. مواد و روش‌ها

نمونه‌گیری در نژاد زل از گله‌های مختلف مردمی در استان مازندران و در نژاد لری-بختیاری به صورت عمده از ایستگاه شولی و دو گله مردمی انجام شد. استخراج DNA با استفاده از روش بهینه استخراج نمکی از خون کامل (۴) انجام و سپس مجموع ۹۴ حیوان شامل ۴۷ نمونه به ازای هر نژاد در مرکز ژنومیکس و تولیدمثل Invermay در کشور نیوزیلند با استفاده از آرایه‌های Illumina OvineSNP50K Beadchip ژنوتایپ شدند. این آرایه‌ها امکان ژنوتایپ همزمان حدود ۵۴۰۰۰ جایگاه مارکری را فراهم می‌کنند. سپس برای اطمینان از کیفیت داده‌های حاصل از ژنوتایپ در آنالیزهای نهایی مراحل مختلف کنترل کیفیت بر روی داده‌های اولیه اعمال شد. دومین سری اطلاعاتی مورد استفاده در این تحقیق شامل داده‌های ژنوتایپینگ تعدادی از نژادهای دنبه‌دار و بدون دنبه موجود در پروژه HapMap بود که از کنسرسيوم بین‌المللی ژنومیکس گوسفند (ISGC^{۱۸۲}) تهیه شدند. با توجه به اینکه تعداد نسبتاً زیادی نژادهای بدون دنبه مشابه زل در این پروژه موجود بود چهار نژاد از مناطق جغرافیایی مختلف شامل هند (دکانی^{۱۸۳}، n=۲۵)، انگلیس (صورت سیاه اسکاتلندی^{۱۸۴}، n=۵۶)، آلمان (باندل آبرلند^{۱۸۵}، n=۲۴) و آمریکا (بومی گلف کاست^{۱۸۶}، n=۹۴) انتخاب شدند. برای انتخاب نژادهای دنبه‌دار از آنجا که این

نژادها	عمدتاً	در	مناطق	گرمسیری	پرورش	داده
نژادها	عمدتاً	در	مناطق	گرمسیری	پرورش	داده

179- Signatures

180- Linkage Disequilibrium

181- Fine mapping

182- International Sheep Genomics Consortium

183- Deccani

184- Scottish Black Face

185- Bunder Oberland Sheep

186- Gulf Coast Native



می‌شوند و تعداد این نژادها در پروژه کم بود، سه نژاد با خصوصیات تاریخیچه‌ای و ابعاد دنبه مشابه نژاد لری-بختیاریاز ترکیه (کاراکاس^{۱۸۷}، $n=18$ و نوردوز^{۱۸۸}، $n=20$) و ایران (افشاری، $n=37$) انتخاب شدند.

جهت بررسی الگوی انتخاب مثبت در سطح ژنوم نژادهای ایرانی و داده‌های موجود در پروژه Sheep HapMap، F_{ST} با استفاده از روشرایت (۶) در محیط R محاسبه گردید. ارزش‌های حاصل میتوانند بین ۰ (بدون تفاوت) تا ۱ (تفاوت کامل، که هر جمعیت برای آل متفاوتی فیکس شده‌اند) متغیر باشد. سپس P-Value مربوط به هر مارکر با استفاده از روش Nominal محاسبه شد. در مرحله بعد برای ترکیب ارزش‌های P-Value مربوط به هر دو سری اطلاعاتی با همدیگر از آزمون ترکیبی فیشر (۲) استفاده شد.

برای مکان‌یابیدقیق، تمام SNP‌های شناخته شده در هر منطقه که طی روش‌های Solexa و 454 در پروژه HapMap شناسایی شده بودند از ISGC گرفته شدند و جهت طراحی پرایمر مورد بررسی قرار گرفتند. ژنوتایپ نمونه‌ها در این قسمت با استفاده از فناوری Sequenom® MassARRAY® Platform انجام شد. برای تخمین هاپلوتیپ‌ها از نرم-افزار fastPHASE V.1.2.3 استفاده شد و سپس آماره XP-EHH با استفاده از روش ثابتی و همکاران (۸) محاسبه گردید. در این مرحله دو نژاد زل و لری-بختیاری با هم مقایسه شدند.

نتایج و بحث

پس از اجرای مراحل مختلف فیلتراسیون، در مجموع ۴۵۶۱۱ مارکر SNP (با فاصله مارکری حدود ۶۰ kb) در سری اطلاعاتی زل-لری-بختیاری و همچنین ۴۸۰۵۳ مارکر SNP (با فاصله حدود ۶۰ kb) در سری اطلاعاتی Sheep HapMap توانستند مراحل کنترل کیفیت را با موفقیت گذرانده و وارد آنالیزهای نهایی شوند. سپس برای شناسایی مناطقی از ژنوم که در نژادهای زل و لری-بختیاری هدفانتخاب‌های مختلف قرار گرفته‌اند، توزیع ژنومیک F_{ST} برای تمام SNP‌ها بر روی ژنوم رسم شد. در این تحقیق هفت منطقه ژنومی با ارزش‌های $F_{ST} > 0.2$ مشاهده شد که به ترتیب بر روی کروموزوم‌های ۲ (۷۳۶۳۱-۷۳۷۸۴ kb)، ۳ (۱۴۶۶۱۵-۱۴۶۶۷۱ kb)، ۵ (۴۷۱۴۹-۴۷۲۶۱ kb)، ۷ (۳۰۵۱۲-۳۰۵۸۵ kb)، ۷ (۵۵۸۶۱-۵۶۳۰۰ kb)، ۲ (۷۳۶۳۱-۷۳۷۸۴ kb)، ۳ (۱۴۶۶۱۵-۱۴۶۶۷۱ kb)، ۵ (۴۷۱۴۹-۴۷۲۶۱ kb)، ۷ (۳۰۵۱۲-۳۰۵۸۵ kb)، ۷ (۵۵۸۶۱-۵۶۳۰۰ kb) و X (۶۱۴۵۲-۵۸۲۶۱ kb) واقع شده‌اند. ارزش ۰/۲ مورد استفاده در این مرحله در صدک ۹۹/۹ ارزش‌های F_{ST} برآورد شده برای کل SNP‌ها قرار داشت.

با توجه به این که یکی از اصلی‌ترین تفاوت‌های دو نژاد ایرانی مورد مطالعه، ذخیره چربی در دنبه است، انتظار می‌رود که حداقل تعدادی از سیگنال‌های مشاهده شده در این تحقیق مربوط به این صفت باشند. یک راه برای شناسایی این مناطق ژنومی طراحی آزمایشات مستقل با استفاده از نژادهای دیگر است. گروه‌بندی نژادهای خارجی به صورت دنبه‌دار و بدون دنبه و بررسی سیگنال‌های انتخاب مشترک که با استفاده از نژادهای موجود در پروژه Sheep HapMap امکانپذیر است، می‌تواند یک راه‌حل امیدوار کننده برای شناسایی این جایگاه‌ها فراهم آورد. به این منظور در این تحقیق یک آزمایش مستقل با استفاده از نژادهای دنبه‌دار و بدون دنبه موجود در پروژه HapMap طراحی گردید. محاسبات F_{ST} همانند سری اطلاعاتی زل-لری-بختیاری انجام شد. بررسی توزیع F_{ST} در سطح ژنوم در دو سری اطلاعاتی نشان داد که نتایج حاصل از پروژه HapMap در سه منطقه ژنومی با نتایج سری اطلاعاتی زل-لری-بختیاری مطابقت بالایی دارند و SNP‌هایی با ارزش-های F_{ST} بالا در مناطق مشابهی مشاهده می‌شود. همچنین پس از محاسبه احتمالات در دو سری اطلاعاتی مورد مطالعه، نتایج نشان داد که سه منطقه ژنومی موجود بر روی کروموزوم ۵، ۷ (منطقه دوم) و X که در سری اطلاعاتی زل-لری-بختیاری دارای بیشترین تمایز جمعیتی بودند، در سری اطلاعاتی HapMap نیز معنی‌دار می‌باشند ($P < 0.01$). از طرف دیگر ترکیب ارزش‌های

¹⁸⁷ - Karakas

¹⁸⁸ - Norduz



P-value حاصل از دو آزمایش مستقل مورد بررسی با استفاده از آزمون ترکیبی فیشر نیز نشان می‌دهد که این سه منطقه ژنومی به صورت معنی‌داری ($P < 0.001$) بین نژادهای دنبه‌دار و بدون‌دنبه تمایز یافته‌اند.

به دنبال ارزیابی دو سری اطلاعاتی مستقل بیان شده، در مرحله دوم این تحقیق سه منطقه ژنومی که به عنوان مناطق ژنومی مرتبط با ذخیره چربی مطرح بودند برای انجام آنالیزهای بیشتر انتخاب شدند. این عمل از طریق بررسی تمامی SNPهای شناخته شده در این مناطق و تعیین ژنوتیپ آن‌ها با استفاده از تکنیک Sequenom انجام شد. هدف از این بخش تأیید سیگنال‌های شناسایی شده در بخش‌های قبلی، با استفاده از آماره جدید بر پایه LD شامل XP-EHH و همچنین بررسی ماهیت انتخاب‌های انجام شده مناطق کاندیدای شناسایی شده بود. نتایج حاصل به روشنی سیگنال‌های انتخاب را در مناطق مورد نظر آشکار کردند و حامل این اطلاعات بودند که آلل‌های انتخابی در مناطق کاندیدای کروموزوم‌های ۵ و X به سمت تثبیت شدن در نژاد دنبه‌دار افزایش یافته‌اند در حالیکه بر روی کروموزوم ۷ این حالت در جهت افزایش فراوانی آلل‌های سودمند در نژاد بدون‌دنبه تغییر یافته است. در مجموع نتایج این تحقیق این امیدواری را به وجود می‌آورند که جهش‌های سببی و مدل توارث این صفت به زودی و با انجام تحقیقات بیشتر شناسایی خواهند شد.

سپاسگذاری

نویسندگان مقاله از همکاری صمیمانه مرکز اصلاح نژاد کشور به دلیل در اختیار گذاشتن حیوانات تحت پوشش و رکوردهای جمع‌آوری شده، پروژه Sheep HapMap به خاطر در اختیار گذاشتن داده‌های پروژه HapMap و مرکز AgResearch نیوزلند به دلیل کمک‌های ارزنده‌شان جهت تعیین ژنوتیپ و آنالیز داده‌ها کمال تشکر را دارند. این تحقیق با حمایت‌های مالی مرکز اصلاح نژاد و مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور، قطب علمی بهبود لاشه دانشگاه تهران، مؤسسه مبارک اندیش و مرکز تحقیقاتی AgResearch نیوزلند انجام شد که بدینوسیله از این مراکز صمیمانه قدردانی می‌شود.

منابع

1. Biswas, S and J.M. Akey. 2006. Genomic insights into positive selection. *TRENDS in Genetics*. 22(8): 437-436.
2. Fisher, R.A. 1932. *Statistical methods for research workers*. London: Oliver and Boyd.
3. Hayes, B.J., S. Lien, H. Nilsen, H.G. Olsen, P. Berg, S. MacEachern, S. Potter and T.H.E. Meuwissen. 2008. The origin of selection signatures on bovine chromosome six. *Animal Genetics*. 39(2): 105-111.
4. Helms, C. 1990. Salting out Procedure for Human DNA extraction. In: The Donis-Keller Lab- Lab Manual Homepage. http://humgen.wustl.edu/hdk_lab_manual/dna/dna2.html.
5. Kijas, J.W., D. Townley, B.P. Dalrymple and et al. 2009. A genome wide survey of SNP variation reveals the genetic structure of sheep breeds. *PLoS ONE*. 4:e4668.
6. MacEachern S., B. Hayes, J. McEwan and M. Goddard. 2009. An examination of positive selection and changing effective population size in Angus and Holstein cattle populations (*Bos taurus*) using a high density SNP genotyping platform and the contribution of ancient polymorphism to genomic diversity in domestic cattle. *BMC Genomics*. 10: 181.
7. Moradi, M.H., A. Nejati-Javaremi, M. Moradi-Shahrbabak, K.G. Dodds and J.C. McEwan. 2012. Genomic scan of selective sweeps in thin and fat tail sheep breeds for identifying of candidate regions associated with fat deposition. *BMC Genetics*. 13:10.
8. Sabeti P.C., P. Varilly, B. Fryand et al. 2007. Genome-wide detection and characterization of positive selection in human populations. *Nature*. 449(7164): 913-U912.

Genomic identification of candidate chromosomal regions associated with fat deposition in sheep

Moradi, M. H.^{1,2,*}, A. Nejati-Javaremi¹, M. Moradi-Shahrbabak¹, K. G. Dodds³ and J. C. McEwan³

¹ Department of Animal Science, University College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran. ² Department of Animal Science, College of Agriculture and Natural Resources, University of Arak, Arak, Iran. ³ Centre for Reproduction and Genomics, AgResearch, Invermay, New Zealand.

*Corresponding author, Email address: Hoseinmoradi@ut.ac.ir or Moradi.hosein@gmail.com

Abstract

The fat deposition related traits are economically very important in sheep production and also associated with fatness associated diseases in humans. The fat deposition in fat tail or internal depots is a phenotype that divides all domesticated sheep breeds into two major groups. In spite of different studies in crossbreeding of thin and fat-tail breeds, the genes or genomic regions associated to this trait are still unknown. This study with collaboration to Sheep HapMap project was performed with the aim of whole genome scan of sheep selective signatures using ~50,000 Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) and identifying of candidate genomic regions associated with fat deposition. Two independent experiments were designed using either Iranian or Sheep HapMap genotyping data. Population differentiation using F_{ST} statistics in both data sets revealed three genomic regions associated with this trait, located on chromosomes 5, 7 and X. These regions were selected for fine mapping experiment and then the Iranian Zel and Lori-Bakhtiari breed samples were genotyped with a denser set of SNPs. Statistical tests were performed using linkage disequilibrium based statistics such as XP-EHH. These results enabled us to confirm the signature of selection in these regions and revealed that two candidate regions on chromosomes 5 and X would be consistent with selection for mutations affecting fat tail size.

Key words: Genomic scan - Signatures of selection - Fat deposition - Sheep HapMap project - Fine mapping



کاربرد مدل رگرسیون تصادفی چند صفت جهت بررسی اثر متقابل ژنوتیپ و فصل گوساله‌زایی در گاوهای شیری هلشتاین ایران

مهدی بهلولی^{۱*}، صادق علیجانی^۲، سعادت صادقی^۱، امین یوسفی^۱ و رامین جعفرزاده^۱

۱ - کارشناس ارشد ژنتیک و اصلاح دام دانشگاه تبریز

۲ - عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

* نویسنده مسئول: مهدی بهلولی، دانشگاه تبریز، m.bohluly@gmail.com

چکیده

وجود اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در صفات مربوط به تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران، با در نظر گرفتن عملکرد حیوانات در فصول گوساله‌زایی متفاوت به عنوان صفات مختلف، مورد بررسی قرار گرفت. در این تحقیق اطلاعات مربوط به گاوهای هلشتاین ایرانی که از سال ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۹ رکوردگیری شده بودند مورد استفاده قرار گرفت. برای صفات تولیدی (مقدار شیر، درصد چربی و درصد پروتئین)، اثر متقابل ژنوتیپ و محیط با استفاده از مدل نری رگرسیون تصادفی چندصفتی مورد مطالعه قرار گرفت. واریانس‌های ژنتیک افزایشی و محیط دائمی هر یک از صفات تولیدی در فصول گوساله‌زایی مختلف تغییرات زیادی نداشت. همبستگی ژنتیکی ۳۰۵ روز تولید بین فصول گوساله‌زایی بالاتر از ۰/۹۳ به دست آمد که نشان‌دهنده عدم وجود اثر متقابل ژنوتیپ و محیط قابل توجه بود. همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن بین ارزش‌های اصلاحی ۲۰ رأس گاو نر برتر بین تابستان و پاییز و نیز بین تابستان و زمستان برای درصد پروتئین برابر با ۰/۶۸ بود و تغییر رتبه گاوهای نر در این فصل‌ها را نشان داد. نتایج این مطالعه اثر متقابل بالقوه‌ای بین ژنوتیپ و فصل گوساله‌زایی برای شیر و ترکیبات آن را نشان می‌دهد که می‌تواند برای افزایش صحت انتخاب گاوهای نر مورد استفاده قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: اثر متقابل ژنوتیپ و محیط - گاو شیری - وراثت‌پذیری - همبستگی ژنتیکی

مقدمه

هدف از اصلاح‌نژاد گاوهای شیری، بهبود عملکرد حیوان از طریق انتخاب ژنتیکی می‌باشد. عملکرد حیوان فقط از شایستگی ژنتیکی استنتاج نمی‌شود بلکه به تعامل حیوان با فاکتورهای محیطی نیز بستگی دارد. با توجه به تنوع بالا در سیستم‌های مدیریتی گله‌ها در مناطق مختلف ایران و تغییرات دمایی در فصول مختلف سال، اثرات محیطی این پتانسیل را دارند که با ژنوتیپ‌ها تعامل قوی برقرار کرده و پارامترهای تولیدی را تغییر دهند. زیرا محیط باعث می‌شود که یک سری از ژن‌ها خاموش و در مقابل یک سری دیگر از ژن‌ها بیان شوند و در این صورت یک صفت در دو محیط به عنوان دو صفت در نظر گرفته می‌شود (۴). اثر متقابل ژنوتیپ و محیط ($G \times E$) می‌تواند در محیط‌هایی که قابل تفکیک هستند، مثل مناطق جغرافیایی (۶) و فصل گوساله‌زایی مختلف (۵) وجود داشته باشد. همبستگی ژنتیکی سیستم‌های مختلف گوساله‌زایی برای صفات مربوط به تولید شیر را بالای ۰/۹۶ گزارش شده است که دلیلی بر عدم وجود اثر متقابل ژنوتیپ و محیط قابل توجه می‌باشد (۵). هدف از این تحقیق بررسی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط (فصل گوساله‌زایی) بر مقدار و ترکیب شیر گاوهای هلشتاین ایران می‌باشد.



مواد و روش‌ها

رکوردهای روز-آزمون تولید شیر گاوهای شیری از مرکز اصلاح نژاد کشور تهیه گردید. معیارهایی که برای ویرایش در نظر گرفته شد عبارت بود از: رکوردهای سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۸۹، شکم اول در دامنه‌ی سنی ۲۱ تا ۴۶ ماهگی در زمان زایش، رکوردهای روز-آزمون در بازه ۵ تا ۳۰۵ روز از دوره شیردهی (DIM)، تولید شیر در دامنه ۱/۵ تا ۷۵ کیلوگرم، درصد چربی و درصد پروتئین به ترتیب در دامنه ۱/۵ تا ۹ و ۱ تا ۷ درصد، گاوهای ماده دارای بیش از ۵ رکورد روز-آزمون. گله-سال‌های زایش با بیش از ۱۰ گاو ماده و گله‌هایی که در آن‌ها حداقل از ۳ گاو نر استفاده شده و نیز گاوهای نری که در بیش از ۳ گله نتاج داشتند مشخص شدند و گاوهای دارای رکوردی که مشمول موارد مذکور می‌شدند در فایل داده باقی ماندند. در مرحله بعد، گاوهای ماده براساس فصل گوساله‌زایی به ۴ گروه تقسیم شد و گاوهای نری که در هر ۴ فصل زایش حداقل ۵ نتاج داشتند مشخص گردیده و رکوردهای مربوط به این نتاج در فایل داده نهایی باقی ماند. مدل آماری ۱ برای مقدار شیر، درصد چربی و درصد پروتئین استفاده شد:

$$y_{tijkpq} = HTD_i + Age_j + MT_k + \sum_{n=1}^3 hy_{pn} Z_n + \sum_{m=0}^2 s_{qm} Z_m + \sum_{m=0}^2 pe_{pm} Z_m + e_{tijkpq} \quad (1)$$

که در این مدل، y_{tijkpq} ، t امین رکورد روزآزمون در زیرگروه‌های گله-سال-ماه رکورد روزآزمون (HTD_i)، سن در زمان زایش (Age_j)، k ام دفعات دوشش (MT_k)، p ام ماده مربوط به گاو ماده p ، hy_{pn} ، n امین ضریب رگرسیون ثابت برای گله-سال گوساله‌زایی گاو ماده p ، s_{qm} و pe_{pm} ، به ترتیب m امین ضریب رگرسیون تصادفی گاو نر q و اثر محیطی دائمی برای گاو ماده p ، Z_n چند جمله‌ایهای n ام برای روز-آزمون مدنظر و e_{tijkpq} اثرات باقیمانده است. ساختار (کو)واریانس به اینصورت فرض شد:

$$\text{var} \begin{bmatrix} s \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & P \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & I \sigma_e^2 \end{bmatrix} \quad (2)$$

که A ، ماتریس روابط خویشاوندی گاوهای نر دارای نتاج رکورددار و گاوهای نر دارای روابط خویشاوندی با گاوهای نر مذکور؛ $\otimes$ ، ضرب کرونکر؛ G و P ماتریس (کو)واریانس ضرایب رگرسیون تصادفی به ترتیب برای اثرات ژنتیک افزایشی نرها و محیط دائمی گاو ماده، I یک ماتریس واحد و σ_e^2 واریانس باقیمانده است. ابعاد ماتریس‌های G و P 12×12 می‌باشد. ماتریس (کو)واریانس‌های ضرایب رگرسیون تصادفی با استفاده از روش حداکثر درستنمایی محدودشده با برنامه REMLF90 برآورد گردید (۷). برای محاسبه وراثت‌پذیری روز t ام شیردهی با مدل نری از فرمول ۳ و برای وراثت‌پذیری ۳۰۵ روز تولید (h^2_{305d}) از فرمول ۴ استفاده شد:

$$h^2_{305d} = \frac{4\sigma_{s(305d)}^2}{\sigma_{s(305d)}^2 + \sigma_{pe(305d)}^2 + 305 \times \sigma_e^2} \quad (4) \quad h_t^2 = \frac{4\sigma_{s(t)}^2}{\sigma_{s(t)}^2 + \sigma_{pe(t)}^2 + \sigma_e^2} \quad (3)$$

که $\sigma_{pe(t)}^2$ و $\sigma_{s(t)}^2$ به ترتیب واریانس ژنتیک افزایشی نرها و واریانس محیط دائمی برای روز t ام دوره شیردهی اول می‌باشند. $\sigma_{s(305d)}^2$ و $\sigma_{pe(305d)}^2$ به ترتیب واریانس ژنتیک افزایشی نری و محیط دائمی برای تولید ۳۰۵ روز می‌باشند و σ_e^2 ، واریانس باقیمانده می‌باشد. برای مشخص کردن وجود یا عدم وجود اثر متقابل ژنوتیپ و فصل گوساله‌زایی از همبستگی اسپیرمن ارزش‌های اصلاحی و همبستگی ژنتیکی صفت مد نظر در فصول گوساله‌زایی مختلف استفاده شد.

نتایج و بحث



اطلاعات آمار توصیفی در رابطه با فایل داده در جدول ۱ نشان داده شده است. تعداد گاو نر دارای نتاج براساس فصل گوساله‌زایی برای تولید شیر، درصد چربی و درصد پروتئین به ترتیب ۷۱۹، ۶۶۵ و ۶۵۹ رأس بود. جدول ۱: آمار توصیفی فایل داده برای صفات مربوط به تولید شیر براساس فصل گوساله‌زایی (بهار، تابستان، پاییز و زمستان).

فصل گوساله‌زایی				
بهار	تابستان	پاییز	زمستان	کل
شیر (کیلوگرم)				
۲۲۶۹۶۵	۲۳۱۲۷۵	۲۳۶۹۰۲	۲۳۹۴۴۱	۹۳۴۵۸۳
۲۹/۶۸ ± ۷/۲۸	۳۰/۱۳ ± ۷/۳۰	۳۰/۵۶ ± ۷/۵۲	۲۹/۹۳ ± ۷/۴۲	۳۰/۸۰ ± ۷/۳۹
۲۶۹۷۰	۲۸۰۹۴	۲۸۳۴۸	۲۸۴۵۵	۱۱۱۸۶۷
چربی (درصد)				
۲۳۹۸۱۲	۲۳۷۱۵۴	۲۳۸۶۹۸	۲۴۳۹۵۷	۹۵۹۶۲۱
۳/۳۰ ± ۰/۸۳	۳/۳۵ ± ۰/۸۱	۳/۳۲ ± ۰/۸۲	۳/۲۹ ± ۰/۸۴	۳/۳۲ ± ۰/۸۳
۳۰۶۵۵	۳۰۸۳۱	۳۰۶۸۳	۳۱۰۷۲	۱۲۳۲۴۱
پروتئین (درصد)				
۱۸۹۶۵۵	۱۹۱۱۸۸	۱۹۲۱۹۸	۱۹۵۴۲۰	۷۶۸۴۶۱
۳/۰۸ ± ۰/۴۲	۳/۰۸ ± ۰/۴۰	۳/۰۴ ± ۰/۳۹	۳/۰۵ ± ۰/۴۲	۳/۰۶ ± ۰/۴۱
۲۳۵۳۲	۲۴۱۷۷	۲۳۹۷۲	۲۴۱۷۱	۹۵۸۵۲

با توجه به جدول شماره ۲ همبستگی اسپیرمن بین سیستم‌های مختلف گوساله‌زایی بالا به دست آمد که نشان دهنده این است که گاو نری که نتاجش با گوساله‌زایی در یک فصل خاص تولید بهتری نسبت به نتاج سایر گاوهای نر در همان فصل دارند، در سایر فصل‌های گوساله‌زایی نیز رتبه بهتری خواهد داشت (۲). برای درصد پروتئین به دلیل وجود همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن کم (۰/۶۸) بین گوساله‌زایی در تابستان و گوساله‌زایی در پاییز و نیز بین گوساله‌زایی در تابستان و گوساله‌زایی در زمستان اثر متقابل ژنوتیپ و محیط محسوسی دیده می‌شود. وراثت‌پذیری ۳۰۵ روز تولید در فصول مختلف تفاوت چندانی نداشت که نشان می‌دهد با در نظر گرفتن فصول مختلف گوساله‌زایی به عنوان صفات مختلف، واریانس‌های ژنتیک افزایشی و محیط دائمی تغییر چندانی نمی‌کند.

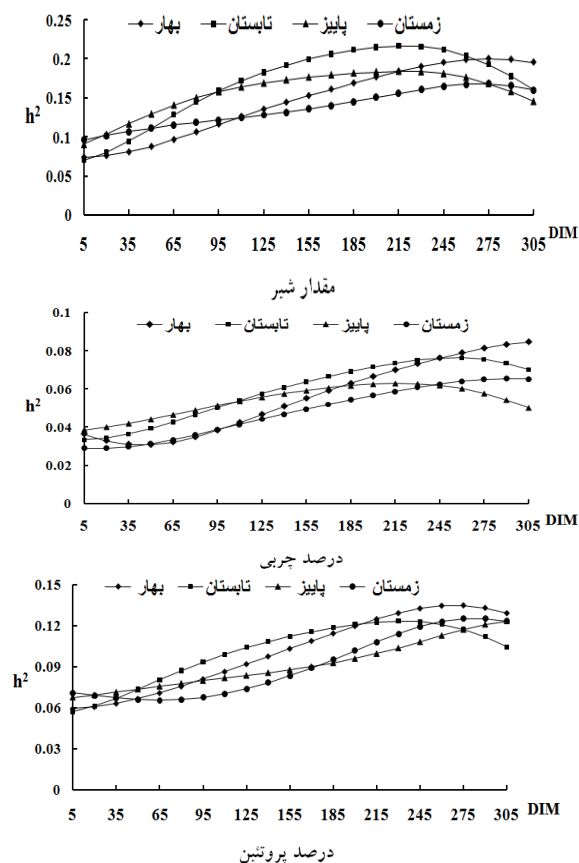
جدول ۲: همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن برای ۲۰ رأس گاو نر برتر (پایین قطر فرعی)، وراثت‌پذیری ۳۰۵ روز (قطر فرعی و پررنگ) و همبستگی ژنتیکی ۳۰۵ روز (بالا قطر فرعی) برآورد شده صفات تولیدی بین فصل‌های گوساله‌زایی مختلف.

صفت	مقدار شیر				درصد چربی				درصد پروتئین			
فصل گوساله‌زایی	بهار	تابستان	پاییز	زمستان	بهار	تابستان	پاییز	زمستان	بهار	تابستان	پاییز	زمستان
بهار	۰/۲۶	۰/۹۵	۰/۹۴	۰/۹۸	۰/۲۸	۰/۹۸	۰/۹۶	۰/۹۶	۰/۴۲	۰/۹۵	۰/۹۵	۰/۹۷
تابستان	۰/۹۱	۰/۲۹	۰/۹۵	۰/۹۵	۰/۹۴	۰/۹۵	۰/۳۰	۰/۹۷	۰/۷۳	۰/۴۵	۰/۹۳	۰/۹۵
پاییز	۰/۹۰	۰/۹۴	۰/۲۷	۰/۹۵	۰/۹۶	۰/۹۰	۰/۳۰	۰/۹۷	۰/۸۳	۰/۶۸	۰/۴۰	۰/۹۷
زمستان	۰/۹۳	۰/۸۴	۰/۸۹	۰/۲۴	۰/۹۱	۰/۸۸	۰/۹۲	۰/۲۸	۰/۷۸	۰/۶۸	۰/۹۵	۰/۳۸

برای تمامی صفات همبستگی ژنتیکی بالای ۰/۹۳ به دست آمد که نشان دهنده عدم وجود اثر متقابل محسوسی می‌باشد که منجر به تغییر رتبه گاوهای نر شود (۵). ولی با یافته‌های مربوط به انواع گروه‌بندی‌های دیگر مثل مقایسات بین کشوری مغایرت دارد (۳ و ۶) که نشان می‌دهد هر چقدر تفاوت بین محیط‌های انتخاب شده بیشتر باشد تغییرات فنوتیپی حیوانات متعاقب تغییرات ژنوتیپی بیشتر شده و همبستگی ژنتیکی یک صفت خاص در محیط‌های مختلف کمتر می‌شود و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط ایجاد می‌شود.



وراثت‌پذیری صفات مختلف در روزهای اول شیردهی پایین است و تا رسیدن به اواخر دوره روند صعودی را نشان می‌دهد و در اواخر دوره شیردهی هم تا حدودی روند نزولی وجود دارد (شکل ۱). کم بودن وراثت‌پذیری در اوایل دوره شیردهی و نیز روند نزولی در اواخر دوره به دلیل زیاد بودن واریانس محیط دائمی در اوایل و اواخر دوره شیردهی می‌باشد (۱).



شکل ۱: وراثت‌پذیری مقدار شیر، درصد چربی و درصد پروتئین در تابعی از روزهای شیردهی (DIM) برای فصول گوساله زایی مختلف



اثر متقابل ژنوتیپ و محیط با تغییرات واریانس ژنتیکی در محیط‌های مختلف در ارتباط می‌باشد. این پدیده برنامه‌های اصلاح نژادی حیوانات اهلی را تحت تأثیر قرار می‌دهد (۸). زمانیکه محیط خارج از کنترل پرورش دهنده است، در آن صورت پرورش دهنده مجبور به انتخاب ژنوتیپی خواهد بود که با محیط مدنظر سازگاری بیشتری داشته باشد.

نتایج این تحقیق اثر متقابل ژنوتیپ و محیط قابل توجهی را نشان نداد. در نتیجه لزومی به انتخاب نرهای خاص برای فصل‌های خاص نیست. استفاده از اسپرم گاوهای نر در شرایط مدیریتی و سیستم‌های تولید مثلی متفاوت و با در نظر گرفتن این مورد که تغییرات دمایی و سایر متغیرهای محیطی در فصل‌های مختلف زیاد می‌باشد، ضرورت محاسبه و بررسی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط را نشان می‌دهد که عدم بررسی آن می‌تواند کارایی برنامه‌های اصلاح نژادی را کمتر کند. لذا پیشنهاد می‌گردد اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در ایران بررسی و ژنوتیپ‌های سازگار با شرایط محیطی خاص شناسایی گردد.

منابع

1. Abdollahpour, R., M. Moradi Shahrababak, A. Nejati-Javaremi and R. Vaez Torshizi. 2010. Genetic analysis of daily milk, fat percentage and protein percentage of Iranian first lactation Holstein cattle. *J. World Applied Sci.* 10:1040-1046.
2. Calus, M.P.L., A.F. Groen and G. de Jong. 2002. Genotype $\times$ environment interaction for protein yield in Dutch dairy cattle as quantified by different models. *J. Dairy Sci.* 85:3115-3123.
3. Ceron-Munoz, M., F.H. Tonhati, C.N. Costa, D. Rojas-Sarmiento and D.M. Echeverri. 2004. Factors that cause genotype by environment interaction and use of a multiple-trait herd-cluster model for milk yield of Holstein cattle from Brazil and Colombia. *J. Dairy Sci.* 87:2687-2692.
4. Falconer, D.S., and T.F.C. Mackay. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th Ed. Longman Harrow Essex.
5. Haile-Mariam, M., M.J. Carrick and M.E. Goddard. 2008. Genotype by environment interaction for fertility, survival, and milk production traits in Australian cattle. *J. Dairy Sci.* 91:4840-4853.
6. Hammami, H., B. Rekik, H. Soyeurt, C. Bastin and N. Gengler. 2008. Genotype $\times$ environment interaction for milk yield in Holsteins using Luxembourg and Tunisian populations. *J. Dairy Sci.* 91:3661-3671.
7. Misztal, I., S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, T. Druet and D.H. Lee. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). *Proc 7th WCGALPP, France*. CD-ROM communication 28:07.
8. Mulder, H.A. and P. Bijma. 2006. Benefits of cooperation between breeding programs in the presence of genotype by environment interaction. *J. Dairy Sci.* 89:1727-1739.



The Application of Multiple-Trait Random Regression Model for Study of Genotype by Season of Calving Interaction in Iranian Holstein Dairy Cattle

Mehdi Bohlouli^{*1}, Sadegh Alijani², Saadat Sadeghi¹, Amin Yusefi¹ and Ramin Jafarzadeh¹

5- MSc Student of Animal Breeding and Genetics, University of Tabriz

6- Member of scientific board, department of Animal Science, University of Tabriz

* Corresponding E-mail address: M.bohluly@gmail.com

Abstract: The existence of genotype by environment interaction on milk production traits of Iranian dairy cattle was investigated by considering recorded performance of daughters of sires in different seasons of calving as different traits. In this research, data on Holstein cows that recorded between 2001 and 2010 were used. For production traits (milk yield, fat percentage and protein percentage), genotype by environment interaction were investigated by applying multiple-trait random regression sire model. Additive genetic and permanent environmental variances of milk production traits not varied in different calving seasons. The genetic correlations for 305-d milk production traits between all calving seasons were higher than 0.93 that no significant G×E was indicated. The Spearman rank correlations between estimated breeding values of 20 top sires among summer and autumn and also between summer and winter were 0.68 for protein percentage and the re-ranking of sires between these seasons were observed. In general, results from this study indicated potential interactions between genotype and season of calving for milk production traits in Iranian Holsteins dairy cattle. These results could be used in increase the accuracy of sire selection.

Keywords: Dairy cattle-Genetic correlation-Genotype by environment interaction-Heritability

کاربرد مدل رگرسیون تصادفی در برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت رشد گوسفندان نژاد مهربانی

مهدی بهلولی^{۱*}، صادق علیجانی^۲، میثم لطیفی^۱ و علی محمدی^۱

۳ - کارشناس ارشد ژنتیک و اصلاح دام دانشگاه تبریز

۴ - عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

* نویسنده مسئول: مهدی بهلولی، دانشگاه تبریز، m.bohluly@gmail.com

چکیده

در این تحقیق، ۱۰۳۲۷ رکورد وزن بدن از ۳۸۷۸ رأس گوسفند مهربانی در دامنه سنی ۱ تا ۲۷۰ روزگی از ۳۰ گله، با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی آنالیز شدند. پارامترهای ژنتیکی با روش بیزی و با استفاده از نرم افزار GIBBS3F90 تحت مدل حیوانی برآورد شد. اثرات گله، سن میش در زمان بره‌زایی، تیپ بره‌زایی، جنس، و ضرایب رگرسیون ثابت سال- فصل بره-زایی، به عنوان اثرات ثابت در نظر گرفته شدند. واریانس باقیمانده همگن فرض شد و کواریانس بین اثرات ژنتیک مستقیم و ژنتیک مادری در مدل گنجانده شد وراثت‌پذیری. برآورد شده برای اثرات ژنتیک افزایشی نسبت به وراثت‌پذیری ژنتیک مادری به استثنای ماه آخر، بالاتر بود. وراثت‌پذیری ژنتیک افزایشی و ژنتیک مادری تا سن ۹ ماهگی به ترتیب در دامنه ۰/۱۲ تا ۰/۵۷ و ۰/۱۶ تا ۰/۵۱ برآورد شدند. همبستگی بین اثرات ژنتیک مستقیم و مادری برای همه روزهای یکسان مد نظر، منفی بود و در دامنه ۰/۸۸- تا ۰/۳۳- برآورد شد. بالا بودن وراثت‌پذیری برآورد شده در این تحقیق، نشان می‌دهد که بهبود صفات رشد از طریق انتخاب ژنتیکی در هر مرحله از رشد امکان‌پذیر است.

واژگان کلیدی: اثر ژنتیک مادری- وراثت‌پذیری - وزن تولد - همبستگی ژنتیکی

مقدمه

در صنعت پرورش گوسفند، صفات مربوط به رشد و افزایش وزن از مهمترین صفات اقتصادی است که افزایش راندمان در این زمینه با برنامه‌های اصلاح‌نژادی حائز اهمیت می‌باشد. تولید حیوانات باید نسبت به عوامل محیطی تصحیح شود تا حیواناتی که پتانسیل ژنتیکی بهتری دارند شناسایی شوند (۱۰). استفاده از مدل رگرسیون تصادفی برای برآورد پارامترهای ژنتیکی به علت داشتن مزیت نسبت به سایر مدل‌ها رو به گسترش است. تحقیقات متعددی جهت بررسی مزایای این مدل برای تجزیه و تحلیل داده‌های تکرار شده در زمان صورت گرفته است و نتایج این مطالعات نشان می‌دهد که استفاده از این مدل باعث افزایش دقت ارزیابی ژنتیکی می‌شود. اکثر تحقیقات انجام شده با مدل رگرسیون تصادفی روی رکوردهای روزآزمون تولید شیر بوده است. با این وجود در سال‌های اخیر این مدل جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی سایر صفات تولیدی نیز استفاده می‌شود. پارامترهای ژنتیکی صفات رشد گوسفندان نژادهای لری- بختیاری، بلوچی و سایر نژادها با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی بررسی شده است (۳ و ۹). وارد کردن اثرات مادری در مدل باعث کاهش اریب می‌شود (۱۱). هدف از این تحقیق برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت رشد گوسفندان نژاد مهربانی با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق، ۳۲۹۶۱ رکورد وزن بدن گوسفند نژاد مهربان مربوط به سال‌های ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۹، از بانک اطلاعاتی جهاد کشاورزی استان همدان استخراج شد. رکوردهای مربوط به وزن تولد تا وزن ۲۷۰ روزگی مشخص گردید و بره‌هایی که بیش از دو رکورد داشتند جهت افزایش دقت مورد استفاده قرار گرفتند. شکم، نوع زایش و گروه سنی میش‌ها در زمان زایش به ترتیب شامل ۷، ۴ و ۵ گروه بود. در نهایت ۳۸۷۸ رأس گوسفند مهربان با ۱۰۳۲۷ رکورد از ۳۰ گله در فایل داده باقی ماند. فایل شجره از کلیه حیوانات موجود تهیه گردید. با استفاده از نرم‌افزار SAS، معنی‌دار بودن اثرات ثابت آزمون شد. برای برآورد پارامترهای ژنتیکی از مدل رگرسیون تصادفی استفاده شد:

$$y = Xb + \sum_{k=0}^{k_a-1} Z_a a_k + \sum_{k=0}^{k_m-1} Z_m m_k + \sum_{k=0}^{k_p-1} Z_p p_k + \sum_{k=0}^{k_w-1} Z_w w_k + e$$

که y ، بردار رکورد وزن بره‌ها در دامنه سنی یک تا ۲۷۰ روزگی؛ X ، ماتریس متناظر با اثرات ثابت؛ b ، بردار اثرات ثابت شامل سال-فصل بره زایی به صورت رگرسیون ثابت، گله، گروه سنی میش در زمان زایش، نوع زایش، جنسیت بره و شکم زایش؛ a_k و m_k ، ضرایب رگرسیون تصادفی متناظر با اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم (a) و مادری (m) با درجه برازش k ؛ p_k و w_k ، ضرایب رگرسیون تصادفی اثرات محیط دائمی بره p و مادر w ؛ Z_a ، Z_m ، Z_p و Z_w ، به ترتیب ماتریس‌های چندجمله‌ایهای لژاندر (ξ) متناظر با سن در زمان وزن‌کشی برای اثرات تصادفی ژنتیک افزایشی مستقیم (a)، مادری (m)، محیط دائمی بره (p) و مادر (w) و e ، بردار اثرات باقیمانده می‌باشد. معادلات مختلط برای اثرات موجود در مدل به صورت زیر می‌باشد:

$$\begin{bmatrix} \hat{X}X & \hat{X}Z_a & \hat{X}Z_m & \hat{X}Z_p & \hat{X}Z_w \\ Z_a'X & Z_a'Z_a + A^{-1} \otimes K_a^{-1} & Z_a'Z_m + A^{-1} \otimes K_{am}^{-1} & Z_a'Z_p & Z_a'Z_w \\ Z_m'X & Z_m'Z_a + A^{-1} \otimes K_{ma}^{-1} & Z_m'Z_m + A^{-1} \otimes K_a^{-1} & Z_m'Z_p & Z_m'Z_w \\ Z_p'X & Z_p'Z_a & Z_p'Z_m & Z_p'Z_p + I_p \otimes K_p^{-1} & Z_p'Z_w \\ Z_w'X & Z_w'Z_a & Z_w'Z_m & Z_w'Z_p & Z_w'Z_w + I_w \otimes K_w^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ a \\ m \\ p \\ w \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \hat{X}y \\ Z_a'y \\ Z_m'y \\ Z_p'y \\ Z_w'y \end{bmatrix}$$

که A ، ماتریس روابط خویشاوندی حیوانات؛ $\otimes$ ، نماد ضرب مستقیم؛ K ، ماتریس (کو)واریانس ضرایب رگرسیون تصادفی اثرات مربوطه می‌باشد. جهت برآورد وراثت‌پذیری ژنتیک مستقیم در روزهای مختلف وزن‌کشی از رابطه زیر استفاده شد:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_{a(d)}^2}{\sigma_{a(d)}^2 + \sigma_{m(d)}^2 + \sigma_{p(d)}^2 + \sigma_{w(d)}^2 + \sigma_e^2}$$

در این فرمول، $\sigma_{s(d)}^2$ ، $\sigma_{m(d)}^2$ ، $\sigma_{p(d)}^2$ و $\sigma_{w(d)}^2$ به ترتیب واریانس‌های ژنتیک افزایشی، ژنتیک مادری، محیط دائمی بره و محیط دائمی مادری برای روز d م وزن‌کشی هستند. جهت محاسبه وراثت‌پذیری ژنتیک مادری، اثر محیط دائمی مستقیم و اثر محیط دائمی مادری، واریانس‌های مربوطه در صورت کسر قرار گرفتند. برای محاسبه همبستگی ۲۷۰ روز تولید بین ژنتیک مستقیم و ژنتیک مادری از فرمول زیر استفاده شد:

$$r_{g305d(i,j)} = \frac{q_{305d} G q'_{305}}{\sqrt{q_{305d} G(i) q'_{305} \times q_{305d} G(j) q'_{305}}}$$

در این فرمول، G ، ماتریس کواریانس ضرایب رگرسیون تصادفی اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم و مادری، $G(i)$ و $G(j)$ به ترتیب ماتریس‌های (کو)واریانس ضرایب رگرسیون تصادفی اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم و مادری و q_{305d} بردار مجموع ضرایب لژاندر روز پنجم تا روز ۳۰۵ می‌باشد و جهت برآورد همبستگی بین اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم و مادری برای روزهای یکسان وزن‌کشی در فرمول اخیر به جای q_{305d} از ماتریس چند جمله‌ایهای لژاندر استفاده شد. پارامترهای ژنتیکی با

روش بیزی و با استفاده از نرم افزار GIBBS3F90 تحت مدل حیوانی برآورد شد و زنجیره‌ی نمونه‌برداری گیبس با ۱۵۰۰۰۰ دور و با ۲۰۰۰۰ دور سوخته و فاصله‌ی نمونه برداری ۱۰۰ اجرا شد.

نتایج و بحث

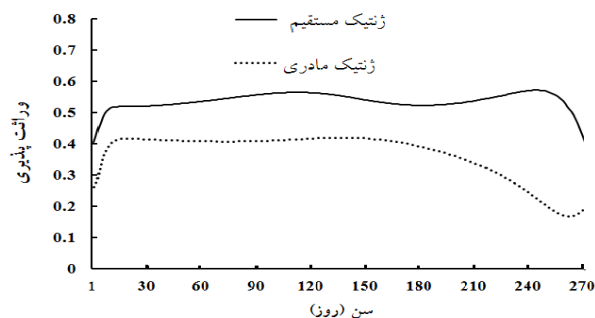
تعداد حیوانات موجود در شجره برابر با ۶۹۱۱ رأس شامل ۳۰۰۷ رأس نر و ۳۹۰۴ رأس ماده بود. تعداد والد پدر موجود در فایل شجره برابر با ۲۴۷ رأس بود. میانگین وزن در اولین رکوردگیری که در سن یک یا دو روزگی انجام گرفته بود برابر با ۳/۵۸ کیلوگرم به دست آمد که میانگین بره‌های نر بیشتر از ماده‌ها بود (جدول ۱). واریانس فنوتیپی در اوایل دوره وزن‌کشی پایین بود و با رسیدن به اواخر دوره روند صعودی را نشان داد. وراثت‌پذیری ژنتیک مستقیم حیوانی و مادری و نیز اثرات محیط دائمی مستقیم و مادری (واریانس‌های محیط دائمی مد نظر نسبت به واریانس فنوتیپی) در شکل‌های ۱ و ۲ نشان داده شده‌اند.

جدول ۲: آمار توصیفی حیوانات موجود در فایل شجره و داده به تفکیک جنسیت

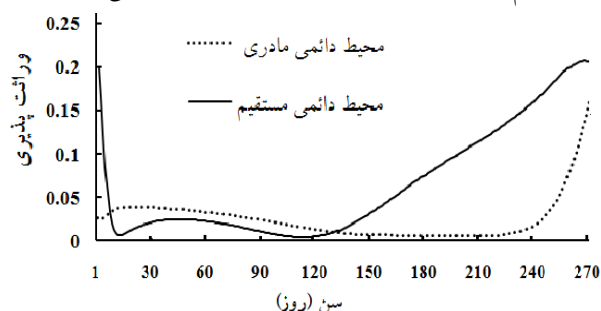
داده	نر	ماده	کل
حیوانات موجود در شجره (رأس)	۳۰۰۷	۳۹۰۴	۶۹۱۱
حیوانات دارای نتاج (رأس)	۲۴۷	۲۸۸۰	۳۱۲۷
حیوانات بدون نتاج (رأس)	۲۷۶۰	۱۰۲۴	۳۷۸۴
حیوانات رکوردار (رأس)	۱۸۸۰	۱۹۹۸	۳۸۷۸
حیوانات بدون رکورد (رأس)	۱۱۲۷	۱۹۰۶	۳۰۳۳
میانگین وزن بدن در اولین رکوردگیری (kg)	۳/۶۹	۳/۴۸	۳/۵۸
انحراف معیار (kg)	۰/۸۱	۰/۷۷	۰/۸۰

وراثت‌پذیری ژنتیک مستقیم بالاتر از وراثت‌پذیری ژنتیک مادری برآورد شد و واریانس ژنتیک مادری در اواخر دوره وزن‌کشی روند کاهشی را نشان داد. لذا وراثت‌پذیری ژنتیک مادری در سن نه ماهگی روند نزولی داشت. اثر محیط دائمی حیوانی و مادری در اواخر دوره وزن‌کشی روند افزایشی داشت. وراثت‌پذیری ژنتیک مستقیم و مادری برای ۲۷۰ روز وزن-کشی به ترتیب ۰/۵۹ و ۰/۳۳ برآورد شد.

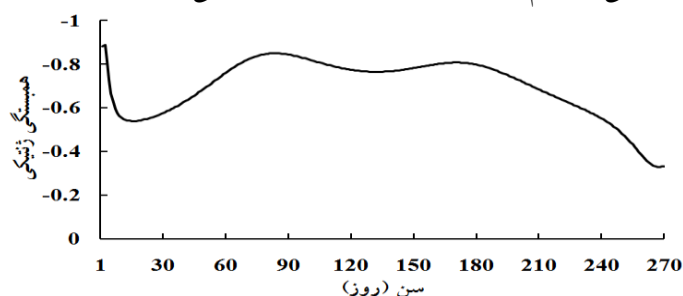
همبستگی بین ژنتیک مستقیم و ژنتیک مادری در روزهای یکسان طول دوره وزن‌کشی در دامنه ۰/۸۸- تا ۰/۳۳- برآورد شد (شکل ۴) و نشان می‌دهد که رابطه منفی بین ارزش ژنتیکی افزایشی و پتانسیل ژنتیک مادری حیوان وجود دارد. حدکثر همبستگی ژنتیکی منفی (۰/۸۸-) برای وزن تولد به دست آمد. همبستگی ژنتیکی ۲۷۰ روز وزن‌کشی برابر با ۰/۷۴- به دست آمد. همبستگی ژنتیکی منفی پایین تا متوسط بین ژنتیک مستقیم و مادری (۱، ۶ و ۷) تا همبستگی بالا (۱۰-) برای وزن تولد (۲) گزارش شده است. شرایط محیطی می‌تواند همبستگی ژنتیکی منفی بین اثرات مستقیم حیوانی و مادری ایجاد کند (۸).



شکل ۱: وراثت پذیری ژنتیک مستقیم و ژنتیک مادری صفت وزن بدن در تابعی از روزهای مختلف رکوردگیری



شکل ۲: اثر محیط دائمی مستقیم و مادری صفت وزن بدن در تابعی از روزهای مختلف رکوردگیری



شکل ۳: همبستگی بین ژنتیک مستقیم و ژنتیک مادری در روزهای یکسان از دوره وزن کشی

با این حال در برخی تحقیقات همبستگی ژنتیکی مثبتی بین اثرات ژنتیک افزایشی و مادری گزارش شده است. یکی از دلایل همبستگی ژنتیکی منفی، تغییر اولویت تأثیر ژنتیک مستقیم و مادری حیوان بر تولید در محیط‌های متغیر می‌باشد و تفاوت زیاد همبستگی ژنتیکی برآورد شده در تحقیقات مختلف، به علت تفاوت در ساختار داده می‌باشد (۵). بالا بودن وراثت پذیری برآورد شده، نشان می‌دهد که بهبود صفات رشد از طریق انتخاب ژنتیکی در هر مرحله از رشد امکان پذیر است و به جهت وجود همبستگی ژنتیکی منفی بین اثر ژنتیک مستقیم و مادری، پیشرفت ژنتیکی همزمان برای اثرات مذکور ممکن نمی‌باشد.

منابع

1. Abegaz, S., E. Negussie, G. Duguma and J.E.O. Rege. 2002. Genetic parameter estimates for growth traits in Horro sheep. J. Anim. Breed. Genet. 119:35-45.
2. El Fadili, M., C. Michauxb, J. Detilleuxb, P.L. Leroy. 2000. Genetic parameters for growth traits of the Moroccan Timahdit breed of sheep. Small Ruminant Research. 37:203-208.
3. Farhangfar, H., H. Naeemipour and B. Zinvand. 2007. Application of random regression model to estimate genetic parameters for average daily gains in Lori-Bakhtiari sheep breed of Iran. Pakistan Journal of Biological Science. 10(14):2407-2412.



4. Krikpatrick, M., D. Lofsvold and M. Bulmer. 1990. Analysis of the inheritance, selection and evaluation of growth trajectories. *Genetics* 124:979-993.
5. Larsgard, A.G. and I. Olesen. 1998. Genetic parameters for direct and maternal effects on weights and ultrasonic muscle and fat depth of lambs. *Livestock Production Science*. 55:273-278.
6. Molina, A., A. Menéndez-Buxadera, M. Valera and J.M. Serradilla. 2007. Random regression model of growth during the first three months of age in Spanish Merino sheep. *J. Anim. Sci.* 85:2830-2839.
7. Rashidi, A., M.S., Mokhtari, A. Safi Jahanshahi and M.R. Mohammad Abadi. 2008. Genetic parameter estimates of pre weaning growth traits in Kermani sheep. *Small Ruminant Research*. 74:165-171.
8. Robison, O.W. 1972. The role of maternal effect in animal breeding. V. Maternal effects in swine. *J. Anim. Sci.* 35:1303-1315.
9. Safaei, M., A.R. Fallah-Khair, R. Seyed-Sharifi, H. Haghbin Nazarpak A. Sobhabi and T. Yalchi. 2010. Estimation of covariance functions for growth trait from birth to 180 days of age in Iranian Baluchi sheep. *Journal of Food, Agriculture and Environment*. 8 (2):659-663.
10. Schaeffer, L.R. 2004. Application of random regression models in animal breeding, *Livestock production science*. 86: 35 - 45.
11. Zamani, P. and H. Mohammadi. 2008. Comparison of different models for estimation of genetic parameters of early growth traits in the Mehraban sheep. *J. Anim. Breed. Genet.* 125:29-34.

Application of Random Regression Model to Estimate Genetic Parameters for Growth Trait in Mehrabani Sheep Breed

Mehdi Bohlouli¹, Sadegh Alijani², Meysam Latifi¹ and Ali Mohammadi¹

⁷⁻ MSc Student of Animal Breeding and Genetics, University of Tabriz

⁸⁻ Member of scientific board, department of Animal Science, University of Tabriz

* Corresponding E-mail address: M.bohluly@gmail.com

Abstract:

In this research, 10327 individual body weight records of mehrabani sheep, obtained from 3878 animals between 1 and 270 d of age from 30 flocks, were analyzed using a random regression model. Genetic parameters were estimated by Bayesian method with GIBBS3F90 software in animal model. The effects of flock, age of ewes at lambing, the lambing type, sex, and a fixed regression coefficient of year-season of calving were included as fixed effects. The residual variance was assumed to be homogenous and the covariance between direct genetic and maternal genetic effects was included in model. According to the results, the heritability estimates for additive genetic effects were higher than heritabilities of maternal genetic effects, except that the last month. Heritabilities of additive genetic and maternal genetic effects during the first 9 month of age ranged from 0.12 to 0.57 and 0.16 to 0.51, respectively. The correlations between direct and genetic maternal effects were negative for all pairs of age considered and ranged from -0.88 to -0.33. The high direct and maternal heritability estimates obtained in this study indicated that it would be possible to improve growth traits through genetic selection at all ages.

Keywords: Birth weight-genetic correlation-heritability-maternal genetic effect



شناسایی و بررسی خصوصیات چند شکلی های تک نوکلئوتیدی در ناحیه پروموتور ژن اینترلوکین-۸ در گاوهای بومی و

هلستاین ایران

مصطفی محقق دولت آبادی^۱، مصطفی قادری زفره ای^۱، محمدرضا بحرینی بهزادی^۱، اصغر نقی ها^۱

دانشگاه یاسوج، دانشکده کشاورزی، گروه علوم دامی

*نویسنده مسئول: mmuhaghegh@yu.ac.ir

چکیده

اینترلوکین-۸، به عنوان یک سیتوکین پیش التهابی، پروتیین کوچکی است که نقش آن جذب و فعال کردن نوتروفیل ها در مراحل اولیه دفاع میزبان در مقابل هجوم باکتری ها است. چند شکلی تک نوکلئوتیدی در ناحیه پروموتور ژن اینترلوکین-۸ می تواند با تاثیر بر فرآیند رونویسی این ژن، نقش و فعالیت آن را تحت تاثیر قرار دهد. هدف از این مطالعه کشف و بررسی چند شکلی های تک نوکلئوتیدی در ناحیه پروموتور این ژن در گاوهای بومی و هلستاین بوده است. برای این منظور، بخشی از ناحیه پروموتور ژن اینترلوکین-۸ توسط تکنیک تفاوت فرم فضایی رشته های منفرد (SSCP) در گاوهای دو نژاد تعیین ژنوتیپ شد. در کل نمونه های بررسی شده تعداد ۴ الگوی (SSCPs) مجزا مشاهده شد که با تعیین توالی نوکلئوتیدی آنها تعداد ۲ چند شکلی تک نوکلئوتیدی جدید در جایگاه های ۱۲۶- و ۱۸۰- قبل از شروع ناحیه رونویسی آشکار گردید که چندشکلی تک نوکلئوتیدی جایگاه ۱۲۶- تنها در گاوهای بومی مشاهده شد. بررسی بیوانفورماتیکی چند شکلی های شناسایی شده بر روی جایگاه فاکتورهای رونویسی نشان داد که جایگزینی نوکلئوتیدها در جایگاه های ۱۲۶- و ۱۸۰- به ترتیب منجر به ایجاد جایگاه اتصال برای فاکتورهای رونویسی Ik-2 و Oct-1 گردید. با بررسی نقش این چند شکلی ها در فعالیت ژن اینترلوکین می توان از آنها به عنوان نشانگر های ژنتیکی جهت ویژگی های مقاومت به بیماری در گاو استفاده نمود.

کلمات کلیدی: اینترلوکین-۸، چند شکلی تک نوکلئوتیدی، SSCP، پروموتور، فاکتور های رونویسی

مقدمه

هدف اصلی از اصلاح نژاد گاوهای شیری افزایش تولید شیر و ترکیبات آن است و این افزایش تولید موجب افزایش حساسیت دام به برخی بیماری ها نظیر ورم پستان می شود. افزایش مقاومت ژنتیکی به این بیماری که پرهزینه ترین بیماری در پرورش گاوهای شیری است، می تواند در برنامه های اصلاح نژادی مد نظر قرار گیرد. بنابراین برای ایجاد مقاومت ژنتیکی، شناسایی ژن ها و آلل های مقاوم به ورم پستان ضروری می باشد. در طول بیماری ورم پستان، افزایش تعداد سلول های سوماتیکی در شیر (بویژه نوتروفیل ها) پدیده ای رایج است. این سلول های سوماتیکی نقش مهمی در مقاومت میزبان دارند. مهاجرت سلول های سوماتیکی از جریان خون به بافت غدد پستانی به عنوان پاسخی به سیتوکین های پیش التهابی مانند فاکتور تحلیل برنده تومور آلفا ($TNF-\alpha$)، اینترلوکین-۱ بتا ($IL-1\beta$) و اینترلوکین-۸ ($IL-8$) می باشد. بر اساس مدارک پیشنهاد می شود که اینترلوکین-۸ سیتوکین جذب کننده نوتروفیل نیرومند تر نسبت به سیتوکین های دیگر بوده است (۱). از این رو، اینترلوکین-۸ ژن کاندیدایی برای مقاومت به ورم پستان در دام های شیری محسوب می شود. ناحیه فرادست هر ژن یا پروموتور حاوی اکثر علائم تنظیم کننده شروع فرآیند رونویسی می باشد به طوری که هر گونه تغییر (جهش) در توالی نوکلئوتیدی این ناحیه میتواند راندمان ظهور ژن را تحت تاثیر قرار داده و بر فنوتیپ میزبان تاثیر داشته باشد. در مطالعات متعددی ارتباط بین چند شکلی های تک نوکلئوتیدی در ناحیه پروموتور ژن های متفاوت مرتبط با پاسخ ایمنی و عملکرد گاوهای شیری تایید شده است (۲و۳). تاکنون، و بر اساس دانش ما، هیچ گزارشی مبنی بر وجود چند شکلی تک نوکلئوتیدی^۱ در گاوهای هلستاین و بومی ایران و تاثیر آن بر علائم تنظیمی موجود در ناحیه پروموتور این ژن ارائه نشده

¹ Single nucleotide polymorphisms (SNPs)



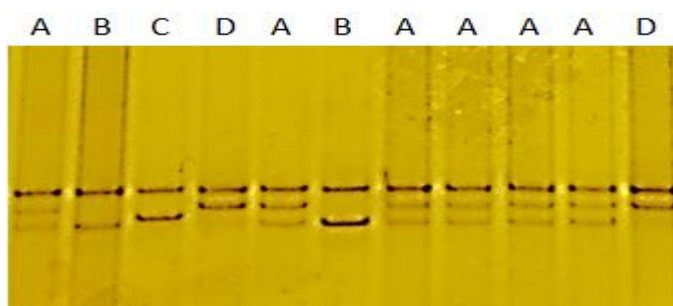
است. از این رو، هدف از این تحقیق، مطالعه ناحیه پروموتور ژن اینترلوکین-۸ از نظر وجود چند شکلی تک نوکلئوتیدی و بررسی اثرات آنها بر روند فرآیند رونویسی بود.

مواد و روش ها

مقدار ۲ میلی لیتر خون از تعداد ۵۰ راس گاو بومی استان کهگیلویه و بویر احمد و ۵۰ راس گاو هلشتاین مجتمع شیر و گوشت اصفهان در تیوب حاوی EDTA جمع آوری گردید. با استفاده از کیت استخراج DNA ماده ژنتیکی هر نمونه استخراج و در دمای ۲۰- نگهداری شد. از برنامه Primer3 به همراه توالی پروموتور ژن اینترلوکین-۸ (بانک ژن با شماره دسترسی AY627308.1) جهت طراحی یک جفت آغازگر جدید استفاده گردید. از آغازگرهای 5'-cagatgactcagatgtgctctca-3' و 5'-caggaagctgccaagaga-3' قطعه ای بطول ۲۶۰ نوکلئوتید از ناحیه پروموتور بخشی از ناحیه کد کننده (۲۱۶ نوکلئوتید قبل از شروع رونویسی و ۴۴ نوکلئوتید از ناحیه کد کننده) ژن اینترلوکین-۸ تکثیر شد. جهت تعیین ژنوتیپ، از تکنیک PCR-SSCP استفاده شد. محصولات PCR برای هر الگوی SSCP پس تخلیص مستقیماً توسط آغازگرها تعیین توالی شدند. جهت شناسایی تفاوت نوکلئوتیدی در الگوهای متفاوت SSCP، همترازی توالی های بدست آمده توسط نرم افزار CLUSTALW انجام گرفت. همچنین، برای ارزیابی تاثیر جهش های شناسایی شده بر جایگاه اتصال فاکتورهای رونویسی در ناحیه تکثیر شده، تجزیه و تحلیل بیوانفورماتیکی با استفاده از نرم افزار TFSEARCH v1.3 صورت گرفت.

نتایج و بحث

در این تحقیق، چند شکلی های تک نوکلئوتیدی ناحیه پروموتور ژن اینترلوکین-۸ گاو با استفاده از روش PCR-SSCP و تعیین توالی مورد بررسی قرار گرفت. در تمام نمونه های دو نژاد بومی و هلشتاین تعداد ۴ الگوی واضح SSCP برای قطعه تکثیر شده آشکار گردید که این الگوهای متفاوت باندی با حروف A تا D نامگذاری شدند (شکل ۱). مقایسه فراوانی هر الگو (جدول ۱) در دو نژاد نشان می دهد که الگوی A بیشترین فراوانی در نژاد هلشتاین (۶۲، ۰) و الگوی B دارای بیشترین فراوانی (۶۸، ۰) در گاوهای بومی بودند. همچنین در نمونه های هلشتاین الگوی C مشاهده نشد که نشان دهنده تنوع پایین این ناحیه در گاوهای هلشتاین نسبت به گاوهای بومی است.



شکل ۱- الگوهای SSCP مشاهده شده در قطعه تکثیر شده از پروموتور ژن اینترلوکین-۸

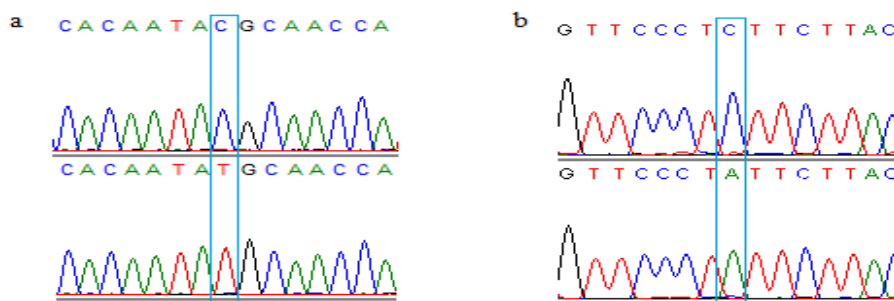
پس از تعیین توالی الگوهای SSCP، دو چند شکلی تک نوکلئوتیدی جدید در این ناحیه شناسایی شد: جایگزینی G با A در جایگاه ۱۸۰- و جایگزینی C با A در جایگاه ۱۲۶- نسبت به جایگاه شروع رونویسی (شکل ۲). البته چندشکلی تک نوکلئوتیدی جایگاه ۱۲۶- در الگوی C تنها در گاوهای بومی مشاهده گردید بطوری که گاوهای هلشتاین برای این جایگاه هموزیگوت CC بودند. جستجو جهت شناسایی جایگاه های اتصال فاکتورهای رونویسی ممکن با استفاده از TFSEARCH، جایگاه های متعددی برای اتصال فاکتورهای رونویسی مانند AP-1، C/EBPb، NF-kap، c-Rel،

GATA-1، Nkx-2 و CdxA و TATA را آشکار نمود. از طرف دیگر، تجزیه و تحلیل اینسلیکو (In silico) جهت بررسی نتایج چند شکلی های شناسایی شده بر روی جایگاه های اتصال نشان داد که جابجایی G با A در جایگاه ۱۸۰- نه تنها هیچ جایگاهی از فاکتورهای رونویسی را مختل نکرد بلکه منجر به ایجاد جایگاهی برای فاکتور رونویسی Oct-1 گردید.

جدول ۱- فراوانی الگوهای مشاهده شده در دو نژاد.

نژاد	الگوی A	الگوی B	الگوی C	الگوی D
هلستاین	۰,۶۲	۰,۱۸	۰	۰,۲۰
بومی	۰,۱۲	۰,۶۸	۰,۰۸	۰,۱۲

جایگزینی C با T در جایگاه ۱۲۶- قبل از شروع رونویسی نیز منجر به ایجاد جایگاهی برای فاکتور رونویسی Ik-2 گردید. این فاکتور رونویسی متعلق به خانواده پروتیینی ایکاروس بوده که به جایگاه خود (C/TGGGAA/T) در پروموتور ژن اتصال می شود. برای این خانواده از فاکتورهای رونویسی نیز هر دو فعالیت تحریک کنندگی و بازدارندگی بر روی فرآیند رونویسی گزارش شده است (۵). در موش، فاکتورهای رونویسی ایکاروس جهت توسعه سلول های لمفوئیدی و فعالیت ژن های تحلیل برنده تومور ضروری بوده است که بر این اساس پیشنهاد شده که تغییر بیان پروتیین های ایکاروس ممکن است در سرطان های خون درگیر باشند (۳). جهت استفاده از این چند شکلی های شناسایی شده در برنامه های اصلاحی (انتخاب به کمک نشانگر)، باید نقش این چندشکلی ها در بیان ژن اینترلوکین-۸ بررسی گردد، همچنین ارتباط آنها با صفات اقتصادی دام ها نظیر مقاومت به بیماری هایی نظیر ورم پستان ارزیابی گردد.



شکل ۲- چندشکلی های تک نوکلئوتیدی شناسایی شده در ناحیه پروموتور ژن اینترلوکین-۸ (a) جایگزینی G با A در جایگاه ۱۸۰- در زنجیره ۵'→۳' (b) جایگزینی C با A در جایگاه ۱۲۶- در زنجیره ۳'→۵'

References

1. Bellomo R. The cytokine network in the critically ill. *Anaesthesia and Intensive Care Journal*, 20, 288-302.
2. Christine B., Mairead D., Stuart C., Donagh P. B., David A. M., Tommie V. M. C. & Linda G. 2010. Polymorphisms in bovine immune genes and their associations with somatic cell count and milk production in dairy cattle. *BMC Genetics*, 11, 99.
3. Georgopoulos K., Winnandy S. & Avitahl N. 1997. The role of the Ikaros gene in lymphocyte development and homeostasis. *Annual Review of Immunology*, 15, 155-76.



4. Leyva-Baca I., Schenkel F., Sharma B. S., Jansen G. B. & Karrow N. A. 2007. Identification of single nucleotide polymorphisms in the bovine CCL2, IL8, CCR2 and IL8RA genes and their association with health and production in Canadian Holsteins. *Animal Genetics*, 38, 198-202.
5. Pierangela S. & Niall D. 2005. The $\lambda 5$ -VpreB1 locus—a model system for studying gene regulation during early B cell development. *Seminars in immunology*, 17, 121-127.

Identification and characterization of single nucleotide polymorphisms (SNPs) in the promoter region of bovine IL-8 gene in the local and Holstein cattle of Iran

M Muhaghegh-Dolatabady^{*1}, M Ghaderi-Zefrehei¹, M Bahreini-Behzady¹, A Naghiha¹

¹ Animal Science Department, Faculty of Agriculture, Yasouj University, Yasouj,

^{*}Corresponding author; e-mail: mmuhaghegh@mail.yu.ac.ir

Abstract

IL-8, a proinflammatory cytokine, is a small protein that acts as attracting and activating neutrophils in the early stages of host defense against bacterial invasion. Single nucleotide polymorphisms (SNPs) in the promoter region of this gene can influence IL-8 function. Therefore, the aim of this study was to discover and analysis of SNPs in the promoter region of IL-8 gene in Iranian local and Holstein cattle breeds (*Bos taurus*). The part of promoter region of IL-8 gene was screened by single strand conformation polymorphism (SSCP) method and DNA sequencing. A total of 4 distinct SSCP patterns were observed which further revealed 2 novel SNPs upon sequence analysis in amplified fragment. From the SNPs identified in this region, polymorphism at nucleotide position -126 was found only in local breed. The SNPs identified at -126 and -180 created putative binding sites for Ik-2 and Oct-1 transcription factors, respectively. The possible functional activity of identified SNPs should be approved using gene expression analysis. Further studies required to evaluate the identified SNPs for disease resistant traits in cattle.

Keywords: IL-8, SNPs, promoter region, SSCP, transcription factors



ارتباط هاپلوتیپ های ناحیه ۵ ژن گیرنده هورمون رشد با صفات تولید شیر و تعداد سلول های سوماتیکی در گاوهای

هلستاین ایران

مصطفی محقق دولت آبادی^۱، جواد حبیبی زاد^۱، مصطفی قادری زفره ای^۱، محمدرضا بحرینی بهزادی^۱

دانشگاه یاسوج، دانشکده کشاورزی، گروه علوم دامی

*نویسنده مسئول: mmuhaghegh@yu.ac.ir

چکیده

هدف از این تحقیق یافتن ارتباط بین هاپلوتیپ های ناحیه ۵ ژن گیرنده هورمون رشد با صفات تولید شیر و تعداد سلول های سوماتیکی در گاوهای هلستاین ایران بود. برای این منظور، بخشی از ناحیه ۵ این ژن (۲۴۳- الی ۲۳+) توسط تکنیک تفاوت فرم فضایی رشته های منفرد^۱ (SSCPs) در ۱۸۸ گاو هلستاین ایران تعیین ژنوتیپ شد. تعداد ۳ الگوی مجزا SSCP در کل نمونه های بررسی شده مشاهده گردید که فراوانی آنها در جمعیت مورد مطالعه به ترتیب ۰،۲۳، ۰،۲۹ و ۰،۴۸ بود. نتایج آماری نشان داد که هاپلوتیپ های متفاوت در این قطعه اختلاف معنی داری با صفت متوسط تولید شیر روزانه دارند ($P < 0.05$) اما ارتباط معنی داری بین هاپلوتیپ های این قطعه با صفات درصد چربی شیر، درصد پروتئین شیر و تعداد سلول های سوماتیکی مشاهده نشد. بنابراین، با بررسی نقش این هاپلوتیپ ها در فعالیت ژن گیرنده هورمون رشد می توان از آنها به عنوان انتخاب به کمک نشانگر در برنامه های اصلاح گاوهای شیری استفاده نمود.

واژگان کلیدی: گیرنده هورمون رشد، ناحیه پروموتر، SSCP، چند شکلی تک نوکلئوتیدی، ریزماهوره، فاکتور رونویسی

مقدمه

روشن و بدیهی است که هورمون رشد نقش اساسی در فرآیند های رشد و شیرواری دارا می باشد. یکی از فاکتور بسیار مهم در ارتباط با نقش هورمون رشد، گیرنده هورمون رشد بوده که رشد و توسعه غدد پستانی را تسهیل و امکان پذیر می سازد. گیرنده هورمون رشد به عنوان میانجی بیولوژیکی هورمون رشد با انتقال سیگنال هورمون رشد از غشا سلولی و القا رونویسی ژن های بسیاری مانند فاکتور رشد شبه انسولین-۱ روی سلول های هدف عمل می کند (۱). ژن کد کننده گیرنده هورمون رشد در گاو دارای ۹ اگزون (شماره گذاری از ۲ تا ۱۰) در بخش کد شونده، و یک ناحیه طویل ۵ غیر کد کننده می باشد. ناحیه ۵ یا فرادست هر ژن حاوی اکثر علائم تنظیم کننده شروع فرآیند رونویسی می باشد به طوری که هر گونه تغییر (جهش) در توالی نوکلئوتیدی این ناحیه می تواند راندمان ظهور ژن را تحت تاثیر قرار داده و بر فنوتیپ میزبان تاثیر داشته باشد. تاکنون چند شکلی های ژنتیکی متعددی در ناحیه ۵ ژن گیرنده هورمون رشد در گاو شناسایی شده است. گی و همکاران (۲۰۰۳) یک جایگزینی تک نوکلئوتیدی A/G در جایگاه ۱۵۴- قبل از شروع رونویسی این ژن شناسایی کردند. همچنین ریزماهوره TG در ناحیه پروموتر ژن گیرنده هورمون رشد مشاهده شده است (۴) که Bos indicus حاوی ۱۱ جفت باز تکراری و در Bos Taurus ۲۰-۱۶ جفت باز تکراری پشت سر هم از این نشانگر بوده است. در مطالعات متعددی ارتباط بین این چند شکلی و ریزماهوره TG با عملکرد تولیدی گاوهای شیری و گوشتی بررسی شده است که در بعضی موارد ارتباطات معنی داری مشاهده شده است. از این رو، هدف این تحقیق بررسی ناحیه پروموتر ژن گیرنده هورمون رشد از نظر چندشکلی تک نوکلئوتیدی A/G در جایگاه ۱۵۴- و ریزماهوره TG در گاوهای شیری هلستاین بصورت و ارتباط آن با صفات تولید شیر و تعداد سلول های سوماتیکی بود.

مواد و روش ها

¹ Single Strand Conformation Polymorphisms



مقدار ۲ میلی لیتر خون از تعداد ۱۸۸ راس گاو هلستاین مجتمع شیر و گوشت فتاحی در تیوب حاوی EDTA جمع آوری گردید. با استفاده از کیت استخراج DNA (AccuPrep® genomic DNA extraction kit) ماده ژنتیکی هر نمونه استخراج و در دمای ۲۰- نگهداری شد. از برنامه Primer3 (<http://frodo.wi.mit.edu/primer3/>) به همراه توالی پروموتور ژن گیرنده هورمون رشد (بانک ژن با شماره دسترسی U15731.2) جهت طراحی یک جفت آغازگر جدید استفاده گردید. از آغازگرهای 5'-ctggccttcacttcagttgg-3' و 5'-gtcaccgcttgagtagat-3' قطعه ای بطول ۲۶۶ نوکلئوتید (۲۴۳- الی ۲۳+) از ناحیه پروموتور ژن گیرنده هورمون رشد در بر گیرنده چند شکلی تک نوکلئوتیدی A/G در جایگاه ۱۵۴- و ریزماهواره TG در جایگاه ۸۶- از شزوع کدون آغازین تکثیر شد. تکنیک PCR-SSCP با استفاده از الکتروفورز انجام شد. مقدار ۳ میکرولیتر از محصول PCR با ۷ میکرولیتر بافر دناتوره مخلوط و برای مدت ۵ دقیقه در دمای ۹۵ درجه سانتیگراد دناتوره گردید. سپس تیوب های حاوی این مخلوط با قرار دادن در یخ به مدت ۱۰ دقیقه به سرعت سرد شده، در آخر تمام آنها روی ژل ۸ درصد اکریلامید که با استفاده از بافر TBE تهیه شده بود به مدت ۱۸ ساعت در دمای اتاق با ولتاژ ۷.۵ ولت بر سانتیمتر بارگذاری گردید. سرانجام ژل با روش نیرات نقره رنگامیزی و ژنوتیپ هر نمونه تعیین شد.

آنالیز آماری

با استفاده از مدل آماری زیر و نرم افزار SAS، ارتباط چند شکلی های شناسایی شده به صورت هاپلوتیپ (الگوی SSCP) با صفات تولید شیر و سلول های سوماتیکی بررسی گردید.

$$y_{ijkl} = \mu + G_i + S_j + L_k + Si_l + e_{ijkl}$$

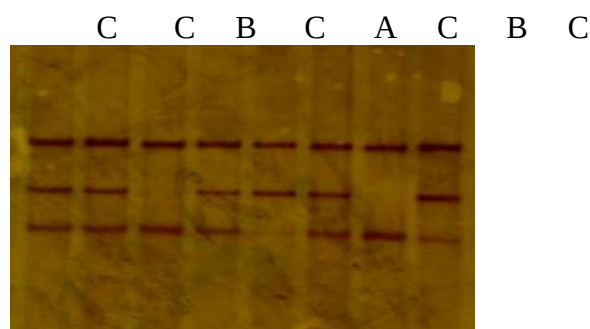
y_{ijkl} : مقدار هر مشاهده، μ : میانگین، G_i : اثر ثابت الگوی SSCP، S_j : اثر ثابت گاو، L_k : اثر ثابت دوره شیرداری، Si_l : اثر ثابت فصل زایش و e_{ijkl} : اثر خطا. صفات مورد مطالعه در این تحقیق شامل متوسط تولید شیر روزانه، درصد چربی شیر، درصد پروتئین شیر و تعداد سلول های سوماتیکی شیر بودند. قبل از تجزیه و تحلیل داده ها با استفاده از مدل، رکوردهای هر صفت جهت پیروی از توزیع نرمال مورد آزمون قرار گرفتند. در میان صفات، صفت تعداد سلول های سوماتیکی دارای چولگی بود و به همین دلیل داده ها با استفاده از فرمول مناسبی به توزیع نرمال تغییر یافتند.

نتایج و بحث

پس از تعیین ژنوتیپ تمام نمونه ها با روش PCR-SSCP، ۳ الگوی متفاوت SSCP (A, B, C) در قطعه تکثیر شده مشاهده گردید (شکل ۱) که فراوانی آنها در جمعیت مورد مطالعه به ترتیب ۰.۲۹، ۰.۲۳ و ۰.۴۸ بود. نتایج آماری نشان داد که هاپلوتیپ های متفاوت در این قطعه ارتباط معنی داری با صفت تولید شیر دارند ($P < 0.05$). گاوها با هاپلوتیپ C افزایش معنی داری از نظر صفت متوسط تولید شیر روزانه نسبت به سایر هاپلوتیپ ها نشان داد اما ارتباط معنی داری بین هاپلوتیپ های این قطعه با صفات درصد چربی شیر، درصد پروتئین شیر و تعداد سلول های سوماتیکی مشاهده نشد. شرمین و همکاران (۲۰۰۷) با مطالعه جایگزینی A/G در جایگاه ۱۵۴- پروموتور ژن گیرنده هورمون رشد، بیشترین تاثیر را در وزن بدن گاوهای گوشتی مشاهده کرد. اگرچه جی و همکاران (۲۰۰۳) ارتباط معنی داری با صفات رشد در ژنوتیپ های این چندشکلی مشاهده نکرد. البته ایشان ارتباط معنی داری بین این چند شکلی و غلظت فاکتور مشابه انسولین-۱ گزارش کردند. همچنین، ژنوتیپ های این چندشکلی ارتباط معنی داری با چربی دنده گاوهای نر نژاد برهمن در سن



تقریبی ۳۶۵ روز نشان داد بطوری که گاوهای نر با ژنوتیپ GG دارای ۶٫۱ درصد چربی دنده بیشتری نسبت به ژنوتیپ های GA و AA بودند (۲).



شکل ۱- الگوی باندهای SSCP در قطعه تکثیر شده

References

1. Argetsinger L. S. and Carter-Su C. 1996. Mechanism of signaling by growth hormone receptor. *Physiological Reviews*, 76: 1089-1107.
2. Garrett A. J., Rincon G., Medrano J. F., Elzo M. A., Silver G. A. and Thomas M. G. 2008. Promoter region of the bovine growth hormone receptor gene: Single nucleotide polymorphism discovery in cattle and association with performance in Brangus bulls. *Journal of Animal Science*, 86:3315-3323.
3. Ge, W., Davis M. E., Hines H. C., Irvin K. M. and R. C. Simmen. 2003. Association of single nucleotide polymorphisms in the growth hormone and growth hormone receptor genes with blood serum insulin-like growth factor I concentration and growth traits in Angus cattle. *Journal of Animal Science*, 81:641-648.
4. Lucy M.C., Johnson G.S., Shibuya H., Boyd C.K. and Herring W.O. 1998. Polymorphic (GT)_n microsatellite in the bovine somatotropin receptor gene promoter. *Journal of Animal Science*, 76: 2209- 2210.
5. Sherman E. L., Nkrumah J. D., Murdoch, B. M., Li C., Wang Z., Fu A. and Moore S. 2007. Polymorphisms and haplotypes in the bovine neuropeptide Y, growth hormone receptor, ghrelin, insulin-like growth factor 2, and uncoupling proteins 2 and 3 genes and their associations with measures of growth, performance, feed efficiency, and carcass merit in beef cattle. *Journal of Animal Science*, 86: 1-16.

Haplotype association of 5'-flanking region of growth hormone receptor gene with milk production traits and somatic cell count in Holstein cattle of Iran

M Muhaghegh-Dolatabady^{*1}, J Habibizad¹, M Ghaderi-Zefrehei¹, M Bahreini-Behzady¹

¹ Animal Science Department, Faculty of Agriculture, Yasouj University, Yasouj,

^{*}Corresponding author; e-mail: mmuhaghegh@mail.yu.ac.ir

Abstract

The growth hormone receptor (GHR) is a cell surface receptor for growth hormone (GH) that is required for GH to carry out its effects on target tissues. Therefore, the aim of this study



was to find association of genetic variation in the promoter region of GHR gene with milk production traits and somatic cell counts in Holstein cattle of Iran. The part of promoter region of GHR gene was screened by single strand conformation polymorphism (SSCP) method. One hundred eighty eight Iranian Holstein cows were genotyped, giving 3 distinct SSCP patterns (A, B, and C) and the frequencies of these patterns for amplified fragment were 0.23, 0.29 and 0.48, respectively. Statistically significant differences were found between various haplotype at the amplified fragment and average daily milk production ($P < 0.05$). However, No significant difference was observed between genotypes and fat percentage, protein percentage and somatic cell count. The association identified in the promoter region of GHR gene may serve as potential candidate genetic marker for marker assisted selection in cattle.

Keywords: GHR, promoter region, SSCP, SNP, microsatellite, transcription factors



برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از رکوردهای روزآزمون

حاصل مهری اعظم^{۱*}، اسکندری نسب مراد پاشا^۲

^۱ کارشناس ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشگاه زنجان، ^۲ عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه

زنجان

* نویسنده مسئول: حاصل مهری اعظم، azam_haselmehry@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق ۸۰۰۰ رکورد روزآزمون تولید شیر مربوط به گاوهای هلشتاین شکم اول مرکز اصلاح نژاد کشور که طی سالهای ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۲ جمع آوری گردیده بود مورد مطالعه استفاده قرار گرفت. پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر با استفاده از برنامه DXMR موجود در نرم افزار DFREML برآورد گردید. در تحقیق حاضر مدل رگرسیون تصادفی مورد استفاده شامل اثرات ثابت گله، تاریخ رکوردگیری، سال زایش، فصل زایش و تعداد دفعات دوشش بود. سن زایش نیز به عنوان متغیر همراه در مدل منظور شد و بر این اساس پارامترهای ژنتیکی: وراثت پذیری، واریانس فنوتیپی، واریانس ژنتیکی افزایشی و واریانس محیطی دائمی برآورد گردید. همچنین براساس نتایج به دست آمده حداقل وراثت پذیری تولید شیر در اوایل دوره شیردهی بوده و سپس با پیشرفت مرحله شیردهی افزایش یافته و در نیمه دوم شیردهی به حداکثر رسیده و سپس به سمت انتهای دوره شیردهی کاهش یافت مقدار واریانس فنوتیپی نیز در ابتدا و انتهای دوره شیردهی بالا بود، حداکثر میزان واریانس ژنتیکی افزایشی نیز در اواسط دوره شیردهی برآورد گردید و واریانس محیطی دائمی در ابتدا و انتهای دوره بیشتر از اواسط دوره شیردهی برآورد گردید.

واژه های کلیدی: مدل رگرسیون تصادفی - رکوردهای روزآزمون - تولید شیر - گاوهای هلشتاین

مقدمه

امروزه روشهای ارزیابی گاوهای شیری دائما در حال پیشرفت بوده که از جمله این پیشرفتهای میتوان به استفاده از مدلهای روزآزمون (TD)^۱ در ارزیابی ژنتیکی گاوهای شیری اشاره کرد (۳ و ۷). لذا بدیهی می باشد که لازمه اصلاح نژاد حیوانات از طریق انتخاب برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش بینی ارزش ژنتیکی یا ارزش ارثی حیوانات است. از آنجا که پارامترهای ژنتیکی بصورت تابعی از مولفه های واریانس - کوواریانس برآورد می شود لذا برآورد مولفه های واریانس - کوواریانس در برنامه های اصلاح نژاد دارای اهمیت زیادی است در واقع هدف اساسی از اصلاح نژاد دامها تغییر و فرورژنهای کنترل کننده صفات کمی در راستای تولید بیشتر است (۲ و ۱). مدل های روزآزمون (TD) به عنوان روش آماری جهت آنالیز رکوردهای تولید شیر با هدف حداکثر استفاده از کلیه اطلاعات موجود از هر حیوان پیشنهاد شده اند. از اهداف تحقیق حاضر استفاده از مدل رگرسیون تصادفی جهت آنالیز رکوردهای روزآزمون صفت تولید شیر و نیز برآورد پارامترهای ژنتیکی می باشد.

۱-Test Day

مواد و روشها

در این تحقیق به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت تولید شیر از اطلاعات جمع آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد کشور که طی سالهای ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۲ جمع آوری شده بود استفاده گردید از مجموع رکوردهای موجود ۶۶۱۴۵ رکورد انتخاب شد و به دلیل اینکه این تحقیق براساس دوره اول شیردهی انجام گرفت رکوردهای دوم و بعد از آن حذف گردید برای محاسبه روزآزمون از تفاضل تاریخهای رکوردبرداری و سن زایش استفاده شد و روزآزمونهای کمتر از ۵ و نیز زیادتر از ۳۰۵ حذف گردید برای محاسبه سن زایش که بعنوان کوواریت در مدل در نظر گرفته شد از تفاضل تاریخهای زایش و تولد استفاده شد برای تعیین گروههای فصلی از ۴ گروه ۳ ماهه استفاده گردید و بعد از محاسبات اولیه و ویرایشهای زیر اعمال گردید: تمام گاوهایی که پدر یا مادر آنها مشخص نبود حذف شدند و گاوهای با سن زایش ۱۸ تا ۳۶ ماه در مدل وارد شدند همچنین گاوهای با تولید



شیرخارج از دامنه ۱۱ تا ۵۵ کیلوگرم حذف شدند و گاوهای با تعداد دفعات دوشش ۲ تا ۳ بار دوشش در مدل وارد گردید. پس از اعمال شرایط فوق الذکر در نهایت ۸۰۰۰ رکورد تولید شیر مربوط به ۱۸۱۸ راس گاو هلشتاین شکم اول که دختران ۱۸۹ راس گاونر بوده و شامل ۱۱۷ زیرگروه تاریخ رکوردگیری مربوط به ۵۰ گله مختلف بودند جهت تشکیل فایل‌های داده و شجره استخراج شدند. مدل آماری مورد استفاده جهت آنالیز رکوردهای موجود به صورت زیر می باشد:

$$Y_{ijklmpq} = M_i + TD_j + S_k + g_l + H_m + n(\text{age}_{ijklmpq})^n \\ + n(\text{dim}_{ijklmpq}) + n(\text{dim}^*_{ijklmpq}) + n(\text{dim}^*_{ijklmpq}) + ijklmpq$$

که در این مدل:

$Y_{ijklmpq}$: هریک از رکوردهای TD صفت تولیدشیر

M_i : اثر ثابت i امین زیرگروه دفعات دوشش در روز

TD_j : اثر ثابت j امین تاریخ رکوردگیری .

S_k : اثر ثابت k امین فصل زایش

g_l : اثر ثابت l امین سال زایش

H_m : اثر ثابت m امین گله

b_n : n امین ضریب رگرسیون برای اثر سن زایش

$\text{age}_{ijklmpq}$: اثر سن زایش (متغیر همراه)

$\text{dim}^*_{ijklmpq}$: روز شیردهی استاندارد شده

$(\text{dim}^*_{ijklmpq})$ نیز n امین چند جمله ای لجندرا از روز شیردهی

n امین ضریب رگرسیون ثابت

n امین ضریب رگرسیون تصادفی ژنتیک افزایشی مربوط به p امین گاو

n امین ضریب رگرسیون تصادفی محیطی دائمی مربوط به p امین گاو

K: درجه برازش رگرسیون ثابت

k_p و k_a : به ترتیب درجات برازش توابع کوواریانس ژنتیک افزایشی و محیطی دائمی است

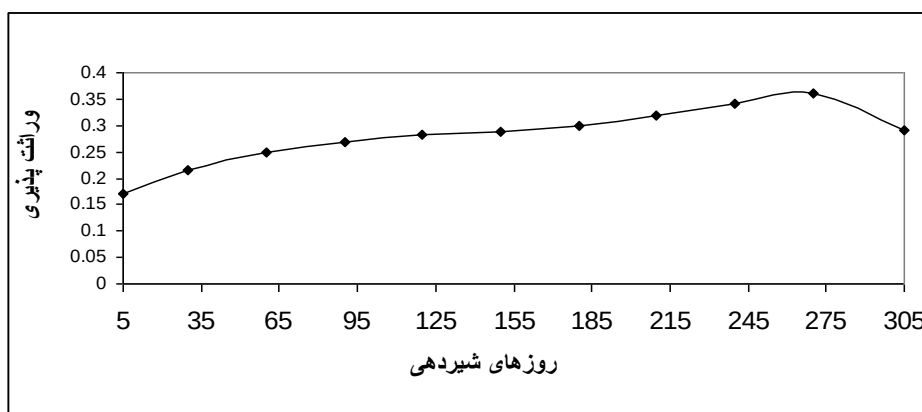
$ijklmpq$: به عنوان اثر اشتباه در مدل در نظر گرفته شد. سپس جهت انجام آنالیزها براساس مدل رگرسیون تصادفی از برنامه

DXMRR موجود در نرم افزار DFREML3 استفاده گردید و کلیه آنالیزها براساس الگوریتم میانگین اطلاعات انجام گرفت.

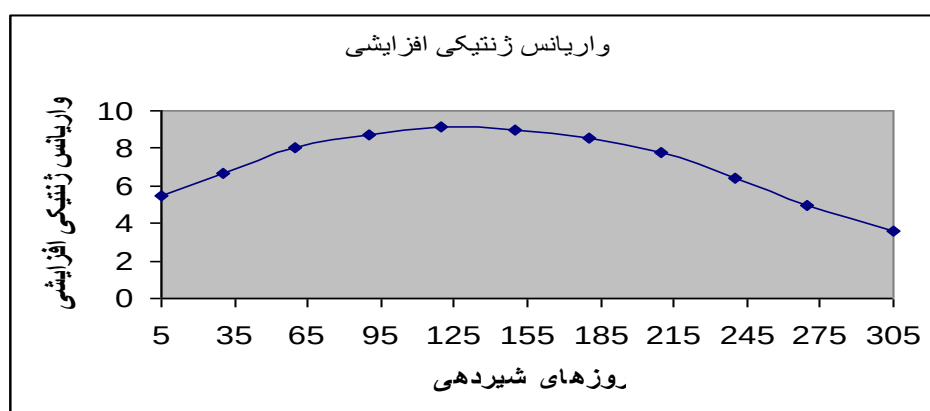
نتایج و بحث

براساس نتایج حاصله با پیشرفت مرحله شیردهی توارث پذیری صفت تولید شیر افزایش یافته و در نیمه دوم شیردهی به حداکثر رسیده و به سمت انتهای دوره شیردهی کاهش نشان داد که نتایج حاصله مشابه نظریه مادسن بود (۵). کمترین مقدار توارث پذیری نیز مربوط به اولین رکورد روز آزمون بود که تنها بدلیل بالا بودن میزان واریانس باقیمانده نیست بلکه این مسئله به کوچک بودن واریانس ژنتیکی افزایشی در این مرحله نیز مربوط می شود. شکل ۱ مقادیر وراثت پذیری صفت تولید شیر در روزهای مختلف دوره شیردهی را نشان می دهد. با توجه به نتایج بدست آمده حداکثر واریانس ژنتیکی افزایشی در اواسط دوره شیردهی بوده و با پیشرفت دوره شیردهی روند روبه کاهش راداشته است همانطور که در شکل ۲ نشان داده شده است.

شکل ۱. مقادیر وراثت پذیری صفت تولید شیر در روزهای مختلف در طول اولین دوره شیردهی



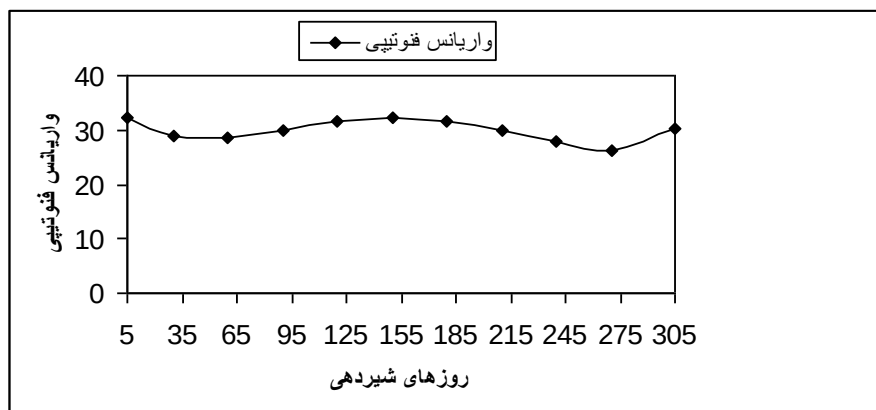
شکل ۲. نمودار واریانس ژنتیکی افزایشی برآورد شده برای صفت تولید شیر



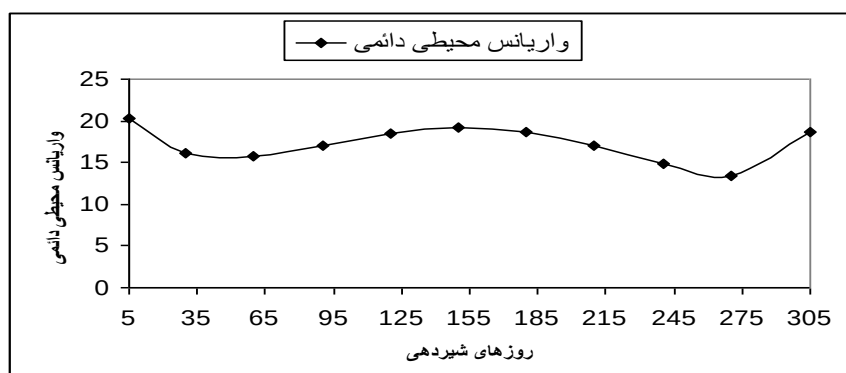
همانطور که در شکل ۳ مشاهده می شود واریانس فنوتیپی در مراحل مختلف دوره شیردهی یکسان نیست بطوریکه

حداکثر میزان واریانس فنوتیپی در ابتدا و انتهای دوره شیردهی بوده و در اواسط دوره شیردهی میزان آن پایین می آید زید و لیدو (۲۰۰۰) این روند را گزارش کردند (۸). چنین روندی برای واریانس فنوتیپی توسط کتون و همکاران (۲۰۰۰) نیز گزارش شده است (۴). همانطور که ذکر شد میزان وراثت پذیری در اوایل و اواخر دوره شیردهی نسبت به اواسط دوره شیردهی پایین بوده و پایین بودن این پارامتر در این دوران به بزرگ بودن باتوجه به شکل ۴ واریانس محیطی دائمی در ابتدا و انتهای دوره شیردهی بیشتر از اواسط دوره برآورد گردید مقدس زاده (۱۳۸۰) و والوری و همکاران (۱۹۹۹) نیز روند مشابهی را برای واریانس محیطی دائمی گزارش کردند (۶ و ۲). کتون و همکاران (۲۰۰۰) نیز این روند را برای واریانس محیطی دائمی در طول دوره شیردهی گزارش کردند (شکل شماره ۴). قابل ذکر است از آنجا که واریانس محیطی دائمی هم جهت با واریانس فنوتیپی تغییر می کند بدین صورت که بالا بودن واریانس فنوتیپی به بالا بودن واریانس محیطی دائمی مربوط می شود از این رومی توان کاهش وراثت پذیری در اوایل و اواخر دوره شیردهی را نیز به بالا بودن واریانس محیطی دائمی در این نواحی مربوط دانست.

شکل ۳: نمودار واریانس فنوتیپی صفت تولید شیر



شکل ۴: نمودار واریانس محیطی دائمی صفت تولیدشیر



منابع

۱. اسکندری نسب، م. پ. ۱۳۷۷. برآورد مولفه های واریانس کوواریانس و روند ژنتیکی صفات تولیدی در یک گله گوسفند بلوچی. پایان نامه دکتری رشته ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس
۲. مقدس زاده، س. ۱۳۸۱. بررسی پتانسیل ژنتیکی یک گله گاو هلشتاین با استفاده از رکوردهای روز آزمون و مدل رگرسیون تصادفی. پایان نامه کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان
- 3.Castle,O.M.and Searle,S.R.1961.Use of bi-monthly records in herd testing.J.Dairy Sci.,44:1335-1343.
- 4.Kettunen,A.,Mantysaari,E.A.and Poso,J.2000.Estimation of genetic parameters for daily milk yield of primiparous Ayrshire cows by random regression test-day models.Livest.Prod.Sci.,66:251-261.
- 5.Madsen, O.1975.A comparison of some suggested measures of persistency of milk yield in Dairy Cows.Anim. Prod.20:161-167.
- 6.Olori, V.E.,Hill, w.G. and Brotherstone, S.1999. The structure of the residual error variance of test day milk yield in random regression model. Proc. Computational Cattle Breeding Workshop 1999,Tuusula, Finland, March 18-20.
7. Schaeffer, L.R. 1999.Basic variance component estimation Available://www.agbu.une.edu.au/Kmeyer.
8. Szyda, J.and Liu, Z.2000.Modelling test day data from dairy cattle.www site.

Study of milk production genetic parameters using test day records in Iranian Holstein cows



Haselmehry Azam^{1*}, Eskandari nasab Moradpasha²

^{1*} MS in Animal Genetics and Breeding Zanzan University, ² Phd in animal Genetics and breeding Zanzan University

*Corresponding E-mail address: Azam_haselmehry@yahoo.com

Abstract:

In this study 8000 test day milk records of first lactation Holstein that were collected by animal breeding center, calving between 1372 and 1382 were analyzed using DXMRR program DFREML software. The fixed effects included were: herd, recording date, year of calving, season of calving and milking frequency. Age of calving was also modelled as a covariable. In this study genetic parameters: heritability, phenotypic variance, additive genetic variance and permanent environmental variance were estimated. According to the obtained results, estimated of heritability were found to be lowest during early lactation. The amount of this parameter increased to mid second lactation, then decreased to the end of lactation. Phenotypic variance value was higher at the beginning and end of lactation. Maximum additive genetic variance value for milk trait was estimated at the mid lactation. Permanent environmental value was also higher at the beginning and end of lactation.

Keywords: Random Regression Model- Test day Records- Milk Production- Holstein Cows



تأثیر تنوع ژنتیکی ژن آلفا-۱-آنتی تریپسین بر صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی در گاوهای شیری هلشتاین
میلاد هیهاوند^{۱*}، راضیه نوری^۱، دکتر محمدعلی ادريس^۲، دکتر امیرحسین مهدوی^۲، دکتر حمیدرضا رحمانی^۲، دکتر مجید طالبی^۳

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان، ۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان، ۳- عضو هیئت علمی گروه بیوتکنولوژی دانشگاه صنعتی اصفهان
*نویسنده مسئول: میلاد هیهاوند، milad_h1794@yahoo.com

چکیده:

تجزیه پروتئین‌ها در شیر گاو تحت تأثیر کیفیت شیر تولیدی دام قرار می‌گیرد. آلفا-۱-آنتی تریپسین (AAT) به وسیله نوتروفیل الاستاز، بافت‌های الاستیک آسیب‌پذیر را از تجزیه پروتئین‌ها محافظت می‌کند. هدف از این مطالعه بررسی تأثیر پلی-مورفیسم ژن (AAT) گاوی بر صفات تولید و ترکیب شیر در گاوهای هلشتاین ایران می‌باشد. صفات مورد مطالعه، درصد چربی، درصد پروتئین، تولید شیر در ۳۰۵ روز و امتیاز سلول‌های بدنی شیر می‌باشد. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR-RFLP) روش مورد استفاده به منظور تعیین ژنوتیپ لوکوس موردنظر در نواحی کدکننده این توالی شامل جایگاه G5504A در گاو هلشتاین ایران بود که این جهش خاموش بوده و تغییری در توالی آمینواسیدی به وجود نمی‌آورد. نتایج این مطالعه نشان داد که AAT به عنوان یک ژن کاندید توانست صفات تولید شیر را تحت تأثیر قرار داده و در برنامه‌های اصلاح نژادی به منظور بهبود عملکرد تولیدی گاو هلشتاین ایران استفاده شود.

کلمات کلیدی: گاو هلشتاین - ژن آلفا-۱-آنتی تریپسین - پلی‌مورفیسم - صفات تولید شیر

مقدمه:

صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی شیر از جمله صفات مهم در گاوهای شیری بوده و الگوی توارث آنها از صفات کمی پیروی می‌کند [۹]. تعداد سلول‌های سوماتیکی، همبستگی ژنتیکی بالایی با بیماری ورم پستان دارد که این همبستگی به طور میانگین ۰/۷ برآورد می‌گردد [۸و۲]. بیماری ورم پستان، تورم غدد پستانی در حیوانات تولیدکننده شیر می‌باشد که در هر دو حالت کلینیکی و بالینی از طریق کاهش میزان تولید و کیفیت شیر موجب خسارات اقتصادی در صنعت دامداری می‌گردد. به طور معمول روش‌های مبتنی بر انتخاب در جهت بهبود تولید شیر، روش‌هایی هزینه‌بر بوده و به زمان زیادی نیاز دارند تا بتوانند تأثیر خود را بر تولید شیر اعمال کنند. اما انتخاب به کمک مارکرها موجب افزایش دقت انتخاب شده و به زمان و هزینه کمتری نیاز دارد. بنابراین برای مطالعات ژنتیکی و ژن‌های کاندید و تأثیر آنها بر تولید شیر و صفات مرتبط با ورم پستان کاملاً مناسب هستند. آلفا-۱-آنتی تریپسین (AAT) یک مهارکننده پروتئاز مؤثر بوده که به نام آلفا-۱-پروتئاز اینهیبیتور ($\alpha 1PI$) نیز شناخته می‌شود. این ژن دارای ۵ اگزون می‌باشد که طولی معادل ۹kb از DNA ژنومی را به خود اختصاص می‌دهد و یک پروتئین ۴۱۶ اسیدآمینه‌ای را کد می‌کند. گزارش شده است که غلظت AAT در طول هفته اول شیردهی در انسان ۰/۱ - ۰/۶ گرم در لیتر بوده و در هفته‌های بعدی این مقدار کاهش می‌یابد [۱و۵]. نقش اصلی AAT محافظت از بافت در مقابل تجزیه پروتئولیتیکی توسط نوتروفیل الاستاز می‌باشد [۱۰]. افزودن AAT به شیر انسان موجب محافظت بیشتر از لاکتوفرین در شیر می‌گردد. AAT نه تنها در ابتدا در کبد سنتز می‌شود بلکه بیان نیز می‌گردد و توسط



بافت‌های فراکبدی، انتروسایت‌های روده‌ای، ماکروفاژها و مونوسایت‌ها ترشح می‌شود [۶ و ۷]. به علاوه، گزارش شده است که پروتئین AAT به وسیله غدد پستانی تولید می‌شود و به عنوان یک مهارکننده پروتئازی در کمک به دوام سایر پروتئین‌های فعال زیستی شیر نقش دارد. هدف از این مطالعه بررسی ارتباط احتمالی بین واریانت‌های ژن AAT و صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی شیر در گاوهای هلشتاین ایران بود.

مواد و روش‌ها:

در مطالعه حاضر به منظور بررسی ارتباط چندشکلی ژن AAT با صفات عملکردی در گاوهای نژاد هلشتاین ایرانی و همچنین برآورد فراوانی اللی و ژنوتیپی آنها ۳۶۵ نمونه خون به طور تصادفی از پنج گله صنعتی در استان اصفهان جمع‌آوری و بررسی شد. استخراج DNA به کمک روش نمکی میلر انجام گرفت و در نهایت جایگاه G5504A موجود در اگزون ۱ ژن AAT تعیین ژنوتیپ شد. برای انجام واکنش PCR از ۳ میکرولیتر DNA ژنومی، ۲ میکرولیتر بافر PCR، ۰/۸ میکرولیتر $MgCl_2$ ، ۰/۵ میکرولیتر dntp، ۱ میکرولیتر پرایمر رفت و ۱ میکرولیتر پرایمر برگشت، ۰/۸ میکرولیتر آنزیم پلیمرز taq و ۱۰/۹ میکرولیتر آب مقطر استریل در حجم ۲۰ میکرولیتر استفاده شد. برنامه PCR مورد استفاده برای تکثیر جایگاه ژنی موردنظر عبارتست از: ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه، ۳۵ سیکل تکثیر با دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، ۵۵/۸ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه و ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه و در نهایت مرحله گسترش نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد و به مدت ۱۰ دقیقه در دستگاه ترموسایکلر انجام شد. محصولات PCR به دست آمده توسط آنزیم برشی sph1 به مدت ۱۲ الی ۱۶ ساعت و در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد تیمار و روی ژل آگارز ۱/۲ درصد بارگذاری شد. به منظور بررسی رابطه میان ژنوتیپ‌های موجود در جایگاه مورد مطالعه با صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی شیر از روش آنالیز خطی، نرم‌افزار sas, v9.1 استفاده شد. مدل آماری مورد استفاده تحت روش GLM به صورت ذیل می‌باشد:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + HYS_j + b_1 (X_{ijk} - \bar{X}) + b_2 (W_{ijk} + \bar{W}) + b_3 (Z_{ijk} - \bar{Z}) + e_{ijk}$$

Y_{ijk} ، صفت تولید و ترکیب شیر (تولید شیر تصحیح شده، ارزش اصلاحی تولید شیر، درصد چربی و پروتئین، ارزش اصلاحی تولید چربی، طول دوره شیردهی و امتیاز سلول‌های بدنی شیر) و G_i مربوط به اثر ژنوتیپ چندشکلی ژن AAT (AA، BB و AB) و HYS_j بیانگر اثر ترکیبی گله، سال و فصل زایش می‌باشد. X_{ijk} طول دوره شیردهی بر اساس روز و $\bar{X}$ میانگین طول دوره شیردهی، W_{ijk} روزهای باز و $\bar{W}$ میانگین روزهای باز است. Z_{ijk} تولید شیر بر اساس روز و $\bar{Z}$ میانگین تولید شیر می‌باشد. b_1 ، b_2 و b_3 به ترتیب ضریب رگرسیون طول دوره شیردهی، روزهای باز و تولید شیر و e_{ijk} نیز اثر خطا می‌باشد. ضمناً صفت تولید شیر تصحیح شده به منظور آنالیز صفت تولید شیر تصحیح شده از مدل حذف گردید.

نتایج و بحث:

فراوانی‌های اللی برای ال‌های A و B جایگاه G5504A به ترتیب برابر با ۶۳/۰ و ۳۷/۰ و فراوانی ژنوتیپی AA، AB و BB به ترتیب برابر با ۲۹/۰، ۵۰/۰ و ۲۱/۰ برآورد گردید. نتایج حاصل از آنالیز خطی تفاوت معنی‌داری را بین ژنوتیپ‌های جایگاه G5504A با درصد چربی و پروتئین شیر نشان داد. مقایسه حداقل میانگین مربعات درصد چربی نشان داد که افراد دارای ژنوتیپ AB در مقایسه با ژنوتیپ BB و AA از نظر آماری درصد چربی شیر بیشتری داشتند ($P < ۰/۰۵$). مقایسه حداقل میانگین مربعات درصد پروتئین شیر نیز حاکی از آن بود که افراد دارای ژنوتیپ BB درصد پروتئین شیر بیشتری در



مقایسه با ژنوتیپ AB و AA داشتند ($P < 0.05$). در بررسی اثر ژنوتیپ‌های جایگاه G5504A با امتیاز سلول‌های بدنی رابطه معنی‌داری مشاهده نشد ($P > 0.05$).

جدول ۱- تجزیه واریانس صفات تولید شیر تصحیح شده و اجزای شیر دوره اول

منبع تغییر	تولید شیر تصحیح شده (کیلوگرم)		درصد چربی		درصد پروتئین	
	درجه آزادی	میانگین مربعات	درجه آزادی	میانگین مربعات	درجه آزادی	میانگین مربعات
ژنوتیپ	۲	۶۳۷۰۵/۳ ^{ns}	۲	۰/۵۳۹۴۷۷۷۴*	۲	۰/۰۹۱۰۲۸۳۳*
اثر ترکیبی گله، سال و فصل زایش	۴۰	۶۲۷۹۹۳۰/۱***	۴۰	۰/۴۸۵۳۳۴۶۲***	۴۰	۰/۰۳۵۹۲۲۸۶ ^{ns}
روزهای باز	۱	۳۴۲۸۷۸۰۴/۰***	۱	۰/۰۳۲۴۵۹۱۸ ^{ns}	۱	۰/۰۴۲۶۲۷۶۰ ^{ns}
طول دوره شیردهی	۱	۴۳۵۷۶۹۴۴/۴***	۱	۰/۰۳۸۶۲۵۱۰ ^{ns}	۱	۰/۰۰۴۲۶۱۱۵ ^{ns}
تولید شیر تصحیح شده	-	-	۱	۰/۶۷۰۹۴۶۵۳*	۱	۰/۶۹۲۴۶۱۰۸***
خطا	۲۷۸	۱۴۵۹۴۲۲/۵	۲۷۳	۰/۱۶۹۹۳۳۱۰	۲۷۵	۰/۰۲۸۶۰۸۷۲

* معنی‌داری در سطح احتمال ۵ درصد ($P < 0.05$)

*** معنی‌داری در سطح احتمال ۱ هزارم درصد ($P < 0.001$)

ns عدم معنی‌داری ($P > 0.05$)

جدول ۲- مقایسه حداقل میانگین مربعات ($\pm SE$) ژنوتیپ‌ها برای صفات امتیاز سلول‌های بدنی، درصد چربی و درصد پروتئین شیر دوره اول

ژنوتیپ	امتیاز سلول‌های بدنی شیر	درصد چربی	درصد پروتئین
	LSMean $\pm$ SE	LSMean $\pm$ SE	LSMean $\pm$ SE
AA	۱/۷۶۹ $\pm$ ۰/۱۰۷ ^a	۳/۰۹۹ $\pm$ ۰/۰۵۴۹ ^{ab}	۲/۹۲۴ $\pm$ ۰/۰۲۳۳ ^a
AB	۱/۸۴۱ $\pm$ ۰/۰۹۶۳ ^a	۳/۲۳۴ $\pm$ ۰/۰۴۷۳ ^{abc}	۲/۹۷۷ $\pm$ ۰/۰۲۰۱ ^a
BB	۱/۵۹۳ $\pm$ ۰/۱۸۱ ^a	۳/۲۱۴ $\pm$ ۰/۰۸۵۲ ^a	۲/۹۹۰ $\pm$ ۰/۰۳۶۲ ^a

^{abc} میانگین‌های با حروف متفاوت در هر ستون، به لحاظ آماری تفاوت معنی‌داری ($P < 0.05$) دارند.

این در حالیهست که

بیشترین درصد چربی شیر را در بین AA و همکاران در سال ۲۰۱۰ به این نتیجه دست یافتند که ژنوتیپ Qiu-ling Li . اما در رابطه با امتیاز سلول‌های بدنی شیر نتایج این مطالعه در تطابق [۹] سایر ژنوتیپ‌ها در گاوهای هلشتاین چین نشان داد . نتایج این مطالعه در توافق با نتایج خطیب و [۹] و همکاران در سال ۲۰۱۰ بود Qiu-ling Li با نتایج حاصل از مطالعه [۳] در ارتباط با صفات تولید شیر است AAT همکاران (۲۰۰۵) بود که دریافتند ژن

منابع

- Davidson, L. A. & Lönnnerdal, B. (1990). Fecal alpha-1-antitrypsin in breast-fed infants in derived from human milk and is not indicative of enteric protein loss. Acta Paediatr. Scand. 79, 137-141.



2. Heringstad, B., Klemetsdal, G. & Ruane, J. (2000). Selection for mastitis resistance in dairy cattle: A review with focus on the situation in the Nordic countries. *Livest. Prod. Sci.* 64, 94-106.
3. Khatib, H., Heifetz, E. & Dekkers, J. C. M. (2005). Association of the protease inhibitor Gene with production traits in Holstein dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 88, 1208-1213.
4. Lindberg, T. (1979). Protease inhibitors in human milk. *Pediatr. Res.* 13, 969-972.
5. McGilligan, K. M., Thomas, D. W. & Eckhert, C. D. (1987). Alpha -1- antitrypsin concentration in human milk. *Pediatr. Res.* 22, 268-270.
6. Molmenti, E. P., Perlmutter, D. H. & Rubin, D. C. (1993). Cell-specific expression of α 1-antitrypsin in human intestinal epithelium. *J. Clin. Invest.* 92, 2022-2034.
7. Perlmutter, D. H., Cole, F. S., Kilbridge, P., Rossing, T. H. & Colten, H. R. (1985). Expression of the α 1-proteinase inhibitor gene in human monocytes and macrophages. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA.* 82, 795-799.
8. Pösö, J. & Mäntysaari, E. A. (1996). Relationships between clinical mastitis, somatic cell score, and production for the first three lactations of Finnish Ayrshire. *J. Dairy Sci.* 79, 1284-1291.
9. Qiu-ling, L., Zheng-feng, Z., Chang-fa, W., Hai, Y., Hong-mei, W., Jian-bin, L., Jin-ming, H. & Ji-feng, Z. (2010). Association of polymorphism of the alpha 1-antitrypsin gene with milk production traits in Chinese Holstein. *South African J. of anim. Sci.* 40, 113-120.
10. Travis, J. & Salvesen, G. S. (1983). Human plasma proteinaseinhibitors. *Ann. Rev. Biochem.* 52, 655-709.

The effect of polymorphism of alpha 1-antitrypsin on milk yield and somatic cell score in Holstein cattle

Heihavand M.^{1*}, Nori R.¹, Edris M. A.², Mahdavi A. H.², Rahmani H. R.², Talebi M.³

^{1,2}Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan 84156-83111, Iran

³Department of Biotechnology, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan 84156-83111, Iran

*Corresponding E-mail address: milad_h1794@yahoo.com

Abstract

Protein degradation in bovine milk affects the quality of dairy products. Alpha 1-antitrypsin (AAT) can protect vulnerable elastic tissues from degradation by neutrophil elastase. The aim of this study was to assess the association of polymorphisms in bovine AAT gene with milk yield and milk composition in Iranian Holstein. Traits analyzed were fat percentage, protein percentage, 305-day milk yield and somatic cell score (SCS). Polymerase chain reaction – restriction fragment length polymorphism (PCR – RFLP), the method was used to genotype a locus in coding regions of the sequence, including position 5504 in Iranian Holstein. The mutation was silent mutation that caused no alteration in the amino acid sequence. These results suggest that AAT is a candidate gene that influences milk production traits and it could be implemented in breeding programmes to improve the production performance of Iranian Holstein cattle.

Keywords: Holstein cattle- alpha -1- antitrypsin gene- polymorphism- milk production traits



برآورد اثرات متوسط جایگزینی، افزایشی، غالبیت و مؤلفه‌های واریانس بر صفات تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران در ارتباط با ژن آلفا-۱-آنتی‌تریپسین

میلاد هیه‌اوند^{۱*}، راضیه نوری^۱، دکتر محمدعلی ادریس^۲، دکتر امیرحسین مهدوی^۲، دکتر حمیدرضا رحمانی^۲، دکتر مجید طالبی^۳

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان، ۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه

صنعتی اصفهان، ۳- عضو هیئت علمی گروه بیوتکنولوژی دانشگاه صنعتی اصفهان

*نویسنده مسئول: میلاد هیه‌اوند، milad_h1794@yahoo.com

چکیده

مطالعه‌ای با هدف بررسی اثرات متوسط جایگزینی، افزایشی، غالبیت و همچنین مؤلفه‌های واریانس بر صفات تولید شیر در گاو هلشتاین ایران انجام شد. در این رابطه از ۳۶۵ رأس گاو هلشتاین استفاده شد و برای چندشکلی G-A در جایگاه ۵۵۰۴ ژن AAT (آلفا-۱-آنتی‌تریپسین) به روش PCR-RFLP تعیین ژنوتیپ شد. فراوانی ال‌های A و B به ترتیب ۰/۶۳ و ۰/۳۷ و فراوانی ژنوتیپی AA، AB و BB به ترتیب ۰/۲۹، ۰/۵۰ و ۰/۲۱ محاسبه شد. نتایج آنالیز خطی بیانگر وجود یک رابطه معنی‌دار بین اثر افزایشی ژنوتیپ AA با درصد چربی و پروتئین شیر بود. ژنوتیپ AA در رابطه با صفات درصد چربی و پروتئین شیر، اثر افزایشی مثبتی را نشان داد. نتایج اثر متوسط جایگزینی حاکی از آن بود که ال B احتمالاً با افزایش تولید شیر و کاهش درصد چربی و ال A با کاهش تولید شیر و افزایش درصد چربی در ارتباط است. واژه‌های کلیدی: گاو هلشتاین - آلفا-۱-آنتی‌تریپسین - اثر افزایشی - اثر غالبیت - اثر متوسط جایگزینی - واریانس

مقدمه

آنالیز مقایسه‌ای ژن کاندید و نتایج قبلی نقشه لینکاژ لوکوس‌های صفات کمی در رابطه با ژن‌های کاندید مؤثر بر صفات تولید شیر نشان داد که ژن AAT می‌تواند به عنوان یک ژن مؤثر بر این صفات مورد بررسی قرار گیرد. ژن AAT یک مهارکننده پروتئازی قوی بوده که به نام آلفا-۱-پروتئاز اینهیبیتور یا مهارکننده پروتئازی آلفا ۱ (α1P) نیز شناخته می‌شود. نقش اصلی PI (مهارکننده پروتئیناز)، محافظت از بافت‌ها در مقابل تجزیه پروتئولیتیکی توسط نوتروفیل الاستاز می‌باشد [۴]. بر اساس این مطالعات، تصمیم گرفته شد که بررسی دیگری در مورد ارتباط ژن AAT با صفات تولیدی در گاو شیری انجام شود. در این مطالعه، به برآورد اثرات متوسط جایگزینی، افزایشی، غالبیت و همچنین مؤلفه‌های واریانس بر صفات تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران در ارتباط با ژن AAT پرداخته شد.

مواد و روش‌ها

در مطالعه حاضر پس از بررسی ارتباط بین چندشکلی ژن AAT در جایگاه G5504A با طول ۴۴۸ جفت باز (توالی آغازگر مسیر رفت: 5'-ATGGCACTCTCCATCACGCG-3' و توالی آغازگر مسیر برگشت: 3'-CCACTAGCTTTGCACTCTCAT-5') و صفات عملکردی در گاوهای هلشتاین ایران و همچنین محاسبه فراوانی ال‌های و ژنوتیپی (اگر محصول هضم فقط دارای یک باند ۴۴۸bp باشد نشانگر ژنوتیپ AA، اگر محصول هضم شامل سه باند ۴۴۸ bp، ۳۱۳bp و ۱۳۵bp باشد ژنوتیپ BB می‌باشد و وجود دو باند ۳۱۳ و ۱۳۵ جفت بازی در محصول هضم ران شده نشانگر هتروزیگوت بودن فرد می‌باشد و با ژنوتیپ AB مشخص می‌شود)، به برآورد اثرات متوسط



جایگزینی، افزایشی و غالبیت و نیز مؤلفه‌های واریانس برای صفات تولید شیر پرداخته شد. به منظور برآورد اثرات افزایشی و غالبیت برای صفات مورد مطالعه از مدل آماری زیر و نرم‌افزار sas, v9.1 و رویه رگرسیون استفاده شد.

$$Y = Xb + e$$

Y: رکورد تولید شیر تصحیح شده (براساس ۳ بار دوشش در روز و همچنین دوره شیردهی ۳۰۵ روز)، میانگین تولید شیر روزانه، درصد چربی یا پروتئین شیر، امتیاز سلول‌های بدنی شیر، X: ماتریس ضریبی اثر افزایشی (صفر برای AA، ۱ برای AB و ۲ برای BB) و اثر غالبیت (۱ برای AB و صفر برای AA و BB)، b: مقدار برآوردی برای اثرات افزایشی و اثرات غالبیت. e: اثر تصادفی باقیمانده در مشاهدات.

نتایج و بحث

فراوانی الی برای ال‌های A و B جایگاه G5504A به ترتیب ۰/۶۳ و ۰/۳۷ و فراوانی ژنوتیپ AA، AB و BB به ترتیب ۰/۲۹، ۰/۵۰ و ۰/۲۱ برآورد گردید. نتایج به دست آمده از برآورد اثرات مورد نظر بر صفات تولید شیر در گاوهای هلشتاین حاکی از وجود یک ارتباط معنی‌دار بین اثر افزایشی ژنوتیپ AA با درصد چربی و پروتئین شیر بود. ژنوتیپ AA در رابطه با درصد چربی و پروتئین شیر، اثر افزایشی مثبتی را نشان داد. نتایج اثر متوسط جایگزینی بیانگر وجود اثر افزایشی ال B بر تولید شیر و متعاقباً کاهش درصد چربی و اثر کاهش ال A بر تولید شیر و افزایش درصد چربی شیر بود. این نتیجه در تطابق با نتایج کوئی-لینگ و همکاران در سال ۲۰۱۰ بود که دریافتند ال A (در موقعیت ۵۵۰۴ ژن AAT) در ارتباط با افزایش درصد چربی شیر در جمعیت بود [۳]. بررسی اثرات افزایشی و غالبیت و مقایسه آنها نشان داد که به طور کلی واریانس افزایشی ناشی از چندشکلی مورد مطالعه توانست اثر معنی‌داری بر صفات تولید شیر داشته باشد.

جدول ۱- برآورد اثر افزایشی ژنوتیپ AA و اثر غالبیت ژنوتیپ AB بر صفات مورد مطالعه

صفات	برآورد اثر افزایشی	برآورد اثر غالبیت
تولید شیر تصحیح شده	$-199/38 \pm 127/61^{ns}$	$8/86 \pm 101/66^{ns}$
میانگین تولید شیر روزانه	$-0/669 \pm 0/42^{ns}$	$-0/220 \pm 0/34^{ns}$
روزهای شیردهی	$-1/066 \pm 4/742^{ns}$	$1/76 \pm 3/712^{ns}$
درصد چربی	$0/9999 \pm 0/04^*$	$0/039 \pm 0/032^{ns}$
درصد پروتئین	$0/037 \pm 0/017^*$	$0/0076 \pm 0/013^{ns}$
امتیاز سلول‌های بدنی	$-0/0899 \pm 0/079^{ns}$	$0/145 \pm 0/0606^*$

* معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد ($P < 0/05$); ns: عدم معنی‌داری ($P > 0/05$)

جدول ۲- برآورد ارزش ژنوتیپی هموزیگوت‌ها و هتروزیگوت‌ها در صفات مورد مطالعه در رابطه با ژن AAT

صفات	+a	D
تولید شیر تصحیح شده (kg)	۲۱۸/۳۸۱	-۳۷/۴۳۲
روزهای شیردهی	-۰/۱۵۹۴	-۱/۳۹۰۱
درصد چربی	-۰/۱۰۸۳	۰/۰۳۵۹۵
درصد پروتئین	-۰/۰۳۹۰۵۵	-۰/۰۰۰۸۸۴
امتیاز سلول های بدنی	۰/۱۰۱۴۶	۰/۱۴۷۶۳

جدول ۳- برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی و غالبیت در صفات مورد مطالعه

صفت	V _A	V _D
چربی	۲/۸۰۸×۱۰ ^{-۳}	۵/۴۷۱×۱۰ ^{-۳}
پروتئین	۷/۰۲۵×۱۰ ^{-۳}	۱/۶۹۸×۱۰ ^{-۳}
روزهای شیردهی	۰/۰۱۹۰۲	۰/۴۱۹۹۹
امتیاز سلول های بدنی	۰/۰۰۱۸۵	۰/۰۰۴۷۳
تولید شیر تصحیح شده	۲۴۲۵۹/۰۳۲	۳۰۴/۵۳

جدول ۴- برآورد اثر متوسط جایگزینی الی الی B به جای الی A

صفت	α	α_1	α_2
چربی	-۰/۱۱۷۶۸	-۰/۰۴۳۵۴	۰/۰۷۴۱۴
پروتئین	-۰/۰۳۸۸۲	-۰/۰۱۴۳۶	۰/۰۲۴۴۶
روزهای شیردهی	۰/۲۰۲۰۳	۰/۰۷۴۷۵	-۰/۱۳۵۳۶
امتیاز سلول های بدنی	۰/۰۶۳۰۷۳	۰/۰۲۳۳۷	-۰/۰۳۹۷۳۶
تولید شیر تصحیح شده	۲۲۸/۱۱۳	۸۴/۴۰۱۹	-۱۴۳/۷۱۱۴

منابع

- Blank, C. A. & Brantly, M. (1994). Clinical features and molecular characteristics of α_1 -antitrypsin deficiency. Ann. Allergy 72, 105-120.
- Qiu-ling, L., Zheng-feng, Z., Chang-fa, W., Hai, Y., Hong-mei, W., Jian-bin, L., Jin-ming, H. & Ji-feng, Z. (2010). Association of polymorphism of the alpha 1-antitrypsin gene with milk production traits in Chinese Holstein. South African J. of anim. Sci. 40, 113-120.
- Travis, J. & salvesen, G. S. (1983). Human plasma proteinase inhibitors. Ann. Rev. Biochem. 52, 655-709.



Estimation of average effects of substituting, additive and dominance effects and variance components on milk production traits associating with $\alpha 1$ -antitrypsin gene in Iranian Holstein dairy cattle

Heihavand M.^{1*}, Nori R.¹, Edris M. A.², Mahdavi A. H.², Rahmani H. R.², Talebi M.³
^{1,2}Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan 84156-83111, Iran
³Department of Biotechnology, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan 84156-83111, Iran

*Corresponding E-mail address: milad_h1794@yahoo.com

Abstract

As study was conducted to evaluate the average effects of substituting, additive and dominance effects and also, variance components effect on milk production traits in Iranian Holstein dairy cattle. For this purpose 365 Holstein dairy cattle were used to determine polymorphism status in G-A nucleotide substitution in position 5504 of AAT (alpha-1-antitrypsin) gene by using PCR-RFLP technique. Frequency of A and B alleles were estimated at 0.63 and 0.37, respectively. Frequencies of AA, AB and BB genotypes were 0.29, 0.50 and 0.21, respectively. Linear analysis results revealed significant association between additive effect of AA genotype and fat and protein percentage. AA genotype indicated a positive additive effect on fat and protein percentage. Average effects of substituting results suggested that the allele B may be associated with an increased milk yield and a decreased fat percentage and allele A may be associated with a decreased milk yield and an increased fat percentage.

Keywords: Holsteindairy cattle- alpha-1-antitrypsin- additive effect- dominance effect- average effect of substituting- variance

ارزیابی عملکرد و روند ژنتیکی برخی صفات اقتصادی گوسفند نژاد شال

محمدحسین هادی تواتری^{۱*}، مختارعلی عباسی^۲، مسعود مستشاری^۱، علی اصغر مسگر^۳

۱- مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی قزوین، ۲- مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور، ۳- سازمان جهاد کشاورزی استان قزوین

*آدرس و پست الکترونیکی نویسنده مسئول: قزوین، بلوار شهید بهشتی، کدپستی ۳۴۱۵۶-۷۷۵۶۶.

haditavatori@yahoo.com

چکیده

پارامترهای ژنتیکی و مولفه های (کو)واریانس صفات مهم اقتصادی گوسفندان ایستگاه تحقیقات نژاد شال مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی قزوین بین سالهای ۱۳۷۶ تا ۱۳۸۹ محاسبه گردید. صفات مورد بررسی شامل اوزان تولد، ۳، ۴ (شیرگیری) و ۶ ماهگی بودند. مقادیر وراثت پذیری مستقیم صفات وزن تولد ($0/32 \pm 0/28$)، وزن سه ماهگی ($0/86 \pm 0/18$)، وزن شیرگیری ($0/82 \pm 0/28$) و وزن شش ماهگی ($0/1 \pm 0/389$) برآورد گردید. روندهای ژنتیکی بدست آمده همگی به لحاظ آماری معنی دار بدست آمدند ($p < 0/01$). روند ژنتیکی تمام اوزان مورد بررسی صعودی بودند. کلمات کلیدی: پارامترهای ژنتیکی - صفات اقتصادی - روند ژنتیکی - گوسفند شال.

مقدمه

تعیین پارامترهای ژنتیکی و اهمیت نسبی اثر عوامل ژنتیکی مختلف نه تنها برای حفظ نژادهای بومی، بلکه برای تعیین اهداف و طراحی برنامه های اصلاح نژادی، درک بهتر مکانیسم ژنتیکی صفات، پیش بینی ارزش اصلاحی و پیش بینی پاسخ مورد انتظار از برنامه های انتخاب ضروری است (۶). گوسفند شال یکی از سنگین وزن ترین و با ارزش ترین نژادهای گوشتی کشور محسوب می گردد. در تحقیق حاضر علاوه بر اینکه اطلاعات موجود بررسی و توان تولیدی گوسفندان ایستگاه تحقیقات گوسفند نژاد شال معرفی می شود، روند ژنتیکی گله نیز مورد ارزیابی قرار خواهد گرفت.

مواد و روش ها

در این مطالعه از اطلاعات گوسفند شال ایستگاه تحقیقات گوسفند و بز مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی قزوین با ظرفیت حدود ۱۰۰ رأس میش مولد در بازه ی زمانی سال ۱۳۷۷ تا پایان اسفند ۱۳۸۹ استفاده گردید. صفات بررسی شده عبارتند از وزن تولد (BW)، وزن سه ماهگی (W3)، وزن شیرگیری (WW) و وزن شش ماهگی (W6).

جدول ۱- خصوصیات داده ها برای صفات تحت مطالعه

صفات ^۱	BW	W3	WW	W6	صفات ^۲	BW	W3	WW	W6
تعداد رکورد	۱۱۰۷	۷۰۳	۷۱۳	۴۷۸	تعداد پدر بزرگ مادری	۵۲۰	۲۳۵	۲۵۵	۱۲۰
تعداد پدر	۳۷	۳۲	۳۳	۲۸	تعداد مادر بزرگ مادری	۵۸۲	۲۴۸	۲۶۵	۱۲۱
تعداد مادر	۲۹۳	۲۱۷	۲۱۷	۱۵۲	میانگین ^۲	۴/۷	۲۱/۲۱	۲۶/۴۱	۳۴/۰۲
تعداد پدر بزرگ پدری	۴۸۹	۱۹۴	۲۰۷	۵۲	S.D	۰/۷۵	۴/۸۴	۵/۸۳	۷/۵۴
تعداد مادر بزرگ پدری	۴۷۱	۱۶۷	۱۷۵	۴	CV(%)	۱۳/۲۹	۱۷/۳۶	۱۶/۷	۱۶/۹۳



به W6 و WW، W3، BW^۱، وزن شش ماهگی، W6، وزن شیرگیری و W3، وزن ۳ ماهگی، WW، وزن تولد؛ BW^۱ کیلوگرم می‌باشند.

خصوصیات داده‌ها برای صفات مورد مطالعه به منظور برآورد مولفه‌های (کو)واریانس و پارامترهای ژنتیکی در جدول ۱ نشان داده شده است. ابتدا با استفاده از مدل خطی عمومی نرم افزار SAS تجزیه واریانس عوامل ثابت مؤثر بر روی صفات انجام گردید (۷). مدل آماری مورد استفاده برای صفات رشد شامل اثرات سن مادر، سال تولد، فصل تولد، جنس و تیپ تولد بود. جهت بررسی میزان اهمیت اثرات مستقیم و مادری بر صفات رشد، هر صفت در قالب ۶ مدل مختلف تجزیه و تحلیل شد:

$$y = Xb + Z_1a + e \quad \text{مدل (۱)}$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2c + e \quad \text{مدل (۲)}$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_3m + e \quad \text{مدل (۳)} \quad \text{Cov}(a, m) = 0$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_3m + e \quad \text{مدل (۴)} \quad \text{Cov}(a, m) = A \sigma_{a,m}$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2c + Z_3m + e \quad \text{مدل (۷)} \quad \text{Cov}(a, m) = 0$$

$$y = Xb + Z_1a + Z_2c + Z_3m + e \quad \text{مدل (۸)} \quad \text{Cov}(a, m) = A \sigma_{a,m}$$

در این مدل‌ها، y = بردار مشاهدات هر صفت، b = بردار معلوم اثرات ثابت شامل تیپ تولد، جنس، سال تولد، فصل تولد و گله، a = بردار مجهول اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، c = بردار مجهول اثرات محیطی دائمی مادری، m = بردار مجهول اثرات ژنتیکی افزایشی مادری و e = بردار اثرات باقیمانده می‌باشد. X = ماتریس ضرایبی است که اثر عوامل ثابت را به بردار مشاهدات مربوط می‌کنند. Z_1 ، Z_2 و Z_3 ماتریس‌های ضرایبی هستند که به ترتیب اثر عوامل ژنتیکی افزایشی حیوان، محیطی دائمی مادری و ژنتیکی افزایشی مادری را به بردار مشاهدات مربوط می‌کنند و A نیز ماتریس ضرایب خویشاوندی بین حیوانات می‌باشد. برای برآورد مؤلفه‌های واریانس و همچنین وارث پذیری صفات مورد نظر در آنالیزهای تک متغیره از نرم افزار wombat در قالب تجزیه‌ی uni استفاده شد. برای انتخاب بهترین مدل، هر مدلی که دارای بالاترین مقدار لگاریتم تابع درست نمایی بود به عنوان بهترین مدل انتخاب شد، (پس از انجام آزمون‌های کای مربع (χ^2) و ($p < 0.05$)).

نتایج و بحث

$$\chi^2 = -2 (\text{مدل مبنا} - \text{مدل مورد نظر} \log L)$$

برآورد اجزاء واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفند شال در جدول ۲ آورده شده است. همان‌طور که مشاهده می‌شود وراثت پذیری مستقیم از ۰/۱۸۱ (وزن سه ماهگی) تا ۰/۳۸۹ (وزن شش ماهگی) در تغییر است. با توجه به نتایج بررسی انجام شده، مدل ۲ برای وزن تولد و برای سایر اوزان، مدل ۱ مورد استفاده قرار گرفت. بر اساس مطالعات متعدد در گوسفند نژاد آواسی، تخمین وراثت پذیری اوزان تولد، از شیرگیری و یکسالگی به ترتیب از ۰/۴۴-۰/۰۷ و ۰/۴۶-۰/۰۶ در نوسان بود (۵). بیگی نصیری و همکاران (۱۳۸۳) وراثت پذیری اوزان تولد، ۳، ۴ و ۶ ماهگی گوسفندان کردی شمال خراسان را به ترتیب چنین گزارش کردند (۱): ۰/۱۵، ۰/۲۵، ۰/۲۳ و ۰/۱۴. عباسی و همکاران (۱۳۸۳) برای بره‌های نژاد بلوچی وراثت‌پذیری اوزان تولد، از شیرگیری و ۱۸۰ روزگی را به ترتیب ۰/۴۶، ۰/۵۱ و ۰/۴۷ بدست آوردند (۲). مقایسه برآورد وراثت‌پذیری صفات مورد مطالعه با نتایج سایر محققین نشان می‌دهد که این برآوردها

جدول ۲- برآورد اجزاء واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفند نژاد شال

صفت	مدل	σ_a^2	σ_{pe}^2	σ_e^2	σ_p^2	h_d^2	pe^2	logL
وزن تولد	۲	۰/۱۱۸	۰/۰۳۲	۰/۲۶۶	۰/۴۱۵	۰/۰۳۲±	۰/۰۳۲±	-۱۱۲۷/۲۵
						۰/۲۸۴	۰/۰۷۷	
وزن سه‌ماهگی	۱	۲/۶۸۶	-	۱۲/۱۴۴	۱۴/۸۳	۰/۰۸۶±	-	-۱۹۴۴/۶۲



وزن شیرگیری	۱	۶/۰۹۱	-	۱۵/۶۶۲	۲۱/۷۵۴	۰/۰۸۲±	-	۲۲۸۸/۶۹	۰/۱۸۱
وزن شش ماهگی	۱	۱۴/۷۳۹	-	۲۳/۱۸	۳۷/۹۱۹	۰/۱±۰/۳۸۹	-	۲۲۸۸/۷	

σ_a^2 : واریانس ژنتیکی افزایشی؛ σ_{pe}^2 : واریانس محیطی دائمی مادری؛ σ_e^2 : واریانس باقیمانده؛ σ_p^2 : واریانس فنوتیپی؛ h^2_d : وراثت پذیری مستقیم؛ pe^2 : نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی و $\log L$: لگاریتم درستمنائی.

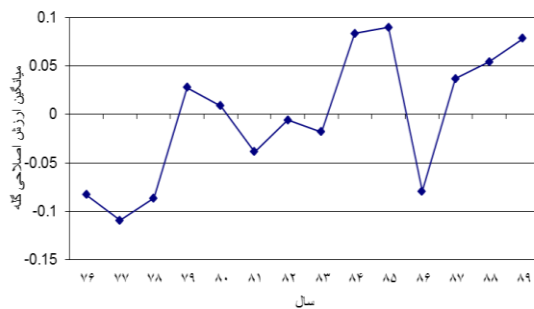
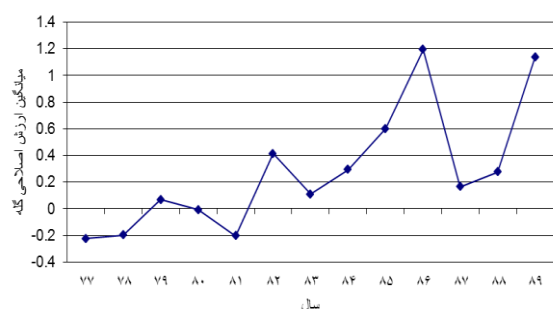
تقریباً در دامنه تحقیقات دیگران است. انواع همبستگی بین صفات مطالعه شده نژاد شال در جدول ۳ نشان داده شده است. این نتایج نشان می‌دهد که این صفات، همبستگی بالایی با یکدیگر داشته و می‌توانند در برنامه انتخاب این نژاد در نظر گرفته شوند. بیگی نصیری و همکاران (۱۳۸۳) اوزان تولد، ۳، ۴، ۶، ۹ و ۱۲ ماهگی را در گوسفندان کردی شمال خراسان بررسی کردند (۱). همبستگی ژنتیکی وزن ۳ ماهگی با وزن ۶ ماهگی ۰/۹ برآورد شد. غفوری کسبی و اسکندری نسب (۱۳۸۶) جمعیتی از گوسفند نژاد مهربان را مورد مطالعه قرار دادند (۳). آنها همبستگی ژنتیکی وزن تولد با اوزان ۳ و ۶ ماهگی را به ترتیب ۰/۵۴، ۰/۴۸؛ وزن ۳ ماهگی را با وزن در سن ۶ ماهگی ۰/۸۵ گزارش کردند. در تحقیق حاضر با توجه به همبستگی مطلوب وزن شیرگیری با سایر اوزان و نیز وراثت پذیری نسبتاً مناسب در این سن، پیشنهاد می‌گردد تا در

جدول ۳- انواع همبستگی^۱ بین صفات رشد

صفت ۱	صفت ۲	r_a	r_m	r_c	r_e	r_p
وزن تولد	وزن سه ماهگی	۰/۰۹۹	-	۰/۶۹۱	۰/۱۵۹	۰/۱۷۱
وزن تولد	وزن شیرگیری	۰/۰۸	-	۰/۹۹۹	۰/۱۱۶	۰/۱۵۵
وزن تولد	وزن شش ماهگی	۰/۰۹۹	-	۰/۹۹۹	۰/۰۱۳	۰/۱۰۱
وزن سه ماهگی	وزن شیرگیری	۰/۹۴۵	-	-	۰/۹۵۸	۰/۹۵۱
وزن سه ماهگی	وزن شش ماهگی	۰/۹۹۹	-	-	۰/۱۴۹	۰/۵۷۹
وزن شیرگیری	وزن شش ماهگی	۰/۹۵۱	-	-	۰/۷۳۱	۰/۷۹۹

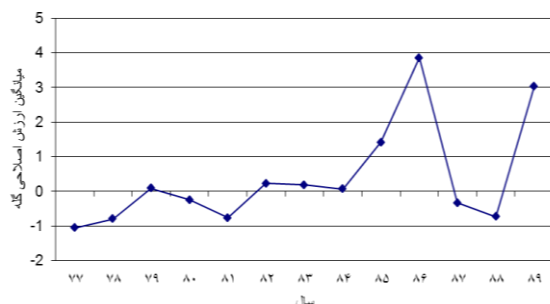
r_a : همبستگی ژنتیکی؛ r_m : همبستگی ژنتیکی مادری؛ r_c : همبستگی محیطی دائمی؛ r_e : همبستگی باقیمانده و r_p : همبستگی فنوتیپی

برنامه‌های اصلاح نژادی و انتخاب دام از اطلاعات مربوط به وزن در این سن استفاده گردد. ضرایب روندهای ژنتیکی برای صفات مورد بررسی به ترتیب ۰/۰۱۲، ۰/۱۰۴، ۰/۱۶۴ و ۰/۲۴۳ گرم و معنی‌دار بودند ($p < ۰/۰۱$) (نمودارهای ۱ تا ۴). در برخی مطالعات روندهای ژنتیکی مشابهی در مورد تمامی صفات مورد بررسی گزارش شد (۴ و ۸).



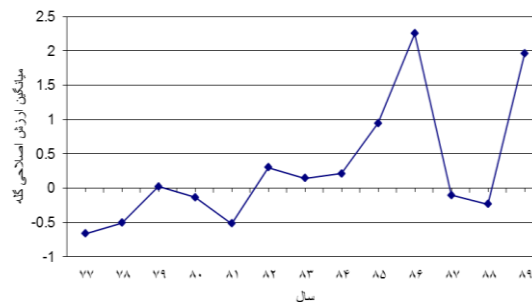


نمودار ۲- روند ژنتیکی وزن سه ماهگی



نمودار ۴- روند ژنتیکی وزن شش ماهگی

نمودار ۱- روند ژنتیکی وزن تولد



نمودار ۳- روند ژنتیکی وزن شیرگیری

اجرای پروژه‌های تحقیقاتی تغذیه، پرورش و ... متعدد در این گله سبب اختلال در امر بهگزینی بره‌ها و اختلال در روند ژنتیکی صعودی گردید. در سال ۸۸، گله شال ایستگاه به دلیل درگیری با بیماری تب برفکی متحمل تلفات سنگینی در بره‌های تولیدی گردید. به دلیل اینکه این عوامل همگی محیطی تلقی می‌گردند و گله پایه از لحاظ ژنتیکی دستخوش تغییر قرار نگرفت، در سال ۸۹ مجدداً شاهد رشد صعودی روند ژنتیکی در گله می‌باشیم.

به دلیل این‌که انتخاب‌ها بر اساس رکوردهای فنوتیپی صورت می‌پذیرفت و نیز مثبت برآورد شدن روند ژنتیکی برای این صفات، می‌توان این روش را به عنوان یک الگوی عملی ساده اصلاح نژادی برای وزن بدن نژاد شال ترویج نمود.

فهرست منابع

- ۱- بیگی نصیری م. ت. فروزان‌مهر م. ر. احمدی ا. ۱۳۸۳. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفند کردی شمال خراسان. پژوهش کشاورزی، شماره ۴، صفحه ۳۶ تا ۴۸.
- ۲- عباسی م. ع. واعظ‌ترشیزی ر. نجاتی جوارمی ا. عصفوری ر. ۱۳۸۳. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن با استفاده از مدل تابعیت تصادفی در گوسفند نژاد بلوچی ایستگاه عباس آباد. مجله پژوهش و سازندگی. شماره ۶۵، صفحه ۷۵ تا ۸۰.
- ۳- غفوری کسبی ف. اسکندری نسب م. پ. ۱۳۸۶. بررسی کارایی مدل تابعیت ثابت و برآورد پارامترهای ژنتیکی وزن بدن گوسفند مهربان با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی. مجله فن آوری‌های نوین کشاورزی (ویژه علوم دامی)، شماره ۱، صفحه ۶ تا ۲۴.

- 4-Gizaw, S., S. Lemma, H. Komen, J.A.M. Van Arendonk. 2007. Estimates of genetic parameters and genetic trends for live weight and fleece traits in Menz sheep. Small Ruminant Research. 70, 145-153.
- 5-Juma, K.H., J.E. Alkass. 2006. Genetic and phenotypic parameters of some economic characteristics in Awassi sheep of Iraq: A review. Egyption journal of sheep, goat and disert animals science. 1(1):15-29.
- 6- Matika, O., J.B. Van Wyk, G.J. Erasmus, R.L. Baker. 2003. Genetic parameter estimates in sabi sheep. Livestock Production Science. 79: 17-28.
- 7-SAS institute Inc. 2004. Base SAS 9.1 procedures guide. SAS Institute Inc., Cary, NC. USA. pp:398.
- 8-Shaat I., S. Galal, H. Mansour. 2004. Genetic trends for lamb weights in flocks of Egyptian Rahmani and Ossimi sheep. Small Ruminant Research. 51: 23-28.



Assessing performance and estimation of genetic trends for some important traits of Shal sheep breed

M. H. H. Tavatori^{1*}, M. A. Abbassi², M. Mostashari¹ and A. A. Mesgar³

¹Qazvin research center of agricultural and natural resources, ² Iran institute of animal science research and ³Qazvin Jihad-e-agriculture organization

*Corresponding E-mail address: haditavatori@yahoo.com

Abstract

In this project, it was estimated genetic parameters and (co)variance components and genetics trend of important economic traits for Shal sheep breed of Shal sheep research station. Data were collected from 1997 to 2010 and were analyzed. The significant environmental factors effective on weight traits were determined with fitting fixed models. Traits were weights of birth, 3, 4 (weaning age) and 6 month of age. Direct heritabilities of considered traits were as 0.284 ± 0.32 for birth weight, 0.181 ± 0.086 for body weight at three months of the age, 0.28 ± 0.082 for weaning weight and 0.389 ± 0.1 for body weight at six months of the age. The genetic trends of traits were significant and positive ($p < 0.01$).

Keywords: Genetic parameters- Economic traits-Genetic trend- Shal sheep breed



بررسی وراثت پذیری صفات کیفی تخم مرغ در مرغ بومی خزک

علی پناه، م.، دلجو، ح.، رکوعی، م و محمدنیا، ر.

گروه علوم دامی، دانشگاه زابل

*گروه علوم دامی دانشگاه زابل، آدرس الکترونیکی: alipanah.masoud@gmail.com

چکیده

داشتن اطلاعات کافی در زمینه‌ی وراثت پذیری صفات کیفی داخلی و خارجی تخم مرغ، برای انتخاب مرغ‌هایی که از نظر این صفات برتر باشند، حائز اهمیت می‌باشد. در این پژوهش به منظور تعیین کیفیت تخم مرغ مرغان بومی خزک، از اطلاعات مربوط به وزن تخم مرغ (EW^۱)، شاخص پوسته (ESI^۲)، ضخامت پوسته (EST^۳)، رنگ پوسته (ESC^۴)، وزن پوسته (ESW^۵)، ارتفاع سفیده (AH^۶)، وزن سفیده (AW^۷)، واحد هاو (HU^۸)، وزن زرده (YW^۹) و رنگ زرده (YC^{۱۰}) استفاده گردید. توارث پذیری برای هر یک از صفات بالا محاسبه گردید که به ترتیب ۰/۵۰، ۰/۳۰، ۰/۳۶، ۰/۱۵، ۰/۵۴، ۰/۴۲، ۰/۶۱، ۰/۴۶، ۰/۳۲ و ۰/۱۹ تخمین زده شد. محدوده‌ی توارث پذیری صفات کیفی تخم مرغ در مرغ بومی خزک، از ۰/۱۵ برای صفت رنگ پوسته تا ۰/۶۱ برای وزن سفیده‌ی تخم مرغ بدست آمد. با توجه به اینکه برای بیشتر صفات کیفی تخم مرغ در این مرغان، میزان وراثت پذیری بالا برآورد گردید، انتظار می‌رود انتخاب برای صفات کیفی تخم مرغ، منجر به بهبود این صفات در نسل‌های آینده گردد.

واژه های کلیدی: وراثت پذیری، کیفیت پوسته‌ی تخم مرغ، کیفیت داخلی تخم مرغ، مرغ بومی

مقدمه

افزایش جمعیت و بهبود قدرت خرید خانوارها از مهم‌ترین عواملی هستند که در آینده، تقاضا برای مصرف مواد پروتئینی از جمله تخم مرغ را تحت تأثیر قرار خواهند داد. با توجه به افزایش جمعیت جهان و افزایش مصرف تخم مرغ میزان تقاضا برای آن در دهه‌های بعد کاملاً مشهود است. میزان مصرف سرانه‌ی تخم مرغ در ایران سالیانه ۸ کیلوگرم برآورد شده است، که این میزان در مقایسه با استانداردهای جهانی رقم پایینی است. در کل جهان، تولید تخم مرغ‌های با کیفیت پوسته‌ی مناسب و کیفیت داخلی خوب، در پویایی اقتصاد صنعت تخم مرغ تأثیر زیادی دارد (۲). مشکلات مربوط به کیفیت تخم مرغ در حال حاضر سالانه میلیون‌ها دلار به این صنعت خسارت وارد می‌کند.

حدود ۶ تا ۸ درصد تخم مرغ تولیدی در هر سال شکسته می‌شود که مهم‌ترین عوامل بروز این مشکل کیفیت پائین پوسته-ی تخم مرغ، محیط نامناسب پرورش و مدیریت ضعیف است (۴). همچنین در رابطه با کیفیت داخلی تخم مرغ، تولید تخم مرغ‌های با زرده‌ی غنی‌تر و استفاده از رنگدانه‌هایی که موجب جلب رضایت مشتری شود، می‌تواند میزان مصرف آن را افزایش داده و سوددهی بیشتری را در پی داشته باشد. بنابراین داشتن اطلاعات کافی در زمینه‌ی پارامترهای ژنتیکی صفات کیفی داخلی و خارجی تخم مرغ برای انتخاب مرغ‌هایی که از جهت این صفات برتر باشند، حائز اهمیت می‌باشد.

- 1- egg weight
- 2- egg shell index
- 3- egg shell thickness
- 4- egg shell color
- 5- egg shell weight
- 6- albumen height
- 7- albumen weight
- 8- Haugh unit
- 9- yolk weight
- 10- yolk color



صفات مورد اندازه‌گیری

در این پژوهش از اطلاعات مربوط به صفات زیر استفاده گردید: وزن تخم‌مرغ، رنگ پوسته، وزن پوسته، ضخامت پوسته، ارتفاع سفیده، وزن سفیده، وزن زرده، رنگ زرده، شاخص پوسته و واحد هاو. وزن تخم‌مرغ توسط ترازوی دیجیتالی با دقت ۰/۰۱ گرم اندازه‌گیری گردید. رنگ پوسته در ناحیه پهن، وسط و نوک تیز تخم‌مرغ معمولاً توسط دستگاه بازتاب سنج (EQReflectometer) اندازه‌گیری شد و میانگین بدست آمده از ۳ ناحیه برای ارزش هر تخم‌مرغ استفاده شد. برای اندازه‌گیری وزن پوسته، ابتدا محتویات پوسته‌ی تخم‌مرغ تمیز شده و سپس پوسته‌ها به مدت ۴۸ ساعت برای خشک شدن در دمای اتاق نگهداری شد. بعد از خشک شدن وزن آنها با ترازوی دیجیتالی با دقت ۰/۰۱ گرم اندازه‌گیری گردید. ضخامت پوسته بر حسب میلی‌متر، با استفاده از وسایل رایج دامپروری و دامپزشکی (VLI^۱) اندازه‌گیری می‌گردد. برای این کار ابتدا از ناحیه پهن، وسط و تیز تخم‌مرغ به ترتیب، اندازه‌گیری انجام شده و سپس میانگین این ۳ ناحیه برای ضخامت پوسته به کار گرفته شد. ارتفاع سفیده نیز با دستگاه میکرومتر سه پایه اندازه‌گیری گردید (۳ و ۶).

برای اندازه‌گیری وزن زرده و سفیده، این دو از یکدیگر جدا شده و با دقت ۰/۰۱ گرم اندازه‌گیری شدند. رنگ زرده با استفاده از طیف سنج رنگ زرده راج (Roche Yolk Color Fan^۲) تعیین گردید. طول و عرض تخم‌مرغ در نقطه میانی بر حسب میلی‌متر با وسایل رایج دامپروری و دامپزشکی اندازه‌گیری شد و سپس شاخص پوسته‌ی تخم‌مرغ به دست می‌آمد (۶). واحد هاو، از دیگر پارامترهایی بود که تعیین گردید. این واحد بین ۱ تا ۱۰۰ متغیر است که هر چه این عدد به دست آمده بالاتر باشد نشان دهنده این است که سفیده دارای غلظت بیشتری بوده و کیفیت آن مناسب‌تر است.

واحد هاو (رابطه ۱)، و شاخص پوسته‌ی تخم‌مرغ (رابطه ۲) از روابط زیر به دست آمد:

$$HU=100 \text{ Log}(H+7.57-1.7W^{0.37}) \quad \text{رابطه (۱)}$$

$$ESI = \frac{ESL}{ELL} \quad \text{رابطه (۲)}$$

در رابطه‌های بالا، H (ارتفاع سفیده)، W (وزن تخم‌مرغ)، ESL (عرض تخم‌مرغ) و ELL (طول تخم‌مرغ) می‌باشد. وراثت پذیری صفات با استفاده از مدل دوصفتی با کمک نرم افزار Asremal برآورد گردید. نتایج و بحث

نتایج برآورد وراثت پذیری وزن تخم‌مرغ، شاخص پوسته، ضخامت پوسته، رنگ پوسته، وزن پوسته، ارتفاع سفیده، وزن سفیده، واحد هاو، وزن زرده و رنگ زرده به ترتیب ۰/۵۰، ۰/۳۰، ۰/۳۶، ۰/۱۵، ۰/۵۴، ۰/۴۲، ۰/۶۱، ۰/۴۶، ۰/۳۲ و ۰/۱۹ تخمین زده شد. همانگونه که مشاهده می‌شود کمترین مقدار وراثت پذیری مربوط به رنگ پوسته و بیشترین مقدار وراثت پذیری مربوط به وزن سفیده می‌باشد. در تحقیقی وراثت پذیری وزن تخم‌مرغ را کمتر از گزارش ما ۰/۲۳ بدست آوردند (۲). در یک تحقیقی دیگر وراثت پذیری برای وزن و رنگ پوسته تخم‌مرغ برای ۳ نژاد PN، PL و ER به ترتیب ۰/۵۹، ۰/۴۹، ۰/۴۸ و ۰/۵۳، ۰/۵۰ و ۰/۲۷ تخمین زده شدند، که میزان وراثت پذیری وزن تخم‌مرغ به دست آمده برای مرغ بومی خزک ۰/۵۰ می‌باشد که این مقدار مشابه با وراثت پذیری به دست آمده برای نژاد ER می‌باشد و با سایر نژادها نیز تفاوت چندانی ندارد. در مورد رنگ پوسته تخم‌مرغ وراثت پذیری به دست آمده در مرغ بومی خزک نسبت به این نژادها پایین‌تر بود (۳). در یک تحقیق مشابه، وراثت‌پذیری وزن زرده ۰/۲۹ برآورد شده است که مقدار آن مشابه با مقدار گزارش ما بود (۲). همچنین در تحقیق دیگری وراثت‌پذیری وزن تخم‌مرغ ۰/۶۳ (۶) که میزان آن بالاتر از مقدار وراثت‌پذیری گزارش شده ما بود. وزن زرده و سفیده به ترتیب ۰/۴۳ و ۰/۵۹ (۲) برآورد شده است که میزان وراثت‌پذیری وزن زرده

بالاتر از گزارش ما بود ولی در مورد وزن سفیده مقدار مشابه با گزارش ما بود. مقدار وراثت پذیری رنگ پوسته‌ی تخم مرغ، در تحقیق ما ۰/۱۵ بود که میزان آن پایین تر از تحقیقات مشابه بود (۳ و ۶).

به طور کلی با توجه به اینکه وراثت پذیری اکثر صفات کیفی داخلی و خارجی تخم مرغ متوسط و بالا می باشد، انتخاب برای این صفات می تواند باعث بهبود کیفیت تخم مرغ در نسل های آینده گردد.

منابع:

1. Farzen, N., Vaezi Torshezi, R. and Emam Jomeh Kashan, N. 2007. Estimation of genetic parameters hen egg weight, yolk weight and its components in a productive chicken broiler flocks. *Journal of Modern Genetics*, 2 (3): 30-25.
2. Francesch, A., Estany, J., Alfonso, L. and Iglesias, M. 1997. Genetic parameters for egg number, egg weight and egg shell color in three Catalan poultry breeds. *Journal of Poultry Science*, 76: 1627-1631.
3. Hamilton, R. M. J., Hollands, K. G., Voisey, P. W. and Grunder, A. A. 1979. Relationship between egg shell quality and shell breakage and factors that affect shell breakage in the field-A review. *Journal of Poultry Science*, 35: 177-190.
4. Hartmann, C., Johansson, K., Strandberg, E. and Rydhmer, L. 2003. Genetic correlation between the maternal genetic effect on chick weight and direct genetic effects on egg composition traits in a White Leghorn line. *Journal of Poultry Science*, 82: 1-8.
5. Zhang, L. C., Ning, Z. H., Xu, G. Y., Hou, Z. C. and YANG, N. 2005. Heritabilities and genetic and phenotypic correlations of egg quality traits in brown-egg dwarf layers. *Journal of Poultry Science*, 84: 1209-1213.

Investigation of heritability of egg shell quality traits in native chickens Khazak

Abstract

Having enough information in the field of genetic parameters affecting chickens internal and external egg quality traits is important to select superior chickens in these traits. In this study to determine the quality of chicken eggs Khazak native birds of about: egg weight (EW), shell index (ESI), shell thickness (EST), egg shell color (ESC), shell weight (ESW), albumin height (AH), albumen weight (AW), Haugh unit (HU), yolk weight (YW) and yolk color (YC) used. Heritability estimates for each of the above characteristics were calculated, respectively, the 0.50, 0.30, 0.36, 0.15, 0.54, 0.42, 0.61, 0.46, 0.32 and 0.19 was estimated. Heritability range of egg quality traits of chicken is estimated between 0.15 for Egg shell color to 0.61 for the Albumen weight was obtained. According to this fact that most qualitative traits of chicken egg have a high heritability, Selection is expected hen egg quality traits, leading to improvement of these traits in future generations.



Keywords: Heritability- egg shell quality- internal egg quality- Khazak native chicken.



مطالعه چند شکلی ژن Pit-1 در گاو سیستانی با روش PCR-RFLP

علی پناه، م^{۱*}، محمدنیا، ح^۱، رکوعی م^۱ و کیخا صابر، م^۲.

^۱گروه علوم دامی دانشگاه زابل ^۲مرکز تحقیقات کشاورزی سیستان

*علی پناه م، گروه علوم دامی دانشگاه زابل، alipanah.masoud@gmail.com

چکیده

ژن Pit-1 از جمله ژنهای کاندیدا مرتبط با صفات میزان رشد، تولید لاشه و تولید شیر در دام ها می باشد. Pit-1 یک فاکتور ویژه نسخه برداری هیپوفیزی می باشد که باعث کنترل نسخه برداری ژن های هورمون رشد (GH) و پرولاکتین (PRL) می شود. این ژن روی کروموزوم ۱ گاو بوده و دارای ۶ اگزون با یک زنجیره ۲۹۱ پلی پپتیدی می باشد. هدف این پژوهش بررسی فراوانی چند شکلی ژن Pit-1 در گاو سیستانی می باشد. نمونه های خون از ورید گردنی ۳۷ گاو سیستانی گرفته شد. استخراج DNA از نمونه های خون با استفاده از کیت دیاتوم انجام شد. سپس ناحیه ای به طول ۴۵۱ جفت باز از ناحیه اگزون ۶ ژن Pit-1 تکثیر گردید. محصول PCR توسط آنزیم برشی Hinf-1 هضم شد و روی ژل آگاروز ۳٪ الکتروفورز شد. نتایج نشان داد که فراوانی ژنوتیپ BB، AA و AB به ترتیب ۷۸/۳۸٪، ۱۳/۵٪ و ۸/۱۱٪ می باشد. همچنین فراوانی آللی، آلل های A و B به ترتیب ۱۷۶، ۰ و ۸۲۴، ۰ محاسبه شد. نتایج این تحقیق نشان داد که حیوانات با ژنوتیپ BB دارای وزن تولد بیشتری نسبت به دو ژنوتیپ دیگر هستند ($P < 0.05$).

واژگان کلیدی: Pit-1- پلی مورفیسم- گاو سیستانی- صفات رشد

مقدمه:

ژن Pit-1 از جمله ژن های مهم برای بهبود خصوصیات گوشت گوشتی می باشد که در دهه اخیر زمینه بسیاری از تحقیقات ژنتیک مولکولی در زمینه اصلاح نژاد گله های گوشتی را به خود اختصاص داده است. این ژن در واقع یک فاکتور ویژه نسخه برداری هیپوفیزی می باشد که باعث تظاهر مناسب ژنهای هورمون در هیپوفیز قدامی می شوند. به دلیل ضرورت هورمون رشد و پرولاکتین برای تکامل سیستم پستانی و تولید شیر، ژن Pit-1 می تواند به عنوان مارکر برای تنوع ژنتیکی صفات تولیدی محسوب شود (۳). این ژن دارای ۶ اگزون و ۵ اینترون می باشد و روی کروموزوم ۱ گاو و بین مارکر های TGLA57 قرار دارد (۲). با توجه به اینکه دو هورمون رشد و پرولاکتین نقش کلیدی در رشد و تولید گوشت گاو دارند، شناسایی جهش های واقع در ژن Pit-1 بالطبع نقش مهمی در صفات رشد و تولید گوشت خواهد داشت. در یک تحقیق نشان داده شد که آلل A از ژن Pit-1 نقش قابل توجهی را در تولید شیر دارد (۲). مشخص شده است که آلل B در گاو ماهیچه مضاعف بلژین بلو با وزن بدن سنگین تر در ۷ ماهگی ارتباط دارد (۴). در تحقیقی مشخص شد که آلل B ژن Pit-1 در نژاد نانینگ با صفات رشد ارتباط دارد (۷). همچنین گزارش شده است که گاوهای ماده ای که حاوی ژنوتیپ AB ژن Pit-1 هستند، به میزان ۱/۳ الی ۱/۶ کیلوگرم شیر بالاتری نسبت به ژنوتیپ های BB و AA تولید می کنند (۱۰). در تحقیقی بر روی ۸۹ جوانه هلشتاین-فریزین ایتالیایی انجام شد، مشخص گردید که آلل A با افزایش محصول شیر و پروتئین و کاهش درصد چربی همراه بوده است (۳). با توجه به اینکه گاو سیستانی از توان مناسبی برای تولید گوشت برخوردار است تحقیق حاضر به منظور شناسایی چندشکلی ژن Pit-1 و فراوانی آلل های آن در گاو نژاد سیستانی اجرا گردید.

مواد و روش ها :



از تعداد ۳۷ راس گاو سیستانی ایستگاه مرکز تحقیقات گاو سیستانی واقع در شهرستان زهک از ورید و داج خونگیری صورت گرفت. سپس نمونه ها داخل لوله های خلاء حاوی EDTA به آزمایشگاه ژنتیک مولکولی پژوهشکده زیست فناوری دانشگاه زابل منتقل گردید تا زمان استخراج در دمای ۲۰- درجه سانتیگراد نگهداری گردیدند. استخراج DNA از خون کامل با استفاده از کیت Diatom (شرکت سیناژن) انجام گرفت. این روش مبتنی بر استفاده از ماده لیز کننده گوانیدین تیوسیانات و جذب کننده سیلیکاژل می باشد.

با استفاده از یک جفت آغازگر قطعه ای به طول ۴۵۱ جفت باز از اگزون ۶ ژن Pit-1 تکثیر شد (۶). توالی

پرایمرهای مورد استفاده عبارتند از:

Forward Primer: 5-AAACCATCATCTCCCTTCTT-3

Reverse Primer: 5-AATGTACAATGGTCCTTCTT-3

جهت انجام PCR از کیت Universal استفاده شد. هضم آنزیمی با استفاده از آنزیم برشی Hinf-1 در دمای ۳۷ درجه سانتیگراد انجام گرفت. محصولات هضم روی ژل آگارز ۳٪ الکتروفورز گردید. برای برآورد فراوانی آلل ها و ژنوتیپی از نرم افزار PopGene3.2 استفاده گردید. همچنین، برای بررسی ارتباط ژنوتیپ ها با صفات از نرم افزار SAS استفاده شد.

نتایج و بحث:

نتایج نشان داد که کیفیت DNA استخراجی مطلوب است. تکثیر قطعه ۴۵۱ جفت بازی از ژن Pit-1 به کمک واکنش زنجیره ای پلیمرز به خوبی صورت گرفت. محصول تکثیر شده PCR توسط آنزیم Hinf1 هضم شد، محصولات هضم روی ژل آگارز ۳٪ درصد برده شد و قطعات هضم آنزیم مورد شناسایی و بررسی قرار گرفت. هر سه ژنوتیپ حاصل از دو آلل A و B در این ژن مشاهده شد. در نمونه هایی که مکان برشی آنزیم وجود دارد محصول PCR به دو قطعه bp207 و bp244 برش خورده و قطعات بدون جایگاه برشی به صورت bp451 مشاهده می شوند. نمونه هایی که فاقد جایگاه برشی آنزیم مربوطه بودند و تنها قطعه ۴۵۱bp را ایجاد نمودند، ژنوتیپ هموزیگوت AA، نمونه هایی که محصولات هضم آنها دارای قطعات ۲۰۷bp، ۲۴۴bp و ۴۵۱bp بودند، ژنوتیپ هتروزیگوت AB و نمونه هایی که قطعات ۲۰۷bp و ۲۴۴bp ایجاد کردند، ژنوتیپ هموزیگوت BB نامگذاری شدند. فراوانی ژنی و ژنوتیپی ژن Pit-1 در جداول ۱ و ۲ آمده است.

جدول ۱- فراوانی ژنوتیپی و آللی ژن Pit-1 در گاو سیستانی

ژنوتیپ	فراوانی ژنوتیپی	فراوانی آللی
BB	0.784	A- 0.176
AA	0.135	B- 0.824
AB	0.81	

در این تحقیق مشخص شد که ژنوتیپ BB بیشترین فراوانی و ژنوتیپ AB کمترین فراوانی را دارد. همچنین، فراوانی آللی بترتیب $A = 0.176$ و $B = 0.824$ بدست آمد. نتایج این تحقیق نشان می دهد که جمعیت گاو سیستانی در تعادل هاردی واینبرگ برای این جایگاه ژنی قرار ندارد. نتایج سایر تحقیقات نشان می دهد که آلل A با افزایش تولید شیر و آلل B با صفات رشد مرتبط می باشد (۳؛ ۷؛ ۸ و ۱۰). نتایج تحقیق در مورد ارتباط بین ژنوتیپ های جایگاه Pit-1 Hinf1 و صفات مورد بررسی نشان داد که حیوانات دارای ژنوتیپ AB اگر چه دارای وزن تولد کمتری هستند، ولی وزن یک سالگی و افزایش وزن روزانه بالاتری نسبت به دو گروه دیگر دارد ($P < 0.05$) (جدول ۳).



جدول ۲- اثرات ژنوتیپ های Pit-1 - Hinf1 بر روی صفات عملکرد رشد گاو سیستانی

صفت	AA	AB	BB
وزن تولد	۲۵,۶۰±۱,۶۶ab	۲۴,۲۰±۱,۶۶a	۲۸,۵۰±۰,۵۵b
وزن ۹ ماهگی	۱۲۱,۰۰±۲۸,۸۸	۱۰۷,۸۰±۲۸,۸۸	۱۲۸,۷۱±۱۰,۹۱
افزایش وزن تا ۹ ماهگی	۰,۳۵۳±۰,۱۰	۰,۳۱۰±۰,۱۰	۰,۳۷۱±۰,۰۴
وزن ۱۲ ماهگی	۱۷۳,۰۰±۲۷,۹۷	۱۲۰,۲۰±۲۷,۹۷	۱۶۳,۰۷±۹,۳۳
افزایش وزن تا ۱۲	۰,۴۰۳۸±۰,۰۷	۰,۲۶۳±۰,۰۷	۰,۳۶۹±۰,۰۲
افزایش وزن ۹ تا ۱۲	۰,۵۷۸±۰,۰۹a	۰,۱۳۸±۰,۰۹b	۰,۳۷۱±۰,۰۳ab

نتایج نشان داد که حیوانات با ژنوتیپ BB ژن Pit1-Hinf1 وزن تولد بیشتری نسبت به حیوانات دارای ژنوتیپ AB هستند ($P<0.05$). با وجود اینکه وزن حیوانات در ۹ ماهگی و ۱۲ ماهگی تفاوت معنی داری نداشتند ولی این نتایج نشان می دهد که حیوانات دارای ژنوتیپ AB در تمام سنین کمترین وزن را دارند ولی حیوانات دارای ژنوتیپ BB در هنگام تولد و سن ۹ ماهگی بیشترین وزن را دارند، ولی در سن ۱۲ ماهگی حیوانات دارای ژنوتیپ AA وزن بیشتری داشتند. نتایج سایر محققین نیز نشان می دهد که Pit-1- Hinf1 روی وزن تولد و وزن یک سالگی اثر معنی داری دارد (۹). در تحقیقی روی گوساله های پودولیکا مشخص شد که حیوانات با ژنوتیپ BB و AA حدود ۳ کیلوگرم سنگین تر وزن تولد بیشتر از ژنوتیپ هتروزیگوت داشتند. متعاباً از سن سه تا نه ماهگی گاوهای حامل ژنوتیپ BB وزن زنده بالاتری در مقایسه با دو ژنوتیپ دیگر نشان دادند. در این مطالعه مشخص شد که در یک سالگی حیوانات سه ژنوتیپ وزن یکسانی دارند (۵).

در مطالعه ما روی گاو سیستانی اگرچه افزایش وزن در دوره های مختلف تفاوت معنی داری نداشتند ولی از نکات قابل توجه می توان به این موارد اشاره کرد: الف- حیوانات دارای ژنوتیپ BB در تمام سنین میزان افزایش وزن ثابتی داشتند، ب- حیوانات دارای ژنوتیپ AA با افزایش سن میزان افزایش وزن روزانه بیشتری داشتند ج- حیوانات هتروزیگوت برعکس حیوانات ژنوتیپ AA با افزایش سن نرخ افزایش وزن روزانه کاهش می یابد. در یک تحقیق دیگر در گوساله های نر نژاد پودولیکا حیوانات دارای ژنوتیپ BB از نظر افزایش وزن روزانه تنها در دوره قبل از از شیرگیری برتر بودند ولی در دوره بعد از از شیرگیری (۳ ماهگی به بعد) این ژنوتیپ کمترین میزان افزایش وزن روزانه را نشان داد.

اثر این مارکر ژنتیکی از مطالعه ای به مطالعه دیگر متغیر است که می تواند به دلیل مدل آماری متفاوت مورد استفاده باشد، یا می تواند به دلیل تفاوت در حیوانات تعیین ژنوتیپ شده باشد و یا ترکیب ژنتیکی نژاد مورد مطالعه باشد. مطالعات قبلی پلی مورفسم اگزون ۶ ژن Pit-1 روی گاو هلشتاین-فریژن ایتالیائی نشان داده بود که آلل A اثر مثبتی روی صفات تولید شیر، عمق بدن، زوایه بدن و زوایه پاهای عقب گاو دارد (۳). در تحقیق دیگری مشخص شد که آلل B در گاو ماهیچه مضاعف بلژین بلو با وزن بدن سنگین تر در ۷ ماهگی ارتباط دارد (۴). نتایج یک بررسی نشان داد که آلل A برای تولید شیر بیشتر، و ترکیب شیر در گاو سیاه و سفید لهستانی مفید بوده است (۱۰). هر چند در تحقیق دیگری بین ژنوتیپ های این ژن و صفات تولید گوشت در گاو پیموتز ارتباطی پیدا نشد (۱). به همین شکل در تحقیق دیگری نیز ارتباط بین این مارکر با صفات رشد و لاشه در گاو گوشتی یافت نشد (۱۰). در مطالعه روی گاوهای نژاد نانپانگ مشخص شد که آلل B باعث عملکرد بهتر صفات رشد از تولد تا یک سالگی می شود (۷). نتایج این تحقیق نشان داد که ژنوتیپ AB دارای



صفات وزن تولد، وزن یک سالگی و افزایش وزن بهتری هستند. در این بررسی تعادل هاردی واینبرگ برای ژنوتیپ های جایگاه Pit-1- Hinf1 برقرار نبود، لذا به نظر می رسد انتخاب بر فراوانی ژنی در این جایگاه موثر بوده است. احتمالاً انتخاب برای وزن تولد در این توده برای مدت ها در دستور کار قرار داشته است و بر این اساس بیشتر حیوانات دارای ژنوتیپ BB هستند در حالی که این ژنوتیپ در سنین بعدی رشد اثر منفی بر افزایش وزن و وزن یک سالگی داشته است. بنابراین، اثر این مارکر ژنتیکی از مطالعه ای به مطالعه دیگر متغیر است که می تواند بدلیل مدل آماری متفاوت مورد استفاده باشد، یا می تواند به دلیل تفاوت در حیوانات تعیین ژنوتیپ شده باشد و یا ترکیب ژنتیکی نژاد مورد مطالعه باشد. با توجه به نتایج ما و سایر گزارشات می توان اظهار داشت که احتمالاً ژن Pit-1 روی عملکرد رشد در مراحل اول زندگی گاو موثر است (۵). تفاوت های مشاهده شده بنی حیوانات با ژنوتیپ متفاوت Pit-1 می تواند همچنین به دلیل اثر مثبت تنظیمی ژن Pit1 روی بیان ژن هورمون رشد یک نقش اصلی را در تحریک رشد دارد باشد.

منابع:

- 1- Di Statio L, S Saratore, A Alberta (2002) Lack of association of GH1 and Pou1f1 gene variants with meat production traits in Piemontese cattle. *Animal Genetics* 33:61-64.2
- 2- Moody D.E, Pomp D, Barendse W (1995) Restriction fragment length polymorphism in amplification products of the bovine PIT1 gene and assignment of PIT1 to bovine chromosome 1. *Animal Genetics* 26: 45-47.3
- 3- Renaville R, Gengler N, Vrech E, Prandi A, Massat S, Bertozzi C, Burny A, Portetelle D (1997b) PIT-1 gene polymorphism, milk yield, and conformation traits for Italian Holshtein-Frisian Bulls. *Dairy Science* 80: 3431- 3438.5.
- 4- Renaville R. N, Gengler I, Parmentier F, Mariaux S, Massat C, Bertozzi A, Burny D, Portetelle D (1997a) Pit-1 gene Hinf1 RFLP and growth traits in double- muscled Belgian Blue cattle. *Journal of Animal Science*. 75: 148-154.4
- 5- Selvaggi M, Dario C, Normanno G, Dambrosio A, Dario M (2011) Analysis of two Pit-1 gene polymorphisms and relationships with growth performance traits in Podolica young bulls *Livestock Science* 6
- 6- Wollard J, Schmitz C, Freeman A. E, Tuggle C. K (1994) Hinf1 polymorphism at the Bovine pit-1 locus. *Journal of Animal Science* 72: 3267.7
- 7- Yang D, Tang L, Zhu F, He G (2011) Relationship of Pit-1 polymorphism with growth traits in Chinese cattle. *Int. Conference on Biology, Environment and chemistry*. Singapore. Pp: 225-228. 8
- 8- Zakizadeh S (2011) Study of Pit-1 gene polymorphism in Brown Swiss cattle and relationship with milk traits. *Msc Azad University*. 1
- 9- Zhao Q, Davis M, Hines H (2004) Association of polymorphisms in the (PIT-1) gene with growth and carcass traits in Angus beef cattle. *Journal of Animal Science* 82: 2229 -2233.9
- 10- Zwierzchowski L, Krzyzewski J, Strzalkowska N, Siadkowska E, Ryni A (2002) Effect of polymorphisms of growth hormone (GH), Pit-1, and leptin (LEP) genes, cow's age, lactation stage and somatic cell count on milk yield and composition of Polish Black-and-White cows. *Journal of Animal Science Papers Reports, Inst. Genet.Anim.Breed. Jastrzebiec Poland*. 20:213-227.10

Pit-1 gene polymorphism in Sistani cattle using PCR RFLP method



Alipanah^{*1}, M., Mohammadian¹. H., Rokuie¹, H & Kheekhasaber¹, M.

¹Zabol University, ² Sistan Agriculture Research Institute

*Corresponding: Alipanah, M, alipanah.masoud@gmail.com

Abstract

Pit-1 is a candidate gene that is related to growth rate, carcass and milk production traits in domestic animal. Pit-1 is a pituitary specific transcription factor that control transcription of the growth hormone (GH), prolactin (PRL). The bovine Pit-1 gene was organized in six exons coding a polypeptide chain of 291 amino acids and located on the chromosome 1. The purpose of the study was detected of Pit-1 gene polymorphism in Sistani cattle population. A total of 37 blood samples were collected from cervical vein. DNA was extracted from blood samples using by Diatom Kit. Exon 6 Pit-1 gene was amplified to produce a 451 bp fragment. PCR product was digested by restriction endonuclease Hinf1 and electrophoresed on 3% agarose gel. Results show that genotypic frequencies of AA, AB and BB were 78.38%, 13.51% and 8.11%, respectively. The allelic frequencies were A-0.176 and B-0.824. Statistical analysis of data was performed by using SAS. Results showed that genotype BB pit-1, has a higher birth weight ($p < 0.05$).

Keywords: Pit-1- polymorphism- Sistani cattle- growth traits.



برآورد مؤلفه‌های واریانس مجموع وزن بره‌های از شیرگیری شده در هر زایش در گوسفند مهربان با استفاده از مدل‌های رگرسیون تصادفی بی‌اسپلین

ملیحه امیرآبادی فراهانی^۱، پویا زمانی^{۲*} و حسن علی عربی^۲

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا

۲- استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا

* نویسنده مسئول: پویا زمانی، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا pzamani@basu.ac.ir

چکیده

در این مطالعه به منظور برآورد مؤلفه‌های واریانس و وراثت پذیری مجموع وزن بره‌های از شیرگیری شده در هر زایش گوسفند مهربان با استفاده از مدل‌های رگرسیون تصادفی از ۲۵۷۴ رکورد جمع آوری شده طی سال‌های ۱۳۷۴ تا ۱۳۸۹ استفاده گردید. جهت آماده سازی و ویرایش داده‌ها از نرم‌افزارهای Excel و Access و برای شناسایی عوامل مؤثر بر صفت مورد بررسی از مدل‌های خطی تعمیم یافته با کمک نرم‌افزار SAS استفاده شد. میانگین همه وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش $9/61 \pm 24/58$ کیلوگرم بود. عوامل دارای اثر معنی‌دار در مدل شامل گله-سال-فصل و سن میش هنگام زایش بودند. مؤلفه‌های واریانس بر اساس مدل‌های رگرسیون تصادفی بی-اسپلین خطی، درجه دو و خطی-درجه دو با استفاده از نرم‌افزار WOMBAT، برآورد شد. مقایسه مدل‌ها جهت گزارش مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری با شاخص‌های AIC و BIC انجام شد که در این میان مدل QLQ (درجه دو برای رگرسیون ثابت، خطی برای اثر ژنتیکی افزایشی و درجه دو برای محیط دائمی) در نظر گرفته شد. براساس تجزیه و تحلیل نتایج با مدل مذکور واریانس‌های ژنتیکی افزایشی، محیط دائمی و فنوتیپی مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش به ترتیب در دامنه ۱۳/۴۳ تا ۹۵/۶۸، ۰ تا ۶۹۶/۵۲ و ۳۹/۰۸ تا ۷۳۳/۰۵ برآورد شدند. همچنین برآورد وراثت پذیری این صفت در دامنه ۰/۲۲ تا ۰/۹۱ قرار داشت. واژگان کلیدی: مؤلفه‌های واریانس- وراثت پذیری- مجموع وزن از شیرگیری- رگرسیون تصادفی- بی اسپلین

مقدمه

به طور کلی در نژادهای گوشتی، ۷۰ تا ۸۰ درصد از کل درآمد حاصل از پرورش گوسفند مربوط به تولید گوشت است (۵). در همین رابطه، صفات تولید مثلی و سایر صفات وابسته به آن که اغلب در انتخاب و اصلاح لاین‌های مادری در نظر گرفته می‌شوند، اهمیت زیادی دارند (۲). مجموع وزن بره‌های از شیر گرفته شده از هر میش در هر زایش، یک صفت تولید مثل ترکیبی است که علاوه بر در نظر گرفتن باروری، صفاتی همچون توانایی مادری، تولید شیر میش و پتانسیل رشد بره را نیز شامل می‌شود (۵). برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای حفظ نژادهای بومی، تعیین اهداف و طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی، درک بهتر مکانیسم ژنتیکی صفات، پیش‌بینی ارزش اصلاحی و پیش‌بینی پاسخ مورد نظر از برنامه‌های انتخاب ضروری است. هدف بررسی حاضر برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفت مجموع وزن شیرگیری بره‌های هر میش در هر زایش با کمک مدل‌های رگرسیون تصادفی بود.

مواد و روش‌ها



در این بررسی، از داده‌های وزن شیرگیری بره‌های حاصل از ۶۰۴۸ رأس میش گوسفند مهربان که طی سال‌های ۱۳۷۴ تا ۱۳۸۹ توسط سازمان جهاد کشاورزی استان همدان جمع آوری شده بود استفاده شد. آماده سازی داده‌های خام مورد استفاده با نرم افزارهای Excel 2007 و Access 2007 صورت گرفت. با توجه به متغیر بودن سن از شیرگیری بره‌ها، وزن شیرگیری بر مبنای ۹۰ روزگی با استفاده از فرمول زیر تصحیح گردید(۴):

$$\text{وزن تولد} + [90 \times \frac{\text{وزن تولد} - \text{وزن شیرگیری}}{\text{سن در زمان شیرگیری}}] = \text{وزن شیرگیری تصحیح شده بر مبنای ۹۰ روز}$$

تعداد رکوردها پس از حذف داده‌های پرت و میش‌هایی با یک مشاهده به ۲۵۷۴ رکورد رسید. برای شناسایی عوامل مؤثر بر صفت و تشکیل مدل مناسب از مدل خطی تعمیم یافته نرم افزار آماری SAS، ویرایش ۹/۱ (۷) استفاده شد. جهت تبدیل شماره‌ها به کدهایی که در آن‌ها شماره حیوان از شماره پدر و مادر بزرگتر باشند از نرم افزار CFC (۶) استفاده شد. مؤلفه‌های واریانس و وراثت پذیری صفت مورد نظر با نرم افزار WOMBAT (۳) برآورد گردید که در این نرم افزار معیار همگرایی برای توقف تکرارها، 10^{-8} در نظر گرفته شد.

مدل مورد استفاده برای برآورد مؤلفه‌های واریانس به صورت زیر بود:

$$y_q = FYS_i + \sum_{k=1}^{n=4} \alpha_{ik} B_k(a_q) + \sum_{k=1}^{n=4} \beta_{qk} B_k(a_q) + \sum_{k=1}^{n=4} \gamma_{qk} B_k(a_q) + \varepsilon_q$$

در این مدل:

y_q رکورد مربوط به حیوان q ام، FYS_i ، i امین اثر ثابت گله-سال-فصل زایش؛ α_{ik} ، ضریب رگرسیون ثابت برای i امین اثر گله-سال-فصل در گره k و β_{qk} و γ_{qk} ، به ترتیب ضرایب رگرسیون تصادفی برای اثر ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی حیوان q در گره k می‌باشند. کواریت $B_k(a_q)$ ، ضریب بی اسپلاین (خطی، درجه دو و خطی-درجه دو) ارزیابی شده بر اساس اثر سن مادر (a_q) در گره k و ε_q اثر باقیمانده مربوط به y_q می‌باشد (همان طور که مشاهده می‌شود تعداد گره‌ها نیز از ۱ تا ۴ در نظر گرفته شد).

نتایج و بحث

از تجزیه و تحلیل داده‌ها با مدل تابعیت تصادفی مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری مجموع وزن از شیرگیری بره‌های حاصل از میش‌های ۱۰ تا ۹۶ ماهه برآورد شد. تعداد رکوردها، میانگین و انحراف معیار صفت مربوطه در جدول ۱ ارائه شده است. با توجه به این‌که مدلی با حداقل مقدار شاخص AIC و BIC به عنوان بهترین مدل می‌باشد(۱)، در این بررسی مدل QLQ به عنوان بهترین مدل انتخاب شد (جدول ۲).

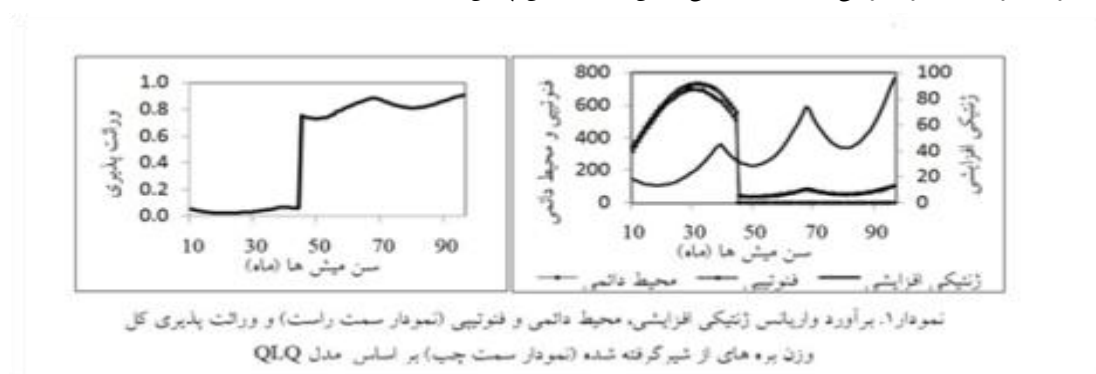
جدول ۱. آماره توصیفی کل وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش (کیلوگرم) و سن میش هنگام زایش (ماه) پس از ویرایش داده‌ها

تعداد رکورد	کمترین	بیشترین	میانگین	انحراف
استاندارد				
۲۵۷۴	۱۰/۳۰	۹۷/۹۰	۲۴/۵۸	
همه وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش				
(کیلوگرم)	۹/۶۱			
۲۵۷۴	۱۰	۹۶	۴۹/۰۳	
سن میش هنگام زایش (ماه)				

جدول ۲. مقادیر حداکثر درست‌نمایی (Log L)، معیار اطلاعات آکایک (AIC) و معیار اطلاعات بیزین (BIC) در مدل‌های مختلف رگرسیون تصادفی (به ترتیب برای اثرات ثابت، ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی)

مدل	Log L	AIC	BIC
خطی - خطی - خطی (LLL)	-۱۷۴۱/۸	۳۵۳۱/۶	۳۶۷۱/۰
خطی - خطی - درجه ۲ (LLQ)	-۱۲۱/۵	۲۹۱/۰	۴۳۰/۴
خطی - درجه ۲ - خطی (LQL)	-۹۱/۱	۲۳۰/۲	۳۶۹/۶
خطی - درجه ۲ - درجه ۲ (LQQ)	-۷۱/۳	۱۹۰/۶	۳۳۰/۰
درجه ۲ - خطی - خطی (QLL)	-۱۷۳۲/۷	۳۵۱۳/۴	۳۶۵۲/۸
درجه ۲ - خطی - درجه ۲ (QLQ)	-۲۵/۷	۹۹/۴	۲۳۸/۸
درجه ۲ - درجه ۲ - خطی (QQL)	-۴۷۳۲/۶	۹۵۱۳/۲	۹۶۵۲/۶
درجه ۲ - درجه ۲ - درجه ۲ (QQQ)	-۱۲۴۰/۷	۲۵۲۹/۴	۲۶۶۸/۸

اجزای واریانس بر اساس بهترین مدل رگرسیون تصادفی (مدل QLQ) در نمودار ۱ نشان داده شده است. مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی افزایشی، محیط دائمی و فنوتیپی مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش به ترتیب در دامنه ۱۳/۴۳ تا ۰،۹۵/۶۸، ۰ تا ۶۹۶/۵۲ و ۳۹/۰۸ تا ۷۳۳/۰۵ برآورد شدند. همان‌طور که مشاهده می‌شود در روش آنالیز با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی وراثت‌پذیری‌های متفاوتی برای هر سن خاص از میش‌ها برآورد شده است که در این تحقیق وراثت‌پذیری مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در دامنه ۰/۰۲۲ تا ۰/۹۱ قرار داشت. در تحقیقاتی که بر روی گوسفندان مرینو در سه گله برای این صفت انجام گرفته، مشخص شده که وراثت‌پذیری این صفت دامنه‌ای از ۰/۱۳ تا ۰/۶۳ داشت که در برآوردهای حاصل از این مطالعه قرار دارد (۸). روند صعودی وراثت‌پذیری در سنین بالاتر میش‌ها می‌تواند ناشی از ساختار داده‌ها و اثر بالاتر محیط بر ویژگی‌های تولید مثلی میش‌ها در سنین پایین باشد.



سپاسگزاری

بدین وسیله از مسئولین و کارشناسان محترم معاونت امور دام جهاد کشاورزی استان همدان به دلیل فراهم نمودن داده‌ها و اطلاعات لازم برای انجام این پژوهش سپاسگزاری می‌شود.

References:

1. Fischer, T. M., J.H.J, Van der Werf., R.G. Banks and A.J. Ball. 2004. Description of lamb growth using random regression on field data. *livestock Production Science*, 89:175-185.
2. Hansen, C and J. N. B. Shrestha. 1997. Heritability and repeatability estimates for ewe productivity traits of three breeds under 8-month breeding cycle and artificial rearing of lamb. *Small Ruminant Research*, 24:185-194.
3. Meyer K. 2011. A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. User Notes. Available at: <http://agbu.une.edu.au/kmeyer/download.phpfile=WombatManual.pdf>.
4. Notter, D.R., L.A Swiger and W.R Harvey. 1975. Adjustment factors for 90- day lam weight. *Journal of Animal Science*, 40:385-391.
5. Olivier, W. J., M. A. Snyman., J. J. Olivier., J. B. Van Wyk and G. J. Erasmus. 2000. Direct and correlated selection response in Merino sheep with selection for total weight of lamb weaned. *Proceeding 36th South African Journal of Animal Science Congress*, Stellenbosch.
6. Sargolzaei, M., H, Iwaisaki and J.J. Colleau. 2006. A software package for pedigree analysis and monitoring genetic diversity. Available at: <http://agrews.agr.niigatau.ac.jp/iwsk/cfc.html>.
7. SAS Institute. 2004. User's Guide Version 9.1: Statistics. SAS Institute. Cary. NC.
8. Snyman, M. A., J. B. Van Wyk., G. J. Erasmus and J. J. Olivier. 1997. Genetic parameter estimates for total weight of lamb weaned in Afrino and Merino sheep. *Livestock Production Science*, 48:111-16.
Estimation of variance components for total weaning weight of lambs per lambing in Mehraban sheep using B Spline random regression models

Maliheh. Amirabadi Farahani ¹, Pouya. Zamani ^{*2}, Hasan. Ali Arabi ²

1. Msc Student, Animal Science Department, Faculty of agriculture, University of Bu Ali Sina

2. Assistance Professor, Animal Science Department, Faculty of agriculture, University of Bu Ali Sina

* Corresponding E-mail address: pzamani@basu.ac.ir

Abstract:

In this study, 2574 records of ewes, collected during 1995 to 2010 were used to estimate variance components and heritability of total weaning weight per lambing in Mehraban sheep, using random regression models. Access and Excel softwares were used for preparation and edition of the data. The factors affecting the studied traits were identified by general linear model analysis using SAS software. The average of total weaning weight of lambs per lambing was 24.58 ± 9.61 kg. Significant factors in the model were flock-year-



season and the age of ewe at lambing. Variance components were estimated based on linear, quadratic and linear-quadratic B-spline random regression models using WOMBAT software. The models were compared using AIC and BIC indices, which, QLQ model (quadratic for fixed regression, linear for additive genetic effects and quadratic for permanent environment) was selected. According to the analysis of this model, additive genetic, permanent environmental and phenotypic variances of total weaning weight of lambs per lambing were estimated in the ranges of 13.43 to 95.68, 0 to 696.52 and 39.08 to 733.05, respectively. Moreover, heritability estimate of the studied trait was in the range of 0.022 to 0.91.

Key Words: variance components- heritability- total weaning weight- random regression- BSpline



تعیین معادلات وابازی برای پیش بینی وزن بدن در گوسفندان افشاری و زندی

ایثار طولگیلانی^{۱*}، رامین صیقلانی^۱، ابوالقاسم لواف^۲، علیرضا نوشری^۲، علیرضا ترنگ^۱ و فرجاد رفیعی^۳
 ۱- بخش ژنومیکس پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی منطقه شمال کشور، ۲- گروه علوم دامی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج، ۳- گروه علوم دامی دانشگاه آزاد اسلامی واحد چالوس
 * نویسنده مسئول: ایثار طولگیلانی، ابتدای اتوبان رشت-قزوین، جنب بیمارستان رسول اکرم، مدیریت بیوتکنولوژی کشاورزی منطقه شمال کشور (رشت)، صندوق پستی ۴۱۱۵-۴۱۳۵
isargilani@yahoo.com

چکیده

به منظور بررسی ارتباط بین برخی صفات مرتبط با اندازه‌های بدن (شامل طول مورب بدن، ارتفاع جدوگاه، دور و عرض سینه و عرض لگن) با وزن زنده و پیش‌بینی وزن زنده از روی اندازه‌های بدن، از رکوردهای ۳۶۰ رأس بره نر افشاری و زندی (هر یک شامل ۱۸۰ رأس) استفاده گردید. نتایج نشان داد که در بین اندازه‌های خطی بدن، تنها صفت دورسینه به صورت معنی داری تحت تأثیر نژاد ($P < 0.05$) بوده و در بین نژادها نیز بره‌های افشاری در مقایسه با بره‌های زندی تأثیر بزرگتری بر صفت مزبور داشتند. همبستگی بین وزن زنده و دور سینه در هر دو نژاد افشاری و زندی بیشتر از سایر اندازه‌های بدن و بسیار معنی دار مشاهده شد. نتایج حاکی از آن بود که دور سینه بهترین اندازه بدنی برای پیش‌بینی وزن ۶ ماهگی در بره‌های هر دو نژاد است. این صفت به تنهایی ۷۰ درصد از تنوع وزن زنده بره‌های افشاری و ۶۷ درصد از تنوع در وزن زنده بره‌های زندی را به خود اختصاص می‌دهد. همچنین نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که برخی از اندازه‌های بدن می‌توانند وزن زنده را در دو نژاد مذکور با دقت بالایی برآورد نمایند.

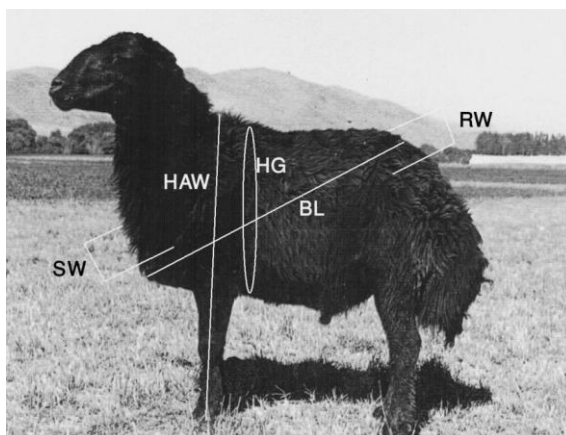
واژگان کلیدی: اندازه‌های بدن - معادلات تابعیت - بره‌های افشاری - بره‌های زندی

مقدمه

پرورش گوسفند در ایران بیشتر در شرایط روستایی انجام می‌شود و در این شرایط به علت کمبود وسایل توزین و نبود اطلاعات فنی و امکانات کافی، رکوردگیری صفاتی نظیر وزن بدن با مشکلاتی روبه‌رو است. حتی اگر امکان توزین نیز وجود داشته باشد، به دلیل تنوع در پر بودن دستگاه گوارش، مقادیر عنوان شده دچار خطا خواهند بود. معرفی روشی ساده و کاربردی که نیازی به کشتار دام و وسایل توزین نداشته، به طور مستقیم بر روی حیوان زنده قابل انجام بوده و پیش‌بینی دقیق و قابل اطمینانی از وزن زنده داشته باشد، از اهمیت بالایی در چنین شرایطی برخوردار بوده و کمک شایانی به برنامه‌های اصلاح نژادی خواهد نمود. همچنین این امر می‌تواند در ارزیابی و انتخاب مولدین شایسته‌تر برای افزایش کمیت و کیفیت لاشه نیز به کار گرفته شود. از آنجا که اندازه‌های خطی بدن به عنوان شاخص‌های کیفی رشد منعکس کننده تغییرات ساختاری روی داده در طول زندگی حیوان می‌باشند، در شرایطی که رکوردگیری مستقیم وزن زنده به دلایل ذکر شده امکان‌پذیر نیست، می‌توان از آن‌ها به منظور تعیین وزن زنده در جهت توسعه معیارهای مناسب انتخاب استفاده نمود (۱). هدف از این مطالعه تعیین همبستگی بین مقادیر وزن زنده و اندازه‌های بدن و برازش معادلات تابعیت برای پیش‌بینی وزن زنده از روی اندازه‌های بدنی است.

مواد و روش‌ها

اطلاعات مورد استفاده در این مطالعه از ۳۶۰ رأس بره نر افشاری و زندی (هر کدام ۱۸۰ رأس) موجود در گله‌های پرواربندی شهرستان پاکدشت استان تهران به دست آمد. میانگین سنی بره‌ها 6 ± 0.4 ماه بوده و سیستم پرورش به صورت متمرکز بوده و تغذیه (شامل علوفه و کنسانتره) به صورت دستی صورت می‌گرفته است. یک روز قبل از رکوردگیری، ابتدا بره‌ها به مدت ۱۲ ساعت پرهیز غذایی داده شده و قبل از غذاهای در صبح روز رکوردگیری، وزن هر کدام از بره‌ها به صورت انفرادی تعیین و ثبت گردید. همچنین اندازه‌های بدنی تک تک بره‌ها شامل بلندی جدوگاه (فاصله بین سطح فوقانی برآمدگی جدوگاه تا سطح زمین)، عرض سینه (فاصله بین دو بال کتف)، عرض لگن (حد فاصل بین برآمدگی دو استخوان پین)، طول بدن (حدفاصل برجستگی استخوان پین و قدامی‌ترین قسمت استخوان کتف) و دور سینه (محیط دور سینه در ناحیه قدامی سینه و پشت دست‌ها) با دقت اندازه‌گیری و ثبت گردید (نگاره ۱).



نگاره ۱: نحوه اندازه‌گیری اندازه‌های بدنی در دام زنده (HAW = ارتفاع جدوگاه، HG = دور سینه، BL = طول بدن، RW = عرض لگن، SW = عرض سینه)

پس از دسته‌بندی و وارد کردن داده‌ها به رایانه، جهت مطالعه تفاوت بین دو گروه ژنتیکی، از طریق مقایسه میانگین حداقل مربعات، داده‌ها با استفاده از رویه مدل خطی (GLM) برنامه SAS V.8.0 (۹) و تحت مدل آماری $Y_{ij} = \mu + G_i + E_{ij}$ + آنالیز گردیدند. در این مدل Y_{ij} ، j آمین مشاهده مربوط به نژاد i ام، μ ، میانگین جامعه، G_i ، اثر نژاد i ام (۱ و ۲) و E_{ij} اثرات تصادفی باقیمانده می‌باشند. ضرایب همبستگی بین صفات و معنی‌دار بودن آن‌ها (در سطوح ۵ و ۱ درصد) با استفاده از تجزیه همبستگی و با کمک نرم افزار SAS V.8.0 تعیین گردید. برازش معادلات تابعیت چندگانه جهت پیش بینی وزن زنده از روی اندازه‌های بدن نیز با استفاده از روش گام به گام (Stepwise) و با کمک نرم افزار SAS V.8.0 در سطح معنی‌داری ۵ درصد انجام شد.

نتایج و بحث

مقادیر میانگین و انحراف معیار وزن زنده و اندازه‌های بدنی در بره‌های نر افشاری و زندی در جدول ۱ ارائه شده است. نتایج نشان می‌دهند که میانگین وزن زنده، عرض سینه، عرض لگن و طول بدن در بره‌های افشاری بیشتر از بره‌های زندی بوده اما این اختلاف معنی‌دار نبوده است ($P > 0.05$). میانگین دورسینه نیز در بره‌های افشاری بیشتر از بره‌های زندی بوده و این اختلاف معنی‌دار گردیده است ($P < 0.05$). این تفاوت‌ها می‌تواند ناشی از جثه بزرگتر نژاد افشاری نسبت به نژاد زندی باشد. میانگین ارتفاع جدوگاه در بره‌های زندی بیشتر از بره‌های افشاری بدست آمد ولی این اختلاف معنی‌دار نبوده است.

جدول ۱: مقادیر میانگین حداقل مربعات ($LSM \pm S.E$) وزن زنده و اندازه های بدن
n.s و ** به ترتیب غیر معنی دار، و معنی داری در سطوح احتمال ۰/۰۵ و ۰/۰۱

وزن زنده	ارتفاع جدوگاه	عرض سینه	عرض لگن	طول بدن	دور سینه
وزن زنده	*۰,۷۳	ns۰,۵۴	*۰,۶۵	*۰,۷۰	**۰,۹۱
ارتفاع جدوگاه	ns-۰,۰۵	ns۰,۵۰	ns۰,۴۹	ns۰,۴۹	*۰,۷۰
عرض سینه	ns۰,۳۲	ns۰,۳۹	ns۰,۵۰	ns۰,۴۹	ns۰,۶۴
عرض لگن	*۰,۰۶	ns۰,۲۶	ns۰,۴۲	*۰,۷۳	*۰,۶۳
طول بدن	ns۰,۱۲	ns۰,۱۶	ns۰,۴۲	ns۰,۲۸	*۰,۶۶
دور سینه	ns-۰,۰۶	ns۰,۱۶	**۰,۸۷		

جدول ۲ مقادیر همبستگی بین وزن زنده و اندازه های بدنی را نشان می دهد. همبستگی بین وزن زنده و دور سینه در هر دو نژاد افشاری و زندی بیشتر از سایر اندازه های بدن و بسیار معنی دار ($P < 0/01$) مشاهده شد. مقایسه نتایج مطالعات قبلی با نتایج تحقیق حاضر نشان می دهد که صفت دورسینه در نژادهای مختلف گوسفند و در سنین مختلف همبستگی بسیار بالایی با وزن زنده دام دارد. در یک پژوهش ارتباط بین اندازه های بدن با وزن زنده در گوسفندان لری بختیاری مورد مطالعه قرار گرفته و همبستگی بین وزن زنده و دور سینه بسیار معنی دار و بیشتر از سایر اندازه های بدنی گزارش گردیده است (۲). در مطالعه ای دیگر که بر روی گوسفندان نژاد Karayaka در کشور ترکیه صورت گرفته، همبستگی وزن زنده و دورسینه بسیار معنی دار و بالاتر از سایر اندازه های بدنی گزارش شده است (۵). مطالعاتی که بر روی نژادهای مختلف بز انجام شده است نیز نشان می دهند که ضریب همبستگی بین صفات وزن زنده و دورسینه عموماً بسیار بالا بوده است (۴، ۷ و ۸).

علاوه بر دورسینه، همبستگی عرض لگن و وزن زنده در بره های افشاری بسیار معنی دار ($P < 0/01$) و همبستگی ارتفاع جدوگاه، طول بدن و عرض لگن با وزن زنده در بره های زندی معنی دار ($P < 0/05$) بدست آمد. مشابه نتایج حاصل در این بررسی، در مطالعه ای که به هدف برآورد وزن زنده از روی اندازه های بدن در ۵ نژاد گوسفند در کشور پاکستان صورت گرفته، پس از دورسینه همبستگی بین وزن زنده با ارتفاع جدوگاه و طول بدن معنی دار گزارش شده است (۶).

جدول ۲: همبستگی بین وزن زنده و اندازه های بدن در دو نژاد زندی (بالای خط قطری) و افشاری (پایین خط قطری)



صفت/اثر	وزن زنده (kg)	ارتفاع جدوگاه (cm)	عرض سینه (cm)	عرض لگن (cm)	طول تنه (cm)	دور سینه (cm)
میانگین کل	۴۱/۱۱	۶۹/۳۳	۲۱/۹۴	۲۲/۳۸	۶۵/۵۰	۸۹/۹۴
ضریب تغییرات (C.V)	۵/۷۳	۳/۶۴	۵/۴۵	۵/۹۳	۵/۰۱	۵/۸۹
اثر نژاد	n.s	n.s	n.s	n.s	n.s	*
میانگین نژاد افشاری	±۰/۸۷	±۰/۸۷	±۰/۴۰	±۰/۳۹	±۱/۱۲	±۱/۰۰ ^a
میانگین نژاد زندی	±۰/۸۷	±۰/۸۷	±۰/۴۰	±۰/۳۹	±۱/۱۲	±۱/۰۰ ^b
	۴۰/۵۹	۷۰/۳۱	۲۱/۵۲	۲۱/۷۸	۶۴/۵۸	۸۸/۳۲

ns، * و ** به ترتیب غیر معنی دار، معنی دار در سطح احتمال کمتر از ۰/۰۵ و ۰/۰۱

معادلات تابعیت چندگانه با استفاده از روش گام به گام به منظور بدست آوردن بهترین معادلات برای پیش بینی وزن زنده از روی اندازه های بدن بررسی گردیده و معادلات حاصل در جدول شماره ۳ ارائه می گردد. براساس نتایج حاصل بهترین اندازه بدنی برای پیش بینی وزن ۶ ماهگی، معیار دور سینه است. این صفت به تنهایی ۷۰ درصد از تنوع در وزن زنده بره های افشاری و ۶۷ درصد از تنوع در وزن زنده بره های زندی را به خود اختصاص می دهد. بعد از دور سینه، معیار طول بدن دومین متغیری بود که جهت برآورد وزن زنده در بره های افشاری وارد معادلات تابعیت گردید. دور سینه و طول بدن در مجموع ۸۳ درصد از تنوع وزن زنده در بره های افشاری را به خود اختصاص می دهند.

جدول ۳: معادلات تابعیت برآورد وزن زنده در بره های نر افشاری و زندی

شماره	معادلات تابعیت	R ²
وزن شش ماهگی در بره های افشاری		
۱	$LW = -10,3821 + 0,54651HG$	۰/۷۰
۲	$LW = -42,14946 + 0,52692BL + 0,52701HG$	۰/۸۳
وزن شش ماهگی در بره های زندی		
۳	$LW = -16,62582 + 0,65204HG$	۰/۶۷

LW= وزن زنده، HG= دور سینه، BL= طول بدن

به طور کلی نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد برخی از اندازه های بدنی می توانند با دقت مناسبی برای پیش بینی وزن زنده و در نتیجه انتخاب حیوانات در برنامه های اصلاحی به کار گرفته شوند.

منابع

۱. کیانزاد م. ۱۳۸۳. برآورد ترکیبات فیزیکی و شیمیایی لاشه گوسفندان مغانی و ماکویی در گله های اصلاحی (اندازه های بدن و خصوصیات لاشه). نشریه پژوهش و سازندگی. شماره ۶۴، پاییز ۱۳۸۳



۲. وطن خواه م. مرادی شهر بابک م. نجاتی جوارمی ا. میرائی آشتیانی س.ر. واعظ ترشیزی ر. ۱۳۸۳. ارتباط بین اندازه‌های بدن با وزن زنده، لاشه گرم و لاشه گرم بدون دنبه در گوسفند لری بختیاری. نشریه پژوهش و سازندگی. شماره ۶۵، زمستان

۱۳۸۳

3. Atta, M., O.A. El khidir. 2004. Use of heart girth, wither height and scapuloischial length for prediction of liveweight of Nilotic sheep. *Small Rumin. Res.* 55(2004) 233-237
4. Benyi, K. 1997. Estimation of liveweight from chest girth in pure and crossbred West African goats. *Tropical Animal Health and Production*, 29(2) 124-128
5. Cam, M.A., M. Olfaz., E. Soydan. 2010. Body measurements reflect body weights and carcass yields in Karayaka sheep. *Asian Journal of Animal and Veterinary Advances* 5(2): 120-127
6. Mohammad, M.T., M. Rafeeq., M. A. Bajwa., M. A. Awan., F. Abbas., A. Waheed., F. A. Bukhari and P. Akhtar. 2012. Prediction of body weight from body measurements using regression tree(RT) method for indigenous sheep breeds in balochistan, Pakistan. *The Journal of Animal & Plant Sciences*, 22(1): 20-24
7. Mohammed, I.D., J.D. Amin. 1997. Estimating body weight from morphometric measurements of Sahel (Borno White) goats. *Small Rumin. Res.* 24(21) 1-5
8. Samuel Fajemilehin, O.K., A.E. Salako. 2008. Body measurement characteristics of the West African Dwarf (WAD) Goat in deciduous forest zone of Southwestern Nigeria. *African Journal of Biotechnology* 7 (14) 2521-2526
9. SAS, 2000. SAS Online DOC - Version 8. SAS Institute. Inc., Cary, NC, USA.
10. Shrestha, J.N.B., D.P. Heaney., P.S. Fiser., G.A. Langford. 1984. Influence of breed, birth date, age and body weight on linear body measurements of growing rams maintained in a controlled environment. *Can. J. Anim. Sci.* 64,279-291.

Estimation of regression equations for prediction of body weight in Afshari and Zandi sheep breeds

I. Toulguilani^{1*}, R. Seyghalani¹, A. Lavvaf², A. Noshari², A. Tarang¹ and F. Rafeie³

1. Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran, The Regional Institute of North Region, Department of Genomics

2. Islamic Azad University, Karaj Branch, Department of Animal Science

3. Islamic Azad University, Chalus Branch, Department of Animal Science

* Corresponding E-mail address: isargilani@yahoo.com

Abstract:

The relationship between some body measurements (such as body length, withers height, heart girth, chest width, pelvic width) and live weight are estimated and the equations for prediction of live weight from body measurements are fitted. Data from 360 Afshari and Zandi male lambs in six months age were used. The genetic group (breed) effect was significant ($P < 0.05$) only on heart girth and Afshari lambs displayed a superior average in this trait. Correlation between live weight and heart girth in two breed was higher than other



body measurements and very significant. The results displayed that heart girth is the best body measurement for prediction of live weight in this breeds. This trait involves 70% of variance of live weight in Afshari lambs and 67% of those in Zandi lambs. The results showed that some of body measurements can estimate live weight with high accuracy.

Keywords: Body measurements, Regression equations, Afshari lambs, Zandi lambs.



ردیابی ژن‌های عمده با استفاده از روش تجزیه بیزی و شاخص ژن عمده در صفات اقتصادی مرغ بومی مازندران

مهدی کیقبادی^۱، قدرت الله رحیمی^۲، صادق علیجانی^۳ و خباط خیرابادی^۴

۱ - دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام گروه علوم دامی دانشگاه ساری

۲ - استاد گروه علوم دامی دانشگاه ساری

۳ - استادیار گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

۴ - دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام گروه علوم دامی دانشگاه تبریز

* نویسنده مسئول: مهدی کیقبادی، آدرس الکترونیکی: m.keyghobady1365@gmail.com

چکیده

تولید مرغ و ماکیان روستایی یکی از فعالیت های مهم اقتصادی در تولیدات دامی ایران است. در مرکز مرغ بومی مازندران تفرق ژن عمده برای چهار صفت مهم اقتصادی شامل سن بلوغ جنسی، وزن بدن در بلوغ جنسی، تعداد تخم مرغ و شدت تخم گذاری مورد بررسی قرار گرفت. روش مورد استفاده در این مطالعه شاخص ژن عمده بود (MGI). مزایای استفاده از این روش سادگی آن و زمان کمتر و هم صرفه جویی در هزینه در مقایسه با دیگر روش هایی است که برای ردیابی ژن عمده استفاده می شود. با توجه به نیاز ارزشهای اصلاحی در این روش بررسی تفرق ژن عمده، از روش آنالیز بیزی مبتنی بر نمونه گیری گیبس و بصورت تک صفتی، برای ارزیابی ژنتیکی استفاده شد. در این راستا از نرم افزار GIBBS3F90 استفاده شد. مدل مورد استفاده نیز یک مدل حیوانی تک صفتی بود. ابتدا با استفاده از روش سه انحراف معیار داده های پرت حذف گردیدند تا اینکه از بدست آمدن نتایج کاذب جلوگیری شود. بنابراین وراثت پذیری صفات و ارزش ارثی تمام حیوانات (پدر- مادر و فرزندان) برای استفاده در روش شاخص ژن عمده بدست آمد. نتایج نشان داد که با روش MGI هیچ ژن عمده در حال تفرق در این جمعیت مورد تایید قرار نمی گیرد.

کلمات کلیدی: آنالیز بیزی - ژن بزرگ اثر - شاخص ژن عمده - مرغ بومی مازندران

مقدمه

تا چند دهه اخیر پیشرفت ژنتیکی صفات کمی بر اساس این تئوری که صفات تحت تأثیر تعداد زیادی ژن بود که با اثرات جزئی می باشند، اما برخلاف این تئوری در سال های اخیر ژن های با اثرات بزرگ روی برخی از صفات کمی شناسایی شده اند. دقیق ترین روش ردیابی ژن های عمده استفاده از اطلاعات مولکولی است که نیاز به طرح های آمیزشی خاص و هزینه زیاد دارد. بنابراین قبل از انجام این نوع تحقیقات می بایست با روش های آماری قدرتمند همچون روش های آنالیز بیزی این ژن ها به طور اولیه شناسایی شوند. یک روش ساده برای تشخیص ژن عمده روش شاخص ژن عمده (MGI) است (۵). MGI بر اساس انحراف ارزش ژنتیکی هر فرزند از میانگین والدین و انحراف فرزند از هر کدام از والدین محاسبه می شود، برای اولین بار، این انحراف با استفاده از اندازه گیری مقدار فنوتیپی تعریف شد (۵). در سال های بعد فامولا این شاخص را بر اساس ارزش های اصلاحی که با روش بهترین پیشگویی ناریب خطی پیش بینی می شد (BLUP) توضیح داد (۳). هدف تحقیق حاضر بررسی تفرق ژن های عمده تأثیر گذار بر صفات مورد مطالعه با استفاده از روش بیزی و روش MGI و برآورد مولفه های ژنتیکی در نوزده نسل از مرغان بومی مازندران می باشد.

مواد و روشها



با توجه به اهمیت اقتصاد روستایی در تولیدات دامی، مراکز اصلاح نژاد و تکثیر مرغ بومی از سال ۱۳۶۵ شروع به فعالیت کرده‌اند که هم اکنون ۵ مرکز اصلاح نژادی در استان‌های مازندران، فارس، یزد، اصفهان و آذربایجان غربی و ۷ مرکز تکثیری و ۵۰ مرکز ترویجی در سطح کشور در حال فعالیت می‌باشند (۱).

داده‌های این مطالعه

داده‌های مورد استفاده در این تحقیق برای ارزیابی ژنتیکی از نوزده نسل گله مرغان بومی مازندران جمع‌آوری شده بود. از نرم افزارهای SAS, Excel و محیط برنامه نویسی VBA برای ویرایش، آماده سازی و تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها استفاده شد (۱). برای جلوگیری از نتایج نادرست، داده‌های دور افتاده با روش سه انحراف معیار حذف شدند. برای برآورد پارامترهای ژنتیکی و ارزش‌های اصلاحی از روش بیزی بر پایه نمونه گیری گیبس با استفاده از نرم‌افزار GIBBS3F90 و مدل حیوانی تک صفتی استفاده شد. برای محاسبه ارزش اصلاحی از تمامی اطلاعات موجود در فایل شجره و تمامی روابط خویشاوندی استفاده شد، سپس با استفاده از فرمول زیر شاخص ژن عمده در حالت‌های مختلف و برای صفات به صورت جداگانه محاسبه شد:

$$MGI(K) = \frac{\sum_{i=1}^n [|O_i - 0.5(S_i + D_i)|^k]}{\sum_{i=1}^n (|O_i - S_i|^{\frac{k}{2}} |O_i - D_i|^{\frac{k}{2}})}$$

که در این فرمول O_i ارزش اصلاحی فرزند؛ S_i ارزش اصلاحی پدر؛ D_i ارزش اصلاحی مادر (۹)؛ n تعداد فرزندان پدر و مادر؛ و k پارامتر شناخته شده است که مقادیر ۰/۵، ۱ و ۲ را می‌گیرد (۵). همان طور که در بالا آمده است این ارزش‌های اصلاحی نتاج و والدین که در معادله فوق مورد استفاده قرار گرفته‌اند با برآورد مؤلفه واریانس و کوواریانس با روش بیزی و قرار دادن آن در معادلات مختلط زیر بدست خواهند آمد.

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

برای تایید تفرق ژن عمده از طریق شاخص ژن عمده ۳ معیار تعریف می‌شود

(۱) مقدار MGI بزرگ‌تر از ۱ شود.

(۲) اختلاف بین مقدار $MGI(K)$ و $MGI(K)'$ افزایش یابد.

(۳) با افزایش مقدار K مقدار $MGI(K)$ نیز افزایش یابد.

به عبارت دیگر اگر توارث پلی‌ژنی وجود داشته باشد تفاوت ارزش‌های فرزند از میانگین ارزش‌های والدین، نسبت به تفاوت ارزش‌های فرزند از هرکدام از والدین به تنهایی، کمتر است و اگر توارث ژن عمده حاکم باشد عکس این قضیه صادق است (۱۰).

نتایج و بحث

آماره توصیفی صفات مورد بررسی در جدول ۱ آمده است. نتایج بدست آمده در این مطالعه در مقایسه با نتایج سایر مطالعات انجام شده در ارتباط با مرغان بومی مازندران اندکی متفاوت می‌باشد، به عنوان مثال در مطالعات علیجانی و همکاران (۱) شامل اطلاعات چهارده نسل، میانگین صفات مورد بررسی، از میانگین بدست آمده برای صفات مشترک در این



تحقیق (نوزده نسل) کمتر است که شاید اصلی ترین دلیل این مهم روند ژنتیکی مثبتی باشد که در طی این نسل ها در مرغان این مرکز اصلاح نژاد، بوجود آمده است.

نجاتی و کیان منش (۲) وراثت پذیری تعداد تخم مرغ و سن بلوغ جنسی را در مرغان بومی مازندران به ترتیب ۰/۱۴ و ۰/۱۵ برآورد کردند. که با وراثت پذیری تعداد تخم مرغ در این مطالعه شباهت نزدیکی دارد، همچنین مقدار وراثت پذیری تعداد تخم مرغ در نژاد لگهورن سفید ۰/۱۹ (۷) و در یکی از نژادهای اسپانیا ۰/۲ گزارش شد (۸). قاضی خانی و همکاران (۶) وراثت پذیری سن بلوغ جنسی در مرغان بومی استان مازندران، آذربایجان و اصفهان به ترتیب ۰/۳۴، ۰/۲۷ و ۰/۲۷ بیان کردند.

جدول ۱ آماره های توصیفی برای صفات اقتصادی مرغان بومی استان مازندران (۱۹ نسل)

صفت	تعداد رکورد	میانگین	انحراف معیار (SD)	پیشترین	کمترین
سن بلوغ جنسی (روز)	۴۳۶۵۷	۱۵۹/۱۲	۲۱/۱۱	۲۳۵	۱۰۰
وزن بلوغ جنسی (گرم)	۴۲۴۲۹	۱۶۵۴/۲۸	۲۵۲/۵	۲۵۰۰	۸۶۰
تعداد تخم مرغ	۳۶۹۴۴	۴۶/۹۷	۱۵/۵	۹۵	۱
شدت تخم گذاری	۳۶۴۷۸	۵۷	۱۷/۴۳	۹۸	۵

جدول ۲ برآورد مولفه های واریانس و وراثت پذیری با استفاده از مدل تک متغیره

صفت	σ^2_e	σ^2_g	σ^2_p	R^2
سن بلوغ جنسی (روز)	۹۰/۶۸	۹۶/۵۶	۱۸۷/۲۸	۰/۴۸±۰/۰۱
وزن بلوغ جنسی	۱۰۰۱۰	۱۰۶۴۴	۲۰۶۵۴	۰/۴۹±۰/۰۲
تعداد تخم مرغ	۶۱/۱۹	۱۴۷/۹۲	۲۰۹/۱۱	۰/۲۹±۰/۰۱
شدت تخم گذاری	۳۶/۷۴	۱۸۲/۸۷	۲۱۹/۶۱	۰/۱۷±۰/۰۱

σ^2_e : واریانس ژنتیکی افزایشی، σ^2_g : واریانس باقی مانده، σ^2_p : واریانس فنوتیپی، R^2 : وراثت پذیری

میزان MGI در ۴ صفت مورد بررسی در جدول ۳ آمده است. می توان نتیجه گرفت که با روش شاخص ژن عمده تفرق ژن عمده برای هیچ کدام از صفات مورد مطالعه مورد تایید قرار نگرفت.

جدول ۳ میزان MGI اندازه گیری شده در ۴ صفت اقتصادی مرغان بومی استان مازندران

صفت	MGI(۰/۵)	MGI(۱)	MGI(۲)
سن بلوغ جنسی (روز)	۰/۶۵	۰/۵۲	۰/۴۵
وزن بلوغ جنسی	۰/۸۳	۰/۷۴	۰/۶۲
تعداد تخم مرغ	۰/۷۶	۰/۴۱	۰/۱۹
شدت تخم گذاری	۰/۷۰	۰/۵۲	۰/۳۱

اچیل و همکاران (۲۰۰۵) شاخص ژن عمده را برای ردیابی ژن های عمده برای صفات راندمان تولید تخم مرغ (EP) و سن بلوغ جنسی (ASM) در لاین رد ایلند استفاده کرده و به وجود ژن عمده برای این صفات پی بردند. اگرچه این شاخص یک روش آماری برای شناخت ژن عمده است اما قدرت کمتری نسبت به سایر روش آماری دارد (۴)، زیرا این شاخص زمانی ژن عمده را نشان می دهد که ژن عمده ۲۰٪ واریانس فنوتیپی را تشکیل دهد. به طور کلی برای کسب دقت بالاتر بهتر است از روش تجزیه و تحلیل تفرق بیزی همراه با روش های ملکولی استفاده کرد.



۱- علیجانی، ص.، نجاتی جوارمی. الف، مهربانی یگانه، ح.، رحیمی، ق و ال ال جی یانس. ۱۳۸۸. ردیابی ژنهای عمده برای برخی از صفات اقتصادی مرغان بومی ایران با استفاده از روشهای آماری. مجله پژوهشهای علوم دامی. جلد ۱، شماره ۲. ص ۱۵-۲۲.

۲- نجاتی جوارمی، الف.، کیانی منش، ح. ر و کمالی، م. ع. ۱۳۸۰. برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی صفات مهم اقتصادی در مرغان بومی ایران. اولین سمینار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، طیور و آبزیان. موسسه تحقیقات علوم دامی. کرج. ص ۲۷۲-۲۸۲.

3. Famula, T.R. 1986. Identify single gene of large effect in quantitative traits using best linear unbiased prediction. *Journal of Animal Science* 63: 67-76.
4. Ochiai, A., T. Ishida, K. Oyama and F. Mukai. 2005. Trial for detecting carriers with major genes in a select layer line. *Journal of Animal Science* 76: 195-201.
5. Karlin, S., D. Carmelli and R. Williams. 1979. Index measures for assessing the model of inheritance of continuously distributed traits; I Theory and Justification. *Theor. Population Biology* 16: 81-106
6. Ghazikhanishad, A., A. Nejati and H. Mehrabani Yeghane. 2007. Animal model estimation of genetic parameters for most important economic traits in Iranian Native Fowls. *Journal of biology science* 10: 2787-2789
7. Francesh, A., J. Estany, L. Alfonso and M. Iglesias. 1997. Genetic parameters for egg number, egg weight, and egg shell color in three Catalan poultry breeds. *Poultry Science* 76: 1627-1631
8. Hartman, C., K. Johansson, E. Maternal Strandberg and L. Rydhmer. 2003. Genetic correlations between the maternal genetic effects on chick weight and the direct genetic effects on egg composition traits in White Leghorn. *Poultry Science* 82: 1-8
9. Henderson, CR. 1977. Best linear unbiased prediction of breeding values not in the model for records. *Journal of Dairy Science*. 60: 783-787.
10. Ayako, O., I. Takafumi, O. Kenji and M. Fumio. 2005. Trial for detecting carriers with major genes in a selected layer line. *Animal Science Journal* 76: 195-201

Detection of major genes using major gene index method for some economic traits of Mazandaran native chickens

Mehdi Keyghobadi¹, Gh Rahimi², S Alijani³ and khabat kheirabadi⁴

1. M Sc Student, Department of Animal Science, University of Sari, Sari, Iran

2. Professor, Department of Animal Science, University of Sari, Sari, Iran

3. Assistant Professor, Department of Animal Science, University of Tabriz, Tabriz, Iran

4. M Sc Student, Department of Animal Science, University of Tabriz, Tabriz, Iran

*Corresponding author: Email: m.keyghobady1365@gmail.com

Abstract

Rural chicken and poultry production is one of the major economic activities in livestock production in Iran. Segregation of major genes for four economically important traits of center of Mazandaran native's chickens including, age at sexual maturity, body weight at sexual maturity, number of eggs and egg intense, was studied. The method that used in this study was the major gene Index (MGI). Advantages of this method are its simplicity and time-reducing, cost-saving benefits compared with any other methods of detection of major genes. As breeding values of parents and offspring are needed by this method of major gene detection, Bayesian method via Gibbs sampling and by a single trait animal model was used.



For applying this method GIBBS3F90 software was used. Before applying this method, to avoiding false positive results, outlier data were deleted using three standard deviation method. Therefore, heritability and breeding values for all animals (sire and dam and offspring) for using in major gene index method were calculated. The results showed that by MGI Method, no segregating major gene was detected in this population.

Keywords: Bayesian analysis - Major gene effect - Major gene index - Mazandaran Native Chickens



مقایسه آماری احتمال وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر بین دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین ایرانی و خارجی

مریم مقدم موسی آبادی^۱، همایون فرهنگ فر^۲ و مسلم باشتنی^۳

* ۱- دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه بیرجند

۲- دانشیار دانشگاه بیرجند

۳- استادیار دانشگاه بیرجند

* نویسنده مسئول: مریم مقدم موسی آبادی. بیرجند- کیلومتر ۵ جاده کرمان- دانشکده کشاورزی دانشگاه بیرجند- گروه علوم دامی

تلفن تماس: ۰۹۱۵۹۲۸۲۹۳۳ پست الکترونیکی: M.moghadam12@yahoo.com

چکیده

تعداد ۹۳۸۰۴۷ رکورد روز آزمون متعلق به ۱۰۸۰۷۷ رأس گاو شکم اول (در ۴۲۷ گله که طی سالهای ۱۳۷۴ تا ۱۳۸۸ زایش داشتند) برای مقایسه آماری احتمال وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر در گامه اول شیردهی دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین ایرانی و خارجی، استفاده شد. یک مدل مختلط خطی تعمیم یافته لجستیک بر داده‌ها برازش داده شد. در مدل آماری اثرات ثابت نوع اسپرم تلقیح داده شده در مادر گاوها (داخلی یا خارجی)، فصل تولید، سن نخستین زایش، گله، نوع گاو (زین یا اصل)، سال زایش و اثر تصادفی پدر حیوان قرار داده شد. اثر نوع اسپرم بر احتمال وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر به لحاظ آماری معنی دار بود ($P < 0.0001$). برآورد نسبت احتمالات برای اسپرم‌های داخلی نسبت به اسپرم‌های خارجی ۱/۱۰۸ بود که نشان می‌دهد احتمال وقوع کاهش چربی شیر در دختران گاوهای نر هلشتاین ایرانی ۱۰/۸ درصد نسبت به دختران گاوهای نر هلشتاین خارجی بیشتر است. واژگان کلیدی: اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر- گاو نر هلشتاین- تحلیل لجستیک.

مقدمه

هدف اصلاح نژاد دام، بهبود ژنتیکی صفات مورد نظر در سطح جمعیت است. این امر می‌تواند در بیشینه کردن سود و راندمان اقتصادی یا کمینه کردن خطر اقتصادی محقق گردد (۳). منابع درآمد در صنعت پرورش گاو شیری عمدتاً بر اساس صفات تولیدی قرار دارد که در بین آن‌ها صفات تولید شیر (مقادیر شیر، چربی و پروتئین) از اهمیت اقتصادی برخوردارند (۴). چربی شیر علاوه بر این که پیچیده ترین جزء شیر محسوب می‌شود (۱ و ۲) حاوی اجزایی است که نقش مهمی در سلامتی انسان نیز بازی می‌کند (۵ و ۷). طیف گسترده ای از حیوانات وجود دارد که در ترکیب شیر دارای اختلاف می‌باشند. برخی از این تغییرات ترکیب شیر در داخل گونه‌ها، ناشی از سازه‌هایی مانند نژاد حیوان، مرحله شیردهی، سن زایش و عفونت غدد پستانی، فصل تولید و زایش و شرایط تغذیه ای است. هدف از تحقیق حاضر، مقایسه آماری احتمال وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر (در گامه اول شیردهی) بین دختران گاوهای نر هلشتاین ایرانی و خارجی با استفاده از تحلیل لجستیک بود.



مواد و روش‌ها

داده‌های مورد استفاده در این تحقیق در برگیرنده ۹۳۸۰۴۷ رکورد روز آزمون (صفات شیر، چربی و پروتئین) متعلق به ۱۰۸۰۷۷ رأس گاو شیری شکم اول در ۴۲۷ گله بود که در فاصله سال‌های ۱۳۷۴ تا ۱۳۸۸ زایش داشتند. متوسط تولید شیر، درصد چربی، نسبت چربی به پروتئین و سن هنگام اولین زایش گاوها به ترتیب ۳۰/۰۱ کیلوگرم، ۳/۳۶٪، ۱/۱۰۰ و ۲۵/۷ ماه بود. در مدل آماری اثرات ثابت نوع اسپرم تلقیح داده شده در مادر گاوها (داخلی یا خارجی)، فصل تولید، سن نخستین زایش، گله، نوع گاو (زینه (دورگ) یا اصیل (صددرصد ژن هلشتاین))، سال زایش و اثر تصادفی پدر حیوان قرار داده شد. صفت مورد آنالیز (متغیر وابسته تحقیق) کاهش چربی شیر^۱ بود که به صورت یک متغیر دوتایی^۲ تعریف شد. با استفاده از رکوردهای روز آزمون درصد چربی و پروتئین در ماه اول شیردهی، ابتدا نسبت آنها به یکدیگر (F/P) محاسبه گردید (FP_{sample}). در مرحله بعدی، میانگین نسبت مزبور در ماه اول شیردهی هر رأس گاو (که حداقل ۷ رکورد روز آزمون داشت محاسبه شد، $\overline{FP}_{lactation}$). سپس انحراف هر یک از نسبت‌های محاسبه شده برای هر رکورد روز آزمون مربوط به ماه اول شیردهی از طریق فرمول زیر بدست آورده شد (۷):

$$FP_{deviation} = FP_{sample} - \overline{FP}_{lactation}$$

بر اساس مقدار $FP_{deviation}$ تقسیم بندی دوتایی انجام گردید که اگر $FP_{deviation} \leq -0.12$ بود اختلال کاهش چربی شیر و در صورتی که $FP_{deviation} > -0.12$ بود اختلال مزبور وجود نداشت. $FP_{deviation}$ در حقیقت معیاری از تغییرات فیزیولوژیکی موقت در یک گاو است. مقدار -0.12 برای $FP_{deviation}$ مربوط به متوسط کاهش درصد چربی شیر به اندازه تقریباً ۰/۴ درصد است (۶). بدین ترتیب متغیر وابسته تحقیق، بصورت دوتایی تعریف شد. در پژوهش حاضر، برای برآورد اثر سازه نوع اسپرم بر متغیر وابسته دوتایی، از تابع ارتباط لجیت استفاده شد. مدل مورد استفاده در این تحقیق، یک مدل مختلط خطی تعمیم یافته با تابع ارتباط لجیت بود. مدل آماری مورد استفاده (در نماد ماتریس) به صورت زیر است:

$$y = p + e$$

$$\text{logit}(p) = \text{Log}_e \frac{1-p}{p} = Xb + Zu \Rightarrow p = \frac{\text{Exp}(Xb + Zu)}{1 + \text{Exp}(Xb + Zu)}$$

که در آن y مقدار واقعی متغیر پاسخ، p احتمال برآورد شده وقوع اختلال کاهش چربی شیر (تعریف شده بر حسب صفر برای عدم وقوع و یک برای وقوع اختلال کاهش چربی شیر) است. در مدل مزبور، Exp عدد نپری و برابر با 2.71828 ، X ماتریس ضرایب مربوط به اثرات ثابت و b بردار اثرات محیطی وارد شده در مدل، Z ماتریس ضرایب مربوط به اثر تصادفی پدر حیوان و u بردار تصادفی اثر پدر حیوان و e بردار باقی‌مانده می‌باشد. برازش مدل لجستیک فوق توسط رویه GLIMMIX نرم افزار آماری SAS انجام شد. برای اثرات معنی دار آماری، مقادیر نسبت احتمالات (OR) برآورد گردید.

نتایج و بحث

برآورد اثر سطوح و میانگین احتمال وقوع کاهش چربی شیر در جدول ۱ ارائه شده است.

1. Milk fat depression (MFD)
2. Binary variable



جدول ۱: برآورد اثر سطوح و میانگین احتمال وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر در رابطه با نوع اسپرم تلقیح داده شده

سطوح سازه	برآورد اثر	اشتباه معیار	سطح معنادار	میانگین	اشتباه معیار	حد پایین	حد بالای میانگین
اسپرم داخلی	-۱/۳۶۱	۰/۰۲۰۳۵	۰/۰۰۰۱	۰/۲۰۴۰	۰/۰۰۳۳۰	۰/۱۹۷۶	۰/۲۱۰۶
اسپرم خارجی	-۱/۴۶۳	۰/۰۲۰۰۴	۰/۰۰۰۱	۰/۱۸۷۹	۰/۰۰۳۰۵	۰/۱۸۱۹	۰/۱۹۳۹

نوع اسپرم بر احتمال وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر اثر معنی دار آماری داشت ($P < 0.0001$). نتایج نشان داد میانگین احتمال وقوع کاهش چربی شیر در دختران حاصل از اسپرم‌های داخلی و خارجی به ترتیب ۰/۲۰۴۰ و ۰/۱۸۷۹ بود. این امر بیانگر وقوع بیش تر این اختلال در بین دختران حاصل از اسپرم‌های داخلی نسبت دخترانی است که از اسپرم‌های خارجی ایجاد می شوند.

جدول ۲: مقایسه آماری میانگین احتمال وقوع کاهش چربی شیر در رابطه با نوع اسپرم تلقیح داده شده به همراه برآورد نسبت احتمالات

مقایسه سطوح	برآورد	اشتباه	سطح	نسبت	حد پایین	حد بالای
اختلاف	معیار	معنادار	احتمالات	نسبت	نسبت	نسبت
اثر				احتمالات	احتمالات	احتمالات
اسپرم داخلی	۰/۱۰۲۶	۰/۰۲۴۶۲	۰/۰۰۰۱	۱/۱۰۸	۱/۰۵۶	۱/۱۶۳
اسپرم خارجی						

دراین جدول مقایسه آماری دختران حاصل از اسپرم های داخلی نسبت به دختران حاصل از اسپرم های خارجی اجرا گردیده است.

با توجه به جدول ۲ برآورد نسبت احتمالات برای اسپرم‌های داخلی نسبت به اسپرم‌های خارجی ۱/۱۰۸ بود که نشان می‌دهد وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر در دختران حاصل از اسپرم‌های داخلی نسبت به اسپرم‌های خارجی در گامه اول شیردهی ۱۰/۸ درصد بیشتر است. از آنجایی که احتمال وقوع اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر در دختران حاصل از گاوهای نر هلشتاین خارجی کمتر بود، لذا به نظر می‌رسد در گله‌های گاو شیری کشور چنانچه در تلقیح ماده گاوها از اسپرم‌های خارجی استفاده گردد نه تنها تولید شیر بالاتری را در دختران ایجاد می‌کند بلکه سبب کاهش اختلال متابولیکی کاهش چربی شیر در آنها نیز خواهد شد.

تشکر و قدردانی

داده‌های مورد استفاده در این تحقیق، توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی (وزارت جهاد کشاورزی) ارائه گردیده است که بدین وسیله مراتب سپاسگزاری خود را از مسئولین محترم آن اعلام می‌نماییم.

منابع

- 1- Christie, W.W. 1995. Composition and Structure of milk lipids, Advanced dairy chemistry, Volume 2, lipids, P.F. Fox (Editor), Chapman & Hall. Pp: 1- 36.
- 2- Fennema, O.R. 1985. Food chemistry, Second Edition, Marcel Dekker, Inc. New York.
- 3- Gibson, J. 2005. Introduction to Breeding Objectives. Armidale Animal Breeding Summer Course.
- 4- Goddard, M.E. and G.R. Wiggans. 1999 . Genetic Improvement of Dairy Cattle. The Genetics of Cattle. CAB International. PP: 511-537.
- 5- Parodi, P.W. 1999. Conjugated linoleic acid and other anticarcinogenic agents of bovine milk fat. Journal of Dairy Science. 82:1339-1349.
- 6- Stoop, W.M., H. Bovenhuis., J. M. L. Heck and J. A. M. van Arendonk. 2009. Effect of lactation stage and energy status on milk fat composition of Holstein-Friesian cows. Journal of Dairy Science. 92 :1469-1478.
- 7- Sofi, F., A. Buccioni., F. Cesari., A.M. Gori., S. Minieri., L. Mannini., A. Casini., G. F. Gensini., R. Abbate and M. Antongiovanni. 2009. Effects of a dairy product (pecorino cheese) naturally rich in cis-9, trans-11 conjugated linoleic acid on lipid, inflammatory and haemorheological variables: A dietary intervention study. Nutr. Met. Card. Dis. (in press). doi:10.1016/ j.numecd. 2009.03.004.

Statistical comparison of incidence probability of milk fat depression between progeny of local and exotic Holstein bulls

M. Moghadam Mousa Abadi^{1*}, H. Farhangfar² and M. Bashtani³

1- M.Sc. Student, Department of Animal Science, University of Birjand, Iran

2- Associate Professor, Department of Animal Science, University of Birjand, Iran

3- Assistant Professor, Department of Animal Science, University of Birjand, Iran

* M.moghadam12@yahoo.com

Abstract:

A total of 938,047 test day records belonging to 108,077 first-parity cows (in 427 herds with calving year 1995-2009) were utilized for statistical comparison of incidence probability of milk fat depression (MFD) between progeny of local and exotic Holstein bulls. A logistic generalized linear mixed model was fitted to the data. In the model, fixed effects of sperm type (local and exotic), production season, age at first calving, herd, cow type (grade and pure Holstein), calving year as well as random effect of sire were included. Sperm type significantly affected MFD ($P < 0.0001$). As compared to the exotic sperm, estimate of odds ratio for the local sperm was found to be 1.108 indicating that daughters of the Iranian Holstein bulls are more probable (by 10.8%) to show MFD.

Keywords: Milk fat depression, Holstein bull, logistic analysis.



شناسایی جهش آللی در جایگاه بتا-کازئین با استفاده از PCR با آلل اختصاصی در گاوهای بومی سیستانی

مجید غلامی^{*}، سیدحسن حافظیان^۱، قدرت الله رحیمی^۱، زهره رحیمی^۲

۱-دانشکده کشاورزی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری، ۲-دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه

* نویسنده مسئول: مجید غلامی، m.gholami.g@gmail.com

چکیده

فرم‌های متفاوت آللیک در جایگاه ژنی بتا کازئین شامل آلل A1 و A2 در میان بسیاری از نژادهای گاو شیری گزارش شده است. بر خلاف بتا کازئین نوع A2، در شرایط آزمایشگاهی پپتید بیواکتیو بتا کازومورفین ۷ از هضم پروتئولیتیک بتاکازئین گاوی نوع A1 تولید می شود. در شیر هیدرولیز شده حاصل از بتا کازئین نوع A1، سطح بتا کازومورفین ۷، به میزان ۴ برابر شیر نوع A2 است. نتایج این تحقیق نشان داد که در جمعیت گاوهای سیستانی و فور هر یک از آلل های A1 و A2 به ترتیب برابر با ۵۴/۵ و ۴۵/۵ درصد و فراوانی هر یک ژنوتیپ های A1A1، A1A2 و A2A2 به ترتیب برابر با ۷۴/۵، ۱۶/۹ و ۸/۶ درصد بوده است. با توجه به احتمال اثر نامطلوب آلل A1 بر سلامت انسانی، باید با استفاده از برنامه های مطالعاتی جهت افزایش فراوانی ژنی و ژنوتیپی مطلوب در این جایگاه ژنی اقدام تا بتوان از پتانسیل ژنتیکی مذکور جهت افزایش خصوصیات کمی و کیفی شیر در گاوهای بومی ایران بهره جست. کلمات کلیدی: بتا کازئین - گاو سیستانی - مارکر اختصاصی - پپتید بیواکتیو

مقدمه

شیر یکی از مغذی ترین مواد غذایی مورد مصرف انسان است که در رشد، سلامت و تکامل انسان اهمیت زیادی دارد. شیر در بین غذا های متعدد با منشأ حیوانی و گیاهی، از جایگاه خاصی بر خوردار است، زیرا تنها غذای انسان است که از اولین روز تولد تا هنگام مرگ مورد نیاز می باشد. پروتئین موجود در شیر و فرآورده های آن در مقایسه با منابع دیگر پروتئین های حیوانی و گیاهی از ارزش بیولوژیکی بالایی برخوردار است. در شیر ۲ گروه از پروتئین های بزرگ شامل: کازئین ها و پروتئین های آب پنیر وجود دارند که کازئین ها قسمت عمده ی آن را تشکیل می دهند (۷). شیر گاو حاوی ۴ نوع کازئین شامل: α_1S ، α_2S ، β و کاپا می باشد (۱). همچنین گاما کازئین نیز وجود دارد که از تجزیه بتاکازئین حاصل می شود (۶). پروتئین آب پنیر از β -لاکتوگلوبولین، α -لاکتوآلبومین، ایمنوگلوبین ها، گلیکو ماکرو پپتیدها، سرم آلبومین گاو و اندکی از پروتئین های دیگر مثل لاکتو پروکسیداز، لیوزیم و لاکتوفرین تشکیل شده است (۲). فرم های متفاوت آللیک از بتا کازئین شامل آلل A1 و A2 در میان بسیاری از نژادهای گاو شیری گزارش شده است. در شرایط آزمایشگاهی پپتید بیواکتیو بتا کازومورفین ۷ از هضم پروتئولیتیک بتاکازئین ' گاوی نوع A1 تولید می شود. اما در نوع A2 این چنین به نظر نمی رسد. در شیر هیدرولیز شده حاصل از بتا کازئین نوع A1، سطح بتا کازومورفین ۷، به میزان ۴ برابر شیر نوع A2 است (۹). بنابراین انجام تحقیقات در خصوص شناسایی چند شکلی در جایگاه ژن بتا کازئین در جمعیت های مختلف گاو شیری در خصوص شناسایی نوع آلل ها با توجه به مواردی که فوقاً به آن ها اشاره شده از اهمیت ویژه ای برخوردار است.

در آزمونی که به منظور ارزیابی وارثه های کازئین در نژادهای گاو به وسیله AS-PCR و رابطه اش با بتا کازومورفین انجام گرفت، به صورت موفقیت آمیزی توانستند وارثه های بتا کازئین را به وسیله AS-PCR تشخیص دهند. صحت این آزمون به وسیله آنالیز تعیین توالی نیز تأیید شد (۴). گزارش شده است بتا کازئین A1 در گاوهای نژاد خالص آسیایی و آفریقایی وجود ندارند (۵).



گزارش شده است که آلل A2 ارزش اصلاحی برای تولید شیر و پروتئین را افزایش و درصد چربی در شیر را کاهش می دهد. در نتیجه ترجیح دادن آلل A2 منجر به افزایش اصلاحی برای تولید پروتئین و کاهش فراوانی آلل A1 که به عنوان یک فاکتور خطر برای سلامتی انسان شناخته شده است (۸). هدف ما در این تحقیق شناسایی چند شکلی در جایگاه ژنی بتا کازئین و برآورد وفور آلی و ژنوتیپی در گاوهای بومی سیستانی بوده است.

مواد و روش ها

خون گیری

در این تحقیق، از ۵۸ رأس گاو بومی سیستانی متعلق به دانشگاه زاهدان استفاده شد. از گاوهای مذکور خون گیری به میزان ۵ تا ۷ میلی متر از سیاهرگ زیر دم انجام گرفت. برای جلوگیری از انعقاد خون از ماده ضد انعقاد EDTA^۱ (۰/۵ مولار و PH=۸) به نسبت ۱ به ۱۰ (حجم ماده ضد انعقاد به حجم نمونه خون) استفاده شد. نمونه های گرفته شده بلافاصله با حفظ زنجیره سرد به آزمایشگاه منتقل و تا زمان استخراج DNA در دمای ۲۰- درجه سانتی گراد نگهداری شد. استخراج DNA به روش نمکی بهینه یافته^۲ انجام شد.

واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR)^۳

واکنش PCR در حجم ۲۵ میکرولیتر شامل ترکیبات با غلظت های، ۲/۵ میکرولیتر بافر میکرولیتر کلرید منیزیم (۲/۵ میلی مولار)، ۲/۵ میکرولیتر از هر یک از آغازگرها (۱۰ پیکو مول در هر میکرولیتر)، ۰/۲ میکرولیتر از آنزیم تک پلیمرز (۵ واحد در هر میکرولیتر)، ۰/۲ میکرولیتر مخلوط dNTPs (۲۵ میلی مولار در هر میکرولیتر)، ۰/۸ میکرولیتر DNA (با غلظت ۵۰ نانوگرم) و آب استریل دو بار تقطیر تا رسیدن به حجم مورد نظر انجام گرفت (جدول ۱).

جدول ۱- پروتکل حرارتی PCR

مرحله	درجه حرارت	زمان
واسرشت سازی اولیه	۹۵ درجه سانتی گراد	۲ دقیقه
واسرشت سازی	۹۴ درجه سانتی گراد	۱ دقیقه
اتصال آغازگرها	۵۸ درجه سانتی گراد	۱ دقیقه
بسط	۷۲ درجه سانتی گراد	۱ دقیقه

پس از مراحل استخراج برای تکثیر هر یک از آلل های A1 و A2، از تکنیک AS-PCR و پرایمرهای اختصاصی استفاده شد (جدول ۲).

جدول شماره ۲- پرایمر های اختصاصی مورد استفاده

منبع	توالی پرایمر	پرایمر
	F:5'-GCCCAGATGAGAGAAGTGAGG-3'	Primer F
	R:5'-GATGTTTTGTGGGAGGCTGTTAT-3'	Primer R1(A1)

^۱ . Ethylene Diamine Tetracetic Acid

^۲ . Modified salting – out

^۳ . Polymerase Chain Reaction



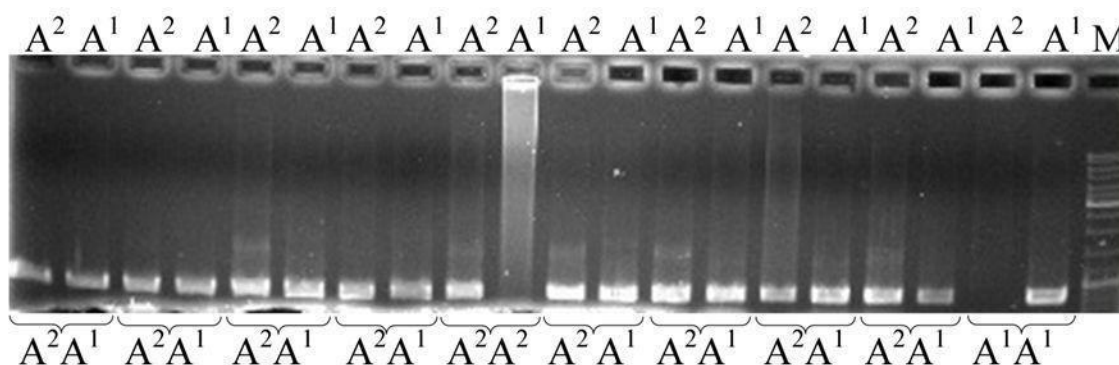
Primer R2(A2)	R:5'-GATGTTTTGTGGGAGGCTGTTAG-3'	۴

تعیین ژنوتیپ

جهت تعیین پلی مورفیسم ژن های مورد نظر در این تحقیق از تکنیک AS-PCR استفاده شد. در این روش پس از تکثیر قطعه مورد نظر به منظور شناسایی آلل ها و تعیین ژنوتیپ هر یک از افراد، محصولات PCR (آلل A1 و A2) که در ژن مورد نظر دارای طول ۸۵۴ باز بوده است روی ژل آگارز الکتروفورز شدند. به منظور شناسایی باندها از رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید استفاده شد. برآورد فراوانی ژنی و ژنوتیپی با شمارش مستقیم باندها از روی ژل انجام گرفت.

نتایج و بحث

در این تحقیق، از ۵۹ رأس گاو بومی سیستانی متعلق به دانشگاه زاهدان استفاده شد. نتایج مربوط به تعیین ژنوتیپ گاوهای مورد مطالعه در جدول ۳ نشان میدهد که درصد گاوهای متعلق به ژنوتیپ های A1A2، A1A1 و A2A2 به ترتیب برابر با ۷۴/۵، ۱۶/۹ و ۸/۶ درصد بوده است (شکل شماره ۱). در نتیجه در گاوهای بومی سیستانی اگر چه هر سه نوع ژنوتیپ یافت شد اما فراوانی ژنوتیپ ها در بین گاوهای مذکور متفاوت بود.



شکل شماره ۱- نمونه ای از ژنوتیپ گاوهای سیستانی (M= سایز مارکر)

در مطالعه حاضر فراوانی آلل A1 و A2 به ترتیب برابر با ۵۴/۵ و ۴۵/۵ درصد برآورد شد. نتایج نشان دهنده فراوانی بیشتر آلل A1 نسبت به آلل A2 می باشد (جدول ۳). در آزمونی که به منظور ارزیابی واریته های کازئین در نژادهای گاو به وسیله AS-PCR و رابطه اش با بتا کازومورفین انجام گرفت، به صورت موفقیت آمیزی واریته های بتا کازئین را به وسیله AS-PCR شناسایی و صحت آن به وسیله آنالیز تعیین توالی تأیید شد (۴). گزارش شده است بتا کازئین A1 در گاوهای نژاد خالص آسیایی و آفریقایی وجود ندارند (۵). در تحقیقی در ارتباط با فراوانی آلل های A1 و A2 از جایگاه ژنی بتا کازئین گاوی، در گاوهای نر هلشتاین لهستانی نشان داده شد که هضم بتا کازئین A1 تولید بتا کازومورفین ۷ می کند که این پپتید بیو اکتیو باعث بیماری های قلبی، دیابت نوع یک، سندرم مرگ ناگهانی در کودکان و بیماری های قلبی عروقی می شود. این محققین پیشنهاد نمودند که با نظارت بر تولید مثل گاوها، برنامه های اصلاح نژادی باید طوری طراحی شود که فراوانی آلل A1 کاهش یابد (۳).

جدول ۳- فراوانی ژنی و ژنوتیپی در جمعیت گاو سیستانی

نژاد	A1A1	A1A2	A2A2	A1	A2

فرم های متفاوت آللیک از بتا کازئین شامل آلل A1 و A2 در میان بسیاری از نژادهای گاو شیری گزارش شده است. در شرایط آزمایشگاهی پیتید بیواکتیو بتا کازومورفین ۷ از هضم پروتئولیتیک بتاکازئین گاوی نوع A1 تولید می شود. اما در نوع A2 این چنین به نظر نمی رسد. در شیر هیدرولیز شده حاصل از بتا کازئین نوع A1، سطح بتا کازومورفین ۷، به میزان ۴ برابر شیر نوع A2 است. بتا کازئین نوع A1 با نرخ بالایی از مرگ و میر ناشی از بیماری های عروقی قلبی مرتبط است. گزارش شده است که جمعیت هایی که شیر حاوی مقادیر بالایی از بتا کازئین A2 را مصرف می کنند کمتر به بیماری های عروقی و دیابت نوع ۱ مبتلا می شوند. همچنین بتا کازومورفین ۷ به عنوان عامل احتمالی سندروم مرگ ناگهانی در افراد نابالغ مطرح شده است (۹).

با توجه به احتمال اثر نامطلوب آلل A1 بر سلامت انسانی، باید با استفاده از برنامه های مطالعاتی جهت افزایش فراوانی ژنی و ژنوتیپی مطلوب در این جایگاه ژنی اقدام تا بتوان از پتانسیل ژنتیکی مذکور جهت افزایش خصوصیات کمی و کیفی شیر در جمعیت گاوهای شیری ایران بهره جست.

منابع

1. Eigel WN., Butle RJE., Ernstrom CA., Farrell HM., Halwarkar VR., Jenness R., Whitney RM. 1984. Nomenclature of proteins of cow's milk: fifth revision. J Dairy Sci, 67: 1599-163.
2. Farrell HMJr., Jimenez-Flores R., Bleck GT., Brown EM., Butler JE., Creamer LK., et al. 2004. Nomenclature of the proteins of cows' milk: sixth revision. J Dairy Sci, 87: 1641-1674.
3. Kamiński S., Ruś AA., Cieślińska A. 2006. note on frequency of A1 and A2 variants of bovine beta-casein locus in Polish Holstein bulls. Journal of Animal and Feed Science, 15: 195-198.
4. Keating1 AF., Smith TJ., Ross RPMT., Cairns A. 2008. Note on the evaluation of a beta-casein variant in bovine breeds by allele-specific PCR and relevance to casomorphin. Irish Journal of Agricultural and Food Research, 47: 99-104.
5. Kwai-Hang Ng., Grosclaude KF. 2002. Genetic polymorphism of milk proteins. In Fox PF and McSweeney PLH (eds), Advanced Dairy Chemistry, Chapter 16, pp737-814, Kluwer Academic/Plenum Publishers, New York.
6. Miller MJS., Witherly SA., Clark DA. 1990. Casein: a milk protein with diverse biologic consequences. Proc Soc Exp Biol Med, 195: 143-159.
7. Niki R., Kim GY., Kimura T., Takahashi K., Koyama K., Nishinari K. 1994. Physical properties and microstructure of rennet gels from casein micelles of different sizes. Milchwissenschaft, 49: 325-329.
8. Olenski KA., Kamiński SA., Szyda Jb., Cieslinska A. 2010. Polymorphism of the beta-casein gene and its associations with breeding value for production traits of Holstein-Friesian bulls. Livestock Science, 131: 137-140.
9. Stanis aw., Kamiński1 Ann., Cieoelińska1 El., bieta Kostyra. 2007. Polymorphism of bovine beta-casein and its potential effect on human health. J Appl Genet, 48: 189-198.

The Identification of allelic mutations of β -Casein in Sistani Bovines Using Allele Specific PCR

Majid Gholami^{1*}, Seyed Hasan Hafeziyan¹, Ghodratolah Rahimi¹, Zohre Rahimi²
1- Department Of Agriculture Science, Sari University, 2- Kermanshah University of Medical Sciences

* Corresponding E-mail address: m.gholami.g@gmail.com

Abstract

Milk protein is a valuable source of protein compared to proteins from other animal and plant sources. Different allelic forms of beta-casein including A1 and A2 alleles has been reported among many breeds of dairy cattle. Unlike beta-casein type A2, In vitro bioactive peptide of betacasomorphin7 of is produced by proteolytic digestion of bovine β -casein type A1. In hydrolyzed milk obtained from β -casein type A1, the level of beta betacasomorphin7 is around 4 times of type A2. In the present study the frequency of A1 and A2 alleles of β -casein in 58 Sistani cows were determined using allele specific PCR. Our results indicated that the frequency of A1 and A2 alleles in studied cows population were 54.5 and 45.5%, respectively. Also, the prevalence of A1A2, A1A1 and A2A2 genotypes were 74.5, 16.9 and 8.6%, respectively. Regarding the high prevalence of deleterious allele of A1 and adverse effects of this allele found in milk of these cows on human health, designing programs for increasing abundance of favorable gene and genotype for increasing the qualitative and quantitative of milk protein in native cows of Iran is suggested.

Key word: β -Casein; Sistani Bovines; Allele Specific; Bioactive Peptide



بررسی ارتباط چند شکلی ژن آروماتاز بر صفات اولیه رشد در گوسفند زندی با استفاده از روش PCR-RFLP

مریم اشرفی*^۱، دکتر علیرضا نوشری^۱، دکتر مهدی امین افشار^۲

۱- گروه علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج

۲- گروه علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات تهران

*نویسنده مسئول: مریم اشرفی، Ashrafi_m285@yahoo.com

چکیده

به منظور بررسی ارتباط چند شکلی ژن آروماتاز با صفات اولیه رشد از ۹۳ رأس گوسفند زندی نر و ماده از شیر گرفته در دامداری های قم که دارای رکورد بودند به طور تصادفی خون گیری به عمل آمد و DNA استخراج شده برای تکثیر قطعه ۱۴۰ جفت بازی استفاده شد. چند شکلی طول قطعات محصولات PCR با افزودن آنزیم برشی BSTMBI به محصول واکنش PCR شناسائی شد. ارتباط ژنوتیپ های جایگاه فوق با صفات اولیه رشد با استفاده از مدل های خطی عمومی مقایسه شد. نتایج نشان داد برای هیچ یک از صفات وزن تولد، وزن ۳ ماهگی و افزایش وزن روزانه تولد تا ۳ ماهگی با ژنوتیپ های شناسائی شده ارتباط معنی دار وجود ندارد.

کلمات کلیدی: ژن آروماتاز- چند شکلی -گوسفند زندی صفات اولیه رشد PCR-RFLP

مقدمه

آروماتازیک ترکیب پیچیده آنزیمی است که تبدیل استرول به استرادیول را کاتالیز می کند. (۳). ژن cyp19 که آنزیم P450 را در گوسفند کد می کند بر روی کروموزوم ۷، آگزون ۳ قرار دارد (۱). مطالعات و بررسی های انجام گرفته اثر حضور و فراوانی ال های از چند شکلی ژن آروماتاز Cyp19 را بر روی صفت رشد در چند نژاد مختلف از گوسفندان برزیلی نشان داد که ژنوتیپ AA مشاهده نشد و تنها دو ژنوتیپ AB و BB گزارش شد، مطالعات نشان می دهد بین ژنوتیپ AB و بیشترین وزن از شیرگیری در گوسفند ارتباط معنی دار وجود داشته است (۱). رابطه چند شکلی ژن آروماتاز Cyp19 در تعداد ی از گاوهای سیاه و سفید جرسی مشخص نمود که هیچ گونه ارتباطی بین چند شکلی ژن آروماتاز و صفت تولید شیر وجود ندارد (۲). نژاد زندی یکی از بهترین گوسفندان پوستی ایران محسوب می شود، اما بدلیل افزایش تقاضا برای گوشت، امروزه از این نژاد برای تولید گوشت استفاده می شود. هدف از انجام تحقیق حاضر شناسایی ژنوتیپ های ژن آروماتاز برای اولین بار در ایران و در گوسفند نژاد زندی به کمک روش PCR-RFLP و ارتباط چند شکلی ژن آروماتاز با صفات اولیه رشد در جمعیت گوسفندان زندی بود.

مواد و روشها

در این تحقیق از ۹۳ رأس گوسفند زندی نر و ماده از شیر گرفته در دامداری های قم به طور تصادفی خون گیری به عمل آمد، استخراج DNA با استفاده از کیت انجام گرفت جهت تعیین کمیت و کیفیت DNA استخراج شده از روش الکتروفرز بر روی ژل آگارز استفاده گردید. در این تحقیق، تکثیر در آگزون ۳ در کدون ۶۱ کروموزوم شماره ۷ ژن آروماتاز گوسفند به طول ۱۴۰ جفت باز با استفاده از یک جفت پرایمر اختصاصی صورت گرفت توالی آغازگرها به شرح زیر می باشد:

Forward 5' - CCAGCTACTTTCTGGGAATT-3'

Reverse

5'-

AATAAGGGTTTCCTCTCCACA-3'



واکنش PCR در حجم ۲۵ میکرولیترو با برنامه حرارتی زیر: ۹۵ درجه سانتیگراد جهت واسرشت سازی اولیه DNA به مدت ۳۰۰ ثانیه، واسرشت سازی نهایی در دمای ۹۵ درجه سانتیگراد به مدت ۲۵ ثانیه دمای ۴۵ درجه سانتیگراد جهت اتصال پرایمرها به مدت ۲۵ ثانیه، دمای ۷۲ درجه سانتیگراد جهت بسط آغازگرها به مدت ۲۵ ثانیه و ۷۲ درجه سانتیگراد برای بسط نهایی به مدت ۶۰ ثانیه به تعداد ۳۲ سیکل انجام شد. صحت قطعه به دست آمده از محصول PCR بر روی ژل آگارز ۱/۵٪ و رنگ آمیزی سای برگرین به همراه نشانگر وزنی M100 مورد تأیید قرار گرفت. به منظور برش آنزیمی قطعات DNA تکثیر شده حاصل از PCR، از آنزیم محدودگر BSTMBI استفاده شد. محصولات هضم شده با آنزیم بر روی ژل آگارز ۳٪ الکتروفورز گردید و با استفاده از سای برگرین رنگ آمیزی شد. به منظور بررسی رابطه بین چند شکلی جایگاه مورد نظر و صفات اولیه رشد شامل وزن تولد، وزن ۳ ماهگی و افزایش وزن روزانه تولد تا وزن ۳ ماهگی با توجه به ناشناخته بودن شجره از مدل ثابت واز رویه مدلهای خطی عمومی (GLM) نرم افزار SAS استفاده شد. مقایسه میانگین حداقل مربعات صفت وزن تولد بین سطوح مختلف ژنوتیپ ها با مدل آماری زیر انجام شد.

- وزن تولد :

$$y_{ijk} = \mu + BT_i + sex_j + G_k + e_{ijk}$$

BT_i = اثر تیپ تولد، Sex_j = اثر جنس، G_k = اثر ژنوتیپ، e_{ijk} = اثر تصادفی باقیمانده

- وزن ۳ ماهگی و افزایش وزن روزانه:

$$y_{ijklm} = \mu + BT_i + sex_j + b_1 Age_k + b_2 BW_L + G_m + e_{ijklm}$$

b_1 = ضریب تابعیت متغیر کمکی وزن در زمان توزین روی صفت مربوطه، Age_k = متغیر کمکی وزن در زمان توزین، b_2 = ضریب تابعیت متغیر کمکی وزن تولد روی صفت مربوطه، BW_L = متغیر کمکی وزن تولد، e_{ijklm} = اثر تصادفی باقیمانده

نتایج و بحث

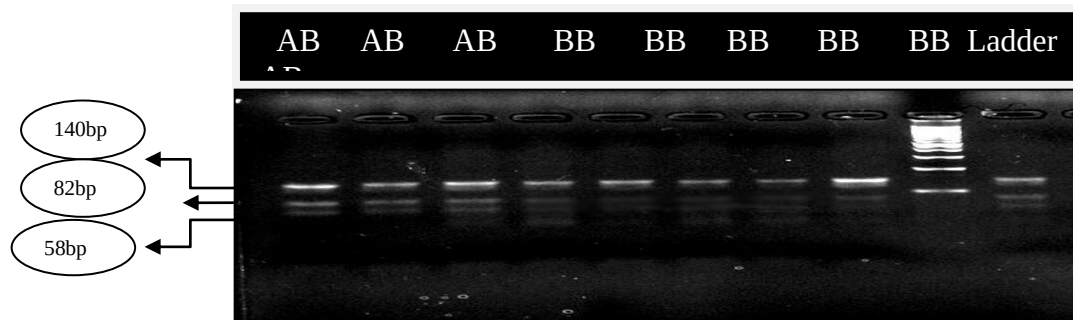
هضم قطعه ۱۴۰ جفت بازی با آنزیم BSTMBI وجود دو آلل A و B و دو ژنوتیپ AB و BB را نشان داد. در صورت وجود جهش، آنزیم برشی دو قطعه ۸۲bp و ۵۸bp را حاصل می کند (آلل A) در غیر این صورت، یک قطعه ۱۴۰bp مشاهده شده که نشان دهنده عدم وقوع جهش است (آلل B) (شکل-۱). نتایج نشان داد اثر ژن آروماتاز بر وزن تولد، وزن ۳ ماهگی و افزایش وزن تولد تا ۳ ماهگی غیر معنی دار است (جدول ۱). نتایج حاصل از این تحقیق از نظر ارتباط این ژن با صفات اولیه رشد با نتایج حاصل از تحقیقات لوبو و همکارانش (۲۰۰۹) مطابقت نداشت ولی از نظر چندشکلی ژن آروماتاز با نتایج حاصل از مطالعه آنها مطابقت داشت.

جدول ۱ - مقادیر $X \pm SD$ صفات برای ژنوتیپ های جایگاه آروماتاز

افزایش وزن روزانه (Kg)	وزن ۳ ماهگی (Kg)	وزن تولد (Kg)	
۰/۲۵۴ ± ۰/۰۱۰	۲۷/۱۸۳ ± ۰/۸۷۲	۴/۲۳۴ ± ۰/۱۴۵	AB
۰/۲۳۵ ± ۰/۰۱۴	۲۵/۶۱۱ ± ۱/۱۶۸	۴/۱۱۲ ± ۰/۱۹۴	BB



شکل ۱- محصول هضم آنزیمی روی ژل آگارز ۳٪



منابع

1-bezerra aliveira lobo,A.m , noato braga lobo,R and rezende paiva,S. aromatase gene and its effects on growth,reproductive and maternal ability traits in a multibreed sheep population from Brazil , Genetics and Molecular biology (2009), 32 ,3 ,484-490

2-Magdalena.J,Iwona.S,Slawomir.Z,Wilhelm.G,Ewa.C.p,and Andrzej.D, , Evaluation of association of the polymorphism in the placenta specific promoter 1.1 of the Cyp19 gene in Black-and-white and Jersey cattle with milk production traits, Arch.Tierz.,Dummerstorf 49 (2006) .4,311-314

3- Simpson ER, Mahendroo MS, Means GD, Kilgore MW, HinshelwoodMM, Graham-Lorence S, Amarneh B, Yuji I, FisherCR, Michael MD, Aromatase cytochromeP450, the enzyme responsible for estrogen biosynthesis.Endocr Rev,(1994) 15:342-355.

The association study of aromatase gene polymorphism on early growth traits in zandi breed sheep

Maryam Ashrafi* 1, Ali Reza Noshary1, Mehdi Amin Afshar2

1- Department of Animal Science, Islamic Azad University,Karaj Branch

2-Department of Animal Science ,Science and Research Branch , Islamic Azad University Tehran ,Iran

* Maryam Ashrafi ,E-mail address: Ashrafi_m285@yahoo.com

Abstract

In order to study the association of aromatase genes polymorphism and early growth traits for 93 male and female weaned Zandi sheep in Qom Province the blood samples were taken randomly. The extracted DNA was used for amplification of 140 bp fragments. Restriction Fragment Length Polymorphism analysis were used by BSTMBI restriction enzyme. The association between PCR-RFLP Genotypes and early growth traits were studied by GLM method. The results show that there are no any significantly difference between birth weight,3 month weight and daily gain from birth to 3 month age and detected genotypes.

Keyword: PCR-RFLP- Polymorphism-aromatase gene- zandi sheep- early growth traits



برآورد وراثت پذیری و همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی صفات خطی تیپ در گاوهای هلشتاین استان اصفهان

*^۱ مهدی کاوندی^۲ محمدعلی ادریس

1- دانش آموخته کارشناسی ارشد رشته ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه صنعتی اصفهان

۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان

*نویسنده مسئول: مهدی کاوندی mkavandi@yahoo.com

چکیده

در این بررسی به منظور تعیین و برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات خطی تیپ در گاوهای هلشتاین استان اصفهان، از اطلاعات ۳۳۰۴ خط رکورد مربوط به صفات تیپ گاوهای هلشتاین ۸ گاوداری تحت پوشش مرکز اصلاح نژاد، سازمان جهاد کشاورزی استان اصفهان و تعاونی دامداران وحدت اصفهان مورد رکورد برداری قرار گرفته بودند، استفاده شد. جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی از روش حداکثر درست نمایی محدود شده با الگوریتم بدون مشتق گیری با مدل های حیوانی چند متغیره نرم افزار DF-REML استفاده شد. وراثت پذیری صفات خطی در دامنه ای بین (۰/۱۶) تا (۰/۵۰) قرار داشتند که بالاترین آن مربوط به صفت قد و قامت و پائین ترین آن مربوط به صفت زاویه سم می شود. در بررسی حاضر بیشترین همبستگی ژنتیکی مثبت بین صفت اندازه بدن با صفات قد و قامت (۰/۷۶)، طول کپل (۰/۶۱)، عرض کپل (۰/۴۲)، پاهای عقب از دید عقب (۰/۳۸)، عرض سینه (۰/۴۷) و عمق بدن (۰/۴۰) دیده شد. این موضوع نشان می دهد که انتخاب بر اساس صفت اندازه بدن ممکن است صفاتی همچون قد و قامت، طول کپل، عرض کپل، پاهای عقب از دید عقب، عرض سینه و عمق بدن را بهبود بخشد.

واژه های کلیدی: وراثت پذیری - همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی - صفات خطی تیپ

مقدمه

یک گاودار برای تغذیه و اصلاح نژاد بهتر و غلبه بر مشکلات مدیریتی باید بتواند گاو خویش را مورد ارزیابی قرار داده و درباره آن قضاوت نماید و آنها را برحسب تیپ طبقه بندی کند (۸، ۴، ۳). بنابراین خصوصیات مربوط به تیپ رابطه نزدیکی با بازده اقتصادی یک گله گاو شیری دارد و یک گاودار باید بداند که یک عمر مفید طولانی و تولید بالا تحت تاثیر چه صفاتی هستند و چه صفاتی در جلوگیری از وقوع مسائل مربوط به دست و پا و ناراحتی های پستان دخیل می باشند (۸). تیپ عبارتست از شکل و فرم آن بخش از اجزای تشکیل دهنده پیکره دام که دارای بعد فیزیکی و قابل مشاهده بوده، در قضاوت ظاهری دام مورد استفاده قرارگیرد و براساس ارزیابی انجام شده، دام مورد نظر در طبقه بندی مناسب قرارگیرد (۸). براساس میزان تابعیت خصوصیات ظاهری دام از تیپ استاندارد، رتبه دام در طبقه بندی تعیین می گردد. گاوهای هلشتاین سیاه و سفید با تیپ استاندارد باید دارای خصوصیتی باشند که عبارتند از: وزن مناسب و چهارچوب بدنی قوی، فرم مثلی در ناحیه کپل، (به طوری که از بالا پهلوها و کپل دام دیده شود) شیب ملایم برای زاویه کپل، قد و قامتی حدود ۱۴۸ تا ۱۵۰ سانتی متر، پستانهایی با کیفیت عالی و اتصالات محکم، پستانک های (جلو) نزدیک به هم، رباطهای نگهدارنده قوی و عملکرد کاملاً مناسب پاها و سم در هنگام راه رفتن (۸، ۵).

مواد و روش ها



در این تحقیق اطلاعات ۳۳۰۴ خط رکورد مربوط به صفات تیپ از بخش اصلاح نژاد دام اداره جهاد کشاورزی استان اصفهان و شرکت تعاونی دامداری وحدت اصفهان گرفته شد. فایل های اطلاعاتی صفات تیپ شامل نام دامداری، شماره ثبت دام، شماره ثبت پدر و مادر، تاریخ تولد، تاریخ زایش، امتیاز صفات خطی تیپ و تاریخ ارزیابی بودند. اطلاعات گرفته شده مربوط به ارزیابی تیپ گاوداری های استان اصفهان از سال ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۳ بودند. آماده سازی و ویرایش داده ها توسط نرم افزار FoxPro انجام گرفت. برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات مذکور بر اساس مدل حیوانی چند متغیره با به کارگیری روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) و با استفاده از نرم افزار DFREML انجام شد. مدل عمومی زیرجهت آنالیز مورد استفاده قرار گرفت.

$$y_{ij} = HYS_i + a_j + \sum_{n=1}^m b_n (age_{ij})^n + e_{ij}$$

y_{ij} - آماره صفات تیپ i امین HYS مربوط به i امین آماره حیوان، HYS - اثر ثابت گله، سال - فصل زایش، a_j - اثر تصادفی حیوان، age_{ij} - اثر سن اولین زایش به عنوان متغیر کمکی، b_n - ضرایب رگرسیونی ثابت و e_{ij} - اثر تصادفی باقیمانده.

نتایج و بحث

وراثت پذیری، همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی صفات خطی تیپ، حاصل از تجزیه و تحلیل چندمتغیره در جدول ۱- ارائه شده است. وراثت پذیری صفات خطی در دامنه ای بین (۰/۱۶) تا (۰/۵۰) قرار داشتند که بالاترین آن مربوط به صفت قدوقامت و پائین ترین آن مربوط به صفت زاویه سم می شود. همبستگی های فنوتیپی صفات خطی تیپ در دامنه ای بین (۰/۳۵-) تا (۰/۴۹) قرار داشتند که بالاترین همبستگی فنوتیپی مربوط به صفات قدوقامت و اندازه بدن (۰/۴۹) و کمترین همبستگی مربوط به صفات پاهای عقب از دید پهلو و پاهای عقب از دید عقب (۰/۳۵-) می باشد. همبستگی فنوتیپی امتیاز قدوقامت با اکثر صفات خطی تیپ به استثنای امتیاز زاویه کپل (۰/۰۲-) مثبت به دست آمد. که این موضوع نشان می دهد دامهائی که قدوقامت مناسبی دارند از لحاظ سایر صفات دیگر تیپ به جز زاویه کپل نیز ممکن است وضعیت بهتری از خود نشان دهند. هاگسترا و همکاران (۶) در مطالعه خود همبستگی فنوتیپی بین صفات پاهای عقب از دید پهلو و پاهای عقب از دید عقب را (۰/۴۹) گزارش کردند. شورت و لاولر (۷) در بررسی خود همبستگی فنوتیپی بین دو صفت پاهای عقب از دید پهلو و پاهای عقب از دید عقب را منفی (۰/۳۱-) گزارش کردند. همبستگی ژنتیکی صفات خطی در دامنه ای بین (۰/۵۹-) تا (۰/۷۶) قرار داشتند که بیشترین همبستگی ژنتیکی بین صفات اندازه بدن و قدوقامت (۰/۷۶) و اندازه بدن و طول کپل (۰/۶۱) و کمترین آن بین صفات پاهای عقب از دید عقب با پاهای عقب از دید پهلو (۰/۵۹-) و پاهای عقب از دید عقب با زاویه کپل (۰/۵۴-) دیده شد.

در بررسی حاضر بیشترین همبستگی ژنتیکی مثبت بین صفت اندازه بدن با صفات قد و قامت (۰/۷۶)، طول کپل (۰/۶۱)، عرض کپل (۰/۴۲)، پاهای عقب از دید عقب (۰/۳۸)، عرض سینه (۰/۴۷) و عمق بدن (۰/۴۰) دیده شد و بیشترین همبستگی ژنتیکی منفی صفت اندازه بدن با صفات زاویه کپل (۰/۴۲-) و پاهای عقب از دید پهلو (۰/۱۴-) بود. این موضوع نشان می دهد که انتخاب بر اساس صفت اندازه بدن ممکن است صفاتی همچون قد و قامت، طول کپل، عرض کپل، پاهای عقب از دید عقب، عرض سینه و عمق بدن را بهبود بخشد. نتایج فوق با نتایج رضایی (۲) متفاوت و با نتایج خواجه غیائی (۱) مشابه است. همبستگی ژنتیکی صفت عمق بدن با صفات عرض سینه (۰/۵۶)، طول کپل (۰/۴۶)، عرض کپل (۰/۳۸)، و با صفات زاویه کپل (۰/۲۶-) و استقرار پاهای عقب از دید پهلو (۰/۲۰-) بدست آمد، نتایج حاصله نشان می دهد که انتخاب برای صفت عمق بدن ممکن است موجب بهبود صفات عرض سینه، طول کپل و عرض کپل شود. نتیجه بدست آمده از تحقیق



حاضر با نتایج هاکسترا و همکاران (۵۹) همخوانی دارد ولی با نتایج رضایی (۲) و خواجه غیائی (۱) متفاوت است و تفاوت در نتایج به دست آمده احتمالاً بدلیل تعداد داده‌ها و نوع مدل استفاده شده در برآورد اجزاء واریانس می‌باشد. صفت زاویه کپل با اکثر صفات خطی تیپ به استثنای صفات کمر (۰/۲۲) و پاهای عقب از دید پهلوی (۰/۱۶) همبستگی ژنتیکی منفی نشان داد. این مطلب گویای آن است که در صورت انتخاب برای صفت زاویه کپل ممکن است اکثر صفات تیپ به جز صفات ذکر شده که با زاویه کپل همبستگی ژنتیکی مثبت دارند، تحت تاثیر منفی قرار گیرند. هاکسترا و همکاران (۶) همبستگی ژنتیکی صفت زاویه کپل را با اکثر صفات تیپ به استثنای صفات پاهای عقب از دید پهلوی و طول سرپستانکها منفی گزارش کردند. نتایج تحقیق حاضر با نتایج رضایی (۲) متفاوت ولی با نتایج خواجه غیائی (۱) همخوانی دارد. با توجه به این که میانگین امتیاز این صفت در گاوهای هلشتاین اصفهان در محدوده نامناسبی قرار دارد لذا بایستی در زمان انتخاب دقت بیشتری صورت گیرد. صفت عرض سینه با اکثر صفات مربوط به ابعاد بدن شامل قدوقامت (۰/۱۷)، اندازه بدن (۰/۴۷)، کمر (۰/۵۹)، عمق بدن (۰/۵۶)، عرض کپل (۰/۲۱)، طول کپل (۰/۰۲)، پاهای عقب از دید پهلوی (۰/۲۷)، زاویه سم (۰/۱۴) و پاهای عقب از دید عقب (۰/۲۱) همبستگی ژنتیکی مثبت و با زاویه کپل (۰/۰۲-) همبستگی ژنتیکی منفی نشان داد.

نتایج حاصل با مطالعه رضایی (۲) متفاوت و با بررسی خواجه غیائی (۱) و هاکسترا و همکاران (۶) مشابه است. با توجه به نتایج به دست آمده می‌توان گفت که انتخاب بر اساس صفت عرض سینه ممکن است تمام صفات مربوط به ابعاد بدن و صفات مربوط به امتیاز دست و پا را بهبود و ترقی دهد.

صفت ^۱	STAT	SIZE	LOIN	BDEP	PINS	PINW	RLSV	FA	RL	RLRV	CHW
STAT	۰/۵۰	۰/۴۹	۰/۰۲	۰/۱۴	-۰/۰۲	۰/۲۳	۰/۰۶	۰	۰/۴۶	۰/۱۲	۰/۱۵
SIZE	۰/۷۶	۰/۲۸	۰/۰۲	۰/۳۸	-۰/۰۲	۰/۳۲	-۰/۰۱	۰/۰۴	۰/۳۸	۰/۱۰	۰/۵۱
LOIN	۰/۱۴	۰/۰۸	۰/۲۲	۰/۱۲	۰/۱۰	-۰/۰۳	۰/۰۷	۰/۰۳	-۰/۰۳	۰/۰۲	۰/۱۷
BDEP	۰/۳۴	۰/۴۰	۰/۳۶	۰/۲۴	-۰/۰۲	۰/۲۰	۰/۰۱	۰/۰۱	۰/۲۱	۰/۰۵	۰/۴۲
PINS	-۰/۲۷	-۰/۴۲	۰/۲۲	-۰/۲۶	۰/۱۹	-۰/۰۴	۰/۰۷	-۰/۰۱	-۰/۰۴	-۰/۰۶	۰/۰۴
PINW	۰/۲۹	۰/۴۲	-۰/۱۲	۰/۳۸	-۰/۲۷	۰/۳۵	-۰/۰۷	-۰/۰۵	۰/۲۰	۰/۰۷	۰/۲۰
RLSV	۰/۰۱	-۰/۱۴	۰/۴۹	-۰/۲۰	۰/۱۶	-۰/۳۷	۰/۲۲	۰/۰۳	-۰/۰۹	-۰/۳۵	۰/۱۳
FA	-۰/۱۴	۰/۰۸	۰/۱۷	-۰/۰۹	-۰/۰۹	-۰/۰۱	۰/۳۸	۰/۱۶	-۰/۰۴	۰/۰۶	۰/۰۸
RL	۰/۶۰	۰/۶۱	۰/۰۹	۰/۴۶	-۰/۲۸	۰/۰۶	-۰/۲۴	-۰/۰۷	۰/۳۶	۰/۰۶	۰/۱۳
RLRV	۰/۳۷	۰/۳۸	۰/۰۱	۰/۱۰	-۰/۵۴	۰/۲۶	-۰/۵۹	-۰/۰۷	۰/۱۲	۰/۱۷	۰/۰۶
CHW	۰/۱۷	۰/۴۷	۰/۵۹	۰/۵۶	-۰/۰۲	۰/۲۱	۰/۲۷	۰/۱۴	۰/۰۲	۰/۲۱	۰/۲۸

جدول ۱- وراثت پذیری (روی قطر)، همبستگی ژنتیکی (پایین قطر) و همبستگی فنوتیپی (بالای قطر) بین صفات خطی تیپ

^۱ STAT-قدوقامت، SIZE-اندازه، LOIN-کمر، BDEP-عمق بدن، PINS-زاویه کپل، PINW-عرض

کپل، RLSV-پاهای عقب از دید پهلوی، FA-زاویه سم، RL-طول کپل، RLRV-پاهای عقب از دید عقب، CHW-

عرض سینه

منابع



۱. خواجه غیاثی، پ. ۱۳۷۶. برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات ظاهری و تولیدی در گاوهای نژاد هلشتاین. پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه آزاد اسلامی واحد خوراسگان.
 ۲. رضایی، ه. ۱۳۸۰. برآورد پارامترهای ژنتیکی تیپ، تولید و طول عمر در گاوهای هلشتاین ایران، پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گیلان.
 ۳. مقیمی اسفندآبادی، ا. ۱۳۷۲. بررسی روش های ارزیابی و قضاوت در گاوهای شیری، پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تربیت مدرس.
- . Animal data center ltd. 2000. Genetic evaluation for dairy breeds in united kingdom, technical bulletin.
 - . Hamoen, A., and Jong, G. 1995. "Type classification (1)", Veeopro magazine, Vol. 21, pp. 16-24.
 - . Hoekstra, J., Vander lugt, A. W., vander werf, J. H. J., and ouweltjes, W. 1994. "Genetic and phenotypic parameters for milk production and fertility traits in upgraded dairy cattle", Livest. Prod. Sci. Vol. 40, pp. 225-232.
 - . Short, T. H., and Lawler, T. J., and Lee, K. L. 1991. "Genetic parameters for three experimental linear type traits", J. Dairy Sci. Vol. 74, pp. 2020-2025.
 - . Trim Berger, G. W., Etgen, W. M., and Galetton, D. M. 1992. Dairy cattle judging techniques. 4th Ed. New jersey

Estimate of heritability, genetic and phenotypic correlations among linear type traits in Isfahan Holstein cows

Mehdi Kavandi ^{□*}, Mohammadali Edriss²

□□ MS.C of genetics and animal breeding, Isfahan University of technology.

□□ Faculty member of department of Animal Science, Isfahan University of technology.

*Corresponding E-mail address: mkavandi61@yahoo.com

Abstract

In this study, 3304 type trait records of Holstein dairy cattle in 8 herds from 1991 to 2004 (Animal Breeding Center of Isfahan Agricultural Jihad Organization and Vahdat Agriculturists and dairymen cooperative) were used to estimate of heritability and genetic and phenotypic correlations among linear type traits. The genetic parameters were estimated by restricted maximum likelihood with an animal model and DFREML software. Heritability estimates for linear type traits ranged from 0.16 for foot angle to 0.50 for stature. In the present study, most positive Genetic correlation estimates between Size with Stature, Rump length, Rump width, Rear legs rear view, Chest width and Body depth were: 0.76, 0.61, 0.42, 0.38, 0.47 and 0.40 respectively. According to these results, it could be recommended that: with selection based on size we can get good progress in other type traits (Stature, Rump length, Rump width, Rear legs rear view, Chest width and Body depth) effectively.

Keywords: heritability - genetic and phenotypic correlation - linear type traits.



برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین استان قزوین

مونا خلقی^۱، ابراهیم میرزامحمدی^{۱*}، محمود وطن خواه^۲

۱- دانشجو و دانش آموخته کارشناسی ارشد دانشگاه کردستان، ۲- دانشیار مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی

شهرکرد

* نویسنده مسئول: ابراهیم میرزامحمدی

emirzamohamadi@chmail.ir

چکیده

به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مقدار شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین گاوهای هلشتاین استان قزوین، به ترتیب از تعداد ۲۱۶۵۴، ۱۸۲۷۹ و ۱۷۴۴۳ رکورد مقدار شیر، چربی و پروتئین مربوط به گاوهای هلشتاین دوره شیردهی اول، که توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور از ۷۱ گله در استان قزوین طی سالهای ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۸ جمع آوری شده بود استفاده شد. پارامترهای ژنتیکی با تجزیه پنج صفی و روش حداکثر درستنمایی محدود شده با الگوریتم میانگین اطلاعات (AIREML) و با استفاده از نرم افزار Wombat برآورد شدند. میزان ضرایب وراثت پذیری مقدار شیر، چربی، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین به ترتیب $0/24 \pm 0/01$ ، $0/15 \pm 0/01$ ، $0/21 \pm 0/01$ ، $0/31 \pm 0/02$ و $0/30 \pm 0/02$ برآورد شد. همچنین همبستگی ژنتیکی بین صفات شیر- چربی، شیر-پروتئین، شیر-درصد چربی، شیر-درصد پروتئین، چربی- پروتئین، چربی- درصد چربی، چربی- درصد پروتئین، پروتئین- درصد چربی، پروتئین- درصد پروتئین، درصد چربی- درصد پروتئین به ترتیب $0/63 \pm 0/03$ ، $0/91 \pm 0/01$ ، $0/64 \pm 0/03$ ، $0/58 \pm 0/03$ ، $0/72 \pm 0/03$ ، $0/19 \pm 0/04$ ، $0/07 \pm 0/05$ ، $0/44 \pm 0/01$ ، $0/19 \pm 0/04$ و $0/30 \pm 0/02$ برآورد شد. واژه های کلیدی: صفات تولیدی - پارامترهای ژنتیکی - گاوهای هلشتاین قزوین.

مقدمه

صفات تولیدی در گاو شیری جزء صفات کمی هستند که توسط تعداد زیادی ژن کنترل می شوند و تعیین سهم ژن ها با اثر افزایشی می تواند در تعیین ارزش های اصلاحی صفات و انتخاب موثر باشد (۱۱). در عمده پژوهش ها وراثت پذیری این صفات در محدوده متوسط به بالا گزارش شده است، بنابراین بروز این صفات در جمعیت متأثر از عوامل ژنتیکی می باشد. اگرچه مسائل مدیریتی و اثر متقابل بین ژنتیک و محیط نیز سهم زیادی در بروز این صفات دارند (۹ و ۱۰). در اغلب پژوهش ها گزارش شده است عملکرد بهترین ظرفیت های ژنتیکی نیز در محیط های نامساعد محدود می شود (۹). لذا بهبود عملکرد این صفات در گله مستلزم کنترل عوامل محیطی، مدیریت و جهت دهی تولید مثل حیوانات جهت بالابردن پتانسیل ژنتیکی گله می باشد. اغلب پژوهشگران گزارش کرده اند در اقلیم های مختلف پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی جمعیت گاوهای هلشتاین به شکل معنی داری تحت تأثیر قرار گرفته است (۸). اخیراً در ایران نیز مطالعاتی صورت گرفته است و گزارش شده است پارامترهای ژنتیکی در اقلیم های مختلف و برخی استان های ایران نیز متفاوت بوده است (۶). سوال این است که پارامترهای ژنتیکی و همبستگی ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین صفات تولیدی گاوهای هلشتاین استان قزوین به چه صورت است. بنابراین هدف از این پژوهش برآورد پارامترهای ژنتیکی، و فنوتیپی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین استان قزوین می باشد.

مواد و روش

در این پژوهش به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین استان قزوین به ترتیب از تعداد ۱۸۶۳۱، ۱۷۲۷۵ و ۱۵۱۴۳ رکورد مقدار شیر، چربی و پروتئین مربوط به گاوهای هلشتاین دوره شیردهی اول، که توسط مرکز



اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور از ۷۱ گله در استان قزوین طی سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۸ جمع‌آوری شده بود استفاده شد. رکوردهای مربوط به صفات مورد مطالعه در مرکز اصلاح نژاد برای ۳۰۵ روز در سال و دو بار دوشش در روز و سن بلوغ تصحیح شده بودند. جهت ویرایش و تنظیم داده‌ها از نرم افزار Microsoft visual FoxPro 9.0 (2009) با محدودیت‌های زیراستفاده شد. مقدار شیر کمتر از ۱۰۰۰ و بیشتر از ۱۴۰۰۰ کیلوگرم، مقدار چربی و پروتئین کمتر از ۳۵ کیلوگرم در طول دوره ۳۰۵ روز، سن در زمان اولین زایش کمتر از ۱۸ ماه و بیشتر از ۳۲ ماه، همچنین گروه‌های هم‌دوره‌ایی که (گله-سال-فصل) کمتر از چهار رکورد داشته‌اند، از فایل داده‌ها حذف گردیدند. خلاصه آماری داده‌های مورد استفاده در این پژوهش در جدول ۱ نشان داده شده است.

جدول ۱: آمار توصیفی داده‌های مورد استفاده در این پژوهش

صفت	تعداد	حداقل	حداکثر	میانگین	انحراف معیار	ضریب تغییرات (%)
مقدار شیر (کیلوگرم)	۱۸۶۳۱	۱۲۹۹/۹۹	۱۳۹۹۲/۲۴	۷۹۷۰/۸۵	۱۵۹۳/۶۱	۱۹/۹۹
مقدار چربی (کیلوگرم)	۱۷۲۷۵	۶۴/۳۳	۴۷۲/۰۴	۲۵۰/۲۵	۵۷/۵۳	۲۲/۹۸
مقدار پروتئین (کیلوگرم)	۱۵۱۴۳	۶۷/۶۵	۴۴۲/۰۸	۲۳۶/۳۹	۴۹/۷۲	۲۱/۰۴
درصد چربی	۱۷۲۷۵	۲/۰۰	۵/۷۶	۳/۱۷	۰/۰۴۸	۱۵/۲۴
درصد پروتئین	۱۵۱۴۳	۲/۰۱	۵/۳۷	۲/۹۵	۰/۳۱	۱۰/۶۶

پارامترهای ژنتیکی از طریق تجزیه پنج صفتی با روش حداکثر درستنمایی محدود شده با الگوریتم میانگین اطلاعات (AIREML) و با استفاده از نرم افزار WOMBAT 1.0 (Meyer, 2010) برآورد شدند. تجزیه و تحلیل آماری به منظور تعیین اثر عوامل ثابت موثر بر صفات با استفاده از رویه GLM نرم افزار SAS 9.1(2004) و آماده سازی فایل شجره نیز با نرم افزار CFC 1.0 (Sargolzaei et al., 2006) انجام شد. در این پژوهش مدل آماری زیر برای برآورد پارامترهای ژنتیکی مورد استفاده قرار گرفت.

$$y_i = X_i b_i + Z_i a_i + e_i$$

در این مدل y_i = بردار مشاهدات برای i امین صفت، b_i ، بردار اثرات ثابت (شامل اثر گله-سال-فصل و اثر سن گاو به ماه) برای i امین صفت؛ a_i ، بردار اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم حیوان برای i امین صفت؛ e_i ، بردار اثرات تصادفی باقی مانده برای i امین صفت و X و Z ، ماتریس‌های طرح که رکوردهای هر صفت را به ترتیب به اثرات ثابت و اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم دام مرتبط می نمایند.

نتایج و بحث

مولفه‌های واریانس و پارامترهای صفات مورد مطالعه در جدول ۲ نشان داده شده است. میزان ضریب وراثت پذیری مقدار شیر، پروتئین، درصد چربی و درصد پروتئین در حد متوسط و برای مقدار چربی کم برآورد شده است که بجز مقدار شیر وراثت پذیری سایر صفات در محدوده گزارشات سایر پژوهشگران بود.



جدول ۲- اجزای واریانس و ضریب وراثت پذیری صفات تولیدی گاوهای هلشتاین استان قزوین

ضریب وراثت	مولفه‌های واریانس			صفت
	فنوتیپی	محیطی	ژنتیکی	
پذیری				
۰/۲۴±۰/۰۱	۱۸۰۲۴۵۰/۰۰±۶۵۷۳۲	۱۳۶۴۱۷۰/۳۴±۵۴۳۱۲	۴۳۸۲۷۹/۲۱±۲۳۱۲	مقدار شیر
۰/۱۵±۰/۰۱	۱۷۹۴/۳۶±۱۷/۳۸	۱۵۲۵/۸۲±۲۲/۰۱	۲۶۸/۵۳±۲۳/۲۹	مقدار چربی
۰/۲۱±۰/۰۱	۱۳۲۶/۷۱±۸/۳۵	۱۰۶۰/۱۸±۱۰/۳۳	۲۶۶/۵۲±۱۱/۶۰	مقدار پروتئین
۰/۳۱±۰/۰۲	۰/۱۴±۰/۰۱	۰/۱۱±۰/۰۱	۰/۰۳±۰/۰۰۱	درصد چربی
۰/۳۰±۰/۰۲	۰/۰۴±۰/۰۱	۰/۰۳±۰/۰۱	۰/۰۱۱±۰/۰۰۱	درصد پروتئین

میزان تنوع ژنتیکی برآورد شده برای مقدار شیر در جمعیت گاوهای هلشتاین استان قزوین نسبت به گزارش رزم کبیر و همکاران (۱۳۸۸) و صاحب‌هنر و همکاران (۱۳۸۹) که برای گاوهای هلشتاین کل کشور گزارش کرده اند بیشتر بوده است. اما تنوع ژنتیکی سایر صفات در محدوده گزارشات سایر پژوهشگران بوده است. تنوع فنوتیپی تمام صفات نسبت به سایر گزارشات بیشتر بود که می‌تواند به تنوع در شرایط محیطی و مدیریتی، الگوی اسپرم توزیع شده، تعداد رکورد و سایر عوامل ناشناخته در گله‌های مورد بررسی نسبت داده شود.

همبستگی بین صفات

همبستگی ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین صفات مورد مطالعه در این پژوهش در جدول ۳ نشان داده شده است. همبستگی ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین تمام صفات معنی‌دار بود. نتایج همبستگی بین صفات مورد مطالعه در این پژوهش با اغلب گزارشات سایر پژوهشگران در داخل و خارج کشور مطابقت دارد. بنابراین در جمعیت گاوهای هلشتاین استان قزوین نیز می‌توان از مزیت پاسخ همبسته به انتخاب استفاده کرد و با توجه به هزینه رکوردگیری بالاتر مقدار چربی و پروتئین نسبت به مقدار شیر رکوردگیری مقدار شیر را با دقت بیشتری انجام داد و دفعات رکوردگیری سایر صفات را کاهش داد. همچنین نتایج این پژوهش نشان می‌دهد شرایط محیطی این صفات به هم وابسته بوده و بهبود شرایط محیطی برای یک صفت سایر صفات را تحت تأثیر قرار می‌دهد. همانند سایر پژوهش‌ها، همبستگی درصد چربی و پروتئین با سایر صفات در این مطالعه منفی شده است. این مسئله اگر چه از نظر اصلاح نژادی یک عامل نامطلوب بحساب می‌آید اما چنانچه انتخاب براساس مقدار شیر انجام شود کاهش درصد چربی و پروتئین تهدید کننده نمی‌باشد. زیرا با توجه به همبستگی مثبت بین مقدار چربی و پروتئین با مقدار شیر در نهایت مقدار چربی و پروتئین شیر افزایش می‌یابد.

جدول ۳- همبستگی ژنتیکی و محیطی میان صفات تولیدی گاوهای هلشتاین استان قزوین

همبستگی				
صفت ۱	صفت ۲	ژنتیکی	محیطی	فنوتیپی
شیر	چربی	0.63 ± 0.03	0.80 ± 0.01	0.76 ± 0.01
شیر	پروتئین	0.91 ± 0.01	0.94 ± 0.01	0.93 ± 0.01
شیر	درصد چربی	-0.64 ± 0.03	-0.31 ± 0.01	-0.40 ± 0.01
شیر	درصد پروتئین	-0.58 ± 0.03	-0.42 ± 0.01	-0.46 ± 0.01
چربی	پروتئین	0.72 ± 0.03	0.78 ± 0.01	0.76 ± 0.01
چربی	درصد چربی	0.19 ± 0.04	0.30 ± 0.01	0.27 ± 0.01
چربی	درصد پروتئین	-0.07 ± 0.05	-0.24 ± 0.01	-0.20 ± 0.01
پروتئین	درصد چربی	-0.44 ± 0.01	-0.24 ± 0.02	-0.29 ± 0.01
پروتئین	درصد پروتئین	-0.19 ± 0.04	-0.12 ± 0.01	-0.14 ± 0.01
درصد چربی	درصد پروتئین	0.30 ± 0.02	0.33 ± 0.01	0.44 ± 0.01

سپاس گذاری

از مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور بخاطر در اختیار قرار دادن رکوردها و اطلاعات مورد نیاز صمیمانه تشکر و قدر دانی می گردد.

منابع

۱. رضوی. س.م.، م. وطن خواه، ح. ر. میرزایی و م. رکوعی. ۱۳۸۶. برآورد روند ژنتیکی صفات تولیدی در گاوهای هلشتاین استان مرکزی. مجله پژوهش و سازندگی در امور دام و آبزیان، شماره ۷۷، صفحه ۵۵-۶۲.
۲. مسعودیان، س. ا.، و ح. زینالی. ۱۳۸۹. نواحی دامی ایران. فصلنامه تحقیقات جغرافیایی، شمار ۸۹، صفحه: ۱۴۹۳۴-۱۴۹۴۹.
۳. میرزامحمدی، ا.، ا. رشیدی، م. رزم کبیر. ۱۳۹۰. ارزیابی روندهای ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی مقدار شیر، دوره شیروای اول گاوهای هلشتاین در دو اقلیم گرم و معتدل. نخستین سمینار مدیریت پرورش دام و طیور در مناطق گرمسیر ایران. ۱۶ شهریور. صفحه ۹۵۴-۷۵۷.
۴. میرزامحمدی، ا.، ا. رشیدی، م. رزم کبیر. ۱۳۹۰. مقایسه همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات تولیدی گاوهای هلشتاین در مناطق معتدل ایران. سومین همایش ملی انجمن هلشتاین ایران. ۲۹ و ۳۰ شهریور. صفحه ۵۷-۶۰.
۵. میرزامحمدی، ا.، ا. رشیدی، م. رزم کبیر، و ۱۳۹۰. آصفی. برآورد وراثت پذیری و همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات تولیدی در گاوهای زایش اول هلشتاین استان زنجان. اولین کنگره ملی علوم و فناوریهای نوین کشاورزی. ۱۹ الی ۲۱ شهریور. صفحه ۷۵۰-۷۵۱.
۶. میرزامحمدی. ۱. ۱۳۹۰. مقایسه روندهای ژنتیکی صفات تولیدی گاوهای هلشتاین در مناطق مختلف اقلیمی ایران. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشگاه کردستان.



6. Abdallah, J. M., and B.T. McDaniel. 2000. Genetic Parameters and Trends of Milk, Fat, Days Open, and Body Weight After Calving in North Carolina Experimental Herds. *J Dairy Sci* 83:1364–1370.
7. Aguilar, I., I. Misztal, and S. Tsuruta. 2009. Genetic components of heat stress for dairy cattle with multiple lactations. *J. Dairy Sci.* 92: 5702–5711.
8. Bohmanova, j., I. Misztal, S. Tsuruta, H. D. Norman, and T. J. Lawlor. 2008. Short Communication: Genotype by environment interaction due to heat stress. *J. Dairy Sci.* 91:840–846.
9. Ravagnolo, O., and I. Misztal. 2002. Effect of heat stress on nonreturn rate in holstein cows: genetic analyses. *J. Dairy Sci.* 85 :3092–3100.
10. Wilcox. C. J., Webb. D. W, and Delorenza. M. A. 2003 .Genetic Improvement of Dairy Cattle. Food and Agricultural Sciences, University of Florida. DS75. Visit the EDIS Web Site at <http://edis.ifas.ufl.edu>.

Estimate of genetic parameter for production traits of Holstein cows in Ghazvin province

Mona kholghi¹, Ebrahim Mirzamohammadi^{1*}, mahmood vatankhah²

1-student and postgraduate of Kurdistan University, 2- assoc proof of shahre kurd Agriculture and Natural Resources Research Center

* Corresponding E-mail address: Ebrahim Mirzamohammadi
emirzamohamadi@chmail.ir

Abstract

A data set included number of 21654, 18259 and 17443 records respectively for milk, fat and protein yields related to first lactation of Holstein cows, which collected by the Centre of Breeding and Improvement of Livestock Production during 1991 to 2009 from 71 herds in Ghazvin province were used to estimate of genetic parameter for production traits . Genetic parameter was estimated from multivariate based on average information restricted maximum likelihood method with wombat software. Heritability for milk, fat and protein yields, and fat and protein percent was 0.24 ± 0.01 , 0.15 ± 0.01 , 0.21 ± 0.01 , 0.31 ± 0.02 and 0.30 ± 0.02 respectively. Genetic correlations between, milk-fat, milk-protein, milk-fat percent, milk-protein percent, fat-protein, fat-fat percent, fat-protein percent, protein-fat percent, protein-protein percent, fat percent-protein percent were 0.63 ± 0.03 , 0.91 ± 0.01 , -0.64 ± 0.03 , -0.58 ± 0.03 , 0.72 ± 0.03 , 0.19 ± 0.04 , -0.07 ± 0.05 , -0.44 ± 0.01 , -0.19 ± 0.04 and 0.30 ± 0.02 respectively.

Key words: Production traits – Genetic parameters - Ghazvin Holstein cows.



بررسی همبستگی بین پروفایل چربی سرم و هورمون‌های تیروئیدی در اواخر آبستنی شترهای تک‌کوهانه

ژیلا ساجدی^{*}، آرش امیدی^۱، محمد باقر منتظر تربتی^۲، حسین انصاری نیک^۳

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد فیزیولوژی دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند

۲- استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند

۳- دانشجوی کارشناسی ارشد مدیریت و پرورش طیور، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند

* نویسنده مسئول: ژیلا ساجدی، دانشگاه بیرجند، دانشکده کشاورزی، sajedizhila@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق از ۱۰ نفر شتر تک‌کوهانه در سه ماه آخر آبستنی در شهرستان زابل استفاده شد. با استفاده از رویه همبستگی پیرسون در نرم افزار SPSS، همبستگی بین هورمون‌های تیروئیدی شامل تیروکسین (T4)، تری‌یدوتایرونین (T3)، تیروکسین آزاد (FT4I)، تری‌یدوتایرونین آزاد (FT3I)، هورمون محرک تیروئید (TSH) و همچنین همبستگی این هورمون‌ها با پروفایل چربی‌های سرم مورد ارزیابی قرار گرفت. در این بررسی همبستگی معنی‌دار قوی بین T4 و FT4 ($r = 0.799; P < 0.01$) و بین T3 و FT3 ($r = 0.69; P < 0.05$) مشاهده شد. همچنین همبستگی منفی TSH با T3 و FT3 و FT4 نیز مشاهده شد. در مورد ارتباط بین هورمون‌های تیروئیدی با میزان پروفایل چربی سرم، با LDL و HDL کلسترول نیز همبستگی مثبت مشاهده گردید که بین T4 و کلسترول تام این همبستگی قابل ملاحظه بود ($r = 0.50$). همچنین تری‌گلیسرید همبستگی مثبت قابل ملاحظه‌ای با FT3 و FT4 و نیز همبستگی منفی با TSH، T3 و T4 نشان داد. همبستگی منفی TSH با FT3، T3 و FT4 نمایان‌گر اثر بازخوراند منفی هورمون‌های تیروئیدی بر میزان ترشح TSH از هیپوفیز است.

واژه‌های کلیدی: هورمون‌های تیروئیدی- پروفایل چربی- شتر تک‌کوهانه

مقدمه

تولید مواد غذایی (گیاهی و دامی) خصوصاً در نواحی گرم و خشک ایران امری دشوار است. لذا در این شرایط راه فائق آمدن بر این مشکلات و رسیدن به خودکفایی غذایی، استفاده بهینه از امکانات خدادادی موجود می‌باشد (۱). از آنجا که بخش اعظم کشور ایران در اکوسیستم خشک قرار گرفته و از بین دام‌ها، شتر تک‌کوهانه به چنین شرایط سخت محیطی برتری داشته و حتی قادر است در شرایط تغذیه دستی نیز با دام‌های پرتولید هم وزن (مانند گاو) رقابت کرده و افزایش وزن روزانه بالایی داشته باشد (۲). بر همین اساس بررسی عوامل مؤثر بر آبستنی این حیوان انجام مطالعات محققین می‌باشد. در حال حاضر پیشرفت‌های جدید در فیزیولوژی غده تیروئید و فراسنجه‌های تأثیرگذار مرتبط با این غده، محققین را به مطالعات و پژوهش در زمینه عملکردهای غده تیروئید در گونه‌های مختلف حیوانات تشویق کرده است. در میان حیوانات اهلی ارتباط لپیدهای سرم با عملکرد هورمون‌های تیروئیدی و همچنین رابطه آنها با تغییرات فیزیولوژیکی بدن حین آبستنی در دام‌های اهلی به ویژه شتر کمتر شناخته شده است. با این وجود عملکردهای مناسب غده تیروئید و فعالیت‌های هورمونی آن برای حفظ راندمان تولیدمثلی در دام‌ها حیاتی گزارش شده است (۱۲). از این رو هدف از این بررسی، ارزیابی میزان همبستگی هورمون‌های تیروئیدی با چربی‌های مهم سرم مانند کلسترول و تری‌گلیسرید در طی دوره آبستنی در شترهای تک‌کوهانه بود.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از ۱۰ نفر شتر تک‌کوهانه ۴ الی ۵ ساله، سه ماه آخر آبستنی، در ایستگاه پرورش شتر شهرستان زابلخون گیری شد. پس از مقید کردن شترها خونگیری از ورید و داج آنها انجام شد و خون‌های اخذ شده به میزان ۱۰ میلی‌لیتر در داخل لوله‌های بدون ماده ضد انعقاد ریخته‌شده و سریعاً به آزمایشگاه ارسال گردید. پس از لخته شدن، سرم نمونه‌ها با سانتریفوژ در دور ۳۰۰۰ به مدت ۱۵ دقیقه جدا شد. غلظت هورمون‌های تیروئیدی به روش رادیوایمونواسی (RIA) و با استفاده از کیت-های شرکت پارس آزمون و دستگاه گاما کانتر تعیین شد. غلظت کلسترول و لیپوپروتئین‌ها به روش آنزیمی و ترکیبی از روش رسوبی و اولتراسانتیروفوژ اندازه‌گیری شدند. نتایج بدست آمده از پژوهش حاضر با استفاده از روش همبستگی پیرسون در نرم افزار SPSS مورد بررسی قرار گرفت. فاکتورهای تیروئیدی مورد بررسی شامل: تیروکسین (T4) - تری‌یدوتایرونین (T3) - تیروکسین آزاد (fT4) - تری‌یدوتایرونین آزاد (fT3) و هورمون محرک تیروئید (TSH) بودند که وجود همبستگی بین این هورمون‌ها و همچنین بین کلسترول، تری‌گلیسرید و لیپوپروتئین‌های (LDL, HDL, VLDL) سرم خون مورد بررسی قرار گرفت.

نتایج و بحث

غلظت کلسترول سرم خون معمولاً تحت تأثیر هورمون‌های تیروئیدی می‌باشد. این هورمون‌ها باعث افزایش کاتابولیسم کلسترول می‌شوند، بنابراین سطح کلسترول سرم خون کاهش می‌یابد؛ در صورتی که کم کاری تیروئید باعث افزایش سطح کلسترول سرم می‌شود (۱۰). در اسب‌های نژاد ترکمن بین هورمون‌های تیروئیدی کلسترول، تری‌گلیسرید، HDL و لیپید تام سرم همبستگی مشاهده نشده است (۸). کلسترول سرم همبستگی منفی پیوسته با سطح T4 و T3 در چندین گونه دارد (۹). گزارش شده که در شترهای با شرایط طبیعی، غلظت هورمون‌های تیروئیدی با سطوح کلسترول خون همبستگی ندارند (۱۳). در تحقیق حاضر وضعیت آبستنی شترها بین هورمون‌های تیروئیدی با میزان کلسترول، LDL و HDL کلسترول همبستگی مثبت ایجاد کرد؛ که بین T4 و کلسترول این همبستگی قابل ملاحظه تر بود ($r=0/50$). همچنین تری‌گلیسرید همبستگی مثبت قابل ملاحظه‌ای با fT3 و fT4 و نیز همبستگی منفی با TSH، T4 و T3 نشان داد. در مطالعه روی بزها، آبستنی اثر معنی‌داری بر روی غلظت‌های کلسترول تام، LDL و تری‌گلیسرید داشت ولی در رابطه با غلظت لیپید تام و HDL اثر معنی‌داری مشاهده نشد (۱۰). همچنین ممکن است در خون بز نیز در اواخر آبستنی و اوایل شیردهی، میزان هورمون‌های تیروئیدی کاهش یابند و اثر آنها بر کاتابولیسم کلسترول برداشته شده و میزان کلسترول سرم خون افزایش یابد (۱۰). در گاوهای شیری غلظت کلسترول سرم همبستگی منفی مداوم با سطوح T4 و T3 نشان داده است (۵). طی مطالعات متفاوتی تأثیرات آبستنی روی هورمون‌های تیروئیدی حیوانات مختلف بررسی شده است؛ مثلاً تحقیق روی میش‌های نژاد عربی نشان داد؛ میش‌هایی که دوران آبستنی خود را در ماه‌های گرم سال گذرانده بودند ضایعات تیروئیدی آنها به مراتب بیشتر از میش‌هایی بود که آبستنی خود را در ماه‌های سرد سال گذرانده بودند و تغییرات هورمونی در جنین آنها هم مشاهده شد (۱۱). در این تحقیق به دلیل اینکه هورمون‌های تیروئیدی تحت تأثیر فصل و دما تغییر می‌کنند و شترها سه ماه بارداری خود را در فصل زمستان گذرانده‌اند، همبستگی‌های شدیدتری مشاهده نشد. طی انجام مطالعاتی روی گاوهای آبستن مشاهده شد که در اواخر آبستنی، زمان زایمان و اوایل شیردهی میزان هورمون‌های تیروئیدی به‌طور معنی‌داری کاهش می‌یابند و بیان گردید که این کاهش می‌تواند در ارتباط با برون‌ده قلبی و به دنبال آن افزایش حجم خون برای تامین نیازهای متابولیکی در این زمان-های خاص (اواخر آبستنی، زایمان، اوایل شیردهی) باشد (۴). در شترهای تک‌کوهانه با افزایش سن غلظت‌های کلسترول، تری‌گلیسرید، لیپید تام، HDL و VLDL افزایش یافته و برعکس میزان LDL کاهش می‌یابد (۷). این میزاند اسب‌های نژاد ترکمن با افزایش سن در غلظت کلسترول و لیپوپروتئین‌های سرم افزایش قابل توجهی نشان داد. با این حال تفاوت جنسی در غلظت این پارامترها اختلاف معنی‌داری نشان نداد (۸). همچنین گزارش شده است که غلظت هورمون‌های



تیروئیدی با افزایش سن ارتباط معنی داری ندارد (۱۳). از سوی دیگر محققان نشان داده اند که به علت افزایش فعالیت متابولیکی، میزان بازجذب هورمون های تیروئیدی در بافت های بدن افزایش یافته، از این رو میزان آنها در خون کاهش می یابد (۳). میانگین غلظت سرمی T_4 و T_3 در شتر ماده به ترتیب در طول دوره آبستنی و پس از زایمان مقایسه شد، که بر این اساس تغییرات در وضعیت فیزیولوژیکی حیوان می تواند به تفاوت در میانگین سرمی T_4 و T_3 مرتبط باشد (۱۲). در بررسی حاضر همبستگی معنی دار قوی بین T_4 و fT_4 ($r=0.799$; $P<0.01$) و بین T_3 و fT_3 ($r=0.69$; $P<0.05$) مشاهده شد. در این بررسی چون شترها از نظر سنی یکسان انتخاب شده بودند لذا می توان اثر سن را حذف کرد و نتیجه گرفت که آبستنی احتمالاً دلیل ایجاد همبستگی بین این هورمون ها بوده است. همچنین TSH همبستگی منفی با T_3 ، fT_3 و fT_4 را نشان داد. این مورد نشان دهنده اثر بازخوراند منفی هورمون های تیروئیدی بر میزان ترشح TSH از هیپوفیز است.

منابع

۱. خدایی، س. ع.، ۱۳۸۶. اصول پرورش شتر، انتشارات پرتو واقعه، تهران. صفحات ۱۴-۱۵.
۲. ناظر عدل، ک.، ۱۳۶۵. پرورش شتر، انتشارات جهاد دانشگاهی دانشگاه تبریز، چاپ اول، صفحات ۲۶-۲۴.
3. Dalvi, S.H., Deshmukh, B.T., Mantri, A., and Talverkar, B., 1995. Concentration of blood serum Thyroid hormones during late pregnancy parturition and early lactation of crossbred cow. *Indian Journal of Animal science*. 65: 15-19.
4. Grammar, R.R., 1993. Etiology of lipid-related metabolic disorders in peri parturient dairy cow. *Journal of dairy science*. 76: 3882-3896.
5. Gueorguieva, T.M., Gueorguieva, I.P., 1997. Serum cholesterol concentration around parturition and in early lactation in dairy cows. *RevuedeMedicine Veterinary*. 148: 241-244.
6. Nazifi, S., Gheisari, H.R., Abbasali-Poorkabir, M., Saadatfar, S., 2000. Serum lipids and lipoproteins in clinically healthy male camels (*Camelus dromedarius*). *Veterinary ResearchCommune*. 24: 524-531.
7. Nazifi, S., Saeb, M., Ghavami, S.M., 2002. Serum lipid profile in Iranian fat-tailed sheep in late pregnancy, at parturition and during the post-parturition period. *Journal of Veterinary Medicine*. 49: 9-12.
8. Nazifi, S., Saeb, M., Abedi, M., 2003. Serum lipid profiles and their correlation with thyroid hormones in clinically healthy Turkoman horses. *Comparative Clinical Pathology*. 12: 49-52.
9. Nazifi, S., Saeb, M., and Asadzadeh, S., 2003. Serum concentrations of lipid, lipoproteins and B-hydroxy butyrate in Iranian native goats in late pregnancy, at parturition and during the post-parturition period. *Journal Faculty of Veterinary Medicine, University of Tehran*. 3: 211-215.
10. Nouri, M., Mohammadian, B., and Pourjamshid, R., 2010. An abattoir study of thyroid histopathology in ewes and their fetus in Ahvaz City of Iran. *Veterinary Research Forum*. 1(1): 50-53.
11. Pande, A.M., Agarwal, S.P., Rai, A.K., and Khanna, N.D., 1997. Studies on circulating levels of thyroid hormones in peri parturient female camel *Camelus dromedaries*. *Indian Journal of Animal Reproduction*. 18: 118-120.
12. Todini, L., 2007. Thyroid hormones in small ruminants: effects of endogenous environment and nutritional factors. *Journal of Animal science*. 1 (7):997-1008.



13. Wasfi, I.A., Hafez, A.M., Tayeb, F.M.A., Taher, A.Y., El-Tayeb, F.M.A., El-Taher, A.Y., 1987. Thyroid hormones, cholesterol and triglyceride levels in the camel. *Research Veterinary Science*. 42: 418.

Evaluation of the correlation between serum lipid profile and thyroid hormones in the late pregnancy of dromedary camels

Sajedizhila^{*1}, Omid arash², Montazertorbatimohammad bagher², Ansari nik hossein³

1, 3- Graduate Student, Department of Animal Science, University of Agriculture, Birjand

2- Assistant Professor Department of Animal Science, University of Agriculture, Birjand

*Corresponding E-mail address: Sajedizhila@yahoo.com

Abstract

In this study, ten dromedary camels in the last three months of pregnancy were used. Correlation between the thyroid hormones includes thyroxin (T4), triiodothyronine (T3), free thyroxin (fT4), free triiodothyronine (fT3), thyroid stimulating hormone (TSH) and serum lipid profiles were evaluated with Pearson correlation using the SPSS software. This study found a strong correlation between T4 and fT4 ($P < 0.01$; $r = 0.799$) and between T3 and fT3 ($P < 0.05$; $r = 0.69$). The negative correlation between TSH and T3, fT3 and fT4 were also observed. A positive correlation was observed between LDL and HDL cholesterol with thyroid hormones. Correlation between T4 and total cholesterol was significant ($r = 0.50$). Triglyceride also was indicated positively correlated with fT3 and fT4 and significantly negatively correlated with TSH, T4 and T3. Negative correlation between TSH and T3, fT4 represents a negative feedback effect of thyroid hormones on TSH secretion from the pituitary.

Key words: Thyroid hormones, lipid profile, Pregnancy, Dromedary camel



ارزش اقتصادی صفات تولید مثل و ماندگاری گاوهای آمیخته استان لرستان

سعید صحراگرد احمدی^۱، عبدالاحد شادپرور^۲ و صادق اسدالهی^۳

۱ و ۲، به ترتیب دانش آموخته کارشناسی ارشد و دانشیار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه

گیلان

۳- کارشناس ارشد ژنتیک و اصلاح دام، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان

چکیده

با استفاده از یک مدل زیست اقتصادی و پارامترهای تولیدی و اقتصادی گله‌های آمیخته استان لرستان در سال ۱۳۹۰ ارزش اقتصادی صفات تولید مثلی (سن نخستین زایش و فاصله گوساله زایی) و صفات ماندگاری (نرخ زنده ماننی قبل از شیرگیری، نرخ زنده ماننی بعد از شیرگیری و طول عمر تولیدی) برآورد شد. درآمدها و هزینه های سالانه بر اساس گروههای مختلف سنی و جنسی محاسبه و سود سالانه به ازای هر راس گاو مولد برابر ۵۱۲۹۱۲۱ ریال بدست آمد. ارزش اقتصادی هر صفت از طریق افزایش میانگین هر صفت به میزان یک واحد و محاسبه تفاوت سود حاصل از سود در شرایط اولیه برآورد شد. ارزش اقتصادی سن نخستین زایش و فاصله گوساله زایی منفی و به ترتیب برابر ۴۹۷۱- و ۵۳۷۰۷- ریال و ارزش اقتصادی نرخ زنده ماننی قبل از شیرگیری، نرخ زنده ماننی بعد از شیرگیری و طول عمر تولیدی مثبت و به ترتیب برابر ۶۶۰۵۶، ۹۵۵۱۱، ۹۴۶، ریال برآورد شد. ارزش اقتصادی نسبی صفات تولیدمثلی و ماندگاری نسبت به نرخ زنده ماننی بعد از شیرگیری به ترتیب برابر ۰/۰۵-، ۰/۵۶-، ۰/۶۹، ۱ و ۰/۰۱ بود.

کلمات کلیدی: ارزش اقتصادی- صفات تولید مثل- صفات ماندگاری -گاوهای آمیخته

مقدمه

ارزش اقتصادی صفات هدف اصلاح نژاد را در عبارت اقتصادی بیان می کنند. در یک هدف اصلاح نژاد ارزش ارثی صفات بوسیله ارزش اقتصادی آنها وزن می شوند و یک شاخص کل را تشکیل می دهند. بنابراین با در نظر گرفتن اهمیت نسبی صفات از لحاظ اقتصادی می توان روش بهینه اصلاح نژاد را بکار گرفت (۱). سود حاصل از یک واحد بهبود ژنتیکی میانگین صفت، در صورتی که سایر صفات در مقادیر میانگین خود ثابت بمانند را ارزش اقتصادی آن صفت می نامند (۵). هدف اصلاح نژاد در شرایط مختلف اقتصادی متفاوت هستند. بنابراین ضروری است که برای شرایط اقتصادی و جمعیت های مختلف، ارزش های اقتصادی به صورت جداگانه محاسبه شود.

جمعیت گاوهای استان لرستان حدود ۲۸۹ هزار رأس گزارش شده است که ۱۵۵،۵۰۰ رأس آن را گاوهای آمیخته تشکیل می دهد. مقدار کل تولید شیر گاوهای آمیخته معادل ۱۹۷،۴۰۰ تن گزارش شده است. استان لرستان از نظر تعداد رأس گاو در کشور در رتبه ۶ قرار دارد و همچنین ۳/۸ درصد تولید شیر کشور را به خود اختصاص داده و در رتبه ۱۳ قرار دارد (۳). بنابراین طراحی یک برنامه اصلاح نژاد برای بهبود ژنتیکی عملکرد این جمعیت ضروری است.

برای صفات تولیدمثل و ماندگاری در گاوهای آمیخته استان لرستان تا کنون ضرایب اقتصادی محاسبه نشده است. لذا هدف از این تحقیق برآورد ارزش اقتصادی صفات تولیدمثلی (سن نخستین زایش و فاصله گوساله زایی) و ماندگاری (نرخ زنده ماننی قبل از شیرگیری، نرخ زنده ماننی بعد از شیرگیری و طول عمر تولیدی) در گاوهای آمیخته با توارث ۵۰ درصد هولشتاین و ۵۰ درصد بومی استان لرستان است.



مواد و روش ها

برای محاسبه ارزش اقتصادی صفات سن نخستین زایش و فاصله گوساله زایی، نرخ زنده مانگی قبل از شیرگیری، نرخ زنده مانگی بعد از شیرگیری و طول عمر تولیدی از آمار هزینه‌ها (شامل هزینه علوفه و کنسانتره، نیروی انسانی، سوخت و تعمیرات، بهداشت و درمان، تلفیح و هزینه‌های متفرقه)، آمار درآمدها (شامل فروش شیر، فروش گوساله، تلیسه مازاد، گاو حذفی) و آمار عملکرد (تولید شیر، تولید چربی، وزن بدن) گاوهای آمیخته با توارث ۵۰ درصد هولشتاین و ۵۰ درصد بومی استان لرستان در سال ۱۳۹۰ استفاده شده است. سود سالانه به ازای هر رأس گاو مولد با در نظر گرفتن گروه‌های مختلف سنی و جنسی (شامل گوساله‌ها، تلیسه‌ها و گاوهای مولد) محاسبه شد. برای برآورد ارزش اقتصادی هر صفت، سود حاصل از افزایش یک واحد در میانگین صفت مورد نظر، در صورتی که سایر صفات در مقادیر میانگین خود ثابت بودند محاسبه و از تفاضل این سود از سود اولیه نسبت به مقدار تغییر در میانگین صفت مورد نظر، ارزش اقتصادی مطلق آن صفت برآورد شد. و همچنین ارزش اقتصادی نسبی این صفات نسبت به صفت نرخ زنده مانگی پس از شیرگیری برآورد شد.

نتایج و بحث

میانگین هزینه‌های جاری سالانه شامل هزینه‌های تغذیه‌ای، بهداشت و تولید مثل، نیروی کار و فروش به ازاء هر رأس گاو مولد برابر ۲۰۳۹۳۳۴۶ ریال بود که ۷۳ درصد از کل هزینه‌ها را به خود اختصاص داد. هزینه‌های تغذیه‌ای برابر با ۱۲۷۷۲۹۳۰ ریال بود و ۶۳ درصد از هزینه‌های جاری را به خود اختصاص داد. هزینه نیروی کار برابر با ۶۳۵۰۰۵۵ ریال بود و ۳۱ درصد از هزینه‌های جاری و شامل شد. هزینه‌های بهداشت و تولید مثل و هزینه‌های فروش دام ۶ درصد هزینه‌های جاری را به خود اختصاص دادند. در سیستم پرورش گاوهای آمیخته استان لرستان منابع درآمد شامل فروش شیر، دام مازاد و دام حذفی می‌باشد. همانطور که در جدول (۱) مشاهده می‌شود فروش شیر سالانه معادل با ۶۸ درصد بیشترین سهم را در بین منابع درآمد به خود اختصاص داد و فروش گاو حذفی ۱۳ درصد، فروش گوساله ۱۱ درصد و تلیسه مازاد ۸ درصد از درآمدها را به خود اختصاص دادند. با افزایش یک واحد به میانگین صفت سن نخستین زایش در حالت ثابت بودن میانگین سایر صفات، ارزش اقتصادی آن منفی و برابر ۴۹۷۱- ریال برآورد شد. افزایش میانگین سن نخستین زایش بدون تاثیر بر روی درآمد سالانه منجر به افزایش هزینه پرورش تلیسه‌های جایگزین شامل هزینه تغذیه‌ای، نیروی کار و بهداشت و تولید مثل آنها می‌شود. بنابراین با افزایش میانگین سن نخستین زایش بدون تغییر در منابع درآمدها، هزینه‌ها افزایش یافته و در نتیجه سود سیستم ۴۹۷۱ ریال کاهش می‌یابد. در تحقیقات دیگر نیز ارزش اقتصادی این صفت منفی گزارش شده است (۲، ۴ و ۶). ارزش اقتصادی صفت فاصله بین دو زایش منفی و برابر ۵۳۷۰۷- ریال برآورد شد. با افزایش میانگین صفت فاصله بین دو زایش درآمد حاصل از فروش شیر سالانه، گوساله‌ها و تلیسه مازاد کاسته و به تبع آن درآمد سالانه کاهش می‌یابد همچنین هزینه تغذیه‌ای تولید شیر گاوهای شیرده بدلیل کاهش تولید شیر سالانه و هزینه‌های تغذیه‌ای، نیروی کار، بهداشت و تولید مثل و فروش گوساله‌ها و تلیسه مازاد بدلیل کاهش تعداد گوساله زاییده شده در سال، کاهش یافته و در نتیجه کل هزینه سالانه کاهش می‌یابد اما با افزایش میانگین این صفت بدلیل کاهش بیشتر درآمد سالانه نسبت به هزینه سالانه سود سیستم تولید برابر ۵۳۷۰۷ ریال کاهش می‌یابد. ارزش اقتصادی صفات نرخ زنده مانگی قبل و بعد از شیرگیری مثبت و برابر ۶۶۰۵۶ و ۹۵۵۱۱ ریال برآورد شد. با افزایش نرخ زنده مانگی قبل و بعد از شیرگیری تعداد گوساله‌ها و تلیسه مازاد قابل فروش سالانه افزایش یافته و این منجر به افزایش درآمد سالانه می‌شود و از طرفی افزایش میانگین صفت نرخ زنده مانگی منجر به افزایش هزینه پرورش گوساله‌ها و تلیسه‌ها شامل هزینه‌های تغذیه‌ای، نیروی کار، بهداشت و فروش دام می‌شود بنابراین با افزایش



میانگین این صفات درآمد کل نسبت به هزینه کل به مقدار بیشتری افزایش یافته و به تبع آن سود سالانه افزایش می یابد ارزش اقتصادی نرخ زنده ماننی بعد از شیرگیری بزرگتر از ارزش اقتصادی نرخ زنده ماننی قبل از شیرگیری بود زیرا با افزایش نرخ زنده ماننی قبل از شیرگیری هزینه ها بویژه هزینه های تغذیه ای گوساله ها در دوران شیرخوارگی و هزینه نیروی کار، بهداشت و تولیدمثل به مقدار بیشتری افزایش می یابد. ارزش اقتصادی صفت طول عمر تولیدی مثبت و برابر ۹۴۶ ریال برآورد شد. نتایج حاصل از این تحقیق با نتایج محققان دیگر مطابقت داشت (۴ و ۶). با افزایش میانگین طول عمر تولیدی نیاز به تعداد تلیسه جایگزین کاسته و بنابراین درآمد حاصل از فروش آنها افزایش می یابد بعلاوه با افزایش طول عمر تولیدی تعداد گاو حذفی سالانه و درآمد حاصل از فروش آنها کاهش می یابد اما این کاهش درآمد حاصل از فروش گاو حذفی کمتر از افزایش درآمد حاصل از فروش تلیسه مازاد بوده و بنابراین درآمد سالانه به مقدار جزئی افزایش می یابد از طرفی هزینه های تغذیه ای گاوهای مولد بدلیل استفاده از گاوهای بالغ بیشتری در گله که نیازی به احتیاجات انرژی رشد در زایش اول و دوم را ندارند کاسته می شود. و همچنین هزینه تغذیه، نیروی کار، بهداشت و تولید مثل تلیسه ها بدلیل نیاز کمتر به تعداد تلیسه جایگزین کاهش می یابد و این منجر به کاهش هزینه کل می شود بنابراین افزایش طول عمر تولیدی منجر به افزایش درآمدها و کاهش هزینه ها و در نتیجه افزایش سود سیستم تولید می شود. هر عاملی که باعث کاهش هزینه پرورش تلیسه های جایگزین و یا افزایش قیمت تلیسه مازاد شود منجر به افزایش ارزش اقتصادی طول عمر می شود همچنین افزایش قیمت گاو حذفی منجر به کاهش ارزش اقتصادی طول عمر می شود.

با توجه به مقادیر برآورد شده ارزش اقتصادی صفات سن نخستین زایش و فاصله گوساله زایی، نرخ زنده ماننی قبل از شیرگیری، نرخ زنده ماننی بعد از شیرگیری و طول عمر تولیدی گاوهای آمیخته (هولشتاین x بومی) استان لرستان پیشنهاد می شود که اصلاح نژاد در جهت کاهش میانگین صفات تولیدمثل (سن نخستین زایش و فاصله گوساله زایی) که اثر منفی بر سوددهی سیستم تولید دارند انجام گیرد و همچنین انتخاب در جهت افزایش میانگین صفات ماندگاری (نرخ زنده ماننی قبل از شیرگیری، نرخ زنده ماننی بعد از شیرگیری و طول عمر تولیدی) که منجر به افزایش سوددهی گاوهای آمیخته می شود انجام گیرد.

Economic value for reproduction and longevity traits in crossbred cows of Lorestan province

Abstract:

Using a bio economic mode and economic and production parameters of crossbred cows in the Lorestan province in 2011, the economic values for reproductive traits (age at first calving and calving interval) and longevity traits (pre-weaning survival rate, post-weaning survival rate and herd life) were estimated. Annual revenues and costs based on different sex age groups were calculated and profit per cow and year was estimated to be equal to 5129121 Rials. The economic value for each trait was estimated by increasing the trait average by one unite and calculating the subsequent change in profit. Economic values for Age at first calving and calving interval were negative; -4971 and -53707 Rials, and those for pre-weaning survival rate, post-weaning survival rate and production lifetime were positive; 66056, 95511, 946 Rials, respectively. Relative economic values of reproductive and longevity traits with respect to that of post-weaning survival rate were -0.05, -0.56, 0.69, 1 and, 0.01 respectively.

Key words: Economic value - Reproduction traits - Longevity traits - Crossbred cows

منابع



۱. شادپرور، ع، ۱۳۷۶. تعیین مناسب‌ترین هدف اصلاح نژاد گاو هلشتاین در ایران، رساله دوره دکتری دانشکده کشاورزی تربیت مدرس، تهران
۲. صادقی سفید مزگی، ع. مرادی شهر بابک، م. نجاتی جورمی، ا، شادپرور. ع. ۱۳۸۷. برآورد ارزش اقتصادی برای صفات تولیدی و طول عمر در گاوهای هولشتاین. علوم کشاورزی ایران. ۳۹. (۲). ۲۲۷-۲۳۵.
۳. معاونت بهبود تولیدات دامی، ۱۳۹۰. گزارش سالانه سازمان جهاد کشاورزی استان لرستان.
4. Kahi, A. K. and G. Nitter. 2004. Developing breeding schemes for pasture based dairy production systems in Kenya. I. Derivation of economic values using profit functions. *Livestock Production Science* 88:161.177.
5. Nielsen, H. M., L. G. Christensen and A. F. Groen. 2005. Derivation of sustainable breeding goals for dairy cattle using selection index theory. *J. Dairy Science*. 88:1882-1890
6. Rewe. O T., I. Douglas, M. K. J. Ojango and A. K. Kahi. 2006. Breeding objectives for the Boran breed in Kenya: Model development and application to pasture-based production systems. *Animal Science Journal* 77, 163-177.



جدول ۱- درآمدها و هزینه‌های سالانه قبل و بعد از یک واحد بهبود ژنتیکی میانگین صفات، ارزش اقتصادی مطلق و نسبی صفات سن نخستین زایش، فاصله گوساله زایی، نرخ زنده مانی قبل و بعد از شیرگیری و طول عمر تولیدی نسبت به صفت نرخ زنده مانی بعد از شیرگیری

تغییرات جزئی در درآمدها و هزینه‌های سالانه بعد از یک واحد بهبود ژنتیکی میانگین صفت مورد نظر						
پارامترها	شرایط اولیه	سن نخستین زایش	فاصله گوساله زایی	نرخ زنده مانی قبل از شیرگیری	نرخ زنده مانی بعد از شیرگیری	طول عمر تولیدی
درآمدها (ریال)						
فروش شیر	۲۲۵۳۳۶۴۰	۰	-۵۲۲۸۲	۰	۰	۰
فروش گوساله نر	۳۶۲۸۳۵۹	۰	-۸۴۱۸	۳۷۷۹۵	۳۸۱۹۳	۰
فروش تلیسه مازاد	۲۷۷۷۱۸۳	۰	-۱۷۲۵۰	۷۷۴۴۷	۷۸۲۶۲	۲۵۷۶
فروش گاو حذفی	۴۲۴۱۸۱۹	۰	۰	۰	۰	-۲۳۴۶
کل درآمدها (۱)	۳۳۱۸۱۰۰۱	۰	-۷۷۹۵۱	۱۱۵۲۴۳	۱۱۶۴۵۶	۲۳۰
هزینه‌ها (ریال)						
تغذیه گاوها	۸۸۱۰۷۳۸	۰	-۷۹۱۰	۰	۰	-۱۷۳
تغذیه گوساله‌های نر	۱۰۶۸۴۶۵	۰	-۳۶۷۳	۷۶۱۵۱	۲۰۸۷	۰
تغذیه تلیسه‌ها	۲۸۹۳۷۲۷	۳۳۷۹	-۶۴۱۶	۳۷۷۹۵	۸۱۴۹	-۳۵۵
نیروی کار	۶۳۵۰۰۵۵	۱۴۱۴	-۴۲۹۲	۱۷۷۲۳	۷۹۹۴	-۱۶۷
بهداشت و تولید- مثل	۱۱۵۷۲۶۴	۱۷۸	-۱۹۰۰	۳۶۸۹	۲۴۷۹	-۲۱
فروش دام	۲۱۲۹۴	۰	-۵۱	۲۳۰	۲۳۲	۱
هزینه‌های a(متغیر)	۲۰۳۹۳۳۴۶	۰	-۲۴۲۴۴	۴۹۱۸۶۰	۲۰۹۴۴	۰
هزینه‌های ثابت b(	۷۶۵۸۵۳۴	۰	۰	۰	۰	-۷۱۶
(۲) کل هزینه‌ها a+b(	۲۸۰۵۱۸۸۰	۴۹۷۱	-۲۴۲۴۴	۴۹۱۸۶	۲۰۹۴۴	-۷۱۶
سود سالانه (۲- (۱)	۵۱۲۹۱۲۱					
ارزش اقتصادی مطلق	-۴۹۷۱		-۵۳۷۰۷	۶۶۰۵۶	۹۵۵۱۱	۹۴۶



ارزش اقتصادی نسبی	۰۵٪	۵۶٪	۶۹٪	۱	۰۱٪



برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی صفات تولیدمثلی موثر بر نرخ گیرایی در تلیسه‌های هلشتاین

ندا نوری نایینی^۱، محمد علی ادریس^۲، سعید انصاری مهیاری^۲

^۱ دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان

^۲ اعضای هیأت علمی گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان

ندا نوری نایینی n.nouri.naeini@gmail.com

چکیده

به منظور برآورد اجزای (کو)واریانس صفات مرتبط با نرخ گیرایی و نیز برآورد وراثت‌پذیری و بررسی همبستگی فنوتیپی و ژنتیکی بین این صفات و صفت نرخ گیرایی در تلیسه‌های هلشتاین استان اصفهان، از مدل حیوانی استفاده گردید. صفات مرتبط با نرخ گیرایی شامل: سن اولین تلقیح، تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی، موفقیت در اولین تلقیح و نرخ گیرایی بود. تعداد ۸۴۵۴۰ رکورد مربوط به شکم اول، که طی سالهای ۱۳۶۰ تا ۱۳۸۹ در گاوداری‌های وابسته به تعاونی کشاورزان و دامپروران صنعتی وحدت جمع‌آوری گردیده، در این مطالعه استفاده شد. با استفاده از رویه GLM نرم افزار SAS (۹,۲) اثرات ثابت موثر بر صفات شناسایی شد. پارامترهای ژنتیکی با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) با استفاده از نرم افزار DMU برآورد شدند. وراثت پذیری برآورد شده برای تمام صفات زیر ۰/۱ بود؛ بطوریکه جزء واریانس ژنتیکی برآوردی برای صفت موفقیت در اولین تلقیح کمترین مقدار ($0/006 \pm 0/004$) و برای صفت تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی بیشترین مقدار ($0/019 \pm 0/018$) را در بین صفات داشت. همبستگی ژنتیکی بالایی بین نرخ گیرایی و دیگر صفات باروری برآورد شد. نتایج این مطالعه نشان داد صفت نرخ گیرایی در گاوهای شیری یک صفت پیچیده بوده و هیچ یک از این صفات به تنهایی نمی‌توانند در برنامه‌های اصلاح نژاد مورد استفاده قرار گیرند؛ بهتر است به منظور بهبود باروری حیوان ترکیبی از این صفات در قالب شاخص باروری مورد استفاده قرار گیرد.

واژه های کلیدی: مولفه‌های واریانس ژنتیکی - نرخ گیرایی - عملکرد تولیدمثلی - تلیسه‌های هلشتاین

مقدمه

تجزیه و تحلیل رکوردهای گله‌های گاو شیری به منظور بررسی علت بهره‌وری پایین تولیدمثلی در آنها نشان می‌دهد مشکلات در یکی از این سه زمینه متمرکز شده است: انتظار طولانی پس از زایمان برای اولین تلقیح، کارایی پایین در تشخیص به موقع فحلی (فحلی‌های از دست رفته) و نرخ گیرایی پایین (۷). مشکلات تولیدمثلی از جمله عدم باروری و نرخ گیرایی پایین از مهمترین عوامل حذف اجباری (۲۰-۳۰٪) در گله است (۲). چالش‌های شناسایی عوامل مسئول در کارایی پایین تولیدمثلی منجر شده تا رکودی چشمگیر در نرخ گیرایی و باروری گاوها ایجاد شود؛ که تنها پس از شناسایی این عوامل می‌توان تغییرات را به نحوی مدیریت کرد که منجر به بهبود بهره‌وری و تولید مثل گله و نهایتاً سودآوری آن شود. ارزیابی عوامل مؤثر بر باروری تلیسه‌ها، شناسایی هر چه بیشتر آن‌ها را امکان پذیر می‌کند. که برای بهبود برنامه‌های مدیریتی و جفت‌گیری مورد نیاز است. به عنوان مثال اثرات فصل و سن در تصمیمات مدیریتی در زمان تلقیح، و اثرات هم‌خونی در برنامه‌های جفت‌گیری به ویژه برای تلیسه‌ها می‌تواند مفید باشد. امروزه بسیاری از کشورها به ارزیابی ژنتیکی برای باروری تلیسه‌ها پرداخته‌اند. تعیین وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی صفات باروری در تلیسه‌ها به منظور ایجاد یک برنامه‌ی اصلاحی



سودمند و موثر لازم می‌باشد (۱). هدف این مطالعه برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفت نرخ گیرایی و دیگر صفات مرتبط با آن به منظور برنامه‌ریزی مناسب در بهبود روش‌های مدیریتی و بهنژادی در تلیسه‌های هلشتاین می‌باشد. مواد و روش‌ها

جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مرتبط با نرخ گیرایی تعداد ۸۴۵۴۰ رکورد مربوط به شکم اول، در ۶۲ گله گاو شیری وابسته به تعاونی کشاورزان و دامپروران صنعتی وحدت استفاده گردید. صفات باروری که در این مطالعه مورد بررسی قرار گرفت شامل: سن اولین تلقیح، تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی، موفقیت در اولین تلقیح و نرخ گیرایی است. ویرایش داده‌ها به صورت زیر انجام گرفت: سن اولین تلقیح حداقل ۲۷۴ روز و حداکثر ۶۳۹ روز در نظر گرفته شد، تعداد تلقیح‌های مورد نیاز برای هر آبستنی اگر بیش از ۱۰ تلقیح بود، برابر ۱۰ در نظر گرفته شد. برای صفت موفقیت در اولین تلقیح، اگر گاو با اولین تلقیح آبستن شده بود، کد ۱ و در غیر این صورت، کد صفر منظور شد. در نهایت صفت نرخ گیرایی به صورت فرمول (تعداد دفعات تلقیح در هر آبستنی / ۱) مورد محاسبه قرار گرفته شد.

آنالیز ژنتیکی

مدل آماری زیر جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی استفاده گردید:

$$y = Xb + Za + e$$

y صفت مورد نظر، b بردار اثرات ثابت مدل شامل گله-سال-فصل تولد برای تمامی صفات و اثر گله-سال-تلقیح و ماه اولین و آخرین تلقیح برای صفات تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی، موفقیت در اولین تلقیح و نرخ گیرایی است. همچنین سن اولین تلقیح به عنوان متغیر کمکی برای صفات تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی، موفقیت در اولین تلقیح و نرخ گیرایی در نظر گرفته شده. a اثر ژنتیکی افزایشی؛ e اثر باقی مانده؛ X و Z ماتریس ضرایب که رکوردها را به اثرات مرتبط می‌کنند. پارامترهای ژنتیکی با روش REML با استفاده از نرم افزار DMU (۶) برآورد گردید. همبستگی‌های ژنتیکی بین صفات از طریق آنالیز دو صفت به استفاده از مدل حیوانی برآورد گردید.

نتایج و بحث

وراثت‌پذیری‌ها، همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی بین صفت نرخ گیرایی و دیگر صفات تولیدمثلی مرتبط با آن در جدول ۱ نشان داده شده است. دامنه وراثت‌پذیری‌ها از ۰/۱۵ برای صفت موفقیت در اولین تلقیح تا ۰/۴۸ برای صفت تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی قرار داشت. وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفت نرخ گیرایی (۰/۰۳) با مقدار گزارش شده در مطالعات دیگر مطابقت داشت (۲). نتایج به دست آمده از وراثت‌پذیری صفت تعداد دفعات تلقیح به ازای هر آبستنی و سن اولین تلقیح مشابه گزارشات منتشر شده از سایر محققین می‌باشد (۳، ۴، ۵). به طور کلی وراثت‌پذیری برآورد شده برای صفات خطی و طبقه‌ای بیشتر از صفت باینری (موفقیت در اولین تلقیح) بود. به طور کلی پایین بودن وراثت‌پذیری در این صفات در تلیسه‌ها مربوط به اوایل بلوغ جنسی می‌باشد و نشان می‌دهد این صفات در این مرحله نمی‌توانند به عنوان معیاری برای انتخاب و جایگزینی در گله قرار گیرند (۱).

همبستگی‌های ژنتیکی

همبستگی ژنتیکی بین صفت نرخ گیرایی و تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی، نزدیک به یک برآورد شد. نتایج نشان می‌دهد صفت تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی به شدت با گیرایی و توانایی گاو برای آبستن شدن پس از زایش مرتبط می‌باشد. از



طرفی همبستگی صفت نرخ گیرایی و موفقیت در اولین تلقیح نیز نزدیک به یک برآورد شد (بدون در نظر گرفتن علامت آن) ($p < 0/001$). مقادیر بالای همبستگی برآورد شده بیانگر این است که این صفات یک جنبه از باروری را تحت تأثیر قرار داده و رکوردگیری یکی از این دو صفت می‌تواند کافی باشد. که این نتایج کمی کمتر از نتایج به دست آمده توسط آبه و مسودا (۲۰۰۹) می‌باشد و مبین آن است که انجام اولین تلقیح در سن پایین تحت زمان بندی مناسب تأثیر منفی بر نرخ گیرایی نخواهد داشت.

جدول ۱- برآوردهای وراثت‌پذیری صفات تولیدمثلی و همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی آن‌ها با نرخ گیرایی (خطای معیار)

صفات	وراثت‌پذیری	همبستگی ژنتیکی	همبستگی فنوتیپی
نرخ گیرایی	۰/۰۳ (۰/۰۰۴)	-	-
سن اولین تلقیح	۰/۰۴۴ (۰/۰۰۴۸)	-۰/۱۶۶ (۰/۰۰۸۵)*	۰/۰۲۹۵*
تعداد تلقیح به ازای هر آبستنی	۰/۰۴۸ (۰/۰۰۴۹)	-۰/۹۹۵ (۰/۰۰۹۸)*	-۰/۸۱۸*
موفقیت در اولین تلقیح	۰/۰۱۵ (۰/۰۰۳۱)	۰/۹۹۹ (۰/۰۰۷۰)*	-۰/۹۴۴*

* معنی داری در سطح احتمال ۰/۱ درصد ($p < 0/001$)

به طور کلی صفت نرخ گیرایی یک صفت بسیار متغیر در گاو شیری به حساب می‌آید و از میزان وراثت‌پذیری پایینی نیز برخوردار است. مطالعات نشان می‌دهد، میانگین صفت نرخ‌گیرایی در تلیسه‌ها بیشتر از گاوها می‌باشد (در حدود ۰/۵۴) و میزان آن با افزایش شکم کاهش می‌یابد (۰/۳۸). دلیل این موضوع به این بر می‌گردد که این صفت در تلیسه‌ها تحت تأثیر دوره شیردهی قرار نمی‌گیرد و همچنین رکوردهای تلقیح در تلیسه‌ها از دقت بیشتری برخوردار است (۲). روند ژنتیکی نرخ-گیرایی در تلیسه‌ها طی سال‌های ۱۹۹۸ تا ۲۰۰۶ کاهش یافته است. همزمان با این کاهش، روند افزایشی برای صفات فاصله بین زایش تا اولین تلقیح و روزهای باز و روند کاهشی برای صفت سن اولین تلقیح گزارش شده است (۱، ۲). کاهش در میانگین صفت سن اولین تلقیح حاکی از آن است که تمایل به کاهش سن بلوغ جنسی به عنوان یک عامل اثر گذار بر نرخ گیرایی مطرح می‌باشد (۱). نتایج این مطالعه نشان می‌دهد صفات تولیدمثلی نباید به عنوان صفات واحد معیار انتخاب در نظر گرفته شوند. با توجه به اینکه این صفت، یک صفت پیچیده بوده و تحت تأثیر عوامل زیادی قرار می‌گیرد بنابراین به منظور بهبود باروری حیوان باید این صفت در ترکیب با دیگر صفات مد نظر قرار گرفته شود.

منابع

30. Abe, H., Y. Masuda, M. Suzuki. 2009. Relationships between reproductive traits of heifers and cows and yield traits for Holsteins in Japan. J. Dairy Sci. 92: 4055-4062.
31. Biochard, D. E. Manfredi. 1994. Genetic analysis of conception rate in French Holstein cattle. Acta Agric. Scand. 44: 138-145.



32. Ghiasi, H., A. Pakdel, A. Nejati Javaremi, H. Mehrabi Yeganeh, M. Honarvar, O. Gonzalez-Recio, M. J. Carabano, R. Alenda. 2011. Genetic variance components for female fertility in Iranian Holstein cows. *Livest. Sci.* 139: 277-280.
33. Gonzalez-Recio, O. R. Alenda. 2005. Genetic parameters for female fertility traits and fertility index in Spanish dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 88: 3282-3289.
34. Jamrozik, J., J. Fatehi, G. J. Kistemaker, L. R. Schaeffer. 2005. Estimates of genetic parameters for Canadian Holstein female reproduction traits. *J. Dairy Sci.* 88: 2199-2208.
35. Madsen, P. J. Jensen. 2002. An user's guide to DMU. A package for analyzing multivariate mixed models. Version 6. Release 4.4. Danish Institute of Agricultural Sciences, Tjele, Denmark.
36. Schefers, J. M., K. A. Weigel, C. L. Rawson, N. R. Zwald, N. B. Cook. 2010. Management practices associated with conception rate and service rate of lactating Holstein cows in larg, commercial dairy herds. *J. Dairy Sci.* 93: 1459-1467.

Estimation of genetic parameters of the reproductive traits affected to conception rate in Isfahan Holstein heifers

Neda Nouri Naeini ¹, Mohammad-Ali Edriss ², Saeid Ansari Mahyari ²

¹ Student of Master degree in Genetics and Animal breeding

² Members of Scientific Board of Animal Science, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology

n.nouri.naeini@gmail.com

Abstract

Linear animal model was used to estimate (co)variance components and genetic parameter for conception rate and traits related to in Holstein heifers in Esfahanian province. The traits included: age at first service (AFS), number of insemination to conception (INS) and success to first insemination (SF). A total of 84540 records in first parity from 84540 heifers from 1981 to 2010 were used. With use of GLM procedure in SAS software (9.2) fixed effects that be effected of these traits were identified. Bivariate linear models were used in the Restricted Maximum Likelihood (REML) method with DMU software to estimate genetic parameters. Estimated heritabilities for reproductive traits were low (below 0.1); also estimated genetic variance component was the lowest for success in first insemination (0.004 ± 0.0006) and was the highest for number of insemination per conception (0.18 ± 0.019) among these traits. Strong genetic correlations were estimated between conception rate and fertility trait. The results from current study showed that conception rate is a complex trait. Therefore several measurements related to fertility traits should be combined in selection goals.

Keywords: Genetic variance component - Conception rate - Reproductive performance - Holstein dairy heifers

ارزیابی ژنتیکی مرگومیر و سخت‌زایی در گله‌های گاو هلشتاین

مهرنوش فروتن^{۱*}، سعید انصاری مهیاری^۲ و محمد علی ادریس^۳

۱، ۲، ۳ دانشجوی کارشناسی ارشد، استادیار و استاد دانشگاه صنعتی اصفهان

E-mail: mehrnush.forutan@gmail.com

چکیده

در گله‌های گاو شیری انتخاب ژنتیکی به منظور بهبود سلامت و طول عمر حیوانات، هدفی عمده محسوب می‌شود. با این حال توجه کمی به جنبه‌های ژنتیکی صفات زنده‌مانی گوساله‌های گاو شیری شده است. سخت‌زایی یک عامل مخاطره‌آمیز برای مرگومیر گوساله‌های شیری در یک ماه پس از تولد به‌شمار می‌آید. بنابراین هدف از این مطالعه برآورد وراثت‌پذیری و همبستگی میان صفات مرگومیر و سخت‌زایی در گاوهای شکم اول می‌باشد. پس از آماده‌سازی و پردازش اطلاعات، رکورد مربوط به ۵۳۴۳۶ گوساله شیری هلشتاین متولد شده در سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۰ در ۵۹ گله مورد بررسی قرار گرفت. برآورد فراسنجه‌های ژنتیکی با استفاده از مدل خطی پدیری دو صفتی و بر اساس روش REML صورت پذیرفت. فراوانی مرگومیر در یک ماه پس از تولد و سخت‌زایی به ترتیب ۲/۶ و ۴/۲۲ درصد بود. وراثت‌پذیری صفات مرگومیر و سخت‌زایی به ترتیب ۰/۰۲۲ و ۰/۰۳۹ به دست آمد. همبستگی ژنتیکی افزایشی میان این دو صفت ۰/۱۱- و به‌طور معنی‌داری متفاوت از صفر بود. همبستگی غیر ژنتیکی افزایشی پایین (۰/۰۳۹) و به‌طور معنی‌داری متفاوت از صفر بود ($p < ۰/۰۵$). نتایج این مطالعه نشان می‌دهد که واریانس ژنتیکی برای دو صفت موجود می‌باشد و احتمالاً ژن‌های متفاوتی این دو صفت را کنترل می‌نمایند.

واژه‌های کلیدی: مرگومیر گوساله - سخت‌زایی - فراسنجه‌های ژنتیکی - وراثت‌پذیری

مقدمه

مرگومیر گوساله‌ها نه تنها از لحاظ اقتصادی، بلکه از دیدگاه آسایش و سلامت حیوانات حائز اهمیت می‌باشد. نگرانی‌ها در رابطه با سلامت حیوانات در حال افزایش است، چراکه مطالعات حاکی از افزایش نرخ مرگومیر در گوساله‌های گاو شیری است. بنابراین نیاز است که در برنامه‌های اصلاحی آینده جنبه‌های سلامت حیوانات در نظر گرفته شود (۳). مطالعات متعددی در راستای بررسی عوامل محیطی مؤثر بر مرگومیر صورت گرفته است. مطالعات نشان می‌دهد که نرخ مرگومیر گوساله‌های ماده تا ۲۱ روزگی در شرایط وجود سخت‌زایی ۴/۲ برابر افزایش می‌یابد (۶). لذا هدف از این مطالعه برآورد وراثت‌پذیری و همبستگی دو صفت مرگومیر در یک ماه پس از تولد و سخت‌زایی می‌باشد. برآورد این فراسنجه‌ها در چگونگی در نظر گرفتن این دو صفت در ارزیابی‌های ژنتیکی و برنامه‌های اصلاحی مفید خواهد بود.

مواد و روش‌ها

خصوصیات حیوانات: اطلاعات مربوط به ۶۱۲۰۰ گوساله حاصل از اولین زایش متولد شده در سال‌های ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۰ که تا ۲۴ ساعت پس از تولد زنده ماندند از شرکت تعاونی کشاورزان و دامپروران صنعتی وحدت اصفهان استخراج شد. تنها گوساله‌هایی با پدر شناخته شده مورد استفاده قرار گرفتند. داده‌ها به حیواناتی با تاریخچه تولد و زندگی کامل محدود شد. تنها رکورد گوساله‌های تک قلو حاصل از مادران با حداقل سن ۲۱ ماه در زمان زایش در آنالیز وارد شد. پس از آن داده‌ها به گله‌هایی با حداقل ۱۰ رکورد در سال و همچنین پدرانی با حداقل ۱۰ فرزند محدود شد. در پایان ۵۳۴۳۶ رکورد گوساله



حاصل از ۷۱۹ پدر مورد بررسی قرار گرفت. آماده سازی داده ها و آماره های توصیفی توسط نرم افزار SAS(9.1) صورت پذیرفت.

صفات مورد بررسی: صفت مرگومیر در دوره سنی ۱ تا ۳۰ روزگی به صورت گسسته (binary) در نظر گرفته شد، به این معنی که گوساله هایی که در یک ماه پس از تولد زنده بمانند عدد یک و در غیر این صورت عدد دو داده شد. همچنین صفت سخت زایی به صورت زیر تعریف شد: آسان زایی=۱، زایش سخت نیاز به کمی کمک=۲، زایش سخت نیاز به کمک فراوان=۳ و سخت زایی و یا سزارین=۴. فراوانی مشاهدات در هر دسته برای دو صفت در جدول ۱ آورده شده است.

جدول ۱. تعداد مشاهدات در هر دسته

دسته \ صفت	۱	۲	۳	۴
سخت زایی	۳۴۷۹۷	۱۶۳۸۳	۱۶۷۱	۵۸۵
مرگومیر	۵۲۰۴۶	۱۳۹۰		

آنالیز آماری: برآورد فراسنجه های ژنتیکی به کمک مدل خطی دو صفتی پدری با استفاده از روش REML در نرم افزار DMU انجام شد (۴). آزمون معنی داری برای اثرات ثابت با استفاده از رویه GLM در نرم افزار SAS(9.1) صورت پذیرفت. مدل ژنتیکی زیر مورد استفاده قرار گرفت:

$$Y_i = X_i b + Z_i s + e_i \quad (i = 1 \text{ و } 2)$$

اجزا معادله عبارتند از: Y_i : وکتور مشاهدات مربوط به دو صفت مرگومیر و سخت زایی، X_i و Z_i : به ترتیب ماتریس ضرایبی مربوط به اثرات ثابت و تصادفی، e_i : وکتور خطای باقیمانده. b و s : به ترتیب وکتور مربوط به اثرات ثابت و تصادفی ژنتیکی پدر. اثرات ثابتی که در سطح ۵ درصد برای هر صفت معنی دار شدند، در مدل ژنتیکی در نظر گرفته شد. اثرات ثابت سال-گله-فصل (گله ۱ تا ۵۹؛ سال ۱۳۷۰ تا ۱۳۹۰؛ فصل ۱ تا ۴)، جنسیت (نر و ماده) برای هر دو صفت در نظر گرفته شد، همچنین در رابطه با صفت سخت زایی سن مادر (شامل ۲۱، ۲۲، ...، ۳۹) به صورت کوواریت در مدل قرار گرفت.

نتایج و بحث

در مطالعه حاضر نرخ مرگومیر گوساله ها تا ۳۰ روز پس از تولد ۲/۶ درصد به دست آمد، که به ترتیب از ۳/۰۵ تا ۲/۲۶ درصد به ترتیب در جنس نر و ماده متغیر بود. مطالعات صورت گرفته در این راستا فراوانی متفاوتی را نشان می دهند، به طوری که کمترین میزان تلفات در کشورهای سوئد و نروژ (به ترتیب ۱/۲ و ۱/۵ درصد) و بالاترین میزان در کشورهای



دانمارک و امریکا گزارش شده است (۵). در مطالعات صورت گرفته توسط والت و همکاران در سال ۱۳۸۹ نرخ مرگومیر در دوره سنی ۱ تا ۳۰ روز پس از تولد در جنس ماده ۳/۲۳ درصد گزارش شد (۲). با توجه به پایین بودن واریانس ژنتیکی صفت مرگومیر، تفاوت میان مطالعات ناشی از تفاوت در شرایط مدیریتی و آبوهوایی و برنامه‌های به‌گزینی می‌باشد (۳). میزان سخت‌زایی در گاوهای شکم اول ۴/۲۲ درصد بود (فراوانی دسته سوم و چهارم)، که نسبت به مقدار گزارش شده توسط انصاری در فارس که میزان ۹/۸ درصد سخت‌زایی در تلیسه‌ها را گزارش نمود کمتر می‌باشد (۱). تفاوت در فراوانی سخت‌زایی می‌تواند ناشی از تفاوت در نوع دسته‌بندی و تعداد دسته‌ها باشد. هانسن و همکاران مقدار وراثت‌پذیری در دوره ۱ تا ۱۴ روز پس از تولد در دو جنس را ۰/۰۰۲۹ گزارش نمودند (۳). مقدار وراثت‌پذیری برآورد شده در مطالعه حاضر در رنج مطالعات پیشین به‌دست آمد، به‌طوری که مقدار وراثت‌پذیری برای صفت مرگومیر ۰/۰۰۲۲ برآورد شد. در میان مطالعات صورت گرفته در رابطه با صفت سخت‌زایی در اولین زایش میزان وراثت‌پذیری با استفاده از مدل خطی از ۰/۰۳ تا ۰/۰۹ متغیر می‌باشد. در این مطالعه نیز در توافق با مطالعات پیشین مقدار وراثت‌پذیری برای صفت سخت‌زایی در شکم اول ۰/۰۳۹ به‌دست آمد. برآورد همبستگی ژنتیکی میان این دو صفت یکی از مهمترین اهداف این مطالعه بود. همبستگی ژنتیکی میان دو صفت در حدود ۰/۱۱- و به‌طور معنی‌داری متفاوت از صفر به‌دست آمد. بنابراین ژن‌های متفاوتی احتمالاً این دو صفت را کنترل می‌نمایند. همبستگی محیطی ۰/۰۳۸ و به‌طور معنی‌دار متفاوت از صفر بود، که نشان‌دهنده وجود عوامل غیر ژنتیکی افزایشی مشترک در بروز این دو صفت می‌باشد. بنابراین با اعمال روش‌های مدیریتی مناسب در گله می‌توان نرخ مرگومیر و سخت‌زایی را در گله‌های گاو شیری کاهش داد.

منابع:

1. Ansari-Lari, M. 2007. Study of perinatal mortality and dystocia in Dairy cows in Fars province, southern Iran. *Int. J. Dairy. Sci.*, 2: 85-89.
2. Fuerst-Waltl, B., and M. K. Srensen. 2010. Genetic analysis of calf and heifer losses in Danish Holstein. *J. Dairy Sci.* 93:5436-5442.
3. Hansen, M., P. Madsen, J. Jensen, J. Pedersen, and L. G. Christensen. 2003. Genetic parameters of postnatal mortality in Danish Holstein calves. *J. Dairy Sci.* 86:1807-1817.
4. Madsen, P., and J. Jensen. 2006. A user's guide to DMU. Version 6, release 4.6. Danish Institute of Agricultural Sciences, Research Centre Foulum, Denmark.
5. Svensson, C., A. Linder, and S. O. Olsson. 2006. Mortality in Swedish dairy calves and replacement heifers. *J. Dairy Sci.* 89:4769-4777.
6. Wells, S. J., D. A. Dargatz, and S.L. Ott. 1996. Factors associated with mortality to 21 days of life in dairy heifers in the United States. *Prev. Vet. Med.* 29:9-19.

Genetic evaluation for mortality and calving ease in Holstein dairy herds

Mehrnush Forutan^{1*}, Saied Ansari Mahyari², Mohammad Ali Edriss³

1, 2, 3, M.A. student, assisted professor and professor, Isfahan University of Technology

E-mail: mehrnush.forutan@gmail.com

Abstract



Genetic selection for improved health and longevity is a major goal of dairy cattle breeders however; little attention has been paid to the genetic component of calf mortality. Calving ease is a risk factor for mortality up to a month after birth in dairy calves. So, the aim of this study was to estimate of heritabilities and correlation between mortality and calving ease at first parity. After preparation of data by means of the software package SAS (9.1), records of 53436 Holstein calves born in the years 1991 to 2011 from 59 herds were analyzed. A linear bivariate sire-model was fitted to the data and average information, REML was used to estimate (co)variance components. The frequency of mortality and calving ease were 2.6, and 4.22%, respectively. heritabilities for mortality and calving ease were 0.0022 , and 0.039, respectively. Genetic correlation between two traits was -0.11, and significant from zero. Non-genetic correlation was low (0.038), but significant from zero. This study has shown that genetic variation for two traits exists and suggests that different genes affect two traits.

Key words: calf mortality- calving ease- genetic parameters- heritability

شناسایی فرم های مختلف آلی ژن گیرنده هورمون محرک فولیکولی در گوسفند زل مازندران

نرگس نظیفی*، قدرت رحیمی میانجی، زربخت انصاری پیرسراشی، نورالدین مرادی
آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنواژی دام، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
* نویسنده مسئول: Email: Narges.nazifi@gmail.com

چکیده

هدف از این مطالعه بررسی چند شکلی در ژن گیرنده هورمون محرک فولیکولی (FSHR) در گوسفند نژاد زل بود. برای این منظور نمونه های خون ۱۵۰ راس گوسفند این نژاد جمع آوری و با حفظ زنجیره سرد به آزمایشگاه منتقل شد. دی ان ای هر یک از نمونه ها به روش نمکی بهینه یافته استخراج و سپس با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی قطعه ای از این جایگاه ژنی به طول ۳۰۴ جفت باز به کمک واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) تکثیر شد. ردیابی چند شکلی ها با استفاده از آنزیم IMSC و الکتروفورز محصولات حاصل از هضم آنزیمی با رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید روی ژل آگارز انجام شد. دو آلل A و B با فراوانی هر یک به ترتیب ۹۳/۳۳ و ۶/۶۶ درصد و دو ژنوتیپ AA و BB با فراوانی هر یک به ترتیب برابر با ۹۳/۳۳ و ۶/۶۶ درصد در نمون های تعیین ژنوتیپ شده برآورد شد. هیچ یک از نمونه ها ژنوتیپ هتروزیگوس AB را نشان ندادند.

کلید واژه: PCR-RFLP-FSHR - گوسفند زل - چند شکلی

مقدمه

صنعت گوسفنداری در اقتصاد ملی کشور نقش قابل ملاحظه ای دارد به طوری که بخش اعظمی از تولیدات دامی مانند گوشت، شیر و پشم از این صنعت تامین می شود. از صفات مهم اقتصادی در پرورش گوسفند نرخ باروری، رشد، ویژگی لاشه، کیفیت پشم و چند قلو زایی می باشد. گزارشات متعدد نشان می دهد بازدهی تولید مثل نژاد های مختلف گوسفند در ایران کم و متوسط آن در کشور ۰/۸ - ۰/۷ بره است (۱). چند قلو زایی یکی از مهم ترین صفات اقتصادی است که تحت تاثیر محیط و ژنتیک قرار دارد. به همین دلیل بهبود نرخ تولید مثل در گوسفندان به عنوان یکی از اصلی ترین اهداف در اصلاح نژاد مورد توجه قرار گرفته است (۲).

گیرنده هورمون محرک فولیکولی (FSHR) مسئول ارسال سیگنال های محرک رشد و توسعه فولیکولی می باشد. مطالعه ارتباط بین چند شکلی در این جایگاه ژنی و صفات تولید مثلی مانند نرخ زایش یکی از اصلی ترین موضوعات تحقیقات در ژنتیک و اصلاح نژاد حیوانی به شمار می آید (۸). انتقال سیگنال هورمون FSH از طریق گیرنده آن انجام می شود که این گیرنده به طور انحصاری با زیر واحد بتای FSH عمل می کند (۱۵). کافی نبودن ترشح FSHR سبب ناباروری در حیوانات می شود (۵) همچنین موتاسون های غیر فعال کننده در FSHR سبب تاخیر در مراحل آغازین و یا پایانی رشد فولیکولی می شود (۱۳).

FSH یک هورمون اصلی در تولید مثل پستانداران است که برای رشد و توسعه گنادها و بالغ شدن آن ها در زمان بلوغ جنسی و تولید گامت در طی فاز باروری زندگی لازم و ضروری است (۱۲،۳). هورمون محرک فولیکول که با اتصال به گیرنده های ویژه ای منحصرا در گنادها قرار می گیرد، نقش مهمی در تنظیم عملکرد تخمدان پستانداران ایفا می نماید (۱۱). گیرنده هورمون محرک فولیکول (FSHR) متعلق به خانواده پپتیدهای پروتئین جی هفت (G7) می باشد که توسط سلول های گرانولوزا بیان می شود (۱۰). این ژن در گوسفند و خوک روی کروموزوم شماره ۳ قرار دارد (۹). مطالعه در خصوص بررسی این جایگاه در گوسفندان ایرانی و ارتباط آن با صفات تولیدی و تولدی مثلی به ندرت انجام گرفته است. هدف از انجام این

پژوهش بررسی چند شکلی در بخشی از جایگاه ژنی FSHR در گوسفند زل مازندران با استفاده از تکنیک RFLP-PCR بوده است.

مواد و روش ها

نمونه برداری و استخراج DNA

در این پژوهش، از ۱۵۰ رأس میش نژاد زل بومی استان مازندران خون گیری به عمل آمد. برای استخراج DNA از روش نمکی بهینه یافته و به منظور بررسی چند شکلی ژن FSHR از تکنیک PCR-RFLP استفاده شد.

تکثیر قطعه مورد نظر با استفاده از PCR

یک قطعه به اندازه ۳۰۴ جفت باز با استفاده از یک جفت آغاز گر اختصاصی از این جایگاه دژنی تکثیر شد. واکنش زنجیره ای پلی مرز در حجم ۲۵ میکرولیتر، شامل ترکیبات با غلظت های، ۷ میکرولیتر آب استریل دو بار تقطیر، ۸ میکرولیتر محلول MASTER KIT شرکت سیناژن، ۰/۵ میکرولیتر از هر یک از آغازگرها، ۲ میکرولیتر DNA انجام شد. چرخه حرارتی شامل ۵ دقیقه واسرشت سازی اولیه در دمای ۹۵ درجه سانتی گراد، ۳۵ سیکل واسرشت سازی در ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، اتصال آغازگرها در ۴۹/۵ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، بسط در ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۴۵ ثانیه و بسط نهایی به مدت ۱۰ دقیقه بوده است. آغازگر مورد استفاده در این پژوهش برای جایگاه ژن FSHR شامل یک آغازگر رفت با توالی F: CCCATCTTTGGCATCAG و یک آغازگر برگشت با توالی R: ACACAGTGATGAGGGGCAC بود (۶). بعد از تکثیر از الکتروفورز ژل آگارز ۱/۵ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بر ماید برای رویت سازی باندها استفاده شد.

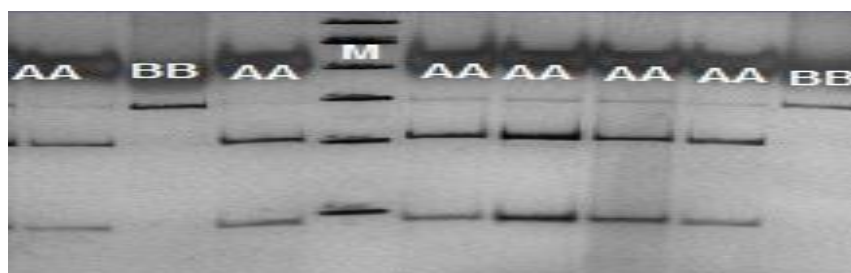
تعیین ژنوتیپ نمونه ها

برای شنایایی چند شکلی های موجود، محصولات PCR تحت تیمار هضم آنزیمی IMSC با ترکیباتی شامل ۰/۲ میکرولیتر آنزیم، ۱ میکرو لیتر بافر، ۶/۸ میکرو لیتر آب مقطر دو بار تقطیر و ۷ میکرو لیتر محصول PCR در دمای ۳۷ درجه به مدت ۱۲ ساعت قرار گرفتند. نمونه ها بعد از تیمار آنزیمی، روی ژل آگارز ۲ درصد الکتروفورز شده و از رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید برای رویت سازی باندها و تعیین ژنوتیپ استفاده شد.

نتایج

جایگاه مورد بررسی از ژن FSHR به طول ۳۰۴ جفت باز تکثیر شد و در مقایسه با سایز مارکر ۱۰۰ جفت بازی صحت قطعه تکثیر شده تایید شد (شکل ۱).

بعد از تیمار آنزیمی دو قطعه به طول های ۹۰ جفت بازی و ۲۱۴ جفت بازی ایجاد و دو ژنوتیپ AA و BB مشاهده شد که نتیجه آن در نگاره ۲ آورده شد.





نگاره ۲. نتیجه PCR-RFLP حاصل از تیمار آنزیمی IMSC در جایگاه ژنی FSHR در گوسفند زل مازندران همچنین وفور آلی و ژنوتیپی جایگاه ژنی FSHR در جدول ۱ نشان داده شد. معنی دار نبودن کای دوی محاسبه شده مربوط به فراوانی ژنوتیپی در جمعیت مورد مطالعه در سطح ۰/۰۵ در مقایسه با کای دو جدول نشان می دهد که وفور ژنوتیپی جایگاه مورد مطالعه در این جمعیت در تعادل هاردی واینبرگ می باشد (جدول ۱).

جدول ۱- وفور آلی و ژنوتیپی جایگاه مورد مطالعه در گوسفند زل

نژاد گوسفند	تعداد نمونه	توزیع ژنوتیپ		فراوانی ژنوتیپی (%)		فراوانی آلی (%)		کای دو محاسبه شده
		B B	AA	BB	AA	B	A	
زل	۱۵۰	۱۰	۱۴۰	۶/۶۶	۹۳/۳۳	۶/۶۶	۳۳/۹۳	۱۱۲/۶ ^{ns}

No Significant: ns

بحث

در پژوهش حاضر به منظور ردیابی چند شکلی، بخشی از ژن گیرنده FSH به طول ۳۰۴ جفت باز تکثیر و تحت تیمار آنزیمی MSCI قرار گرفت که دو نوع ژنوتیپ AA و BB با فراوانی ۹۳٪ و ۷٪ مشاهده شد. در پژوهشی که لی و همکاران (۲۰۱۰) روی ژن اگزون ۱۰ FSHR در بز هایمن چینی^۱ با استفاده از تکنیک PCR-SCCP انجام دادند هیچ نوع چند شکلی را ردیابی نکردند (۸). یان و همکاران (۲۰۰۷) نیز با بررسی ناحیه کناری^۵ ژن گیرنده هورمون محرک فولیکولی در بز بوئر^۲، گانژونگ^۳ و زینونگ^۴ سانن^۴، با به کارگیری تکنیک PCR-RFLP نیز هیچ چند شکلی مشاهده نکردند (۱۴). هم چنین لان و همکاران (۲۰۰۶) با بررسی اگزون ۱۰ ژن FSHR در بزهای سفید شانان^۵، گانژونگ^۶ و بوئر نتوانستند چند شکلی در این جایگاه ردیابی کنند (۷).

همچنین با مطالعه توالی نوکلئوتیدی و مقدار بیان ژن مرتبط با نرخ تخمک ریزی در بز سیاه یانلینگ^۷ که یک نژاد چینی با نرخ باروری پایین است و مقایسه آن با بز بوئر، توسط سویی و همکارانش در سال ۲۰۰۸ نشان دادند که بز یانلینگ تعداد فولیکول و اووسیت کمتری نسبت به بز بوئر داشت. همچنین مقدار بیان ژنهای FSHR، FSHβ و BMP15 در بز یانلینگ کمتر ولی بیان ژنهای BMP1B و ESR2 بیشتر بود (۴).

نتایج به دست آمده در پژوهش حاضر بر این مطلب دلالت دارد که ژن FSHR احتمالا می تواند به عنوان مارکر مناسب در برنامه های اصلاح نژادی مرتبط به صفات تولید مثلی در گوسفند مورد توجه قرار گیرد.

منابع

۱. خالداری، م. ۱۳۸۴. اصول پرورش گوسفند و بز. چاپ دوم، انتشارات جهاد دانشگاهی، تهران، ص ۵۱۰

1. Chinese Himan goat
2. Boer goat
3. Ganjong
4. Xinong Saanen
5. Shannan whait
6. Guanzhong



2. Boujenane, I., Bradford, G. E., Berger, Y. M and Lahlou-kassi, A. Repeatability estimate for liter size and its components in sheep. *Anim repro sci*, 26 (1991) 107-113.
3. Chappel, S.C, Howles, C.1991. Reevaluation of the roles of luteinizing hormone and follicle-stimulating hormone in the ovulatory process. *Hum Reprod*. 6:1206 –1212.
4. Cui, H.X., Zhao, S.M., Cheng, M.L., Guo, L., Ye, R.Q., Liu, W.Q., Gao, S.Z. 2008 .Clonig and expression levels of genes relating to the ovulation of the yunling black goat. *Bio Repro*. 80: 219-226.
5. De Castro F, Ruiz R, Montoro L, Hernandez D, Padilla E, Real LM, Ruiz A (2003) Role of follicle-stimulating hormone receptor Ser680Asn polymorphism in the efficacy of folliclestimulating hormone. *Fertil Steril* 80:571–576.
6. Jiang Z.H., Priat C. and Galibert F. 1998. Traced Orthologous amplified sequence tags (TOASTs) and mammalian comparatives maps. *Mammalian Genome*. vo: 19: 577-587.
7. Lan, Y.X., Chen, H., Chen, C.Y., Pan, C.Y., Lie, C.Z., Zhang, Y.D., Yu, J. 2006. PCR-SSCP detectionand DNA sequence analysis of exon 10 goat follicle-Stimulating Hormone receptor (FSHR) gene.2006. *J Agric Biotechnol*. 14:484-488.
8. Li, Y.J., Zhang, L., Shang, L.Q., Wang, H.F., ZOU, H., Zhang, H., Ji, D.J. 2010. Genetic polymorphisms at three loci of PRLR and FSHR gene correlate with litter size in Chinese Haimen goat. *J Anim and Vet Advances*. (9):22, 2835-2838.
9. Montgomery, G.W., Tate, M.L., Henry, H.M., Penty, J.M., Rohan, R.M. 1995. The follicle-stimulating hormone receptor and luteinizing hormone receptor genes are closely linked in sheep and deer. *J Mol Endocrinol*. 15:259 –265.
10. Rannikki A., Zhang F. P., Huhtaniemi I.T. 1995. Ontogeny of follicle-stimulating hormone receptor gene expression in the rat testis and ovary. *Mol, Cell. Endocrine*. 107: 199–208.
11. Simoni M., Gromoll J., Nieschlag E. 1997. The follicle-stimulating hormone receptor biochemistry, molecular biology, physiology, and pathophysiology. *Endocrine Society*, 18: 739-773.
12. Simoni, M., Nieschlag, E. 1995. FSH in therapy: physiological basis, new preparations and clinical use. *Reprod Med Rev*. 4:163–177.
13. Touraine, P., Beau I., Gougion, S., Mediori, G., Desroches, A., Pichard, C., Doteouf, M. 1999. New natural inactivating mutation for follicle stimulating hormone receptor: Correlation between receptor function and phenotype. *Mol.Endocrinal*. 13:1844-1854.
14. Yun, T., Bin, J.I., Yun, C. 2007. Effect of the 5' -flanking region of goat follicole-stimulating hormone receptor gene on yeau trail. *Journal of northwest A & F University*. 35:9.
15. Zhao L. H., Chen J. L., Xu H., Liu J. W. and Xu R. F. 2010. Cloning and Expression of FSHb Gene and the Effect of FSH β on the mRNA Levels of FSHR in the Local Chicken. *Asian-Aust. J. Anim. Sci*. Vol. 23, No. 3: 292 – 301.

Detection of different allelic forms of follicle stimulating hormone receptor gene in Mazandaran Zell sheep

Narges Nazifi, Ghodrat Rahimi Mianji, Zarbakht Ansari Pirsaraii, Nouredin Moradi



Laboratory of Molecular Genetics and Animal Biotechnology, Department of Animal Science, Faculty of Animal Science and fishery, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

* Corresponding E-mail address: Narges.nazifi@gmail.com

Abstract

The aim of present study was to investigate the polymorphism in follicle stimulating hormone receptor gene (FSHR) in Zel sheep breed. For this purpose, blood samples were collected from 100 ewes of this breed and transferred to the laboratory via cold chain condition. DNA was extracted from each samples using modified salting out method and a fragment with the length of 304 bp from this locus was amplified by specific primer pairs using polymerase chain reaction (PCR). Polymorphisms were detected using restriction enzyme MSCI and the electrophoresed of enzyme digested products were done using ethidium bromide staining of agarose gel. Two alleles of A and B with the frequency of 93.33 and 6.66 and two genotypes of AA and BB were detected with the frequency of 93.33 and 6.66, respectively. None of the samples showed heterozygote AB genotype.

Key word: PCR-RFLP- FSHR- Zell sheep- Polymorphism



برآورد همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی صفات تولید شیر با صفات خطی تیپ در گاوهای هلشتاین اصفهان

*^۱ مهدی کاوندی^۲ محمدعلی ادریس

1- دانش آموخته کارشناسی ارشد رشته ژنتیک و اصلاح نژاد دام دانشگاه صنعتی اصفهان

۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان

*نویسنده مسئول: مهدی کاوندی mkavandi@yahoo.com

چکیده

به منظور تعیین و برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تیپ و صفات تولیدی در گاوهای هلشتاین استان اصفهان از ۴۷۶۱۵ آماره مربوط به صفات تولیدی ۱۷۹۶۴ گاو شیری از ۸ گله و ۳۳۰۴ خط آماره مربوط به تیپ از ۳۳۰۴ رأس گاوشیری که بین سالهای ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۳ در گاوداری های تحت پوشش مرکز اصلاح نژاد، سازمان جهاد کشاورزی استان اصفهان و تعاونی دامداران وحدت اصفهان مورد رکورد برداری قرار گرفته بودند، استفاده شد. جهت برآورد پارامترهای ژنتیکی از روش حداکثر درست نمایی محدود شده با الگوریتم بدون مشتق گیری با مدل های حیوانی چند متغیره نرم افزار DF-REML استفاده شد. در مطالعه حاضر وراثت پذیری صفات درصد چربی ۰/۲۹، تولید چربی ۰/۲۱، تولید شیر ۰/۱۴ و درصد پروتئین ۰/۲۷ محاسبه شده است. وراثت پذیری صفات خطی در دامنه ای بین ۰/۱۶ تا ۰/۵۰ قرار داشتند که بالاترین آن مربوط به صفت قدوقامت و پائین ترین آن مربوط به صفت زاویه سم می شود. نتایج بدست آمده نشان می دهد که همبستگی ژنتیکی صفات خطی با صفات تولیدی در محدوده ۰/۴۳- و ۰/۲۶ قرار دارد که بالاترین مقدار مربوط به صفت قدوقامت و تولید چربی ۰/۲۶ و پائین ترین مقدار مربوط به همبستگی ژنتیکی صفت عرض سینه و تولید چربی ۰/۴۳- است. صفت درصد چربی شیر با تمامی صفات دست و پا پاهای عقب از دید عقب، پاهای عقب از دید پهلو و زاویه سم همبستگی ژنتیکی منفی نشان داد. بنابراین ممکن است تاکید زیاد بر روی صفات دست و پا باعث کاهش درصد چربی شیر شود. همچنین دربررسی حاضر صفت تولید چربی با اکثر صفات مرتبط با ابعاد بدن، به استثنای عرض سینه، عرض کپل و عمق بدن همبستگی ژنتیکی مثبت داشت، بنابراین حیواناتی که ابعاد بدنی بیشتری دارند احتمالاً تولید چربی شیر در آنها بیشتر خواهد بود.

واژه های کلیدی: وراثت پذیری - همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی - صفات تولید شیر - صفات خطی تیپ

مقدمه

شیر عمده ترین و ارزان ترین منبع پروتئین در کشورهای در حال توسعه می باشد. ولی با وجود جمعیت قابل توجه گاوشیری در کشورهای در حال توسعه، میزان تولید شیر به ازای هر رأس گاو پایین است که می توان آن را با عواملی نظیر شرایط آب و هوایی، تیپ، ساختار توارثی، نژاد گاوها، مدیریت واحدهای دامپروری و میزان رشد اقتصادی مرتبط دانست. در سالهای اخیر با اجرای برنامه های اصلاح نژادی همچون ثبت مشخصات، رکوردگیری تولید شیر و ترکیبات آن، ارزیابی تیپ و خصوصیات تولید مثلی موفقیت های زیادی در افزایش تولیدات دامی حاصل کرده اند. دامپروران دام هایی را می پسندند که میانگین رکورد بالایی داشته باشند، سالیانه یک گوساله تولید کنند و بدون مشکل جدی جسمی یک دوره تولید طولانی را سپری کنند. با توجه به این مطلب، دامی حداکثر عملکرد اقتصادی را دارد که ضمن تولید مطلوب، ساختمان و فیزیک بدنش نیز توانایی تولید بالا را داشته باشد. به تجربه ثابت شده است که تأکید بر تولید، طول عمر اقتصادی دام را کاهش می دهد. البته باید توجه داشت که اگر فشار انتخاب بر روی خصوصیات تیپ باشد، صفات کلیدی دام در جهت نامناسبی تحت تأثیر قرار خواهند گرفت (۶).



مواد و روش ها

در این تحقیق اطلاعات مربوط به ۴۷۶۱۵ خط رکورد صفات تولیدی سالیانه، ۱۲۹۴۹۱ خط رکورد صفات تولیدی ماهیانه از ۱۷۹۴۶ گاو و ۳۳۰۴ خط رکورد مربوط به صفات تیپ از ۸ گله در بین سال های ۱۳۷۰ تا ۱۳۸۳ در گاوداری های تحت پوشش مرکز اصلاح نژاد، سازمان جهاد کشاورزی استان اصفهان و تعاونی دامداران وحدت اصفهان مورد رکورد برداری قرار گرفته بودند، استفاده شد. آماده سازی و ویرایش داده ها توسط نرم افزار FoxPro انجام گرفت. برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات مذکور بر اساس مدل حیوانی چند متغیره با به کارگیری روش حداکثر درستنمایی محدود شده REML و با استفاده از نرم افزار DFREML انجام شد. مدل عمومی زیرجهت آنالیز مورد استفاده قرار گرفت.

$$y_{ij} = HYS_i + a_j + \sum_{n=1}^m b_n (age_{ij})^n + e_{ij}$$

yij - آماره صفات تولید شیر لامین HYS مربوط به لامین آماره حیوان

ageij - اثر سن اولین زایش به عنوان متغیر کمکی، bn - ضرایب رگرسیونی ثابت و eij - اثر تصادفی باقیمانده.

نتایج و بحث

در مطالعه حاضر وراثت پذیری صفات درصد چربی ۰/۲۹، تولید چربی ۰/۲۱، تولید شیر ۰/۱۴ و درصد پروتئین ۰/۲۷ محاسبه شده است که با اکثر مطالعات انجام گرفته مطابقت دارد (۱، ۲، ۳، ۴). وراثت پذیری صفات خطی در دامنه ای بین ۰/۱۶ تا ۰/۵۰ قرار داشتند که بالاترین آن مربوط به صفت قدوقامت و پائین ترین آن مربوط به صفت زاویه سم می شود. همبستگی های ژنتیکی و فنوتیپی صفات خطی تیپ با صفات تولیدی در جدول ۱- ارائه شده است. در تحقیق حاضر همبستگی فنوتیپی بین صفات خطی تیپ با صفات تولیدی در محدوده (۰/۰۷-) تا (۰/۱۴) قرار دارد. بیشترین همبستگی فنوتیپی بین صفات قدوقامت و اندازه به طور مشترک با تولید شیر و کمترین مقدار همبستگی فنوتیپی بین صفات درصد چربی شیر و درصد پروتئین شیر به طور مشترک با صفت کمر می باشد. در تحقیق حاضر درصد چربی شیر همبستگی فنوتیپی پائینی با صفات خطی تیپ نشان داد که مشابه با نتایج مطالعات قبلی (۵، ۱۰، ۱۱) است ولی با نتایج رضایی (۶) متفاوت است. در تحقیق حاضر همبستگی فنوتیپی تولید چربی شیر با تمام صفات خطی مثبت می باشد که با گزارش سنجابی (۱۱) و جونز (۹) مشابه است. همبستگی فنوتیپی درصد پروتئین شیر با صفات خطی تیپ در محدوده بین ۰/۰۷- تا ۰/۰۷ به دست آمد. نتایج بدست آمده نشان می دهد که همبستگی ژنتیکی صفات خطی با صفات تولیدی در محدوده ۰/۴۳- و ۰/۲۶ قرار دارد که بالاترین مقدار مربوط به صفت قدوقامت و تولید چربی ۰/۲۶ و پائین ترین مقدار مربوط به همبستگی ژنتیکی صفت عرض سینه و تولید چربی ۰/۴۳- است. صفت درصد چربی شیر با تمامی صفات دست و پا پاهای عقب از دید عقب، پاهای عقب از دید پهلو و زاویه سم همبستگی ژنتیکی منفی نشان داد. بنابراین ممکن است تاکید زیاد بر روی صفات دست و پا باعث کاهش درصد چربی شیر شود. رضایی (۶) در تحقیق خود همبستگی ژنتیکی بین درصد چربی و صفت پاهای عقب از دید پهلو را منفی ۰/۰۱- و ارتباط درصد چربی با زاویه سم را مثبت ۰/۱۱ برآورد کرد. میر (۱۰) همبستگی ژنتیکی بین درصد چربی و صفات پاهای عقب از دید پهلو و پاهای عقب از دید عقب و زاویه سم را به ترتیب ۰/۲۰- و ۰/۱۹- و ۰/۱۵ گزارش کرد. در بررسی حاضر صفت تولید چربی با اکثر صفات مرتبط با ابعاد بدن، به استثنای عرض سینه، عرض کپل و عمق بدن همبستگی ژنتیکی مثبت داشت، که این نتایج با گزارش میر (۱۰) و جونز (۹) همخوانی دارد. بنابراین حیواناتی که ابعاد بدنی بیشتری دارند احتمالاً تولید چربی شیر در آنها بیشتر خواهد بود. در بررسی حاضر بالاترین همبستگی ژنتیکی درصد پروتئین شیر با صفت



پاهای عقب از دید عقب ۰/۱۷ و کمترین همبستگی ژنتیکی درصد پروتئین شیر با صفت قد و قامت ۰/۲۶- به دست آمد. میر (۱۰) بالاترین همبستگی ژنتیکی درصد پروتئین شیر را با صفت زاویه کپل ۰/۴۱ و پائین ترین آن را با پاهای عقب از دید عقب ۰/۱۱- گزارش نمود. نتایج بدست آمده از تحقیق حاضر با نتایج میر (۱۰) همخوانی ندارد. ازطرفی در جوامع مختلف چون همبستگی های ژنتیکی تحت تاثیر فراوانی ژنها قرار دارند، بنابراین ممکن است برآورد آنها از جامعه ای به جامعه دیگر متفاوت باشد.

جدول ۱- همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی صفات خطی تیپ با صفات تولید شیر حاصل از تجزیه و تحلیل چند متغیره

صفت ^۱	درصد چربی	تولید چربی	تولید شیر	درصد پروتئین	Rp	Rg	Rp	Rg
STAT	-۰/۱۰	۰/۰۱	۰/۲۶	۰/۱۴	-۰/۱۴	۰/۰۶	-۰/۲۶	-۰/۰۴
SIZE	-۰/۱۸	۰/۰۲	۰/۱۲	۰/۱۴	-۰/۰۲	۰/۱۰	۰/۰۴	۰/۰۱
LOIN	-۰/۱۷	-۰/۰۷	۰/۱۵	۰/۰۱	-۰/۱۳	-۰/۰۱	-۰/۱۳	-۰/۰۷
BDEP	۰/۰۳	۰/۰۲	-۰/۱۸	۰/۱۱	-۰/۱۰	۰/۰۹	-۰/۰۲	-۰/۰۱
PINS	۰/۰۳	-۰/۰۲	۰/۲۵	۰/۰۳	-۰/۱۸	-۰/۰۳	۰/۰۳	-۰/۰۲
PINW	-۰/۱۴	-۰/۰۱	-۰/۰۵	۰/۰۵	۰/۱۸	۰/۰۷	۰/۱۰	۰/۰۲
RLSV	-۰/۲۴	-۰/۰۱	-۰/۰۶	۰	-۰/۰۷	-۰/۰۲	-۰/۰۷	۰/۰۶
FA	-۰/۱۶	۰/۰۳	۰/۰۱	۰/۰۲	۰/۱۷	-۰/۰۱	۰/۱۳	۰/۰۵
RL	-۰/۰۸	۰/۰۱	۰/۰۵	۰/۰۶	۰/۰۸	۰/۰۶	-۰/۰۲	-۰/۰۶
RLRV	-۰/۱۳	۰/۰۱	۰/۱۷	۰/۰۳	۰/۱۷	۰/۰۴	۰/۱۷	۰/۰۶
CHW	-۰/۳۲	۰	-۰/۴۳	۰/۰۲	-۰/۱۳	۰/۰۳	-۰/۰۹	۰/۰۳

^۱ STAT- قد و قامت، SIZE- اندازه، LOIN- کمر، BDEP- عمق بدن، PINS- زاویه کپل، PINW- عرض کپل، RLSV- پاهای عقب از دید پهلو، FA- زاویه سم، RL- طول کپل، RLRV- پاهای عقب از دید عقب، CHW- عرض سینه

^۲ همبستگی ژنتیکی، ^۳ همبستگی فنوتیپی



۱. افتخار شاهرودی، ف. ۱۳۷۹. "بررسی اثر عوامل محیطی بر تغییرات صفات و برآورد همبستگی های فنوتیپی و ژنتیکی بین صفات تیپ در گاوهای شیری نژاد هلشتاین"، پژوهش و سازندگی، شماره ۵۰، صفحه ۵۸-۶۱.
۲. افتخار شاهرودی، ف. ۱۳۶۶. طرح مقدماتی اصلاح نژاد گاوهای بومی کشور قسمت اول، وزارت جهاد سازندگی.
۳. آیت اللهی، ا. ۱۳۸۱. بررسی امکان کاهش تعداد دفعات رکوردگیری و نمونه برداری شیر در گاوهای شیری هلشتاین، پایان نامه کارشناسی ارشد علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران
۴. خانی، ج. ۱۳۸۲. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولیدی با استفاده از رکوردهای روزانه در گاوهای شیری هلشتاین استان اصفهان، پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان.
۵. خواجه غیائی، پ. ۱۳۷۶. برآورد پارامترهای ژنتیکی و فنوتیپی صفات ظاهری و تولیدی در گاوهای نژاد هلشتاین، پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه آزاد اسلامی واحد خوراسگان.
۶. رضایی، ه. ۱۳۸۰. برآورد پارامترهای ژنتیکی تیپ، تولید و طول عمر در گاوهای هلشتاین ایران، پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گیلان.

- . Bath, D. L. □□□□. Dairy cattle: Principles, Practices, Problems a Profits, □th Ed, Lea and Febir U. S. A.
- . Dong, M. C. , and Van vleek, L. D. □□□□. "Estimates of genetic and environmental co variance for first lactation milk yield, survival, and calving interval", J. Dairy Sci. , Vol. □□, pp. □□□-□□□.
- . Jones, H. E. , white, I. M. S. , and Brother stone, S. □□□□. "Genetic evaluation of Holstein Friesian sires for daughter condition score changes using a random regression model", Anim. Sci. Vol. □□, pp. □□□-□□□.
- . Meyer, K. , Brother stone, S. B. , Hill, W. G. , and Edwards, M. R. □□□□. "Inheritance of linear type traits in dairy cattle and correlation's with milk production", Anim. Prod. Vol. □□ pp. □-□□.
- Sanjabi, M. R. , Govindaiah, M. G. , and Moeini, M. M. □□□□. "Relationships among udder type trait and milk yield of Iranian Holstein-Friesian cattle", Proc. Of British Soci. Of Anim. Sci, pp. □□□.

Estimate of genetic and phenotype correlation between milk production and linear type traits in Isfahan Holstein cows

Mehdi Kavandi ^{□*}, Mohammadali Edriss²

□□ MS.C of genetics and animal breeding, Isfahan University of technology.

2□ Faculty member of department of Animal Science, Isfahan University of technology.

* Corresponding E-mail address:mkavandi□□@yahoo.com

Abstract

In this study, □□□□□ production records of □□□□□ Holstein cows and □□□□ type trait records in □ herds from □□□□ to □□□□ (Animal Breeding Center of Isfahan Agricultural Jihad Organization and Vahdat Agriculturists and dairymen cooperative) were used to estimate of heritability of milk traits, genetic and phenotypic correlations between milk production traits and linear type traits. The genetic parameters were estimated by restricted maximum likelihood with an animal model and DFREML software. Heritability estimates for milk yield, fat yield, fat, and protein percentage, were: □□□□□□□□□□□□□□□□□□□□ and □□□□ respectively. Heritability estimates for linear type traits ranged from □□□□□ for foot angle to □□□□□ for stature. In the present study genetic correlations between milk traits and linear type traits is ranged from -□□□□ (between fat yield and chest width) to



□□□□ (between fat yield and stature) respectively. Genetic correlation between fat percentage of milk with foot traits (Rear legs rear view, Rear legs side view and foot angle) was negative. It show selection based on foot traits may decrease fat percentage of milk. Also in the present study, Genetic correlation between fat yield of milk with most of body size type traits was positive, this results demonstrated that cows are have a large body size may be have a more fat yield of milk production than other cows.

Keywords: heritability - genetic correlation- milk production - linear type traits.



توالی‌یابی و بررسی جهش‌های موجود در ناحیه پروموتور ژن میوستاتین در گاوهای نجدی

زینب محمدی^{۱*}، دکتر هدایت‌الله روشنفکر^۲، دکتر حمید رجبی معماري^۳، فاطمه امرایی^۴، دکتر حسین محمدی^۵، دکتر رحم‌خدا جوادی^۶

۱ و ۲- دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین اهواز، ۳- دانشگاه چمران اهواز، ۴- دامپزشکی شهرستان دهشت، ۵- دانشگاه تربیت معلم کرج

*mohamadyzainab@yahoo.com نویسنده مسئول: زینب محمدی،

چکیده

یکی از مزایای علم ژنتیک مولکولی شناخت ژنهایی است که در امر انتخاب برای صفات تولیدی مفید و سودآور می باشند و از آنها به عنوان ژنهای کاندیدا نام برده می‌شود. ژن میوستاتین یا عامل ۸ رشد و تمایز (GDF8) به عنوان عامل ایجاد کننده ماهیچه مضاعف شناخته شده است. میوستاتین مهار کننده رشد ماهیچه‌های اسکلتی می‌باشد و اگر جهشی در ژن آن رخ دهد باعث تغییر نقش مهاری آن و افزایش عضله می‌شود. هدف از انجام این تحقیق بررسی منطقه پروموتور ژن میوستاتین و تعیین توالی آن بود. از ۲۰ رأس گاو نجدی واقع در ایستگاه گاو نجدی شوشتر خونگیری به عمل آمد. DNA استخراج شده به کمک روش بوم و همکاران برای تکثیر دو قطعه ۵۶۱bp و ۷۳۰bp استفاده شد. بعد از اطمینان از صحت کمی و کیفی محصولات PCR بر روی ژل آگارز ۱ درصد، این محصولات برای تعیین توالی به خارج از کشور فرستاده شدند. و اجزای پروموتور ژن میوستاتین در گاو نجدی مشخص شد. نتایج بدست آمده در این بررسی سه تغییر Substitution و Deletion و Insertion را در قطعه اول (561bp) و دو جهش Substitution و Deletion را در قطعه دوم (730bp) در ناحیه پروموتور ژن میوستاتین نشان داد. این جهش‌های گزارش شده بر روی باکس‌ها و اجزای پروموتور تاثیر نداشتند. در نمونه‌هایی که دارای ژنوتیپ هتروزیگوت بودند افزایش حجم و توده ماهیچه‌ای مشاهده شد.

واژه‌های کلیدی: ژن میوستاتین، GDF-8، PCR، جهش، ماهیچه مضاعف

مقدمه

علم بیوتکنولوژی با پیشرفت چشمگیری که در سال‌های اخیر داشته سبب تحول و انقلابی عظیم در علوم زیستی شده است. از شاخه‌های جدید بیوتکنولوژی مهندسی ژنتیک است که شامل ادغام ژن‌ها، همانندسازی DNA، نوترکیب و تکنولوژی کشت بافت می‌باشد. مهندسی ژنتیک قادر است هر ژنی را از هر ارگانیسمی جهت به دست آوردن اطلاعات جدید در مورد فرآیندهای بیولوژیکی استخراج و ساختار آن را تشریح کند. یکی از مزایای این علم شناخت ژنهایی است که در امر انتخاب برای صفات تولیدی مفید و سودآور می‌باشند و از آنها به عنوان ژنهای کاندیدا نام برده می‌شود (۲). ژنهای کاندیدا برای یک صفت خاص عبارت‌اند از ژنهای توالی‌یابی شده‌ای که فعالیت بیولوژیکی آنها شناخته شده و در تکامل یا فیزیولوژی آن صفت دخالت دارند، این ژن‌ها ممکن است ژن ساختمانی، ژنهای تنظیمی و یا ژنهای دخیل در مسیرهای بیوشیمیایی مؤثر در بروز صفات باشند (۱). شناخت جنبه‌های ژنتیکی و ژنهای عمده تأثیرگذار بر تولید گوشت اخیراً مورد توجه محققان ژنتیک و اصلاح دام قرار گرفته است. مطالعات برای یافتن ژنهای به وجود آورنده ماهیچه مضاعف در گاوهای گوشتی منجر



به کشف ژن میوستاتین (GDF8)^۱ شد که به عنوان ژن کاندیدا برای صفت تولید گوشت بررسی و نقش آن در نژادهای مختلف دام و طیور و حتی انسان شناخته شده است. مطالعات مولکولی ژن میوستاتین نشان داده که این ژن چند شکل می-باشد (۳ و ۶). گاوهای با ماهیچه مضاعف دارای درصد بیش تری از فیبرهای ماهیچه‌ای سفید هستند و مقدار کلاژن کمتری دارند، هم چنین گزارش شده که گاوهای با ماهیچه مضاعف دارای بافت‌های همبند کمتری هستند که به افزایش تردی گوشت کمک می‌کند. از معایب ماهیچه مضاعف می‌توان به کاهش باروری، کاهش بقای گوساله، افزایش حساسیت به استرس و بیماریهای تنفسی اشاره نمود (۴). ماهیچه مضاعف ارتباطی با دو برابر شدن ماهیچه ندارد، اما افزایش در تعداد فیبرهای ماهیچه‌ای (هیپرپلازی)^۲ و طول شدن فیبرها (هایپرتروفی)^۳ ایجاد می‌کند. گاو نجدی شاخص ترین نژاد گاو در خوزستان است که از سوی فائو^۴ نیز به همین عنوان شناخته شده است. گاو نجدی نژادی شیری-گوشتی بوده و اغلب به رنگ قرمز-حنایی می‌باشد. تحمل درجه حرارت بالا، گوساله زایی خوب، آسان‌زایی و کم بودن موارد ابتلا به بیماری‌های دستگاه تناسلی، قدرت تحرک زیاد، مقاوم بودن در برابر ابتلا به انگل‌های خارجی و داخلی، سازش با شرایط آب و هوایی و تغذیه نامطلوب از خصوصیات بارز گاو نجدی است. هدف از انجام این تحقیق که بر روی گاوهای نجدی بومی خوزستان انجام گرفت، تکثیر ناحیه تنظیمی ژن میوستاتین و تعیین توالی آن و همچنین تعیین واریانت‌های احتمالی ژن میوستاتین در ناحیه تنظیمی ژن که منجر به کاهش یا افزایش بیان ژن می‌شود، می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این آزمایش از ۲۰ رأس گاو نجدی واقع در ایستگاه پشتیبانی گاو نجدی شوشتر که در ۱۵ کیلومتری جاده شوشتر-اهواز واقع شده است، از سرخرگ و داج گردن خونگیری به عمل آمد. استخراج دی.ان.ای از خون کامل با استفاده از کیت DIAtom DNAPrep 100 (شرکت دیاتوم) انجام گرفت.

تعیین کیفیت و کمیت DNA با استفاده از روش الکتروفورز مقایسه ای بر روی ژل آگارز با استفاده از مقادیر مشخصی DNA فاژ لامبدا انجام شد. در این آزمایش واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز به منظور تکثیر دو قطعه ۵۶۱ و ۷۳۰ جفت بازی پس از استخراج دی.ان.ای از نمونه خون کامل گاوهای نجدی خوزستان انجام گرفت. توالی پرایمرهای مورد استفاده برای قطعات ۵۶۱ و ۷۳۰ جفت بازی به ترتیب عبارتند از:

GDF8-F 5'-CTGAGGGAAAAGCATATCAAC-3'
GDF8-R 5'-CCAGCAACAATCAGCATAAATAG-3'
GDF8-F 5'-GCTCCCAGACCTTACCCCAAATC-3'
GDF8-R 5'-GTTGA TATGCTTTTCCCTCAG-3'

که جفت اول برای قطعه ۵۶۱ جفت بازی و جفت دوم برای قطعه ۷۳۰ جفت بازی استفاده شد. روش معمول بررسی محصولات پی.سی.آر، وجود یا عدم وجود و یا مقدار تولید محصول با استفاده از الکتروفورز محصول پی.سی.آر روی ژل آگارز است. برای این منظور با قرار دادن ۲ میکرولیتر از نمونه محصول پی.سی.آر بر روی ژل آگارز ۱ درصد و رنگ-آمیزی با اتیدیوم بروماید با غلظت ۱۰ میلی گرم در میلی لیتر در زیر لامپ اشعه ماوراءبنفش، دی.ان.ای تولید شده برای قطعه

^۱. GDF8: Growth Differentiation Factor 8

^۲. Hyperplasia

^۳. Hypertrophy

^۴. FAO



تکثیر شده بصورت یک باند مجزا قابل رؤیت می گردد. پس از حصول اطمینان از صحت توالی تکثیر شده، بخش پرموتور ژن میوستاتین توالی یابی گردید.



نتایج و بحث

ژن میوستاتین همچنین فاکتور ۸ رشد و تمایز (GDF-8) نامیده می شود، که عضوی از خانواده بزرگ $TGF-\beta$ می باشد و در توسعه ماهیچه اسکلتی بزرگسالان نقش دارد. ارزیابی ژن میوستاتین در گاو پیدمانتس و بلگین بلو جهش های آشکاری را نشان می دهد. توالی یابی ژن میوستاتین در گاو پیدمانتس شامل یک جهش missense می باشد که باعث جایگزینی سیستمین با تیروزین می شود، در حالی که توالی یابی ژن میوستاتین در گاو بلگین بلو شامل حذف ۱۱ نوکلئوتید است که باعث جهش frame-shift می شود (۹). در تعدادی از نژادهای گاو فنوتیپ ماهیچه مضاعف با عملکرد جهش همراه نمی شود (۷). برای مثال در نژاد سات داون حیوانات برای جهش گزارش شده هموزایگوس اند و فنوتیپ ماهیچه مضاعف به وجود نمی آید (۱۰). جولیا و همکاران (۸) نشان دادند که جهش های طبیعی در ژن میوستاتین در نژادهای گاو مثل بلگین بلو به وضوح توده ماهیچه ای را افزایش می دهد.

پرموتور یک بخش حساس است و کوچکترین تغییر در نواحی فعال بخش تنظیمی باعث بر هم زدن کمپلکس رونویسی می شود. در تحقیقات مختلفی که بر روی ژن میوستاتین انجام شده اکثرا به بررسی نواحی اگزون و اینترون ژن میوستاتین پرداخته شده است و پژوهشی که پرموتور این ژن و جهش های احتمالی را در این ناحیه مورد بررسی قرار دهد، ثبت نشده است و هیچ داده ای از مطالعات بیشتر بر روی این بخش از ژن میوستاتین در دسترس نیست. بنابراین نمی توان مقایسه قابل توجهی را در این خصوص بیان کرد.

در این تحقیق پرموتور ژن میوستاتین را در ۲۰ نمونه گاو نجدی بررسی و از تکنیک توالی یابی برای تعیین جهش ها استفاده شد. مزیت این روش نسبت به روش های دیگر مثل PCR-RFLP این است که با تعیین توالی، تمام تغییرات احتمالی در بخش مورد مطالعه مشخص است، در حالی که تکنیک PCR-RFLP تغییرات احتمالی را فقط در یک جایگاه بررسی می کند. ابتدا ناحیه پرموتور ژن با استفاده از آغازگرهای اختصاصی تکثیر شد و سپس قطعه تکثیر شده توالی یابی گردید. توالی نمونه ها تغییراتی در نقاط مختلف نشان دادند. دو قطعه (۵۶۱bp و ۷۳۰bp) تکثیر و مورد بررسی قرار گرفت. در قطعه اول (۵۶۱bp) سه تغییر Insertion, Deletion, Substitution و در قطعه دوم دو تغییر Substitution و Deletion در موقعیت های گزارش شده، مشاهده شد. در نمونه هایی که دارای ژنوتیپ هتروزیگوت بودند افزایش حجم و توده ماهیچه ای مشاهده شد. که این با نتایج جولیا و همکاران (۲۰۰۶) مطابقت و با نتایج گروبت و همکاران (۱۹۹۸) و اسمیت و همکاران (۲۰۰۰) مغایرت داشت. همچنین با نتایج پاملا و همکاران (۲۰۰۱) که بر روی گاو بلگین بلو انجام شده بود شباهت داشت. توالی و اجزای پرموتور ژن میوستاتین در گاو مشخص شد و تاثیر جهش های گزارش شده بر روی این قسمت بررسی شد. جهش های گزارش شده در اجزای پرموتور ژن میوستاتین در گاو تاثیری نداشت.

در نتیجه می توان عدم تغییر در توده عضلانی را به دو عامل ذیل نسبت داد:



الف) یکی با عملکرد ژن‌های دیگر که بر روی ماهیچه و گوشت تاثیر دارند مرتبط دانست. چون، صفات کمی توسط برآیند تعداد زیادی ژن با اثرات کم و همچنین اثر متقابل بین آنها کنترل می‌شود.

ب) و دیگری شرایط محیطی به خصوص تغذیه و عوامل مدیریتی نسبت داد، که احتمالا نقش مهمی در جلوگیری از بروز فنوتیپ ماهیچه دارند، زیرا این فنوتیپ علاوه بر نژاد تحت تاثیر تغذیه و جنس نیز قرار می‌گیرد.

با توجه به موارد فوق بررسی یک منطقه به تنهایی نمی‌تواند گواه بر عملکرد مطلوب و یا نامطلوب یک صفت در یک نژاد باشد و بالطبع بررسی وضعیت جایگاه‌های ژنی دیگر نیز مورد نیاز است، زیرا تفاوت‌های فنوتیپی که در انواع مختلف سلول-های یوکاریوتی عالی دیده می‌شود، به دلیل اختلاف در بیان ژن‌های کدکننده پروتئین‌های سلولی است. برای اطمینان کامل باید مطالعات تکمیلی انجام شود و ارتباط این فنوتیپ در تعامل با جایگاه‌های دیگر ژنی بررسی شود. با توجه به جهش‌های مشاهده شده در پروموتور ژن میوستاتین و عدم وقوع ماهیچه مضاعف باید توجه داشت، که فقط جهش‌های بخش تنظیمی بررسی شده است، در حالی که جهش‌های متفاوتی در بخش‌های دیگر ژن می‌تواند باعث ماهیچه مضاعف شود.

منابع

۱. سادات نوری ا. فاضل نجف آبادی م. ۱۳۸۵. ژنتیک کمی (به زبان ساده). انتشارات دانشگاه تهران، ص ۲۷۱.
۲. گله داری ح. ع فروغمند. ه روشنفکر. و م نظری. ۱۳۸۵. مهندسی ژنتیک جامع. چاپ اول، انتشارات گل های بهشت، ۴۲۰ ص.
۳. مسعودی ع. ح عمرانی. ع عباسی. الف نجاتی جوارمی. خ فرهنگ. س اسماعیل خانیان. و ف ضیایی. ۱۳۸۴. استفاده از تکنیک PCR-SSCP جهت بررسی چند شکلی های ژن میوستاتین و ارتباط آن با صفات تولیدی در گوسفند بلوچی. چهارمین همایش بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران.
4. Arthur, P.F., M. Makarechian. M.A. Price. 1988. Incidence of dystocia and prenatal calf mortality resulting from reciprocal crossing of double-muscled and normal cattle. Canadian Veterinary Journal, 29: 163-167.
5. Belling, R.H.S., D.A. Liberles. S.P.A. Laschi. PAO. Brien. G.H. Tay. 2005. Myostatin and its implications on animal breeding: a review. Anim, Genet, 36:1-6.
6. Casas, E., S. W. Shackerford. J. Keele. R.T. Stone. S.M. Kappes. M. Koohmareie. 2000. Quantitative trait loci affecting growth and carcass composition of cattle segregating alternate from of myostatin. Journal of Animal Science, 78:560-569.
7. Grobet, L., D. Poncelet. J.L. Royo. B. Brouwers. D. Pirottin. C. Michaux. F. Ménissier. M. Zanotti. S. Dunner. M. Georges. 1998. Molecular definition of an allelic series of mutations disrupting the myostatin function and causing double muscling in cattle. Mammal Genome, 9:210-213.
8. Joulia-Ekaza, D., G. Cabello. 2006. Myostatin regulation of muscle development: Molecular basis, Natural mutations, Physiopathological aspects. Experimental cell research, 312: 2401-241410.
9. Masumi, N., Y. Akihiro. N. Shinichirou. N. Tsutomu. Y. Takashi. I. Mitsuo. M. Keiji. O. Hideyo. N. Sumihare. 2002. A missense mutant myostatin causes hyperplasia without

hypertrophy in the mouse muscle. Biochemical and Biophysical Research communications, 293: 247-251.

10. Smith, J.A., A.M. Lewis. P. Wiener. J.L. Williams. 2000. Genetic variation in the bovine myostatin gene in UK beef cattle. allele frequencies and haplotype analysis in the South Devon, Anim Genet, 31:306-309.

Sequencing and Investigation mutations in the Myostatin gene promoter region (GDF8) in The Najdi cows

Mohammadi^{1*}, Z., Roshanfeker², H.A., Rajabi Memari³, H., Amraei⁴, F. Mohammadi⁵, H., Javadi⁶, R.,

1,2,4 Ramin Agricultural and Natural Resources University, 3 Chamran University Ahwaz, 5 Veterinary Medicine, Dehdasht city, 6 Tarbiat Moallem University Karaj

* Corresponding E-mail address: mohamadyzainab@yahoo.com

Abstract

One advantage of molecular genetics is to identify genes that are involved in selection for production traits useful and profitable, that they be named as a candidate gene. Myostatin or Growth and differentiation factor 8 (GDF8) has been identified as the factor causing double muscle. Myostatin is skeletal muscle growth inhibitor occur if the mutation in the gene can alter its inhibitory role and increased Muscle. The aim of this study Evaluation of Myostatin gene promoter region and sequenced. of 20 Najdi cows in the cattle station was taken Najdi Shushtar, DNA extraction canvas and methods and 730bp and 561bp two pieces of was used for amplification. After ensuring the correctness PCR products on agarose gel Azsht 1% (without any false-band) sequences gene was performed and component promoter Myostatin was found in Najdi cattle. Results showed Substitution and Deletion and Insertion Mutations in the first fragment (561bp) and the Substitution and Deletion Mutations in the second fragment (730bp) in the promoter region of Myostatin genes. These reports mutations on boxes and component promoter did not affect gene Myostatin. Samples with heterozygote genotype have an increaseing in volume and muscle mass.

Key Words: Gene Myostatin- GDF-8- PCR- mutation- double muscle



استفاده از مدل تابعیت تصادفی برای برآورد اجزای واریانس تولید شیر در گاوهای هلشتاین

محمد رزم کبیر*^۱، محمد مرادی شهربابک^۲، عباس پاکدل^۲، اردشیر نجاتی جوارمی^۲

۱، گروه علوم دامی دانشگاه کردستان ۲، گروه علوم دامی دانشگاه تهران

* نویسنده مسئول: محمد رزم کبیر، m.razmkabir@uok.ac.ir

چکیده

در این پژوهش از اطلاعات مربوط به دوره اول شیردهی گاوهای هلشتاین ایران که طی سال های ۱۳۷۵ تا ۱۳۸۹ توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور جمع آوری شده بود، استفاده شد. داده های مورد استفاده برای صفت تولید شیر شامل ۸۷۲۱۲۵ رکورد روز آزمون مربوط به ۹۵۸۱۶ حیوان در ۵۹ گله واقع در استان های مختلف کشور بود. برآورد مؤلفه های (کو) واریانس و پارامتر های ژنتیکی با استفاده از مدل تابعیت تصادفی و روش نمونه گیری گیس انجام شد. برای توصیف منحنی شیردهی حیوانات در سطح ژنتیکی و محیط دائمی، مرتبه دوم تابع لژاندر به همراه ضریب سوم تابع ویلمینک انتخاب شد. به منظور تصحیح اثر ناهمگنی واریانس باقیمانده، دوره شیردهی که از روز ۵ تا روز ۳۶۵ شیردهی بود، به ۱۰ گروه با فواصل نامساوی دسته بندی شد. واریانس باقیمانده برای صفت تولید شیر در ابتدای دوره شیردهی بیشترین مقدار را داشت و از ماه دوم به بعد تا پایان دوره شیردهی روند کاهشی جزئی در این پارامتر مشاهده شد. واریانس محیط دائمی در ابتدا و انتهای دوره شیردهی بیشترین مقدار را داشت که این الگو، موجب افزایش واریانس کل و کاهش وراثت پذیری در مراحل آغازین و پایانی دوره شیردهی شد. واریانس ژنتیکی در ماه اول کمترین مقدار و با حفظ روند افزایشی در دو ماه پایانی بیشترین مقدار را داشت. برای صفت تولید شیر، کمترین و بیشترین مقدار وراثت پذیری به ترتیب برابر ۰/۰۸ و ۰/۲۵ و مربوط به روزهای ۵ و ۲۷۴ شیردهی بود.

واژه های کلیدی: رکورد روزآزمون - وراثت پذیری - نمونه گیری گیس - گاو شیری

مقدمه

صفت تولید شیر در گاوهای شیری، جزو صفات تکراردار در زمان است که به صورت ماهیانه و متوالی در طی دوره شیردهی ثبت و رکوردبرداری می شود. در هر نوبت رکوردگیری، مقدار شیر تولیدی شبانه روز ثبت می شود که به آن رکورد روزآزمون می گویند. با توجه به اینکه متوسط فاصله رکوردبرداری ۳۰ روز است از این رو برای گاوهایی با دوره تولید کامل ۳۰۵ روز، حدود ۱۰ روزآزمون ثبت می گردد (۶). در مقابل رکوردهای روزآزمون، رکوردهای شیردهی ۳۰۵ روز قرار دارند. رکوردهای ۳۰۵ روز براساس رکوردهای روزآزمون و با بهره گرفتن از یک مجموعه ضرایب تولید می شوند. تولید و به کارگیری رکوردهای شیردهی موجب کاهش تفاوت های بیولوژیکی و محدود کردن واریانس ژنتیکی حیوانات می شود (۲). مدل تابعیت تصادفی یکی از بهترین مدل های شناخته شده است که می تواند رکوردهای تکراردار از جمله صفات تولیدی در گاو شیری را مستقیم به کار بگیرد. در این مدل تغییرات تولید شیر در طی دوره شیردهی با استفاده از ضرایب تابعیت تصادفی در سطح ژنتیکی و محیط دائم در نظر گرفته می شود. مزایای استفاده از رکوردهای روزآزمون شامل افزایش صحت با توجه به حجم بیشتر داده ها، عدم نیاز به تصحیح رکوردها و ارزیابی با داده های واقعی، توانایی پیش بینی ارزش اصلاحی حیوانات در سنین پائین، اعمال اثرات محیطی برای هر رکورد روزآزمون و توانایی محاسبه ارزش اصلاحی برای هر قسمت از منحنی شیردهی و صفت تداوم شیردهی می باشد (۱ و ۱۰). طبق گزارش مرکز ارزیابی ژنتیکی گاوهای نر (اینتربول)، در حال حاضر کشورهایی از جمله کانادا، هلند، دانمارک، سوئد، فنلاند، بلژیک، آلمان و اتریش از مدل های روزآزمون برای ارزیابی های ژنتیکی در سطح ملی استفاده می کنند (۵). بر اساس گزارش مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور، در حال حاضر



تعداد رکوردهای روزآزمون تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران به بیشتر از ۱۳ میلیون رکورد رسیده است با این وجود ارزیابی های ژنتیکی کشور بر مبنای رکوردهای ۳۰۵ روز انجام می شود. با توجه به ضرورت استفاده مستقیم از رکوردهای روزآزمون، این پژوهش با هدف کاربرد مدل تابعیت تصادفی و روش نمونه گیری گیبس در برآورد پارامتر های ژنتیکی رکوردهای روزآزمون تولید شیر گاوهای هلشتاین ایران انجام شد.

مواد و روش ها

در این تحقیق از اطلاعات و رکوردهای روز آزمون مربوط به صفت تولید شیر که طی سال های ۱۳۷۵ تا ۱۳۸۹ توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور جمع آوری شده بود، استفاده شد. پس از ویرایش داده ها، تعداد روزهای شیردهی به روز ۵ تا ۳۶۵ و سن در زمان زایش به ماه ۱۸ تا ۴۲ محدود شد. اطلاعات نهایی و مورد استفاده شامل ۸۷۲۱۲۵ رکورد روزآزمون مربوط به ۹۵۸۱۶ حیوان بود که در ۵۹ گله قرار داشتند. برای توصیف منحنی شیردهی حیوانات در سطح ژنتیکی و محیط دائمی، مرتبه دوم تابع لژاندر به همراه ضریب سوم تابع ویلمینک استفاده شد. به منظور تصحیح اثر ناهمگنی واریانس باقیمانده، دوره شیردهی که از روز ۵ تا روز ۳۶۵ شیردهی بود، به ۱۰ گروه با فواصل نامساوی دسته بندی شد. مؤلفه های (کو) واریانس و پارامتر های ژنتیکی با استفاده از مدل تابعیت تصادفی و روش بیزین مبتنی بر نمونه گیری گیبس و با کمک نرم افزار DMU برآورد شد (۸). بخشی از نمونه های تولید شده اولیه به عنوان مرحله مرحله گرم شدن، حذف شدند. سایر نمونه های باقیمانده برای محاسبه میانگین و انحراف معیار توزیع پسین اجزای واریانس مورد استفاده قرار گرفتند. برای مقادیر پیشین عوامل ثابت مدل، توزیع یکنواخت و برای مقادیر پیشین عوامل تصادفی مدل، توزیع چند متغیره نرمال در نظر گرفته شدند (۶ و ۷). برای بررسی همگرایی در نمونه های تولید شده، از روش مشاهده نگاره ای که یک روش مطمئن و مرسوم برای بررسی همگرایی نمونه های گیبس است، استفاده شد. در این روش همه پارامترهای موجود در مدل در قالب نگاره، به صورت بصری مشاهده و کنترل می شوند و نقطه شروع به همگرایی (نمونه آغازین) برای پارامتر مورد نظر انتخاب می شود. پس از مقایسه چندین مدل و بررسی ساختار داده ها، مدل زیر انتخاب شد.

$$y_i = mt + yc + as + hy + \sum_{i=1}^3 as\varphi_i(t) + htm + \sum_{i=1}^3 hy\varphi_i(t) + \sum_{i=0}^3 a\lambda_i(t) + \sum_{i=0}^3 pe\lambda_i(t) + e$$

که در آن y_i برابر رکورد روز آزمون حیوان i ام، mt اثر ثابت دفعات دوشش (۲ سطح)، yc اثر ثابت سال-فصل زایش (۴۹ سطح)، as اثر ثابت فصل-سن زایش اول (۱۶ سطح)، hy اثر ثابت گله-دو سال زایش اول (۳۲۹ سطح)، htm اثر تصادفی گله-ماه رکوردداری، $\sum_{i=1}^3 as\varphi_i(t)$ ضرایب تابعیت ثابت در داخل گروه های سن-فصل زایش برای تعریف سطح کلی منحنی شیردهی، $\sum_{i=1}^3 hy\varphi_i(t)$ ضرایب تابعیت تصادفی برای گروه های گله-دو سال زایش، $\sum_{i=0}^3 a\lambda_i(t)$ ضرایب تابعیت تصادفی برای آثار ژنتیکی افزایشی، $\sum_{i=0}^3 pe\lambda_i(t)$ ضرایب تابعیت تصادفی برای محیط دائمی و e آثار تصادفی باقیمانده است.

نتایج و بحث

روش نمونه گیری گیبس در مدل های پیچیده ای مانند مدل تابعیت تصادفی، عملکردی بهتری دارد (۶). یکی از تفاوت های روش بیزین مبتنی بر نمونه گیری گیبس با روش حداکثر درستنمایی در آزمون همگرایی برآورد اجزای واریانس است. در

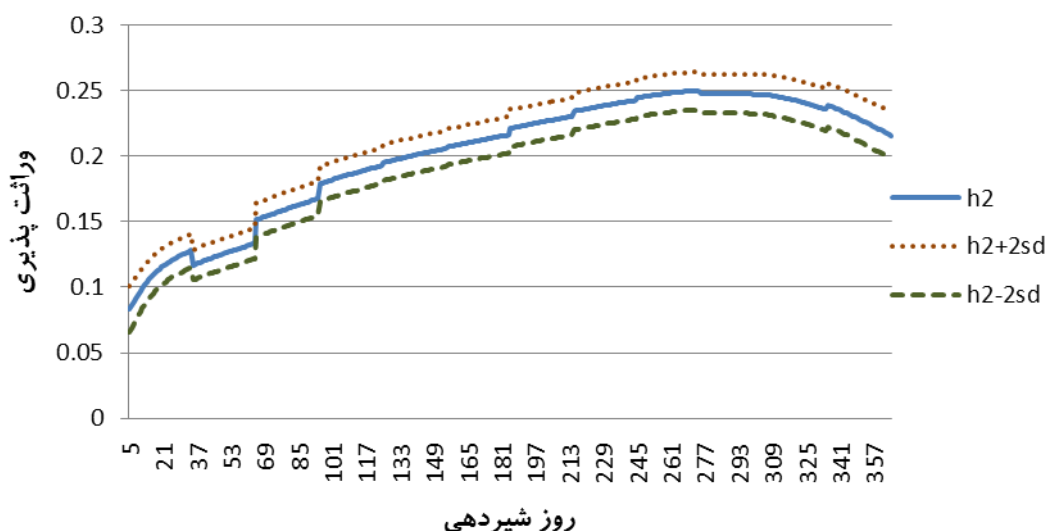


نمونه گیری گیس لازم است که نتایج و نمونه های حاصل شده را با روش های آماری و مشاهده ای بررسی نمود. در بررسی نمونه ها، مشخص شد که تعداد نمونه های کنار گذاشته شده در مرحله گرم شدن کفایت نمی کند. بنابراین بخش دیگری از نمونه های تولید شده در فرآیند نمونه گیری گیس، از محاسبات خارج شد و سپس با نمونه های تأیید شده مؤلفه های واریانس محاسبه شدند.

نتایج نشان داد که واریانس باقیمانده در ابتدای دوره شیردهی بیشترین مقدار را دارد و از ماه دوم به بعد تا پایان دوره شیردهی کاهش ملایمی مشاهده می شود. بالا بودن مقدار واریانس باقیمانده در اوایل دوره شیردهی به معنی نوسانات بیشتر عوامل محیطی در این دوره است. این نوسانات که می تواند به دلایلی از جمله تغییرات دوره انتقال، احتمال بروز بیشتر ناهنجاری های متابولیکی و همچنین تأثیر تعادل منفی انرژی بر تولید باشد. عبدالله پور و همکاران (۲۰۱۱) نتایج مشابهی را در گاوهای هلشتاین ایران گزارش نمودند. واریانس محیط دائمی برای صفات تولیدی در انتهای دوره شیردهی بیشترین مقدار و در ابتدای دوره شیردهی بیشترین نوسان را نشان داد. مقدار بالای این واریانس منجر به افزایش واریانس کل و کاهش وراثت پذیری در مراحل آغازین و پایانی دوره شیردهی می شود. میگیلور و همکاران (۲۰۰۹) روند مشابهی در گاوهای هلشتاین چین برای دوره های اول تا سوم شیردهی گزارش نمودند. تغییرات واریانس ژنتیکی در طول دوره شیردهی مثبت و افزایشی بود. کمترین مقدار این مؤلفه در ماه اول دوره شیردهی است و سپس با روند افزایشی در دو ماه آخر دوره مورد بررسی به بیشترین مقدار خود می رسد.

از مهمترین مزایای مدل های تابعیت تصادفی این است که می توان برای کل روزهای دوره شیردهی، اجزای واریانس و وراثت پذیری را برآورد نمود. مقادیر مختلف وراثت پذیری تولید شیر در شکل ۱ نشان داده شده است. کمترین مقدار وراثت پذیری برابر ۰/۰۸ در روز ۵ شیردهی و بیشترین مقدار برابر ۰/۲۵ در روز ۲۷۴ شیردهی بود. روند کلی تغییرات به این صورت است که وراثت پذیری تولید شیر در اوایل دوره شیردهی پایین و مقدار آن با پیشرفت روزهای شیردهی تا ماه دهم افزایش می یابد. هرچند که روند کاهشی ملایمی در وراثت پذیری دو ماه آخر دوره مورد بررسی مشاهده می شود اما سطح آن همچنان نسبت به ابتدای دوره شیردهی بالاتر است. پایین بودن میزان وراثت پذیری در ابتدای دوره به دلیل بالا بودن واریانس باقیمانده و پایین بودن واریانس ژنتیکی است.

مقدس زاده اهرابی و همکاران (۱۳۸۴) دامنه وراثت پذیری برای گاوهای هلشتاین ایران از ۰/۰۷۵ برای اوایل دوره شیردهی تا ۰/۲۷۸ برای ماه هشتم گزارش نمودند که با نتایج پژوهش حاضر مطابقت دارد. تکرار پذیری برآورد شده برای صفت تولید شیر نسبتاً بالا و از ۰/۵۳ تا ۰/۷۸ متغیر بود. در مطالعه فرهنگ فر و همکاران (۱۳۸۷) مقدار تکرارپذیری تولید شیر با استفاده از مدل تابعیت تصادفی تکه ای در گاوهای هلشتاین ایران برای ماه های مختلف دوره شیردهی از ۰/۳۵ تا ۰/۵۰ گزارش شده است. مقادیر بالای تکرارپذیری نشان می دهد که با اطمینان زیادی می توان حیوانات را بر اساس رکوردهای موجود برای دوره های بعدی شیردهی انتخاب نمود. بر اساس نتایج به دست آمده، ساختار اجزای واریانس های ژنتیکی، باقیمانده و محیط دائمی در طی دوره شیردهی ناهمگن بود و در روزهای مختلف شیردهی مقادیر متفاوتی داشتند. بر این اساس، فرض همگنی و ثابت نگه داشتن اجزای واریانس که در تولید و تجزیه رکوردهای ۳۰۵ روز فرض می شود، صحیح نیست و بهتر است که از رکوردهای روز آزمون به طور مستقیم در ارزیابی های ژنتیکی بهره گرفت.



شکل ۱. میانگین و ± 2 انحراف معیار توزیع پسین وراثت پذیری شیر از روز ۵ تا ۳۶۵

سپاسگزاری

از مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور جهت فراهم نمودن اطلاعات مورد نیاز این تحقیق صمیمانه تقدیر و تشکر می شود.

فهرست منابع

- فرهنگ فر، ه.، نعیمی پور، ح. و لطفی، ر. ۱۳۸۷. ارزیابی ژنتیکی تولید شیر در گاوهای شیری نژاد هلشتاین استان خراسان با استفاده از مدل تابعیت تصادفی تکه ای. مجله علوم و فنون کشاورزی و منابع طبیعی، شماره ۴۳ (ب)، ص ۵۴۳-۵۳۳.
- مرادی شهربابک، م. ۱۳۸۰. تخمین اجزای واریانس صفات تولیدی گاوهای هلشتاین ایران با استفاده از رکوردهای روزانه. اولین سمینار ژنتیک و اصلاح نژاد دام، طیور و آبزیان کشور. دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران، کرج، ایران.
- مقدس زاده اهرابی، س.، اسکندری نسب، م.، علیجانی، ص. و عباسی، م. ع. ۱۳۸۴. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تولید شیر و چربی در گاوهای هلشتاین با استفاده از رکوردهای روز آزمون. مجله علوم کشاورزی و منابع طبیعی، ۱۲ (ویژه نامه علوم دامی). ص ۱۶-۷.
- Abdollahpour, R. Moradi-Shahrababak, M. Nejati-Javaremi, A. and Vaez-Torshizi, R. 2011. Variance Component Estimation for Milk, Fat and Protein Percentages along Lactation in Iranian Holstein Cattle. World Applied Sciences Journal. 13(1), 125-128.
- Interbull. (2010) Description of national genetic evaluation systems for dairy cattle traits as applied in different Interbull member countries. Retrieved May 25, 2010, from <http://www-interbull.slu.se/>



6. Jamrozik J. & Schaeffer L. R. (1997). Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 80:762-770.
7. López-Romero P., Rekaya R. & Carabaño M. J. (2003). Assessment of homogeneity vs. heterogeneity of residual variance in random regression test-day models in a Bayesian analysis. *Journal of Dairy Science*, 86:3374-3385.
8. Madsen P. & Jensen J. (2007). A user's guide to DMU. University of Aarhus, DJF, Denmark.
9. Miglior F., Gong W., Wang Y., Kistemaker G. J., Sewalem A. & Jamrozik J. (2009). Short communication: Genetic parameters of production traits in Chinese Holsteins using a random regression test-day model. *Journal of Dairy Science*, 2009. 92:4697-4706.
10. Schaeffer L. R. (2004). Application of random regression models in animal breeding. *Livestock Production Science*, 86:35-45.

Estimation of Variance Components for Milk Yield in Holstein Cattle using Random Regression Model

M. Razmkabir^{*1,2}, M. Moradi-Shahrabak², A. Pakdel² and A. Nejati-Javaremi²

1, Department of Animal Science, University of Kurdistan

2, Department of Animal Science, University of Tehran

* Corresponding email address: m.razmkabir@uok.ac.ir

Abstract

Test day records of first lactation Holstein cows from 1996 to 2010 were obtained from Animal Breeding Center of Iran. Data consisted of 872125 test-day milk records of 95816 cows in 59 herds. Variance components were estimated using random regression model via Gibbs sampling method. Two order Legendre polynomials and third coefficient of Wilmink function were selected to describe the lactation curve of the animals in the model. The heterogeneity of the residual variance in days 5 to 365 of lactation was modeled using 10 intervals with different lengths. Residual variance for production traits was high and unstable at the beginning but it was steady and decreased slowly to the end of the lactation. Permanent environmental variance was high at the extremes. The total variance and the heritability were affected by the pattern of PE variance. The lowest and highest genetic variances for milk were at the beginning and at the end of lactation, respectively. Heritability estimates for test-day milk yields were low in the early lactation and generally ranged from 0.083 to 0.25 for days 5 and 274, respectively.

Key Words: Test Day Record - Heritability – Gibbs Sampling – Dairy Cattle

مقایسه چند شکلی جایگاه ژن استرول کوآنزیم آ دسچوراز (SCD) در گوسفندان لری بختیاری و زل با استفاده از تکنیک PCR-SSCP

محسن عالی^۱، حسین مرادی شهربابک^۲، محمد مرادی شهربابک^۳، مصطفی صادقی^۳

۱، ۲، ۳ دانشجوی کارشناسی ارشد، استاد و استادیار گروه علوم دامی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران

EMAIL: mohsen.ali@ut.ac.ir

چکیده:

با توجه به نقش اسیدهای چرب غیر اشباع در سلامتی انسان و جلوگیری از بروز بیماری‌های قلبی-عروقی، چاقی و دیابت، کشف ژن‌های کاندیدای موثر بر افزایش نسبت اسیدهای چرب غیر اشباع به اشباع در بدن ضروری به نظر می‌رسد. استرول کوآنزیم آ دسچوراز (SCD) یک آنزیم حیاتی در تبدیل اسیدهای چرب اشباع (SFA) به اسیدهای چرب غیر اشباع با یک پیوند دوگانه (MUFA) و نیز سنتز لینولئیک اسید کونژوگه (CLA) می‌باشد. ژن SCD روی کروموزوم شماره ۲۲ گوسفند قرار دارد که دارای ۶ اگزون و ۵ اینترون است. نمونه خون از تعداد ۲۴۳ رأس گوسفند لری بختیاری و ۱۹۰ رأس گوسفند زل جمع‌آوری شده و استخراج DNA به روش نمکی با استفاده از پروتئیناز K انجام گرفت. تنوع این ژن بوسیله واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR) جهت تکثیر قطعه ۵۱۷ جفت‌بازی واقع در پروموتور و به دنبال آن آنالیز SSCP، مورد بررسی قرار گرفت. طی آن پنج الگوی بانندی مشاهده شد که الگوهای ۱ و ۲ هر کدام با فراوانی تقریباً ۰/۴۸ در مجموع دو نژاد بیشترین فراوانی را داشتند. الگوهای ۳ و ۴ که فقط در نژاد لری بختیاری مشاهده شدند، به ترتیب دارای فراوانی (۰/۲۵) و (۰/۰۵) بودند. این مطالعه نشان داد که این جایگاه در نژادهای بومی ایران دارای چندشکلی قابل توجهی بوده و نیز مشخص شد بین نژادهای دنبه‌دار و بی‌دنبه تعدادی چندشکلی متفاوت در این جایگاه وجود دارد. بنابراین به نظر می‌رسد این جایگاه از ژن استرول کوآنزیم آ دسچوراز کاندیدای مناسبی جهت اصلاح نژاد گوسفند برای صفات چربی لاشه بویژه ترکیب اسیدهای چرب گوشت باشد.

کلمات کلیدی: چندشکلی-استرول کوآنزیم آ دسچوراز-گوسفند-اسیدهای چرب-PCR-SSCP

مقدمه:

با توجه به نقش اسیدهای چرب غیر اشباع در سلامتی انسان و جلوگیری از بروز بیماری‌های قلبی-عروقی، چاقی و دیابت، کشف ژن‌های کاندیدای موثر بر افزایش نسبت اسیدهای چرب غیر اشباع به اشباع در بدن ضروری به نظر می‌رسد (۵). استرول کوآنزیم آ دسچوراز، آنزیمی است که با ایجاد یک پیوند مضاعف سیس در بین کربن‌های ۹ و ۱۰ در طیف وسیعی از اسیدهای چرب اشباع با تعداد کربن مختلف سبب تبدیل اسیدهای چرب اشباع به غیر اشباع می‌شود (۴). ژن SCD روی کروموزوم شماره ۲۲ گوسفند قرار دارد (۲) که دارای ۶ اگزون و ۵ اینترون است (۳). گوسفند لری بختیاری نژادی با سرعت رشد بالا و اندازه دنبه بزرگ و گوسفند زل نژادی بی‌دنبه با جثه کوچک است (۱). بررسی تنوع ژنتیکی ناحیه کدکننده و غیرکدکننده ژن SCD در هشت نژاد (دنبه‌دار، نیم‌دنبه و دم‌دار) با استفاده از توالی‌یابی DNA منجر به شناسایی چهار SNP درون ناحیه غیرکدکننده شد که مهم‌ترین آن در پروموتور ژن بود زیرا اولاً این SNP ممکن است روی عناصر تنظیم‌کننده بیان ژن اثرگذار باشد، ثانیاً این SNP دارای بیشترین میانگین فراوانی (۰/۲۵) در مجموع هشت نژاد بود (۳). هدف از این مطالعه، بررسی چندشکلی جایگاه ۵۱۷ جفت‌بازی واقع در پروموتور، انتهای 5'UTR و اگزون ۱ ژن SCD به روش PCR-SSCP است.



لازم به ذکر است که این اولین مطالعه‌ای است که یک جایگاه ژن SCD را در گوسفندان بومی ایران مورد بررسی قرار می‌دهد بطوریکه نتایج مطالعه حاضر می‌تواند گامی در جهت اصلاح نژاد گوسفندان بومی کشور برای صفات چربی و ترکیب اسیدهای چرب گوشت و شیر به حساب آید.

مواد و روش‌ها:

در این پژوهش از تعداد ۲۴۳ رأس گوسفند لری بختیاری و ۱۹۰ رأس گوسفند زل به ترتیب از ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند شولی و شیرنگ با استفاده از ونوجکتهای حاوی EDTA از سیاهرگ و داج خون‌گیری انجام شد. استخراج DNA به روش استخراج نمکی با استفاده از پروتئیناز K صورت گرفت و کمیت و کیفیت آن با استفاده از الکتروفورز روی ژل آگارز ۱٪ و روش اسپکتروفتومتری با دستگاه نانودراپ بررسی شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) جهت تکثیر قطعه ۵۱۷ جفت‌بازی شامل بخشی از پروموتور، تمام انتهای 5'UTR و ۲۵ نوکلئوتید ابتدایی اگزون ژن استرول کوآنزیم آ دسچوراز (SCD) انجام گرفت. آغازگرهای مورد استفاده به ترتیب با توالی‌های رفت و برگشت زیر توسط شرکت متابیون سنتز شدند.

توالی آغازگر رفت: 5'-AAATTCCCTTCGGCCAATGAC-3'

توالی آغازگر برگشت: 5'-TCTCACCTCCTCTTGCAGCAA-3'

جدول ۱- برنامه‌ی دمایی و زمانی مورد استفاده برای تکثیر جایگاه پروموتور ژن استرول کوآنزیم دسچوراز

نوع عمل	زمان	دما (سانتی‌گراد)	تعداد چرخه
واسرشت‌سازی اولیه DNA	۵ دقیقه	۹۴ درجه سانتی‌گراد	۱
واسرشت‌سازی DNA	۴۵ ثانیه	۹۴ درجه سانتی‌گراد	۳۵
اتصال آغازگر به DNA	۴۵ ثانیه	۶۰ درجه سانتی‌گراد	۳۵
بسط	۳۰ ثانیه	۷۲ درجه سانتی‌گراد	۳۵
بسط نهایی	۵ دقیقه	۷۲ درجه سانتی‌گراد	۱

واکنش PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر شامل ۱۰۰ نانوگرم DNA ژنومی، بافر ۱X، ۰/۲۵ میکرومولار از هر پرایمر، ۰/۲۵ میلی‌مولار از هر dNTP، ۲/۵ میلی‌مولار $MgCl_2$ ، ۱/۵ واحد آنزیم تک‌پلیمرز و آب دیونیزه انجام شد. پس از انجام واکنش PCR برای اطمینان از تکثیر و صحت و میزان DNA تکثیر شده، الکتروفورز محصولات PCR بر روی ژل آگارز یک درصد انجام شد. بمنظور تعیین ژنوتیپ حیوانات از روش SSCP به شرح زیر استفاده شد. شرایط SSCP: ۱۶ میکرولیتر بافر رنگی مخصوص SSCP با ۴ میکرولیتر محصول PCR مخلوط و ورتکس شد و سپس در دستگاه ترموسایکلر مدل FTGRAD2D شرکت TECHNE به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۹۶ درجه‌ی سانتی‌گراد قرار داده شد تا رشته‌های DNA واسرشت شوند. سپس به مدت ۱۰ دقیقه روی یخ گذاشته شد. پس از بارگذاری نمونه‌های واسرشت‌شده درون چاهک‌های ژل پلی‌اکریل‌آمید ۱۲٪، الکتروفورز نمونه‌ها به مدت ۲۴ ساعت و با اختلاف پتانسیل ۱۵۰ ولت در دمای ۴ درجه سانتیگراد انجام و در نهایت رنگ‌آمیزی ژل به روش نیترات‌نقره انجام شد.

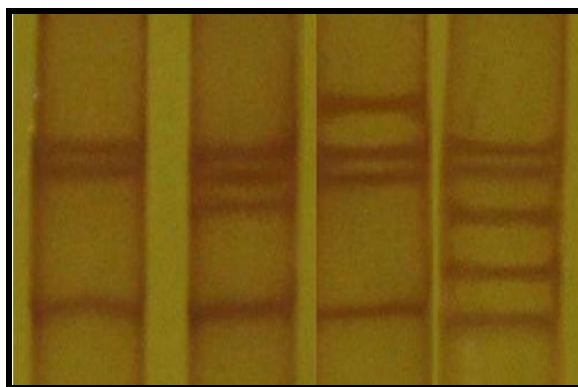
نتیجه و بحث:

PCR: تکثیر اختصاصی محصول PCR قطعه‌ی مورد نظر روی ژل آگارز ۲ درصد در شکل ۱ مشاهده می‌شود. در این تصویر قطعه ۵۱۷ جفت بازی ژن استرول کوآنزیم آ دسچوراز مشاهده می‌شود. برای ارزیابی دقیق‌تر قطعات تکثیر شده از یک شاخص ژنتیکی استفاده شد. استاندارد وزن مولکولی استفاده شده در کنار محصولات PCR صحت تکثیر قطعه مورد نظر را تأیید می‌کند.

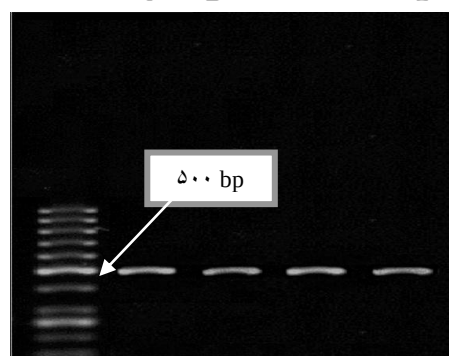
SSCP: نتایج حاصل از SSCP محصولات PCR و رنگ‌آمیزی ژل اکریل‌آمید بیان‌گر ۴ الگوی بانندی متفاوت برای نژاد لری‌بختیاری و زل بود که در شکل ۲ آورده شده‌اند.

شکل ۲- الگوهای SSCP جایگاه ژن SCD

شماره الگو	۱	۲	۳	۴



شکل ۱- قطعه‌ی اختصاصی تکثیرشده ژن SCD



فراوانی‌های ژنوتیپی: با توجه به در دسترس بودن تعداد هر یک از ژنوتیپ‌ها و اندازه کل جمعیت، فراوانی‌های ژنوتیپی با روش شمارش مستقیم محاسبه شدند. فراوانی هر الگو در جدول شماره ۳ آورده شده است. این نتایج نشان می‌دهد نژاد لری‌بختیاری برخلاف نژاد زل و نیز هشت نژاد دنبه‌دار و بی‌دنبه بررسی شده در تحقیق گارسیا فرناندز و همکاران (۲۰۰۹) که فقط یک جهش را در این جایگاه گزارش کردند، در این جایگاه از ژن SCD دارای تنوع ژنتیکی بیشتری می‌باشد. این تنوع ژنتیکی با توجه به نقش فیزیولوژیک ژن SCD می‌تواند منشأ تنوع در ترکیب اسیدهای چرب گوشت و شیر و نحوه ذخیره‌سازی چربی در بدن باشد. مطالعه گارسیا فرناندز و همکاران (۲۰۰۹) روی نژادهای دنبه‌دار و بی‌دنبه با استفاده از توالی‌یابی DNA منجر به شناسایی یک SNP در این ناحیه از پروموتور ژن SCD شد که بیشترین فراوانی را نسبت به سایر جهش‌های مشاهده شده در نواحی غیرکدکننده داشت. در مطالعه حاضر پنج الگوی بانندی در این جایگاه مشاهده شد که الگوهای ۱ و ۲ هر کدام با فراوانی تقریباً ۰/۴۸ در مجموع دو نژاد، بیشترین فراوانی را داشتند. الگوهای ۳ و ۴ که فقط در نژاد لری‌بختیاری مشاهده شدند، به ترتیب دارای فراوانی (۰/۲۵) و (۰/۰۵) بودند. این مطالعه نشان داد که نژاد دنبه‌دار لری‌بختیاری در جایگاه ژن SCD دارای چندشکلی قابل توجهی است درحالی‌که گوسفند بی‌دنبه زل دارای تنوع کمی در این جایگاه است. بنابراین به نظر می‌رسد با توجه به نقش فیزیولوژیک استرول - کوآنزیم آ دسچوراز در بدن، این جایگاه کاندیدای مناسبی جهت اصلاح نژاد گوسفند برای صفات چربی لاشه بویژه ترکیب اسیدهای چرب گوشت باشد.

جدول شماره ۳- تعداد و فراوانی الگوهای ژنوتیپی جایگاه ژن SCD در گوسفند لری‌بختیاری و زل

شماره	۱	۲	۳	۴	کل	الگو
لری	۱۳۱	۹۹	۱۱	۲	۲۴۳	تعداد
بختیاری	۰/۵۴	۰/۴۰۷	۰/۰۴۵	۰/۰۰۸	۱	فراوانی
زل	۸۱	۱۰۹	-	-	۱۹۰	تعداد
	۰/۴۲۶	۰/۵۷۴	-	-	۱	فراوانی
مجموع دو نژاد	۰/۴۹	۰/۴۸	۰/۰۲۵	۰/۰۰۵	۱	

(-): عدم مشاهده الگو در جمعیت

منابع:

۱. خالداری، م.، ۱۳۸۷. اصول پرورش گوسفند و بز. چاپ سوم، انتشارات جهاد دانشگاهی، تهران.
2. Carta, A., S. Casu, M.G. Usai, M. Addis, M. Fiori, A. Fraghi and et al. 2008. Investigating the genetic component of fatty acid content in sheep milk. Small Rumin Res. 79: 22-28.
3. Garcí'a-Ferna'ndez, M., B. Gutie'rrez-Gil, E. Garcí'a-Ga'mez and J.J. Arranz. 2009. Genetic variability of the Stearoyl-CoA desaturase gene in sheep. Molecular and Cellular Probes. 23: 107-111.
4. Ntambi, J.M. 1999. Regulation of Stearoyl-CoA desaturase by polyunsaturated fatty acids and cholesterol. J. Lipid Res. 40: 1549-1558.
5. Ntambi, J.M., M. Miyazaki. 2004. Regulation of Stearoyl-CoA desaturases and role in metabolism. Prog Lipid Res. 43: 91-104.

Comparison of the SCD gene polymorphism in Iranian Lori-Bakhtiari and Zel sheep using PCR- SSCP

M. Ali, H. Moradi Shahrababak, M. Moradi Shahrababak and M. Sadeghi
Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Science and Engineering, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran , Karaj, Iran.
EMAIL: mohsen.ali@ut.ac.ir

Abstract

Because of unsaturated fatty acids role in human health and preventing of cardiovascular diseases, obesity and diabetes, it seems necessary to discover the effective candidate genes on ratio between saturated and mono-unsaturated fatty acids. Stearoyl-CoA desaturase(SCD) is a vital enzyme responsible for conversion of saturated fatty acids(SFA) into mono-unsaturated fatty acids(MUFA) and also production of conjugated linoleic acid(CLA). The SCD gene is located on the chromosome 22 of sheep which has 6 exons and 5 introns. Random blood samples were collected from 243 lori-bakhtiari and 190 zel sheep. DNA was extracted using the salting out method. Variation in the promoter region of ovine SCD gene was investigated by amplification of a 517 bp fragment using PCR, followed by PCR-SSCP analysis. Four



SSCP patterns were observed which patterns 1 and 2 were most common (apiece Approximately with frequency of 0.48) in sum both of breeds. Patterns 3 and 4 were identified just in lori-bakhtiari breed with frequency of 0.025 and 0.005 respectively. This research revealed which this fragment of SCD gene has approximately high diversity in Iranians native sheep breeds and also showed which there are some different polymorphism between fat-tailed and non fat-tailed breeds in this fragment. so it seems this region of SCD gene is suitable candidate in ovine breeding programs for fatness traits, particularly fatty acids profile.

Key words: polymorphis- Stearoyl-CoA desaturase-fatty acids-sheep-PCR-SSCP



تاثیر فاکتورهای مختلف بر قدرت تشخیص QTL حاصل از برخی روشهای آماری مکانیابی QTL شکوفه غضنفری

استادیار گروه علوم دام و طیور، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران

نویسنده مسئول: شکوفه غضنفری، تهران، دانشگاه تهران، دانشکده کشاورزی پردیس ابوریحان، گروه علوم دام و طیور،

shghazanfari@ut.ac.ir

چکیده

صفات اقتصادی مهم در حیوانات مزرعه دارای بروز پیوسته می باشد. در جهت تشخیص جایگاههای ژنومی موثر بر این صفات تلاشهای زیادی صورت می گیرد. برای مکانیابی چنین جایگاههای معمولاً از روشهای آماری و طرحهای آزمایشی مختلف استفاده می گردد. در این مطالعه تاثیر برخی از فاکتورهای مهم در مکانیابی QTL مورد بررسی قرار گرفته است. در این مطالعه نشان داده شد که افزایش اندازه جمعیت، کاهش فاصله مارکری باعث افزایش قدرت تشخیص QTL می گردد. انحراف استاندارد کلی QTL بیشترین تاثیر را بر قدرت داشت. کاهش فاصله QTL از مارکر در کلیه روشهای تجزیه مورد بررسی باعث افزایش قدرت گردید. در این تحقیق نشان داده شد که نسبت برابر انحراف استاندارد افزایشی به غالبیت باعث کاهش قدرت نسبت به دیگر نسبتهای انحراف استاندارد این اثرات می باشد. اثرات متقابل مورد بررسی نشان داد که بین فاکتورها در کلیه روشها اثر متقابل مشهودی وجود ندارد. روند تاثیر فاکتورها در کلیه روشهای تجزیه مشابه بود.

واژگان کلیدی: مکانیابی QTL - روشهای آماری - قدرت تشخیص QTL

مقدمه

اکثر صفات اقتصادی مهم در دامپروری دارای بروز پیوسته می باشد. برای بهبود ژنتیکی این نوع صفات با استفاده از ژنتیک کمی و مدل بی نهایت تلاشهای موفقیت آمیزی صورت گرفته است و این تلاشها منجر به پیشرفت ژنتیکی کنونی در جمعیت های دامی تجاری گردیده است. با در دست داشتن ژنهای موثر بر صفات کمی که به جایگاههای موثر بر صفت کمی (QTL) معروف است می توان سرعت و میزان پیشرفت ژنتیکی را نسبت به روش اصلاحی ارائه شده توسط استفاده از مدل بی نهایت ژن افزایش داد. اطلاعات مربوط به ژنها یا جایگاههای موثر بر صفات کمی می تواند در جهت انتخاب به کمک مارکر (MAS) مورد استفاده قرار گیرد. این اطلاعات برای پیشرفت ژنتیکی صفاتی که اندازه گیری آنها مشکل و یا صفاتی که وراثت پذیری کمی دارند می تواند بسیار مفید باشد (۲ و ۳).

به منظور جستجوی ژنهای یا جایگاههای موثر بر صفات کمی در روی ژنوم حیوانات مختلف تلاشهای زیادی صورت گرفته است و روشهای آماری و طرحهای آزمایشی متعددی ارائه گردیده است. به منظور بررسی تاثیر روشهای آماری و فاکتورهای تاثیر گذار بر نتایج آزمایش از شبیه سازی استفاده می گردد. در شبیه سازی تمامی عوامل موثر بر نتایج آزمایش تحت اختیار محقق می باشد در حالی که در داده های واقعی ممکن است عوامل متعدد تاثیر گذاری وجود داشته باشد که ناشناختگی و یا غیرقابل اندازه گیری بودن برخی از آنها باعث افزایش پیچیدگی تحقیق می گردد.

طرح آزمایش F₂ معمولاً در حیواناتی که تهیه لاینهای همخون امکانپذیر است مانند طیور و بعضی از حیوانات آزمایشی مدل انسان به طور گسترده مورد استفاده قرار می گیرد. این طرح ابزاری قدرتمند در جهت تشخیص جایگاههای موثر بر صفات دارای تفاوت معنی دار در دو لاین می باشد.

یکی از نتایج مهم در هرآزمایش مکانیابی قدرت تشخیص QTL می باشد. فاکتورهای مختلفی بر قدرت تشخیص QTL موثر می باشد که می توان به اندازه جمعیت، اندازه اثر QTL، فاصله مارکری و نوع روش تجزیه و عوامل متعدد دیگر اشاره نمود. در این آزمایش تاثیر اندازه جمعیت، فاصله مارکری، انحراف استاندارد کلی QTL، نسبت انحراف استاندارد



افزایشی به غالبیت و موقعیت QTL نسبت به مارکرهای احاطه کننده جایگاه آن بر قدرت تشخیص QTL حاصل از پنج روش تجزیه مختلف مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روشها

یک جمعیت F_2 حاصل تلاقی دو لاین همخون با استفاده از نرم افزار R مورد شبیه سازی قرار گرفت. ژنوم جمعیت شبیه سازی شده دارای یک کروموزوم با ۱۱ مارکر و یک QTL در بین مارکرهای ۶ و ۷ شبیه سازی گردید. آللهای متفاوتی از مارکر و QTL در هر یک از لاینها تثبیت شده در نظر گرفته شد. نوترکیبی بین جایگاهها اعم از مارکرها و QTL با توجه به تابع نقشه یابی هالدان شبیه سازی گردید. فنوتیپ شبیه سازی شده برای هر فرد دارای میانگین صفر، اثر ژنوتیپ QTL در آن فرد و همچنین اثر باقیمانده دارای یک انحراف معیار بود. فاکتورهای مورد بررسی شامل سه سطح اندازه جمعیت، سه سطح فاصله مارکری، سه سطح انحراف استاندارد کلی QTL، سه سطح نسبت انحراف استاندارد افزایشی به غالبیت در جایگاه QTL و سه سطح موقعیت QTL نسبت به مارکر ۶ بود. ترکیبات مختلف از فاکتورهای مورد بررسی در مجموع ۲۴۳ سناریوی مختلف را تشکیل دادند.

تجزیه آماری داده های فنوتیپی و ژنتیکی شبیه سازی شده جهت یافتن جایگاه QTL با استفاده از ۵ روش مختلف به کمک نرم افزار R/QTL صورت گرفت. این ۵ روش شامل روش حداکثر درست نمایی یا روش استاندارد مکانیابی فاصله ای، روش رگرسیونی هالی-نات، روش رگرسیونی هالی-نات بسط یافته، روش نسبت دهی چندگانه و روش رگرسیون مارکر می باشد. در جمعیت مورد بررسی، داده های فنوتیپی و ژنوتیپی برای هر یک از سناریوها به تعداد ۱۰۰ بار تکرار گردید. پس از تجزیه داده های هر تکرار به کمک هر یک از روشهای تجزیه، لگاریتم (بر مبنای ۱۰) نسبت درست نمایی (LOD) روی نقاط ژنومی ترسیم گردید. در هر تکرار و روش تجزیه اگر در روی نقاط ژنومی، LOD بزرگتر از ۳ مشاهده گردید، به عنوان تکرار معنی دار آن سناریو در نظر گرفته شد. در هر سناریو تعداد تکرارهای معنی دار نسبت به تعداد کل تکرارها (۱۰۰) به عنوان قدرت تجزیه در نظر گرفته شد.

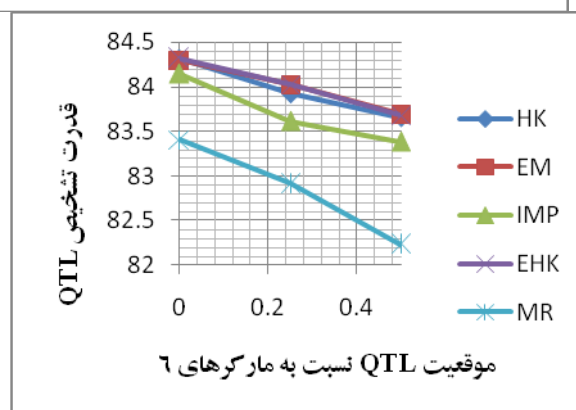
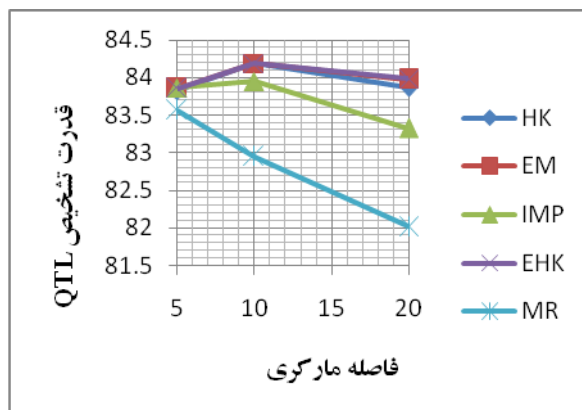
نتایج و بحث

در کلیه روشها افزایش اندازه جمعیت باعث افزایش قدرت تجزیه گردید. در بررسی تاثیر اندازه جمعیت همه روشها قدرت یکسانی در سطوح مختلف داشتند ولی روش رگرسیون مارکر در کلیه سطوح قدرت کمتری را نشان داد هر چند که تفاوت زیاد نبود. در بررسی تاثیر فاصله مارکر نشان داده شد که کاهش فاصله مارکری فقط در روش رگرسیون مارکر به صورت خطی بر قدرت تشخیص QTL تاثیر دارد و در بقیه روشها تاثیر مشخصی نداشت (شکل ۱ الف)). این نتایج با پیشنهاد برومن و سن برای استفاده از این روش در مواقع موجود بودن مارکرهای متراکم و تعیین ژنوتیپ کامل افراد (بدون ژنوتیپ گم شده) تایید می نماید (۱). تاثیر انحراف استاندارد کلی QTL بر کلیه روشها یکسان بود به طوری که روند تاثیر و همچنین میانگین قدرت تقریباً در همه روشها در کلیه سطوح این فاکتور برابر بود. تاثیر موقعیت نسبی QTL نسبت به مارکرها نیز در کلیه روشهای تجزیه تقریباً مشابه بود ولی در بررسی این فاکتور روش رگرسیون مارکر و نسبت دهی چندگانه در کلیه سطوح دارای قدرت کمتری بود (شکل ۱ ب)). هنگامی که انحراف استاندارد اثر افزایشی به غالبیت برابر بود، میزان قدرت در کلیه روشها کاهش پیدا کرد و در نسبتهای بالاتر و یا پایین تر میزان قدرت افزایش یافت (شکل ۱ ج)).

در بررسی اثرات متقابل فاکتورهای مختلف تقریباً روند مشابه با اثرات اصلی هر فاکتور مشاهده گردید ولی در کلیه اثرات متقابل سطوح ۰/۵ و ۰/۸ انحراف استاندارد کلی QTL باعث نزدیک شدن قدرت به ۱۰۰٪ گردیده است. اثرات متقابل فاکتورهای مختلف بر روش رگرسیون هالی - نات در شکل ۲ آورده شده است. اثرات متقابل در روشهای دیگر نیز همین روند را طی کرده است بجز روش رگرسیون مارکر که به طور کلی قدرت کمتری را نشان داده است. نتایج بدست آمده در

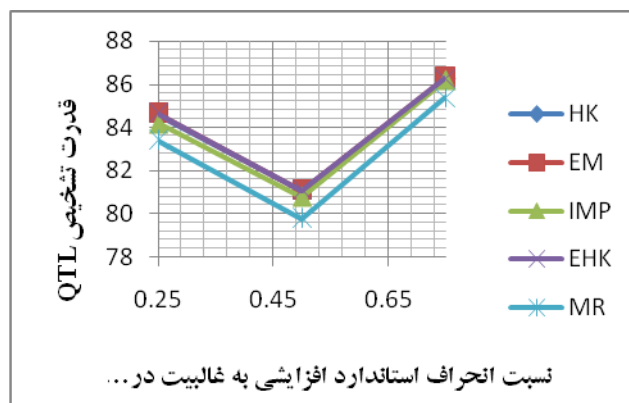


این تحقیق با نتایج بدست آمده توسط نوبری و همکاران (۲۰۱۲) که از روش هالی- نات برای تجزیه و روش Permutation برای تعیین سطح معنی داری استفاده کردند، مطابقت داشت.



(ب)

(الف)



(ج)

IMP: روش

EM: روش حداکثر درست نمایی

HK: روش رگرسیونی هالی - نات

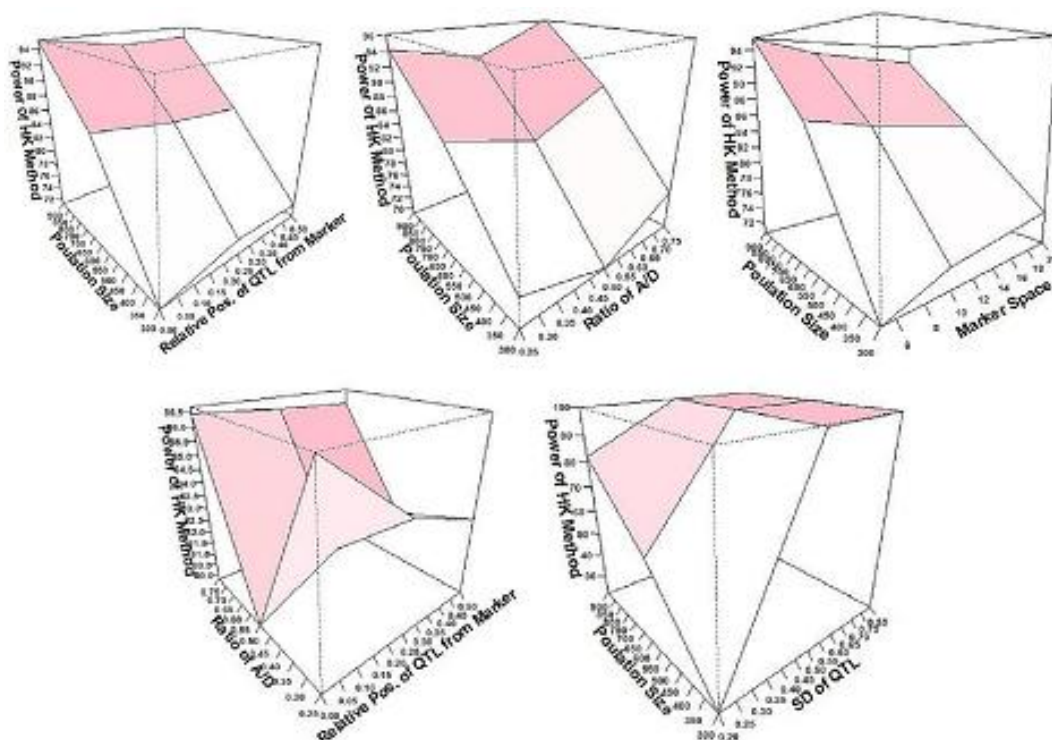
نسبت دهی چند گانه

MR: روش رگرسیون مارکر

EHK: روش بسط یافته هالی - نات

شکل ۱- تاثیر فاصله مارکری (الف)، موقعیت QTL نسبت به مارکر ۶ (ب) و نسبت انحراف استاندارد افزایشی به

غالبیت در جایگاه QTL (ج) بر روی میانگین قدرت تشخیص QTL حاصل از سناریوهای مختلف



شکل ۲- تاثیر اثرات متقابل فاکتورهای مختلف بر قدرت تشخیص QTL با استفاده از روش رگرسیونی هالی-نات

منابع

1. Broman, K.W. and S. Sen. 2009. A Guide to QTL Mapping with R/qtl. 1st Ed. Springer. New York. USA.
2. Dekkers J.C.M. 2004. Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons. J. Anim. Sci. 82:E313-E328.
3. Meuwissen T.H.E. and M.E. Goddard. 1996. The use of marker haplotypes in animal breeding schemes. Gen. Sel. Evol. 28:161-176.
4. Nobari, K., M.R. Nassiry, A.A. Aslaminejad, M. Tahmoorespur and A. Esmailzadeh. 2012. Effects of QTL parameters and marker density on efficiency of HaleyKnott regression interval mapping of QTL with complex traits and use of artificial neural network for prediction of the efficiency of HK method in livestock. Journal of Applied Animal Research, 1-9, iFirst article.

Effect of Different Factors on Power of QTL Detection Obtained using Different QTL Mapping Methods

Shokoufe Ghazanfari

Department of Animal and Poultry Sciences, University of Tehran, Aburaihan campus

shghazanfari@ut.ac.ir

Abstract

Phenotypic expression of economically important traits in livestock is continuous. Many efforts were done according to detection of genomic regions affecting these traits. Many statistical methods and experimental design for mapping of the regions were used. In this study effect of many factors on QTL mapping were considered. This study shows that



increase in population size and decrease of marker space increase power of QTL detection. Among considered factors standard deviation of QTL has largest effect on the power. Decrease of the distance of QTL from marker increased the power. This study showed that equal ratio of additive and dominance standard deviation decreases the power comparing to other ratio of this effects. In all methods of analysis, there were not comparable interactions between factors. The trends of the factors on all methods were same.

Key Words: QTL mapping - Statistical Methods - power of QTL detection



مدلسازی برای پیش بینی صفات تولید شیر و چربی با استفاده از چند شکلی ژن DGAT1 در جمعیت گاو های هلشتاین ایران

حامد خراتی کوپایی^۱، علیرضا ترنگ^{۲*}، علی اسماعیلی زاده کشکوئی^۱ و محمد رضا محمد آبادی^۱

۱ - دانش آموخته دوره کارشناسی ارشد و دانشیاران بخش علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه شهید باهنر کرمان

۲ - استادیار بخش تحقیقات ژنومیکس، مدیریت منطقه شمال کشور (رشت)، پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی

*نویسنده مسئول : a_tarang@hotmail.com

چکیده:

ژن DGAT1 به عنوان یک ژن بزرگ اثر در انتهای سانترومری کروموزوم شماره ۱۴ برای درصد چربی و تولید شیر مطرح می باشد. این ژن با کد کردن آنزیم دی آسیل گلیسرول اسیل ترانسفراز نقش اصلی را در سنتز تری گلیسرید و در نهایت چربی شیر دارد. در این پژوهش ۳۹۸ نمونه خون از گاوهای هلشتاین استانهای تهران و اصفهان جمع آوری گردید، سپس با انجام واکنش PCR یک قطعه ۴۱۱ جفت بازی از آگزون شماره ۸ این ژن تکثیر گردید. تعیین ژنوتیپ جمعیت با استفاده از تکنیک PCR-RFLP انجام شد. بر اساس نحوه برش آنزیم CfrI سه نوع ژنوتیپ AA، KA، KK تشخیص داده شد. سپس با استفاده از اثرات مدل اثرات ثابت صفاتی که اثر ژن DGAT1 برای آنها معنی دار بود تعیین گردیدند و در نهایت با استفاده از امتیاز بندی اثرات مدل و رگرسیون، مدل های پیش بینی ارائه شدند. از ضریب همبستگی بین رکورد های واقعی و پیش بینی شده به عنوان اعتبار سنجی مدل های ارائه شده استفاده گردید. نتایج این پژوهش نشان داد که مدل های پیش بینی برای صفات تولید شیر ۳۰۵ روز، ارزش اصلاحی درصد چربی و درصد چربی بر اساس دو بار دوشش در روز به شکل قابل قبولی قادر به پیش بینی صفات مطرح شده می باشند. واژگان کلیدی: DGAT1- رگرسیون-مدلسازی- همبستگی.

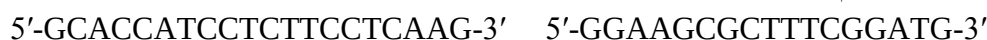
مقدمه:

در پروژه های نقشه یابی، QTL هایی برای درصد چربی و تولید شیر روی کروموزوم ۱۴، به ویژه در جمعیت های هلشتاین شناسایی شده است (۴). جهش تک نوکلئوتیدی (SNP) که منتج به جایگزینی غیر محافظت شده لیزین به وسیله آلانین (K232A) می شود اثر قابل توجهی را روی تولید شیر و ترکیبات آن ایجاد می کند. آلل DGAT1 (آلل جهش نیافته) نسبت به آلل DGAT1 (جهش یافته) حدود ۰/۳۴ درصد چربی، ۰/۰۸ درصد پروتئین و ۴۶/۱۰ کیلوگرم چربی بیشتری تولید می کند، در حالیکه تولید شیر و پروتئین به ترتیب ۳۱۶ و ۵/۶۴ کیلوگرم کاهش می یابد (۴). اخیرا کشور های زیادی با به اشتراک گذاشتن اطلاعات ژنومیکی ژنوتیپ هزاران SNP وارد سیستم ارزیابی ژنتیکی شده اند (۹). این موضوع بیانگر این مطلب است که اطلاعات ژنومیکی هم اکنون به عنوان یکی از مهم ترین منابع اطلاعات برای ارزیابی ژنتیکی در گله های گاو شیری مطرح می باشد (۶). تا کنون پژوهش های گسترده ایی با استفاده از مدل سازی برای پیش بینی اثر ژن های بزرگ اثر و رکورد های صفات اقتصادی صورت گرفته است. برای نمونه در پژوهشی که روی گله های شیری هلشتاین کشور لهستان انجام گرفت از اطلاعات رکورد ۱۲۲۷ فرد و تعداد ۵۰ ژنوتیپ SNP، برای ۲۹ صفت مهم اقتصادی مدل ارزیابی ژنومیکی ارائه شد. در این پژوهش با استفاده از ضریب همبستگی، اعتبار سنجی برای ارزش های اصلاحی برآورد شده مورد آزمون قرار گرفت. نتایج نشان دادند که ضریب همبستگی برای کیلوگرم تولید شیر، پروتئین و چربی به ترتیب برابر با ۰/۳۷، ۰/۳۲ و ۰/۳۲ می باشد (۸).

مواد و روش ها



در این پژوهش ۳۹۸ نمونه خون از گله های اصفهان و تهران جمع آوری گردید. استخراج DNA با استفاده از روش نمکی انجام گرفت (۷). برای انجام واکنش PCR از آغازگرهای رفت و برگشت زیر استفاده گردید (۵):



سیکل های حرارتی PCR به صورت زیر انجام گرفت: واسرشته سازی اولیه: دمای ۹۴ درجه سانتیگراد به مدت ۵ دقیقه، ۳۵ چرخه با واسرشته سازی در ۹۴ درجه سانتیگراد و به مدت ۶۰ ثانیه، اتصال به مدت ۶۰ ثانیه در دمای ۶۰ درجه سانتیگراد و سنتز در دمای ۷۲ درجه سانتیگراد و به مدت ۶۰ ثانیه. سنتز نهایی: به مدت ۷ دقیقه و در دمای ۷۲ درجه سانتیگراد. واکنش PCR در حجم ۱۵ میکرو لیتر و با استفاده از مواد استاندارد آن انجام شد. با انجام واکنش PCR قطعه ۴۱۱ جفت بازی از ژن DGAT1، تکثیر می شود. برای شناسایی تغییرات آلل در DGAT1، محصول PCR با ۲ واحد از آنزیم برشی CfrI به مدت ۳ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتیگراد هضم شد. محصولات برش داده شده در ژل آگارز ۲ درصد الکتروفورز شدند و مشخص شد که آلل K با آنزیم برشی قطع نمی شود و آلل A قطع خواهد شد. برای تعیین ژنوتیپ نهایی افراد از لدر PUC Mix 8 استفاده گردید. برای انجام آنالیز آماری و ارائه مدل، با استفاده از نسخه ۱۶ نرم افزار SPSS و رویه GLM اثر ژنوتیپ های بدست آمده در قالب یک مدل اثرات ثابت مورد بررسی قرار گرفتند. مدل مورد استفاده عبارت است

$$Y_{ijkmnr} = \mu + G_i + S_j + M_k + N_m + C_n + e_{ijkmnr}$$

در این مدل پارامترها عبارتند از Y: مشاهده برای هر صفت، μ : اثر میانگین، G: اثر ژنوتیپ ها در سه سطح، S: اثر گله در ۱۰ سطح، M: اثر سال تولد در ۵ سطح، N: اثر ماه تولد در ۱۲ سطح، C: اثر سال زایش در ۵ سطح و e: اثر خطا. جدول شماره (۱): تعداد رکورد های مورد استفاده

رکورد برای پیش بینی	رکورد برای برآورد ضریب	شرح صفت	صفت
۹۰	۱۸۴	تولید شیر بر اساس ۳۰۵ روز	Milk ₃₀₅
۱۶۱	۱۱۳	تولید شیر بر اساس دو بار دوشش در روز	Milk _{2x}
۱۲۴	۱۰۴	تولید چربی بر اساس دو بار دوشش در روز	Fat _{2x}
۱۱۷	۱۱۱	درصد چربی بر اساس دو بار دوشش در روز	Fat _{p2x}
۱۴۴	۲۲۹	درصد ارزش اصلاحی چربی	EBV _{FP}

معمولا متغیر های معادلات رگرسیونی مقادیری از یک دامنه پیوسته اختیار می کنند ولی در برخی از موارد متغیرها دارای سطوح ناپیوسته هستند در این گونه موارد باید به هرکدام از عوامل سطوح (امتیاز) مشخصی را اختصاص داد که به این متغیرها، متغیر های ظاهری می گویند. به عنوان مثال ژنوتیپ ها در این پژوهش ناپیوسته هستند و باید برای هر ژنوتیپ امتیاز مشخصی در نظر گرفته شود. باید به این نکته توجه داشت که برای گزینش متغیرهای ظاهری روش منحصر به فردی وجود ندارد (۱). برای ارائه مدل از رگرسیون متغیر های ظاهری بر رکورد ها استفاده گردید. برای ژنوتیپ های KA، KK و AA امتیاز های ۱، ۲ و ۳. برای اثرات گله امتیاز های ۱ تا ۱۰. سال تولد و سال زایش امتیاز های ۱ تا ۵ و ماه تولد امتیاز های ۱ تا ۱۲. از مدل کلی رگرسیونی زیر برای پیش بینی رکورد ها استفاده گردید.

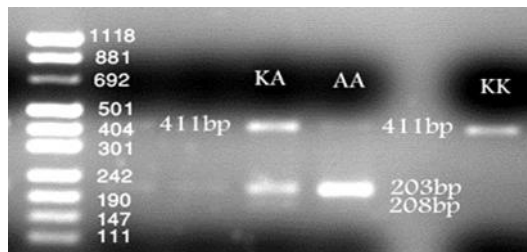
$$Y = \beta_0 + \alpha Z + \epsilon$$

در مدل، Y میزان تولید، β_0 میانگین، α ضرایب رگرسیونی برای اثرات ثابت، Z امتیاز های اثرات ثابت. ϵ میزان خطا.

نتایج و بحث



نتایج تعیین ژنوتیپ افراد مورد مطالعه نشان داد که فراوانی آلل های K و A به ترتیب برابر با ۰/۳۷ و ۰/۶۳ می باشد. نتایج تعیین ژنوتیپ با با نتایج نقدی و همکاران (۱۳۸۹) که فراوانی آلل های A و K را به ترتیب برابر با ۰/۶۷ و ۰/۳۳ در جمعیت ماده گاو های هلشتاین استان اصفهان گزارش کردند تقریباً همخوانی دارد، شکل (۱) تعیین ژنوتیپ افراد را نشان می دهد. همچنین ژنوتیپ های هموزیگوت و هتروزیگوت به خوبی در شکل قابل تشخیص هستند.



شکل شماره (۱): چند شکلی ژن DGAT1 در جمعیت

نتایج آماری این پژوهش نشان داد که اثر ژن DGAT1 به روی تمام صفات مورد مطالعه در سطح پنج درصد معنی دار می باشد. با استفاده از برآورد ضرائب رگرسیون مدل های پیش بینی صفات به شرح زیر ارائه شدند.

در این مدل ۰/۱۱۶ میانگین، ۰/۳۴ ضریب رگرسیون برای اثر ژنوتیپ، ۰/۰۱۳ ضریب رگرسیون برای اثر گله و Z_1 و Z_2 امتیاز های اثرات ژنوتیپ و گله می باشند. $EBV_{FP} = -0.116 + 0.034Z_1 + 0.013Z_2$

در این مدل ۳/۴۸۶ میانگین، ۰/۰۶۲ ضریب رگرسیون برای ژنوتیپ، ۰/۰۵۶ ضریب برای اثر گله و ۰/۰۰۲ ضریب برای ماه تولد. Z_1 ، Z_2 و Z_3 امتیاز های اثرات ژنوتیپ، گله و ماه تولد می باشد. $Y_{FATP2X} = 3.486 + 0.062Z_1 - 0.056Z_2 - 0.002Z_3$

در این مدل ۹۶۰۱/۳۷ میانگین، ۵۸۷/۸۷ ضریب رگرسیون ژنوتیپ، ۲۸۸/۷۸ ضریب گله و ۱۹۱۷/۹۴ ضریب سال تولد. $Y_{Milk305} = 9601.37 + 587.87Z_1 + 288.78Z_2 - 1917.94Z_3$

در این پژوهش به دلیل اینکه ضرایب رگرسیون برآورد شده برای اثرات مدل صفات FAT_{2X} و $Milk_{2X}$ معنی دار نبودند، مدل پیش بینی برای این صفات ارائه نگردید. نتایج حاصل از میزان ضریب همبستگی بین رکورد های حقیقی و پیش بینی شده در جدول شماره ۳ خلاصه شده اند.

جدول شماره (۳) ضرائب همبستگی بین رکورد های پیش بینی شده و رکورد های حقیقی

صفات	$Milk_{305}$	FAT_{P2X}	EBV_{FP}
ضریب همبستگی	+۰/۴۵**	+۰/۱۸*	+۰/۲۸**

* و **: به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد

با توجه به ضرائب همبستگی صفات FAT_{P2X} ، $Milk_{305}$ و EBV_{FP} می توان دریافت که مدل های ارائه شده توانسته است رکورد های افراد جمعیت را پیش بینی کند. یکی از مهم ترین دلایل پایین بودن ضرائب همبستگی این است که صفات مورد مطالعه جز صفات پلی ژنیک هستند و تحت کنترل تعداد زیادی ژن هستند، در صورتی که تنها اثر یک ژن بزرگ اثر ($DGAT1$) در مدل وارد شده است. یکی از دلایل دیگر پایین بودن ضرائب همبستگی استفاده از تعداد کم رکورد می باشد. بهترین نمونه برای این مطلب مقایسه نتایج این پژوهش با نتایج پژوهش انجام شده در کشور لهستان می باشد (۸). مهم ترین عامل تفاوت قابل توجه میان ضرائب همبستگی تعداد SNP ها و رکوردهای مورد استفاده در دو پژوهش می باشد. معنی دار شدن ضرائب همبستگی صفات با توجه به واریانس ناشی از ژن $DGAT1$ برای این صفات قابل توجیه می باشد. نتایج حاصل از واریانس ناشی از ژن بیان کننده این مطلب است که بخش اعظم واریانس صفت FAT_{P2X} ، $Milk_{305}$



و EBV_{FP} در جمعیت به وسیله جایگاه ژن DGAT1 کنترل می شود. به طوری که خراتی و همکاران (۱۳۹۰) واریانس جایگاه ژن DGAT1 برای صفات FAT_{P2X}، Milk₃₀₅ و EBV_{FP} به ترتیب برابر با ۳/۰۷، ۰/۸۲ و ۰/۸۹ درصد گزارش کردند.

منابع:

بازرگان لاری ع. ۱۳۸۳. رگرسیون خطی کاربردی. شیراز: انتشارات دانشگاه شیراز، ۳۳۵ صفحه.

۱ - نقدی ن. ادریس م ع. رحمانی ح ر. خوروش م. ۱۳۸۹. اثر

پلی مورفیسم ژن DGAT1 و تاثیر آن بر صفات تولیدی و تولید مثلی گاو های ماده هلشتاین. چهارمین کنگره

علوم دامی ایران، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، کرج. ص: ۲۹۱۱-۲۹۱۴.

۳- خراتی کوپایی ح. محمد آبادی م ر. انصاری س. اسماعیلی زاده کشکوئیه ع. ترنگ ع ر. نیکبختی م. ۱۳۹۰.

بررسی تنوع ژنتیکی جایگاه ژن DGAT1 و میزان ارتباط آن با تولید شیر در جمعیت گاو های هلشتاین ایران،

مجله پژوهش های علوم دامی ایران، جلد سوم شماره دوم. صفحه: ۱۹۲-۱۸۵.

4. Grisart, B., W. Coppieters, F. Farnir, L. Karim, C. Ford, P. Berzi, N. Cambisano, M. Mni, S. Reid, P. Simon, R. Spelman, M. Georges, R. Snell. 2002. Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition. *Genome Research*. 12: 222-231.

5. Kaupe, B., A. Winter, R. Fries, G. hardt. 2004. DGAT1 polymorphism in Bosindicus and Bostaurus cattle breeds. *Journal of Dairy Research*. 71: 182-187.

6. Liu, Z. 2010. Dairy cattle genetic evaluation enhanced with genomic information. *Proceedings of the 9th WCGALP, Leipzig, Germany*.

7. Miller, S. A., DD. Dykes. HF. Polesky. 1988. A simple salting-out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research*. 16: 1215.

8. Szyda, J., Z. Liu, F. Reinhardt, R. Reents. 2005. Estimation of quantitative trait loci parameters for milk production traits in German Holstein dairy cattle population. *Journal of Dairy Science*. 88(1):356-367.

9. VanRaden, PM., CP. Van Tassell, GR. Wiggins, TS. Sonstegard, RD. Schnabel, JF. Taylor, FS. Schenkel. FS. 2009 Invited Review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. *Journal of Dairy Science*. 92:16-24.

Model for prediction of fat and milk production traits using of DGAT1 gene polymorphism in Iranian Holstein cattle population

Hamedkharrati koopae¹, Ali reza Tarang^{*2}, Ali Esmailzadeh koshkoiyeh¹, Mohammad reza Mohammad Abadi¹

1. Department of Animal Science, College of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman

2. Assistant professor Department of Genomics, Branch of North region of Iran [Rasht], Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran [ABRII].

* Corresponding E-mail address: a_tarang@hotmail.com

Abstract

DGAT1 is a major gene that is located at the end of bovine chromosome 14. The DGAT1 gene has a main role in the triglyceride synthesis and finally fat milk synthesis. In this study, 398 blood samples were collected from ten farms of Tehran and Esfahan provinces. Using PCR reaction, 411 bp fragment of DGAT1 gene was amplified. Genotyping was performed using of RFLP-PCR technique. Three genotypes included KK, KA and AA was detected. Using of fitted fixed model and animals' records significant traits were recognized. Finally using of



parameters scoring and regression model prediction models were presented. Correlation coefficient was utilized for validation of prediction models. The results of this study indicated presented models can be prediction of Milk₃₀₅, EBV_{FP} and FAT_{P2X} traits in population.

Key words: DGAT1 gene- Regression-Modeling- Correlation.



بررسی اثر فصل شیردهی بر درصد چربی، درصد پروتئین، اسیدیته و دانسیته شیر گاو هلشتاین سید سهام حسینی کینکی^۱، آرش آذفر^۲، عباس مسعودی^۳، حجت دمیری^۴، آیت الله مسعودی^۵
۱. دانشجوی کارشناسی ارشد علوم و صنایع غذایی دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهرکرد

۲. عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه لرستان

۳. دانشجوی دکترای تغذیه دام دانشگاه لرستان

۴. فارغ التحصیل تغذیه دام دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان

۵. فارغ التحصیل کاردانی دامپزشکی دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهرکرد

نویسنده مسئول: عباس مسعودی Abbas.masoudi@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق به منظور بررسی اثر فصل شیردهی بر درصد چربی، درصد پروتئین، اسیدیته و دانسیته شیر تولیدی گاو هلشتاین از اطلاعات ۱۰۵۰ نمونه شیر که در طی فصول مختلف از یک گاوداری صنعتی در استان چهارمحال بختیاری بصورت روزانه اخذ میگردید، استفاده شد. فصل شیردهی اثر معنی داری بر درصد چربی شیر تولید داشت ($P < 0.0001$). گاوهای شیرده مورد مطالعه در فصل پاییز با داشتن ۳/۲۳ درصد و فصل تابستان با داشتن ۲/۹۵ درصد بترتیب بیشترین و کمترین درصد چربی شیر تولیدی را در بین فصول مختلف دارا میباشند. درصد پروتئین شیر تولیدی بطور معنی داری تحت تاثیر فصل شیردهی قرار گرفته است ($P < 0.0001$). شیر تولیدی در فصل تابستان با داشتن ۲/۸۳ درصد پروتئین بیشترین و شیر تولیدی در فصل پاییز با داشتن ۲/۷۷ درصد کمترین درصد پروتئین را به خود اختصاص دادند. فصل شیردهی اثر معنی داری بر اسیدیته و دانسیته شیر تولید داشت ($P < 0.0001$). شیر تولیدی در فصل تابستان با داشتن ۱/۱۵ و در فصل بهار با داشتن ۱/۰۲، بترتیب دارای بیشترین و کمترین میزان دانسیته میباشند. بیشترین اسیدیته به شیر تولیدی زمستان و کمترین آن مربوط به فصل تابستان میباشد. در کل میتوان بیان نمود فصل شیردهی اثر معنی داری بر درصد چربی، درصد پروتئین، اسیدیته و دانسیته شیر تولیدی گاوهای هلشتاین مورد مطالعه داشت.

کلمات کلیدی: شیر، درصد چربی، درصد پروتئین، گاو هلشتاین

مقدمه

شیر یکی از قدیمی ترین خوراکیها شناخته شده می باشد که توسط انسان مصرف می شود. شیر بر اثر فعالیت فیزیولوژیکی از پستان، پستانداران ترشح می شود (۱۰). شیر مخلوطی از چربی، پروتئین، کربوهیدرات، مواد معدنی، ویتامین ها و آب می باشد (۶). شیر گاوهای نژاد هلشتاین بطور میانگین حاوی ۸۷/۴۲ درصد آب، ۱۲/۵۷ درصد ماده خشک، ۳/۵ درصد چربی، ۳/۱ درصد پروتئین، ۴/۸ درصد لاکتوز و ۰/۹ درصد مواد معدنی و ویتامین ها می باشد (۳). میرزاده و همکاران (۲۰۱۰) طی مطالعه ای که در فصل زمستان بر روی ترکیبات شیر گاوداریهای شهرستان لردگان از توابع استان چهارمحال بختیاری داشتند گزارش نمودند شیر گاو هلشتاین بطور میانگین حاوی ۷۸/۴۲ درصد آب، ۳/۳۰ درصد پروتئین، ۳/۹ درصد چربی، ۱۲/۵۷ درصد مواد جامد و دانسیته ۳۰/۵۴ بود (۹).

ترکیب شیر در میان گاوهای یک نژاد و همچنین نژادهای مختلف متفاوت است. در طی دوره شیرواری، فصول مختلف و مناطق جغرافیایی اختلافاتی در میزان تولید و ترکیبات شیر گاو ها دیده میشود. عوامل ژنتیکی، تغذیه، عوامل محیطی و مدیریت شیردهی از مهمترین عوامل تاثیر گذار بر ترکیبات و کیفیت شیر می باشد (۱۰). دمای محیط بر تولید و ترکیبات شیر تأثیر دارد (۴). فصل زایش بر تولید شیر و چربی و برخی ترکیبات شیمیایی شیر تأثیر دارد (۳). شیر تولیدی و ترکیبات آن

تحت تاثیر عوامل مختلفی از جمله ژنتیک، مرحله شیردهی، تغییرات روزانه، نوع جیره، سن، سال و فصل تولید و دوره شیردهی قرار می گیرد (۷). لذا هدف از این مطالعه بررسی اثر فصل بر درصد چربی، درصد پروتئین، اسیدیته و دانسیته شیر تولیدی گاو هلشتاین میباشد.

مواد و روشها

برای اجرای این تحقیق از اطلاعات مربوط به ۱۰۵۰ نمونه شیر که در طی فصول مختلف از یک گاوداری صنعتی در استان چهارمحال بختیاری بصورت روزانه اخذ میگردد، استفاده شد. نمونه های شیر توسط سرنگهای استریل ۱۰ و به میزان ۲۰ میلی لیتر اخذ و پس از ثبت مشخصات به آزمایشگاه منتقل شدند. نمونه های گرفته شده مخلوط شیر صبح و عصر تولید شده در گاوداری بوده اند که از تانک فارم برداشت میگردد. در آزمایشگاه برای اندازه گیری درصد پروتئین نمونه ها از روش تیتراسیون با فرمالین، برای اندازه گیری درصد چربی از روش ژربر و برای اندازه گیری دانسیته از لاکتودانسیتومتر ژربر استفاده گردید. برای آنالیز داده های بدست آمده از نرم افزار SAS (۲۰۰۱) رویه GLM استفاده گردید. و برای مقایسه میانگین ها از آزمون مقایسه میانگین چند دامنه ای دانکن استفاده شد.

نتایج و بحث

نتایج حاصل از اثر فصل تولید بر درصد چربی، درصد پروتئین، اسیدیته و دانسیته شیر گاو هلشتاین در جدول ۱ نشان داده شده است. فصل شیردهی اثر معنی داری بر درصد چربی شیر روزانه داشت ($P < 0.0001$). گاوهای شیرده مورد مطالعه در فصل پاییز با داشتن ۳/۲۳ درصد و فصل تابستان با داشتن ۲/۹۵ درصد بترتیب بیشترین و کمترین درصد چربی شیر تولیدی را در بین فصول مختلف دارا می باشند. هانکوک و پاین (۱۹۵۵) با استفاده از دو قلوهای همسان به وضوح ابراز داشتند که چربی شیر گاو تحت شرایط آب و هوایی سردتر زلاندنو، به طور معنی داری بالاتر از چربی شیر دو قلو همان گاو تحت شرایط گرمسیری فیجی است. چودهوری و کورشی (۱۹۶۸) از پاکستان و انانتاکریشنانو همکاران (۱۹۴۳) از هند گزارش کرده اند که فصل اثر معنی داری روی درصد چربی شیر گاومیش دارد. که محققین پاکستانی درصد چربی شیر را در زمستان بالاتر از تابستان گزارش کردند (۵). همچنین مسعودی و همکاران (۲۰۱۱) گزارش نمودند فصل شیردهی اثر معنی داری بر روی درصد و تولید چربی گاومیش خوزستان دارد و فصل بهار با داشتن ۶/۹۳ درصد و فصل پاییز با داشتن ۶/۲۹ درصد بترتیب بیشترین و کمترین درصد چربی شیر تولیدی را در بین فصول مختلف دارا بودند. این محققین بیان داشتند که درصد چربی شیر تولیدی در فصول مختلف تحت تاثیر میزان تولید شیر قرار دارد (۸).

فصل شیردهی و دلیلمی تواند بر شیر تولیدی اثر گذار باشد، دلایل و کمبود علوفه

در بعضی از فصول خاص سال و عامل دما و سلفصل می باشد که دلیلی تغییرات دما و افزایش اکاهاشروط می تواند بر ترکیبات شیر تولیدی اثر گذار باشد (۲). درصد چربی شیر تحت تاثیر عوامل مختلفی قرار دارد از جمله این عوامل می توان به ژنتیک، نوع تغذیه و میزان شیر تولیدی اشاره نمود (۱۰). با توجه به این موضوع که شیر مورد مطالعه مربوط به یک گله ثابت از یک گاوداری صنعتی بوده که دارای تغذیه یکسان در طول سال میباشد. احتمالاً اثرات فصول مختلف بر درصد چربی شیر به مقدار زیادی به تغییرات درجه حرارت و رطوبت محیط بستگی دارد.

درصد پروتئین شیر تولیدی بطور معنی داری تحت تاثیر فصل شیردهی قرار داشته است ($P < 0.0001$). شیر تولیدی در فصل تابستان با داشتن ۲/۸۳ درصد پروتئین بیشترین و شیر تولیدی در فصل پاییز با داشتن ۲/۷۷ درصد کمترین درصد پروتئین را دارا می باشند. پیلاو میولی (۱۹۹۳) در طی گزارشی بیان کردند که درصد پروتئین شیر تحت تاثیر میزان شیر تولیدی و ماه شیردهی است و در فصلهای تابستان به کمترین و در زمستان به بالاترین مقدار خود می رسد (۱). میرزاده و همکاران (۲۰۱۰) درصد پروتئین شیر تولیدی گاوهای هلشتاین را در فصل زمستان ۳/۲ درصد گزارش نمودند که بالاتر از میزان



بدست آمده طی این تحقیق میباشد (۹). فصل شیردهی همچنین اثر معنی داری بر اسیدیته و دانسیته شیر تولید داشت ($P < 0.0001$). شیر تولیدی در فصل تابستان با داشتن ۱/۱۵ و در فصل بهار با داشتن ۱/۰۲، بترتیب دارای بیشترین و کمترین میزان دانسیته می باشند. اما میزان دانسیته شیر تولیدی بین فصول بهار، پاییز و زمستان تفاوت معنی داری با هم نداشتند. بیشترین اسیدیته به شیر تولیدی زمستان و کمترین آن مربوط به فصل تابستان میباشد. تولید و ترکیبات شیر تحت تاثیر عوامل محیطی قرار دارد لذا تغییرات بین مختلف که با تغییرات درجه حرارت، رطوبت، منابع غذایی و عوامل مدیریتی همراه می تواند سبب اختلاف در تولید و ترکیبات شیر گردد.

منابع

1. Afzal, M. and M. Anvar. 2007. Some factors affecting milk yield and lactation length in Niliravi buffaloes. Pakistan Veterinary Journal 27(3): 113-117.
2. Ahmad, M. and M. Shafiq, 2002. Effect of season on fertility rate and milk production in Nili-Ravi buffaloes. 23rd Annual Report, Livestock Prod. Res. Inst., Bahadurnagar, Okara, Pakistan.
3. AL-Ali, A. 1994. Effect of lactation season on milk production of Friesian cows at E2-zor station. Research. J. Agric. Sci. series. 21: 55-63.
4. Bath, D.L., F. N. Dickinson, H.A. Tucker and P.D. Appleman. 1985. Dairy cattle principles, practices, problems and profits (3rd.ed). Led and Febiger, philadelphia. pp.909-95.
5. Chowdhury, M.Z and Qureshi, M.J. 1968. Influence of season and stage of lactation on butter fat contents in buffalo milk. W. Pakistan. J. Agric. Res., 6:107-114.
6. Harding, F. 1999. Milk quality. Chapman and Hall Food Science Book, Aspen. Publishers, Inc Gaithersburg, Maryland, Aspen, first edition.
7. Kilic, A. and S. kilic, 1994. Feeding and milk. Bilgehan Press. Izmir.
8. Masoudi, A, M. Chaji, M. Bojarpour, H. Albomohsen, S. Rouzegar and S. Rahimnahl. 2011. The effect of milking season on milk yield and composition of Khuzestan water buffalo. Proceedings of the British Society of Animal Science. P:189.
9. Mirzadeh.Kh, A.Masoudi, M.Chaji, M. Bojarpur, 2010. The Composition of Raw Milk Produced by some Dairy Farms in Lordegan Region of Iran. J of Animal and Veterinary Advances. 9:1582-1583.
10. Nickerson, S.C. 1999. Milk production: Factors affecting milk composition. In: Milk quality, edited by Harding, F. Aspen Publishers, Inc. Gaithersburg, Maryland, Aspan, first edition. Pp. 3-23.

جدول ۱ اثر فصل تولید بر درصد چربی، درصد پروتئین، اسیدیته و دانسیته شیر گاو هلشتاین

<i>F-V</i>	<i>ESM</i>	زمستان	پاییز	تابستان	بهار	
۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۶	۳/۲۱ ^a	۳/۲۳ ^a	۲/۹۵ ^c	۳/۰۴ ^b	درصد چربی
۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۲	۲/۸۱ ^b	۲/۷۷ ^c	۲/۸۳ ^a	۲/۸۱ ^b	درصد پروتئین
۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۷	۱/۰۳ ^b	۱/۰۳ ^b	۱/۱۵ ^a	۱/۰۲ ^b	دانسیته
۰/۰۰۰۱	۰/۰۵۵	۱۵/۰۰ ^a	۱۴/۸۵ ^{ab}	۱۳/۶۰ ^c	۱۴/۶۲ ^b	اسیدیته

*در هر ردیف میانگین های با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی داری هستند.

The effect of season milking on protein percentage, fat percentage, acidity and density of Holstein cow milk



S.S. hosseini Kinaki¹, A. Azarfar², A.Masoudi², H.Damiri³, A.Masoudi⁴

1. Shahrekord, Islamic Azad University, Shahrekord, iran

2. Lorestan university, Khoramabad, iran

3.Ramin Agricultural and Natural Resources University, Ahwaz, Iran

4.Shahrekord, Islamic Azad University, Shahrekord, iran

Corresponding Author: Abbas Masoudi

Abbas.masoudi@yahoo.com

Abstract

In order to evaluate the effects of season milking on protein percentage, fat percentage, acidity and density of Holstein cow milk, a total of 1050 milk records belonging were used. The means of protein percentage, fat percentage, acidity and density were significant different between of seasons ($P < 0.0001$). Animals milking in autumn produced the most milk fat percentage (3.32) and those milking in summer the least milk fat percentage (2.59). Season had significant different on milk protein percentage. Milk production in summer with 2.38% and milk production in autumn with 2.77% had highest and least protein percentage, respectively. Also, Season had significant different on acidity and density ($P < 0.0001$). The summer and spring with 1.51 and 1.20 had highest and least density respectively. Milk production in winter had highest and milk production in summer had lowest of acidity. Over all can be expressed the milk fat percentage, milk protein percentage, acidity and density in Holstein cow affected in season production.

Key words: milk, fat percentage, protein percentage, Holstein Cow



بررسی اثر سال، فصل و دوره شیردهی بر تولید شیر و درصد پروتئین شیر در گاومیش خوزستان

عباس مسعودی^۱، آرش آذر فر^۲، سید سهام حسینی کینکی^۳، سمیه رحیم نهال^۴

۱. دانشگاه آزاد اسلامی واحد خرمآباد، باشگاه پژوهشگران جوان، خرمآباد، ایران

۲. عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه لرستان

۳. دانشجوی کارشناسی ارشد علوم و صنایع غذایی دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهرکرد

۴. فارغ التحصیل ژنتیک و اصلاح دام دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی رامین خوزستان

نویسنده مسئول: عباس مسعودی Abbas.Masoudi@yahoo.com

چکیده

در این تحقیق به منظور بررسی اثر سال، فصل و دوره شیردهی بر تولید شیر، درصد و مقدار پروتئین شیر از ۱۱۷۳۴ داده متعلق به گله گاومیش‌های استان خوزستان طی یک دوره ۶ ساله (۱۳۸۳-۱۳۸۸) استفاده گردید. میانگین تولید شیر روزانه، درصد پروتئین و مقدار پروتئین بین دوره‌های مختلف شیردهی اختلاف معنی داری داشت ($P < 0/0001$). بیشترین میانگین تولید شیر در طی دوره شیردهیازدهم، ۱۰/۴۰ کیلوگرم و کمترین تولید شیر در طی دوره شیردهی اول، ۷/۸۲ کیلوگرم بود. سال زایش اثر معنی‌داری بر تولید شیر، درصد و مقدار پروتئین داشت ($P < 0/0001$). سال ۸۴ با میانگین تولید ۹/۹۳ کیلوگرم و سال ۸۷ با میانگین تولید ۸/۵۲ کیلوگرم شیر در روز بترتیب بیشتری و کمترین میزان تولید شیر را دارا بودند. همچنین بیشترین (۴/۱۹) و کمترین (۳/۷۹) درصد پروتئین شیر را بترتیب در سالهای ۸۷ و ۸۵ مشاهده گردید. فصل شیردهی اثر معنی‌داری بر مقدار تولید شیر و درصد پروتئین شیر روزانه داشت ($P < 0/0001$). گاومیش‌های شیرده مورد مطالعه در فصل زمستان با تولید روزانه ۹/۸۷ کیلوگرم بیشترین و در فصل بهار با تولید روزانه ۸/۵۵ کیلوگرم شیر کمترین تولید را دارا بودند. شیر تولیدی در فصل بهار با داشتن ۴/۰۱ درصد پروتئین بیشترین و فصل پاییز با داشتن ۳/۸۸ درصد کمترین درصد پروتئین را دارا بودند. در کل می‌توان بیان نمود تولید شیر در گاومیش خوزستان تحت تأثیر سال شیردهی، فصل شیردهی، ماه شیردهی و دوره شیردهی قرار دارد.

کلمات کلیدی: گاومیش خوزستان، تولید شیر، دوره شیردهی، درصد پروتئین

مقدمه

میزان تولید جهانی شیر گاومیش بر اساس آمار ارائه شده توسط سازمان بین‌المللی لبنیات (IDF) ۸۲ میلیون تن گزارش شده است که معادل ۱۲/۵ درصد از شیر تولیدی دنیاست (۷). چربی و پروتئین بالا از ویژگی‌های بارز شیر گاومیش است و مقادیر هر یک از این دو جزء، در مقایسه با شیر گاو بیشتر است. نسبت چربی به پروتئین شیر گاومیش نیز حدود ۱/۷-۱/۸ برآورده شده است در شیر گاومیش‌های هندوستان، مصر، اروپای شرقی و ایتالیا، مقدار چربی از ۶/۳۷ تا ۱۰/۸ درصد و مقدار پروتئین از ۳/۷۸ تا ۴/۶۵ درصد متغیر گزارش شده است (۴).

موراد و همکاران (۱۹۹۱) گزارش نمودند که تولید شیر در گاومیش‌های مصری تحت تأثیر دوره شیردهی یا تعداد زایمان قرار می‌گیرد (۷). همچنین خان و همکاران (۱۹۹۱) با مطالعه‌ای که در مورد تأثیر سن زایمان روی تولید شیر گاومیش‌های نژاد نیلی راوی داشتند به این نتیجه رسیدند که تولید شیر با بالا رفتن سن افزایش و سپس بتدریج کاهش می‌یابد (۵). خان و همکاران (۱۹۹۱) گزارش کردند که سال و دوره‌های مختلف شیردهی از جمله عوامل تأثیر گذار روی تولید شیر در گاومیش می‌باشند (۵). پیلاومبولی (۱۹۹۳) در تحقیق خود گزارش کردند که درصد پروتئین شیر تحت تأثیر میزان شیر تولیدی و ماه شیردهی است و در فصل‌های تابستان به کمترین و در زمستان به بالاترین مقدار خود می‌رسد (۱). اشنایدر و همکاران



(۱۹۴۸) تعداد زیادی نمونه شیر را در هند آزمایش کرده و معلوم کردند که میانگین پروتئین شیر گاومیش بین ۳/۷۶ و ۳/۸۰ درصد با دامنه ۲/۴۰ تا ۶/۰ درصد است (۹). خان و همکاران (۱۹۹۱)، میانگین پروتئین در گاومیش پاکستانی را ۴/۲۹ درصد یافتند این محققین همچنین گزارش نمودن که مرحله شیردهی بطور معنی داری روی پروتئین شیر اثر می گذارد (۵). شیر تولیدی و ترکیبات آن تحت تاثیر عوامل مختلفی از جمله ژنتیک، مرحله شیردهی، تغییرات روزانه، نوع جیره، سن، سال و فصل تولید و دوره شیردهی قرار می گیرد (۶). شیر گاومیش و فرآورده های آن به دلیل کیفیت بالا نسبت به سایر فرآورده های دامی به قیمت بالاتری فروخته می شود. به منظور افزایش تولید دام های شیری لازم است عوامل موثر بر تولید و ترکیبات شیر مانند مدیریت، مقدار و کیفیت تغذیه، دوره شیردهی، فصل و سال زایش مورد بررسی قرار گیرد. لذا هدف از این تحقیق بررسی اثرات سال، فصل و دوره شیردهی بر تولید شیر، درصد و مقدار پروتئین شیر تولیدی گاومیش های استان خوزستان می باشد.

مواد و روش ها

در این تحقیق به منظور بررسی اثر سال، فصل و دوره شیردهی بر تولید شیر، درصد و مقدار پروتئین شیر تولیدی از ۱۱۷۳۴ داده متعلق به گله گاومیش های استان خوزستان طی یک دوره ۶ ساله (۱۳۸۳-۱۳۸۸) استفاده گردید. رکوردهای مورد استفاده در این تحقیق توسط معاون امور تولیدات دام جهاد کشاورزی استان خوزستان طی سالهای ذکر شده جمع آوری شد. تجزیه آماری داده های فوق با استفاده از نرم افزار آماری SAS و رویه GLM انجام گردید و برای مقایسه میانگین ها از آزمون مقایسه میانگین چند دامنه ای دانکن استفاده شد.

نتایج و بحث

نتایج حاصل از اثرات دوره شیردهی بر تولید و ترکیبات شیر در جدول شماره ۱ نشان داده شده است. همان گونه که از جدول پیدا است دوره شیردهی اثر بسیار معنی داری روی صفات اندازه گیری شده داشت ($P < 0/001$). افزایش تعداد دوره شیردهی سبب افزایش تولید شیر گردید بطوریکه اولین و یازدهمین دوره شیردهی با اختصاص ۷/۸۲ و ۱۰/۴۰ کیلوگرم بترتیب کمترین و بیشترین تولید شیر را به خود اختصاص دادند. خان و همکاران (۱۹۹۱) گزارش نمودند تولید شیر در گاومیش های نژاد نیلی راوی با افزایش سن افزایش می یابد (۵). همچنین مورا و همکاران (۱۹۹۱) گزارش نمودند که تولید شیر در گاومیش های مصری تحت تاثیر تعداد زایمان می باشد (۷). و با نتایج فلورس و همکاران (۲۰۰۷) که بیشترین تولید شیر را برای دوره شیردهی دوم و سوم گزارش کرده بودند همخوانی ندارد (۳). افزایش تولید شیر در گاومیش های مورد مطالعه با افزایش سن می تواند بدلیل بلوغ دیررس گاومیش باشد.

درصد پروتئین شیر بطور بسیار معنی داری تحت تاثیر دوره شیردهی قرار داشت ($P < 0/001$)، بطوریکه شیر گاومیش های که در دوره اول شیردهی بودند با داشتن میانگین ۴/۰۱ درصد پروتئین بیشترین و شیر گاومیش های دوره سوم و چهارم با داشتن ۳/۸۷ درصد پروتئین کمترین درصد پروتئین را داشتند. مقدار پروتئین شیر گاومیش های مورد مطالعه بطور معنی داری تحت تاثیر دوره شیردهی قرار گرفتند ($P < 0/001$). مقدار پروتئین تولیدی در دوره شیردهی اول کمترین و در دوره یازدهم بیشترین مقدار را داشتند. با افزایش تعداد دوره شیردهی گاومیش ها به بلوغ جسمی می رسند که این خود از دلایل اختلاف تولید و ترکیبات شیر بین دوره های شیردهی مختلف می باشد و پس از رسیدن به بلوغ کامل تولید شیر شروع به افت می کند.

نتایج حاصل از اثرات سال بر تولید و ترکیبات شیر در جدول شماره ۲ نشان داده شده است. سال زایش اثر بسیار معنی داری بر تولید شیر داشت ($P < 0/001$). در سال ۸۴ با میانگین تولید ۹/۹۳ کیلوگرم و در سال ۸۷ با میانگین تولید ۸/۵۲ کیلوگرم شیر در روز بترتیب بیشترین و کمترین میزان تولید شیر را شاهد بودیم. خان و همکاران (۱۹۹۱) گزارش نمودند تولید شیر در گاومیش های نژاد نیلی راوی تحت تاثیر سال زایش قرار داشت (۵). همچنین کیدی و همکاران (۱۹۸۳) و ردی و تانجا



(۱۹۸۴) اثر سال زایش را بر تولید شیر معنی‌دار گزارش نمودند. اطلاعات فائو نشان می‌دهد که تولید شیر گاومیش طی سال ۱۹۸۲ تا ۲۰۰۱ ۸۲ درصد در جهان و تا ۵۷/۹ درصد در آسیا افزایش یافته است. (۱۰ و ۸).

سال زایش اثر بسیار معنی‌داری بر درصد پروتئین شیر داشت ($P < 0/001$). بیشترین (۴/۱۹) و کمترین (۳/۷۹) درصد پروتئین شیر را به ترتیب در سالهای ۸۷ و ۸۵ مشاهده گردید. مقدار پروتئین شیر گاومیش‌های مورد مطالعه نیز بطور بسیار معنی‌داری تحت تاثیر سال قرار گرفتند بطوریکه بیشترین مقدار پروتئین شیر مربوط به سال ۸۴ بود و کمترین مقدار پروتئین مربوط به سال‌های ۸۸ می‌باشد.

فصل شیردهی (جدول ۳) اثر معنی‌داری بر مقدار تولید شیر روزانه داشت ($P < 0/001$). گاومیش‌های شیرده مورد مطالعه در فصل زمستان با تولید روزانه ۹/۸۷ کیلوگرم بیشترین و در فصل بهار با تولید روزانه ۸/۵۵ کیلوگرم شیر کمترین تولید را دارا بودند. این نتایج با نتایج احمد و شفیق (۲۰۰۲) موافقت داشت این محققین حداکثر و حداقل شیر تولیدی را در گاومیش‌های نیلی راوی به ترتیب در فصل زمستان و فصل تابستان گزارش نمودند. فصل شیردهی به دو دلیل می‌تواند بر میزان شیر تولیدی اثر گذار باشد، دلیل اول کمبود علوفه در بعضی از فصول خاص سال و عامل دوم استرس فصلی می‌باشد که بدلیل تغییرات دمائی و افزایش یا کاهش رطوبت ممکن است در اوج تولید سبب کاهش تولید شیر گردد (۲).

درصد و مقدار پروتئین شیر تولیدی بطور معنی‌داری تحت تاثیر فصل شیردهی قرار گرفته است ($P < 0/001$). شیر تولیدی در فصل بهار با داشتن ۴/۰۱ درصد پروتئین بیشترین و شیر تولیدی در فصل پاییز با داشتن ۳/۸۸ درصد کمترین درصد پروتئین را دارا می‌باشند. پیلاومبولی (۱۹۹۳) در تحقیق خود گزارش کردند که درصد پروتئین شیر تحت تاثیر میزان شیر تولیدی و ماه شیردهی است و در فصل‌های تابستان به کمترین و در زمستان به بالاترین مقدار خود می‌رسد (۱).

نتیجه‌گیری کلی

با توجه به نتایج حاصل از این تحقیق، بطور کلی می‌توان بیان نمود تولید شیر، درصد و تولید پروتئین شیر در گاومیش خوزستان تحت تاثیر سال شیردهی، فصل شیردهی و دوره شیردهی قرار دارد. لذا ضروری به نظر می‌رسد بعد از انجام تحقیقات کامل در این خصوص عوامل فوق در رکورد برداری و گزارشات مربوطه تصحیح گردد.

منابع

1. Afzal, M. and M. Anvar. 2007. Some factors affecting milk yield and lactation length in Niliravi buffaloes. Pakistan Veterinary Journal 27(3): 113-117.
2. Ahmad, M. and M. Shafiq, 2002. Effect of season on fertility rate and milk production in Nili-Ravi buffaloes. 23rd Annual Report, Livestock Prod. Res. Inst., Bahadurnagar, Okara, Pakistan.
3. Flores, E. B., J. F. Maramba, D. L. Aquino, A. F. Abesamis, A. F. Cruz and L. C. Cruz. 2007. Evaluation of milk production performance of dairy buffaloes raised in various herds of the Philippine Carabao center. Ital. J. Anim sci. 6:295-298.
4. Ganguli, NC. 1974. Physico-chemical make-up of buffalo milk in the standardization of techniques of handling, processing and manufacture of products. International Dairy congress. 11:358-374
5. Khan, M.A., A. Ghaffar, M. Tufail, and M. Shafique. 1991. Correction factors for the standardization of lactation milk yield in Nili Ravi buffaloes. Sarhad J. Agric. 7: 27-34.
6. Kilic, A. and S. kilic, 1994. Feeding and milk. Bilgehan Press. Izmir.
7. Mourad, A., M.M. Mohamed, and A.S. Khattab. 1991. Genetic parameters for milk production traits in a closed herd of Egyptian buffaloes. Egypt J. Anim. Prod., 28: 11-20.



8. Reddy, C.E. and Taneja, V.K. (1984). Phenotypic, genetic and environmental trends for age at first calving in Murrah buffaloes. Asian J. Dairy Res. 3:60-62.
9. Schneider, B.H., Warner, J.N and Dharni, I.D. 1948. The composition of milk. I.C.A.R. Misc. Bull. No.61.
10. Thomas C. S. (2008). Efficient dairy buffalo production. 1 ed., DeLaval Inter. AB, Tumba, Sweden.

جدول ۱ اثر دوره شیردهی بر تولید شیر درصد و مقدار پروتئین شیر گاومیش خوزستان

P-V	ESM	۱۲	۱۱	۱۰	۹	۸	۷	۶	۵	۴	۳	۲	۱	دوره شیردهی
۰/۰۰۰۱	۰/۰۲۵	۱۰/۲۲ ^a	۱۰/۴ ^a	۹/۸۵ ^b	۹/۴۲ ^c	۹/۲۶ ^c	۹/۲۷ ^c	۹/۲۸ ^c	۹/۳۱ ^c	۸/۸۷ ^d	۸/۸۴ ^d	۸/۳۲ ^e	۷/۸۲ ^f	تولید شیر
۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۵	۳/۹۸ ^{ab}	۳/۹۹ ^{ab}	۳/۹۹ ^{ab}	۳/۹۶ ^{ab}	۳/۹۲ ^{bc}	۳/۹۳ ^{bc}	۳/۸۹ ^{cd}	۳/۸۴ ^{dc}	۳/۷۸ ^e	۳/۷۸ ^e	۳/۸۱ ^e	۴/۰۱ ^a	درصد پروتئین
۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۴۰۸ ^a	۰/۴۲۵ ^a	۰/۳۹۴ ^b	۰/۳۷۵ ^c	۰/۳۶۵ ^c	۰/۳۶۶ ^c	۰/۳۶۱ ^c	۰/۳۵۸ ^c	۰/۳۳۸ ^d	۰/۳۳۷ ^d	۰/۳۱۸ ^e	۰/۳۱۴ ^e	مقدار پروتئین

*در هر ردیف میانگین‌های با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی داری هستند.

جدول ۲ اثر سال تولید بر تولید شیر درصد و مقدار پروتئین شیر گاومیش خوزستان

P-V	ESM	۸۸	۸۷	۸۶	۸۵	۸۴	۸۳	سال نمونه برداری
۰/۰۰۰۱	۰/۰۲۵	۹/۵۵ ^b	۸/۵۲ ^b	۹/۶۰ ^a	۹/۸۳ ^a	۹/۹۳ ^a	۹/۶۹ ^a	تولید شیر
۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۵	۴/۰۷ ^b	۴/۱۹ ^a	۳/۸۴ ^c	۳/۷۹ ^c	۳/۸۴ ^c	۳/۸۰ ^c	درصد پروتئین
۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۳۵۵	۰/۳۶۱	۰/۳۷۱	۰/۳۷۴	۰/۳۸۱	۰/۳۶۸	مقدار پروتئین

*در هر ردیف میانگین‌های با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی داری هستند.

جدول ۳ اثر فصل تولید بر تولید شیر درصد و مقدار پروتئین شیر گاومیش خوزستان

F-V	STE	زمستان	پاییز	تابستان	بهار	
۰/۰۰۰۱	۰/۰۱۱	۹/۸۷ ^a	۹/۸۳ ^a	۸/۹۶ ^b	۸/۵۵ ^c	تولید شیر
۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۴	۳/۹۳ ^b	۳/۸۸ ^c	۳/۹۴ ^b	۴/۰۱ ^a	درصد پروتئین
۰/۰۰۰۱	۱/۰۰۵	۳۶۹ ^a	۳۶۷ ^a	۳۱۳ ^c	۳۴۳ ^b	مقدار پروتئین (گرم)

The effects of year, season and lactation period on milk production and milk protein percentage of Khuzestan's Buffaloes

A.Masoudi¹, A.Azarfar², S.S.hoseni Kinaki³, S.Rahinmahal⁴

1. Young Researchers Club, Khoramabad branch, Islamic Azad University, Khoramabad,iran

2. Lorestan university, Khoramabad, iran

3. Shahrekord, Islamic Azad University, Shahrekord,iran

4. Ramin Agricultural and Natural Resources University, Ahwaz, Iran

Corresponding Author: Abbas MasoudiAbbas.masoudi@yahoo.com

Abstract

In order to evaluate the effects of year and lactation on milk production and milk composition of Khuzestan's native Buffaloes, a total of 11743 milk records belonging were used. The data that used belong to 2004 till 2010. The means of daily milk production, fat percentage, fat production were significant different between of lactation ($p < 0.0001$). The highest daily milk production was in the lactation of 11th with 10.40 kg. The lowest daily milk production was 7.82 kg in the first lactation. The year has a significant effect ($p < 0.0001$) on milk yield of



buffalo. The highest daily milk production, protein percentage and protein production was in years of 2005 (9.39 kg), 2008 (4.19 %) and 2005 (0.381 gr), respectively. The lowest daily milk production was 8.52 kg in 2008. The season of milking had a significant effect ($p < 0.0001$) on milk yield and protein percentage of buffalo. Animals milking in winter produced the most milk (9.87 kg/d) and those milking in spring the least milk (8.55 kg/d). The month had a significant effect ($p < 0.0001$) on milk yield of buffalo. Milk production in spring and autumn had highest (4.10) and least (3.88) protein percentage, respectively. Overall can be expressed the milk production and milk protein percentage in Khuzestan Buffalo affected in year, season and lactation period.

Key words: buffalo Khuzestan, Milk production, lactation, Protein percentage.



تاثیر فرایند های اپی ژنتیک در طی دوره انکوباسیون بر بیان ژن های محور تیروتروپین هیپوتالاموس و مقاوم سازی جوجه

های گوشتی به سرما

رسول محمدی

مقدمه

تحقیقات بسیار کمی در مورد تاثیر تنش سرمایی دوره جوجه کشی و اثرات آن بر روی مقاومت به سرما انجام شده است (۵ و ۴). بلوغ سیستم های غدد درون ریز و همچنین سیستم عصبی در دوره جنینی آغاز می شود و این سیستم ها در طی دوره انکوباسیون و نیز اوایل دوره پرورش تحت تاثیر عوامل محیطی میتوانند دچار دگرگونی شوند. یکی از مکانیسم های عادت پذیری به شرایط محیطی در دوره جوجه کشی و اوایل دوره پرورش زمانی که سیستم عصبی مرکزی تکامل نهایی را پیدا نکرده است، "سازگاری اپی ژنتیک" نامیده می شود (۱ و ۲). در بررسی انجام شده توسط وانگ و همکارش (۲۰۰۸) تاثیر استرس سرمایی بر روی بیان ژن هورمون کورتیکوتروپین (CRH) و هورمون آزاد کننده تیروتروپین (TRH) آزمایش شد. استرس سرمایی حاد (۶ و ۱۲ ساعت) در گروه تحت آزمایش باعث کاهش معنی دار بیان سطوح هورمون CRH نسبت به گروه شاهد شد. استرس سرمایی مزمن (۵، ۱۰ و ۲۰ روز) باعث افزایش معنی دار بیان سطوح هورمون CRH در گروه سرما دیده نسبت به گروه شاهد گردید (۶). شیندر و همکارانش (۲۰۰۹) با مطالعه اثرات استرس سرمایی در اواخر دوره جوجه کشی و انتقال جوجه های حاصل از پروتکل خود به دمای ۱۵ درجه سانتیگراد نتوانستند نتیجه خوبی از لحاظ وزن پایان دوره بگیرند. به طوری که تنش سرمایی سبب کاهش عملکرد وزنی تا میزان ۷۰۰ گرم در تیمارها شده بود. آنها همچنین در تحقیق بعدی خود (۲۰۱۱) به نتایج مشابهی رسیدند (۵ و ۴).

مواد و روش ها

تخم مرغ های نطفه دار (۶۰۰ عدد با میانگین وزنی یکسان) به طور مساوی به دو گروه شاهد (بدون دستکاری دمایی) و گروه تنش سرمایی (تحت تاثیر دمای ۱۵ درجه سانتیگراد در روز ۱۸ انکوباسیون) تقسیم شدند. پس از اعمال تنش سرمایی به فاصله زمانی ۱ و ۵ ساعت از هر تکرار سرما دیده (تیمار) و ندیده (شاهد) تعداد ۲ عدد تخم حاوی جنین جهت بررسی بیان ژنهای مرتبط با هورمون های تیروئیدی (TRH) برداشته شد و به فریزر ۸۰- منتقل گردید. از ژن GAPDH به عنوان ژن خانه دار جهت کنترل داخلی آزمایش استفاده گردید. در آزمایشگاه نمونه گیری از ناحیه هیپوتالاموس جنین ها، جهت استخراج RNA و سپس تبدیل RNA استخراجی به cDNA توسط کیت سیناکلون استخراج انجام گرفت. بررسی بیان ژن توسط روش Real-Time PCR به وسیله دستگاه Rotor Gene 3000 صورت گرفت. توالی آغازگرها (از سایت NCBI) به شرح ذیل می باشد:

TRH- Reverse / GCTGCTGACCTCCAAACCTA : TRH- Forward
TGGGCTCGTAAAGGAACTGAC
AAGGGTGGTGCTAAGCGTGT: Gap - Forward / GTGATGGCATGGACAGTGGT: Gap - Reverse

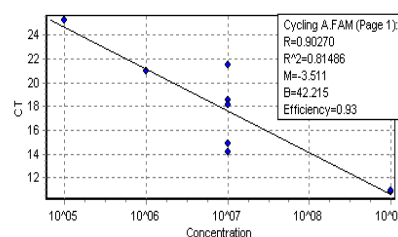
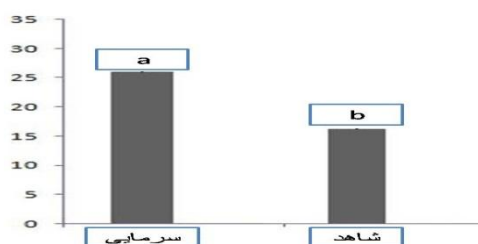
جهت بررسی بیان ژن اندازه های C_t و نیز اندازه مطلق تعداد کپی های DNA که با مقایسه با منحنی استاندارد رسم شده بدست آمد مقایسه نمونه های تیمار با گروه شاهد انجام شد. از روز ۱۵ تا انتهای دوره پرورش نیمی از تیمار های شاهد و استرس دیده به شرایط دمایی 15 ± 2 درجه سانتیگراد منتقل شدند. جوجه گوشتی یکروزه نر از سویه کاب ۵۰۰ در قالب طرح فاکتوریل 2×2 به طور تصادفی انتخاب شده و پس از توزین، به ۲ گروه (شاهد و تیمار) در دو سطح دمایی (معمولی و کاهش دما) تقسیم شدند. داده ها با استفاده از نرم افزار SPSS و بر اساس مدل $Y_{ijk} = \mu + A_i + B_j + AB_{ij} +$



$eijk$ تجزیه و تحلیل شد. μ = میانگین جامعه؛ A = اثر عادت دهی سرمایی دوره انکوباسیون؛ B = استرس سرمایی آخر دوره AB = اثر دو عامل در نظر گرفته شده؛ e = اثر خطای آزمایشی

نتایج

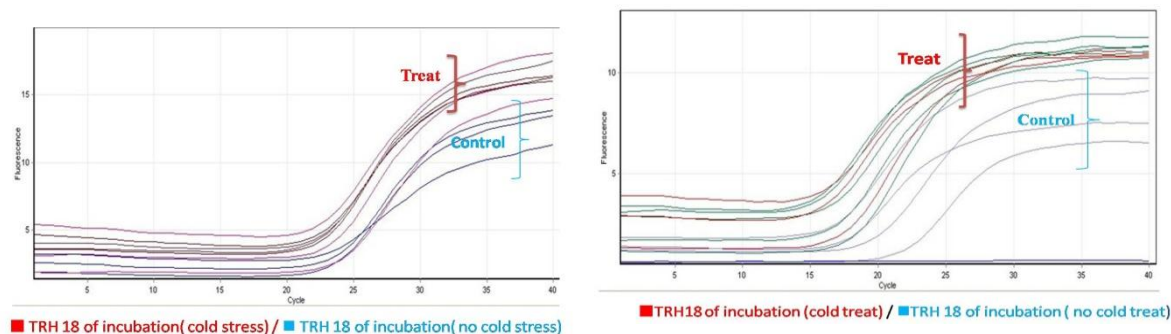
نتایج مربوط به عملکرد جوجه کشی تحت تاثیر فرایندهای اپی ژنتیک در جدول شماره ۱ آمده است. این نتایج با مشاهدات شیندر و همکارانش (۵) مغایرت دارد. نتایج عملکرد دوره پرورش در جدول شماره ۲ مشاهده می شود. استرس سرمایی در دوره جوجه کشی از طریق فرایندهای اپی ژنتیک سبب بهبود عملکرد در دمای پایین در جوجه های سرما دیده شد. در تحقیق شایندر و همکاران (۲۰۰۹) که براساس پروتکل مخصوص خودشان سرمادهی جوجه کشی را انجام دادند، عکس این نتایج بدست آمد. جوجه سرما دیده آنها با ورود به دمای پایین، دچار کاهش وزن شدید نسبت به دمای نرمال شد (۵). همچنین یاردمچی و همکاران به این نتیجه رسیدند که افزایش وزن در گروه استرس دیده (اوایل دوره پرورش) نسبت به گروه شاهد می تواند به تغییرات اپی ژنتیک در اثر سرما برگردد (۸ و ۷). بررسی بیان ژن های محور تیروتروپین (TRH) به عنوان عامل اصلی سازگاری جوجه ها به سرما یکی از کارهای بسیار جدید در این آزمایش بود که نقش مهم فرایندهای اپی ژنتیک را در موفقیت دوره پرورش جوجه های تیمار نشان می دهد. در شکل شماره ۱ منحنی استاندارد سری رقیق شده مربوط به ژن GAPDH به عنوان ژن خانه دار آمده است. همانطور که در نمودار شماره ۱ مشاهده می شود میزان بیان ژن های مرتبط با محور تیروتروپین به طور معنی داری در گروه سرما دیده نسبت به گروه شاهد در دوره جوجه کشی بالاتر رفته است. میزان بیان ژن های محور TRH در دو گروه شاهد و سرما دیده در طی دو بازه زمانی ۱ ساعت و ۵ ساعت پس از اعمال استرس در تصاویر ۲ و ۳ آمده است. همانطور که در شکل ۲ مشاهده می شود پس از گذشت ۱ ساعت از اعمال تنش سرمایی بیان ژن های این محور در گروه شاهد (تنش ندیده/ رنگ آبی) به طور معنی داری کمتر از گروه تنش دیده (رنگ قرمز) می باشد. پس از گذشت ۵ ساعت از اعمال استرس، فاصله خطوط بیان کمتر شده و یا به عبارتی شوک ناشی از تنش در گروه تنش دیده روبه افول رفته است، هرچند هنوز هم میزان بیان در گروه تیمار (قرمز) بیشتر از گروه شاهد (آبی) می باشد (شکل ۳). این نتایج مشابه نتایج وانگ و همکاران بود. البته در آزمایش آنها استرس سرمایی در اوایل دوره اعمال شده بود (۶).



نمودار ۱) مقایسه از لحاظ بیان TRH در مقدار

شکل ۱) منحنی استاندارد سری های رقیق شده ژن GAPDH

سیکل آستانه C_t ($P < 0.01$)



(۳) بیان ژن ۵ ساعت

شکل (۲) بیان ژن ۱ ساعت پس از اعمال تنش شکل

پس از اعمال تنش

جدول ۴-۱ درصد تفریخ، وزن یکروزگی و میانگین وزن تخم مرغ ها در انکوباسیون

تیمار	درصد تفریخ	وزن یکروزگی (گرم)	میانگین وزن تخم نطفه دار
شاهد	$69/8^b$	$45/42$	70 ± 20
تنش	$74/6^a$	$45/29$	70 ± 18
SEM	$0/510$	$0/199$	$0/109$

جدول ۲- مقایسه عملکرد گروه شاهد و تیمار در دو بازه دمایی نرمال (23 ± 2) و سرمایی (15 ± 2)

متغیر	تیمار	دمای نرمال	دمای استرس	SEM
وزن پایان دوره (گرم)	شاهد	۲۵۶۰	$2294/64^b$	$59/23$
	سرمایی	$2580/13$	$2647/68^a$	$59/23$
ضریب تبدیل غذایی	شاهد	$1/98^a$	$2/05^a$	$0/037$
	سرمایی	$1/78^b$	$1/80^b$	$0/037$

حروف غیر مشترک در هرستون بیانگر وجود تفاوت معنی دار در سطح احتمال ۵٪ می باشد.

منابع

1. Blahova, J , R. Dobsikova , E. Strakova and P. Sucha. 2007. Effect of Low Environmental Temperature on Performance and Blood System in Broiler Chickens (*Gallus domesticus*) Acta vet. Brno 2007, 76: S17-23

2. Daneshyar. M , H. Kermanshahi, and A. Golian . 2009. Changes of biochemical parameters and enzyme activities in broiler chickens with cold-induced ascites . Poultry Science 88:106-110



3. Hangalapura B. N , G. B. Nieuwland , J. Buyse , B. Kemp , and H. K. Parmentier .2004. Effect of Duration of Cold Stress on Plasma Adrenal and Thyroid Hormone Levels and Immune Responses in Chicken Lines Divergently Selected for Antibody Responses . Poultry Science 83:1644-1649
4. Shinder. D, M. Rusal , M. Giloh , S. Druyan , Y. Piestun and S. Yahav.2011. Improvement of cold resistance and performance of broilers by acute cold exposure during late embryogenesis. Poultry Science 90: 633-641
5. Shinder. D, M. Rusal , M. Giloh , and S. Yahav.2009. Effect of repetitive acute cold exposures during the last phase of broiler embryogenesis on cold resistance through the life span . Poultry Science 88:636-646
6. Wang. J. W , and S. W. Xu . 2008 . Effects of Cold Stress on the Messenger Ribonucleic Acid Level of Corticotrophin-Releasing Hormone and Thyrotropin-Releasing Hormone in Hypothalamus of Broilers. Poultry Science 87:973-978
7. Yahav, S., R. Sasson-Rath, and D Shinder. 2004. The effect of thermal manipulations during embryogenesis of broiler chicks (*Gallus domesticus*) on hatchability, body weight and thermoregulation after hatch. J. Therm. Biol. 29:245-25
8. Yardimci. M , E. Peng , R. E. Hesna pahun and U. Bayram. 2006. The Influence of Cold Conditioning on the Performance of the Broiler Chicken . Turk. J. Vet. Anim. Sci 30 (2006) 583-588.



برآورد مؤلفه‌های واریانس مجموع وزن بره‌های از شیرگیری شده در هر زایش در گوسفند مهربان با استفاده از مدل‌های رگرسیون تصادفی بی‌اسپلین

ملیحه امیرآبادی فراهانی^۱، پویا زمانی^{۲*} و حسن علی عربی^۲

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا

۲- استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا

* نویسنده مسئول: پویا زمانی، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا pzamani@basu.ac.ir

چکیده

در این مطالعه به منظور برآورد مؤلفه‌های واریانس و وراثت پذیری مجموع وزن بره‌های از شیرگیری شده در هر زایش گوسفند مهربان با استفاده از مدل‌های رگرسیون تصادفی از ۲۵۷۴ رکورد جمع آوری شده طی سال‌های ۱۳۷۴ تا ۱۳۸۹ استفاده گردید. جهت آماده سازی و ویرایش داده‌ها از نرم‌افزارهای Excel و Access و برای شناسایی عوامل مؤثر بر صفت مورد بررسی از مدل‌های خطی تعمیم یافته با کمک نرم‌افزار SAS استفاده شد. میانگین همه وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش $24/58 \pm 9/61$ کیلوگرم بود. عوامل دارای اثر معنی‌دار در مدل شامل گله-سال- فصل و سن میش هنگام زایش بودند. مؤلفه‌های واریانس بر اساس مدل‌های رگرسیون تصادفی بی-اسپلین خطی، درجه دو و خطی-درجه دو با استفاده از نرم‌افزار WOMBAT، برآورد شد. مقایسه مدل‌ها جهت گزارش مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری با شاخص‌های AIC و BIC انجام شد که در این میان مدل QLQ (درجه دو برای رگرسیون ثابت، خطی برای اثر ژنتیکی افزایشی و درجه دو برای محیط دائمی) در نظر گرفته شد. براساس تجزیه و تحلیل نتایج با مدل مذکور واریانس‌های ژنتیکی افزایشی، محیط دائمی و فنوتیپی مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش به ترتیب در دامنه ۱۳/۴۳ تا ۹۵/۶۸، ۰ تا ۶۹۶/۵۲ و ۳۹/۰۸ تا ۷۳۳/۰۵ برآورد شدند. همچنین برآورد وراثت پذیری این صفت در دامنه ۰/۲۲ تا ۰/۹۱ قرار داشت. واژگان کلیدی: مؤلفه‌های واریانس- وراثت پذیری- مجموع وزن از شیرگیری- رگرسیون تصادفی- بی اسپلین

مقدمه

به طور کلی در نژادهای گوشتی، ۷۰ تا ۸۰ درصد از کل درآمد حاصل از پرورش گوسفند مربوط به تولید گوشت است (۵). در همین رابطه، صفات تولید مثلی و سایر صفات وابسته به آن که اغلب در انتخاب و اصلاح لاین‌های مادری در نظر گرفته می‌شوند، اهمیت زیادی دارند (۲). مجموع وزن بره‌های از شیر گرفته شده از هر میش در هر زایش، یک صفت تولید مثل ترکیبی است که علاوه بر در نظر گرفتن باروری، صفاتی همچون توانایی مادری، تولید شیر میش و پتانسیل رشد بره را نیز شامل می‌شود (۵). برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای حفظ نژادهای بومی، تعیین اهداف و طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی، درک بهتر مکانیسم ژنتیکی صفات، پیش‌بینی ارزش اصلاحی و پیش‌بینی پاسخ مورد نظر از برنامه‌های انتخاب ضروری است. هدف بررسی حاضر برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفت مجموع وزن شیرگیری بره‌های هر میش در هر زایش با کمک مدل‌های رگرسیون تصادفی بود.

مواد و روش‌ها



در این بررسی، از داده‌های وزن شیرگیری بره‌های حاصل از ۶۰۴۸ رأس میش گوسفند مهربان که طی سال‌های ۱۳۷۴ تا ۱۳۸۹ توسط سازمان جهاد کشاورزی استان همدان جمع آوری شده بود استفاده شد. آماده سازی داده‌های خام مورد استفاده با نرم افزارهای Excel 2007 و Access 2007 صورت گرفت. با توجه به متغیر بودن سن از شیرگیری بره‌ها، وزن شیرگیری بر مبنای ۹۰ روزگی با استفاده از فرمول زیر تصحیح گردید(۴):

$$\text{وزن تولد} + [90 \times \frac{\text{وزن تولد} - \text{وزن شیرگیری}}{\text{سن در زمان شیرگیری}}] = \text{وزن شیرگیری تصحیح شده بر مبنای ۹۰ روز}$$

تعداد رکوردها پس از حذف داده‌های پرت و میش‌هایی با یک مشاهده به ۲۵۷۴ رکورد رسید. برای شناسایی عوامل مؤثر بر صفت و تشکیل مدل مناسب از مدل خطی تعمیم یافته نرم افزار آماری SAS، ویرایش ۹/۱ (۷) استفاده شد. جهت تبدیل شماره‌ها به کدهایی که در آن‌ها شماره حیوان از شماره پدر و مادر بزرگتر باشند از نرم افزار CFC (۶) استفاده شد. مؤلفه‌های واریانس و وراثت پذیری صفت مورد نظر با نرم افزار WOMBAT (۳) برآورد گردید که در این نرم افزار معیار همگرایی برای توقف تکرارها، 10^{-8} در نظر گرفته شد.

مدل مورد استفاده برای برآورد مؤلفه‌های واریانس به صورت زیر بود:

$$y_q = FYS_i + \sum_{k=1}^{n=4} \alpha_{ik} B_k(a_q) + \sum_{k=1}^{n=4} \beta_{qk} B_k(a_q) + \sum_{k=1}^{n=4} \gamma_{qk} B_k(a_q) + \varepsilon_q$$

در این مدل:

y_q رکورد مربوط به حیوان q ام، FYS_i ، i امین اثر ثابت گله-سال- فصل زایش؛ α_{ik} ، ضریب رگرسیون ثابت برای i امین اثر گله-سال- فصل در گره k و β_{qk} و γ_{qk} ، به ترتیب ضرایب رگرسیون تصادفی برای اثر ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی حیوان q در گره k می‌باشند. کواریت $B_k(a_q)$ ، ضریب بی اسپلاین (خطی، درجه دو و خطی-درجه دو) ارزیابی شده بر اساس اثر سن مادر (a_q) در گره k و ε_q اثر باقیمانده مربوط به y_q می‌باشد (همان طور که مشاهده می‌شود تعداد گره‌ها نیز از ۱ تا ۴ در نظر گرفته شد).

نتایج و بحث

از تجزیه و تحلیل داده‌ها با مدل تابعیت تصادفی مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری مجموع وزن از شیرگیری بره‌های حاصل از میش‌های ۱۰ تا ۹۶ ماهه برآورد شد. تعداد رکوردها، میانگین و انحراف معیار صفت مربوطه در جدول ۱ ارائه شده است. با توجه به این‌که مدلی با حداقل مقدار شاخص AIC و BIC به عنوان بهترین مدل می‌باشد(۱)، در این بررسی مدل QLQ به عنوان بهترین مدل انتخاب شد (جدول ۲).

جدول ۱. آماره توصیفی کل وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش (کیلوگرم) و سن میش هنگام زایش (ماه) پس از ویرایش داده‌ها

تعداد رکورد	کمترین	بیشترین	میانگین	انحراف
۲۵۷۴	۱۰/۳۰	۹۷/۹۰	۲۴/۵۸	
۹/۶۱				
۲۵۷۴	۱۰	۹۶	۴۹/۰۳	

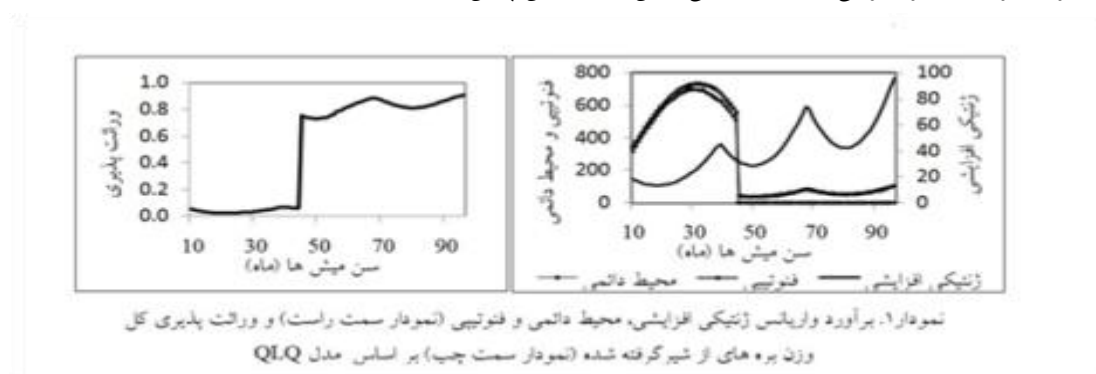
همه وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش (کیلوگرم)

سن میش هنگام زایش (ماه)

جدول ۲. مقادیر حداکثر درستنمایی (Log L)، معیار اطلاعات آکایک (AIC) و معیار اطلاعات بیزین (BIC) در مدل‌های مختلف رگرسیون تصادفی (به ترتیب برای اثرات ثابت، ژنتیکی افزایشی و محیط دائمی)

مدل	Log L	AIC	BIC
خطی - خطی - خطی (LLL)	-۱۷۴۱/۸	۳۵۳۱/۶	۳۶۷۱/۰
خطی - خطی - درجه ۲ (LLQ)	-۱۲۱/۵	۲۹۱/۰	۴۳۰/۴
خطی - درجه ۲ - خطی (LQL)	-۹۱/۱	۲۳۰/۲	۳۶۹/۶
خطی - درجه ۲ - درجه ۲ (LQQ)	-۷۱/۳	۱۹۰/۶	۳۳۰/۰
درجه ۲ - خطی - خطی (QLL)	-۱۷۳۲/۷	۳۵۱۳/۴	۳۶۵۲/۸
درجه ۲ - خطی - درجه ۲ (QLQ)	-۲۵/۷	۹۹/۴	۲۳۸/۸
درجه ۲ - درجه ۲ - خطی (QQL)	-۴۷۳۲/۶	۹۵۱۳/۲	۹۶۵۲/۶
درجه ۲ - درجه ۲ - درجه ۲ (QQQ)	-۱۲۴۰/۷	۲۵۲۹/۴	۲۶۶۸/۸

اجزای واریانس بر اساس بهترین مدل رگرسیون تصادفی (مدل QLQ) در نمودار ۱ نشان داده شده است. مؤلفه‌های واریانس ژنتیکی افزایشی، محیط دائمی و فنوتیپی مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در هر زایش به ترتیب در دامنه ۱۳/۴۳ تا ۰،۹۵/۶۸، ۰ تا ۶۹۶/۵۲ و ۳۹/۰۸ تا ۷۳۳/۰۵ برآورد شدند. همان طور که مشاهده می‌شود در روش آنالیز با استفاده از مدل رگرسیون تصادفی وراثت‌پذیری‌های متفاوتی برای هر سن خاص از میش‌ها برآورد شده است که در این تحقیق وراثت‌پذیری مجموع وزن از شیرگیری بره‌ها در دامنه ۰/۰۲۲ تا ۰/۹۱ قرار داشت. در تحقیقاتی که بر روی گوسفندان مرینو در سه گله برای این صفت انجام گرفته، مشخص شده که وراثت‌پذیری این صفت دامنه‌ای از ۰/۱۳ تا ۰/۶۳ داشت که در برآوردهای حاصل از این مطالعه قرار دارد (۸). روند صعودی وراثت‌پذیری در سنین بالاتر میش‌ها می‌تواند ناشی از ساختار داده‌ها و اثر بالاتر محیط بر ویژگی‌های تولید مثلی میش‌ها در سنین پایین باشد.



سپاسگزاری

بدین وسیله از مسئولین و کارشناسان محترم معاونت امور دام جهاد کشاورزی استان همدان به دلیل فراهم نمودن داده‌ها و اطلاعات لازم برای انجام این پژوهش سپاسگزاری می‌شود.

References:

9. Fischer, T. M., J.H.J, Van der Werf., R.G. Banks and A.J. Ball. 2004. Description of lamb growth using random regression on field data. *livestock Production Science*, 89:175-185.
10. Hansen, C and J. N. B. Shrestha. 1997. Heritability and repeatability estimates for ewe productivity traits of three breeds under 8-month breeding cycle and artificial rearing of lamb. *Small Ruminant Research*, 24:185-194.
11. Meyer K. 2011. A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. User Notes. Available at: <http://agbu.une.edu.au/kmeyer/download.phpfile=WombatManual.pdf>.
12. Notter, D.R., L.A Swiger and W.R Harvey. 1975. Adjustment factors for 90- day lam weight. *Journal of Animal Science*, 40:385-391.
13. Olivier, W. J., M. A. Snyman., J. J. Olivier., J. B. Van Wyk and G. J. Erasmus. 2000. Direct and correlated selection response in Merino sheep with selection for total weight of lamb weaned. *Proceeding 36th South African Journal of Animal Science Congress*, Stellenbosch.
14. Sargolzaei, M., H, Iwaisaki and J.J. Colleau. 2006. A software package for pedigree analysis and monitoring genetic diversity. Available at: <http://agrews.agr.niigatau.ac.jp/iwsk/cfc.html>.
15. SAS Institute. 2004. User's Guide Version 9.1: Statistics. SAS Institute. Cary. NC.
16. Snyman, M. A., J. B. Van Wyk., G. J. Erasmus and J. J. Olivier. 1997. Genetic parameter estimates for total weight of lamb weaned in Afrino and Merino sheep. *Livestock Production Science*, 48:111-16.

Estimation of variance components for total weaning weight of lambs per lambing in Mehraban sheep using B Spline random regression models

Maliheh. Amirabadi Farahani ¹, Pouya. Zamani ^{*2}, Hasan. Ali Arabi ²

1. Msc Student, Animal Science Department, Faculty of agriculture, University of Bu Ali Sina

3. Assistance Professor, Animal Science Department, Faculty of agriculture, University of Bu Ali Sina

* Corresponding E-mail address: pzamani@basu.ac.ir

Abstract:

In this study, 2574 records of ewes, collected during 1995 to 2010 were used to estimate variance components and heritability of total weaning weight per lambing in Mehraban sheep, using random regression models. Access and Excel softwares were used for preparation and edition of the data. The factors affecting the studied traits were identified by



general linear model analysis using SAS software. The average of total weaning weight of lambs per lambing was 24.58 ± 9.61 kg. Significant factors in the model were flock-year-season and the age of ewe at lambing. Variance components were estimated based on linear, quadratic and linear-quadratic B-spline random regression models using WOMBAT software. The models were compared using AIC and BIC indices, which, QLQ model (quadratic for fixed regression, linear for additive genetic effects and quadratic for permanent environment) was selected. According to the analysis of this model, additive genetic, permanent environmental and phenotypic variances of total weaning weight of lambs per lambing were estimated in the ranges of 13.43 to 95.68, 0 to 696.52 and 39.08 to 733.05, respectively. Moreover, heritability estimate of the studied trait was in the range of 0.022 to 0.91.

Key Words: variance components- heritability- total weaning weight- random regression- BSpline



ظرفیت رشد ژنتیکی صفات وزن بدن گوسفند نژاد Iran Black در انتخاب چهار مسیری
مرتضی جعفرآوغلی^{۱*}، مرتضی ستایی مختاری^۲، عبدالاحد شادپرور^۳، امیر رشیدی^۴ و بهروز خلیلی^۵
^۱ مربی گروه کشاورزی دانشگاه پیام نور اردبیل، ^۲ گروه تولیدات دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جیرفت، ^۳ دانشیار گروه
علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان، ^۴ دانشیار گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه کردستان و ^۵ سازمان جهاد
کشاورزی استان اردبیل* نویسنده مسئول: مرتضی جعفرآوغلی، اردبیل - خیابان دانشگاه - دانشگاه پیام نور مرکز اردبیل -
Morteza_jafaroghli@yahoo.com صندوق پستی ۵۵۱۳۵-۴۶۹، پست الکترونیکی

چکیده

برای برآورد رشد ژنتیکی از داده‌های وزن تولد (۴۹۶۲ رکورد)، سه ماهگی (۳۹۶۲ رکورد)، شش ماهگی (۳۳۸۹ رکورد)،
نه ماهگی (۲۹۴۲ رکورد) و دوازده ماهگی (۲۷۱۴ رکورد) گوسفندان Iran-Black که در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد
عباس آباد خراسان جنوبی (از سال ۱۳۶۳ تا ۱۳۸۵) جمع آوری شده بودند، استفاده شد. اجزاء واریانس و ارزش‌های ارثی هر
صفت به روش REML و مدل دام چند صفتی با نرم افزار WOMBAT برآورد شد. با افزودن و حذف اثرات ژنتیکی
مستقیم مادری، محیط مشترک مادری و کواریانس اثرات ژنتیکی مستقیم حیوان و مادر به اثرات ژنتیکی مستقیم حیوان، دوازده
مدل دام مختلف برای هر صفت استفاده شد. برای آنالیز چند صفتی معیار آکائیک برای یافتن مناسب‌ترین مدل آنالیز استفاده
شد. برآورد روند ژنتیکی مشاهده شده با استفاده از رگرسیون میانگین ارزش‌های ارثی به سال برای صفات وزن تولد، سه
ماهگی، شش ماهگی، نه ماهگی و دوازده ماهگی به ترتیب ۳/۴۵، ۱۳۵/۶۹، ۱۱۰/۷۳، ۹۷/۸۶ و ۱۱۲/۳۷ گرم در سال بدست
آمد. میانگین شدت انتخاب و فاصله نسل در چهار مسیر به ترتیب ۱/۹۱۳ و ۳/۱۵۷ برآورد شد. پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار
بر اساس شدت انتخاب اعمال شده و فاصله نسل به ترتیب برای صفات وزن تولد، سه ماهگی، شش ماهگی، نه ماهگی و
دوازده ماهگی به ترتیب ۲۷، ۵۲۶، ۹۹۸، ۱۶۶۷ و ۳۳۹۲ گرم در سال برآورد شد. روند ژنتیکی معنی‌دار مشاهده شده از مقدار
مورد انتظار بر اساس شدت انتخاب انجام شده و فاصله نسل، کمتر بود. روند ژنتیکی مشاهده شده کمتر می‌تواند ناشی از
دخاله عوامل و معیارهای غیر اصلاح نژادی برای انتخاب جهت دار روی صفات وزن بدن باشد.

واژه‌های کلیدی: پیشرفت ژنتیکی - وزن بدن - انتخاب - گوسفند Iran-Black

مقدمه

گوسفند Iran-Black نژاد سنتز شده از تلاقی گوسفند بلوچی و کیوسی یونان در ایران بوده که مقاوم به شرایط و آب
و هوای سخت می‌باشد. در برنامه‌های اصلاح نژادی وزن بدن در سنین مختلف، به دلیل ارزش اقتصادی بالا، به عنوان معیار
انتخاب به کار می‌رود (۲ و ۳). در جامعه‌ای که انتخاب صورت گرفته، لازم است میزان پیشرفت ژنتیکی در مدت اجرای
برنامه آمیزشی بررسی شود و به همین جهت روند ژنتیکی برای دوره‌ای که برنامه آمیزشی اجرا شده برآورد می‌گردد. برآورد
روند ژنتیکی امکانی را برای ارزیابی روش‌های انتخاب به وجود می‌آورد (۳ و ۴). برای بررسی عوامل اصلی موثر در رشد
ژنتیکی سالانه لازم است شدت انتخاب، فاصله نسل و دقت انتخاب در جمعیت مورد مطالعه برآورد شوند (۳). علی‌رغم
سابقه بیش از سه دهه از فعالیت ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند Iran-Black تاکنون هیچ نوع گزارشی از این نژاد در منابع
وجود ندارد. از طرف دیگر تحقیقات منتشر شده در زمینه برآورد شدت انتخاب انجام شده، فاصله نسل و دقت انتخاب در
حیوانات مزرعه و بویژه گوسفند در ایران نادر است. از این رو پژوهش حاضر به خاطر ضروری بودن محاسبه رشد ژنتیکی



سالانه در گوسفند نژاد Iran-Black و بررسی اثر فاصله نسل، شدت انتخاب انجام شده و دقت انتخاب در روی رشد ژنتیکی آن نژاد انجام شده است.

مواد و روش ها

در این پژوهش از ۱۷۹۶۹ رکورد (۴۹۶۲ رکورد وزن تولد، ۳۹۶۲ رکورد وزن سه ماهگی، ۳۳۸۹ رکورد وزن شش ماهگی، ۲۹۴۲ رکورد وزن نه ماهگی و ۲۷۱۴ رکورد وزن دوازده ماهگی) حاصل از ۱۰۴ راس قوچ و ۱۲۲۷ راس میش، که در طی سالهای ۱۳۶۳ تا ۱۳۸۸ در ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند بلوچی جمع آوری شده بود، برای برآورد روند ژنتیکی صفات وزن تولد، سه ماهگی، شش ماهگی، نه ماهگی و دوازده ماهگی استفاده شد. اثر عوامل ثابت (سال تولد، جنسیت، تیپ تولد و سن مادر) بر تغییرات صفات بررسی گردید. برای بررسی اثر عوامل ثابت و آزمون ضرائب رگرسیون به ترتیب از رویه GLM و مدل های تجزیه و تحلیل رگرسیونی نرم افزار SAS استفاده شد. اثرات ثابت معنی دار برای هر صفت در مدل باقی ماندند. هیچ یک از اثرات متقابل بین عوامل ثابت معنی دار نبودند از این رو در مدل نهایی آنالیز منظور نشدند. سن وزن کشی به عنوان متغیر کمکی وزن های سه ماهگی، شش ماهگی، نه ماهگی و دوازده ماهگی منظور شد. برای برآورد اجزاء واریانس و ارزش ارثی دامها از نرم افزار WOMBAT استفاده شد. برای هر صفت، بر اساس مدل حیوان تک صفتی در برگزیده اثرات ژنتیکی مستقیم، دوازده مدل زیر با وارد کردن و بدون وارد کردن اثرات ژنتیکی افزایشی مادری و اثرات محیط مشترک مادری، آزمون شدند:

$y = Xb + Z_1a + e$		مدل ۱
$y = Xb + Z_1a + Z_2l + e$		مدل ۲
$y = Xb + Z_1a + Z_3c + e$		مدل ۳
$y = Xb + Z_1a + Z_2l + Z_3c + e$		مدل ۴
$y = Xb + Z_1a + Z_4m + e$	$Cov(a,m) = 0$	مدل ۵
$y = Xb + Z_1a + Z_2l + Z_4m + e$	$Cov(a,m) = 0$	مدل ۶
$y = Xb + Z_1a + Z_4m + e$	$Cov(a,m) = A\sigma_{am}$	مدل ۷
$y = Xb + Z_1a + Z_2l + Z_4m + e$	$Cov(a,m) = A\sigma_{am}$	مدل ۸
$y = Xb + Z_1a + Z_3c + Z_4m + e$	$Cov(a,m) = 0$	مدل ۹
$y = Xb + Z_1a + Z_2l + Z_3c + Z_4m + e$	$Cov(a,m) = 0$	مدل ۱۰
$y = Xb + Z_1a + Z_3c + Z_4m + e$	$Cov(a,m) = A\sigma_{am}$	مدل ۱۱
$y = Xb + Z_1a + Z_2l + Z_3c + Z_4m + e$	$Cov(a,m) = A\sigma_{am}$	مدل ۱۲

در مدل های فوق y بردار مشاهدات، b بردار اثرات ثابت، a بردار اثرات ژنتیکی مستقیم، m بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، c اثرات محیط دائمی، l اثرات محیط موقت مادری و e بردار اثرات باقیمانده هستند. X ، Z_1 ، Z_2 ، Z_3 و Z_4 ماتریس های طرح هستند که به ترتیب عناصر بردارهای b ، a ، c ، m و l را به بردار مشاهدات y مربوط می کنند. A ماتریس روابط خویشاوندی و δ_{am} کواریانس بین اثرات ژنتیک افزایشی مستقیم حیوان و اثرات ژنتیک افزایشی مادری است. مدل مناسب با استفاده از آزمون نسبت لگاریتم درستنمایی و معیار آکائیک با آنالیز تک صفتی تعیین شد و برای برآورد اجزاء



واریانس و ارزش‌های ارثی هر صفت از آنالیز چند صفتی استفاده شد. روند ژنتیکی از رگرسیون میانگین ارزش‌های ارثی دام‌ها بر سال تولد برآورد شد (۲ و ۳). به منظور بررسی رابطه رشد ژنتیکی ایجاد شده با عواملی چون شدت انتخاب و فاصله نسل، با استفاده از اطلاعات شجره روابط بین والدین و فرزندان تا دو نسل پیاپی ردیابی و در نتیجه افراد متعلق به هر یک از مسیرهای پدر و مادر براساس روش ون ولک و همکاران (۱۹۸۷) مشخص گردید. برای هر یک از مسیرها با استفاده از میانگین سن افراد هر مسیر در هنگام تولد فرزندان، فاصله نسل برآورد شد. نسبت افراد انتخاب شده در هر مسیر و شدت انتخاب محاسبه و رشد ژنتیکی مورد انتظار هر یک از صفات مورد مطالعه بر اساس شدت انتخاب (i)، میانگین فاصله نسل در مسیرها (L)، جذر وراثت پذیری (h) و انحراف معیار ژنتیکی (σ_A) و با استفاده از فرمول زیر برآورد شدند (۴).

$$\Delta \hat{g} = \frac{i_{ss} + i_{sd} + i_{ds} + i_{dd}}{L_{ss} + L_{sd} + L_{ds} + L_{dd}} \times h \times \sigma_A$$

نتایج و بحث

جدول ۱ روند ژنتیکی صفات مختلف را نشان می‌دهد. نتایج این جدول نشان می‌دهد، انتخاب در این نژاد موثر بوده که تا حد زیادی با نتایج برخی از پژوهش‌ها مطابقت دارد (۱، ۲ و ۳). جدول ۲ شدت انتخاب و فاصله نسل مسیرهای مختلف توارث را نشان می‌دهد. بیشترین شدت انتخاب مربوط به مسیر پدر است. مقایسه میانگین‌های پدران و مادران برای صفات تحت انتخاب نشان می‌دهد، بیشترین میزان پیشرفت از انتخاب پدرها به وجود می‌آید چرا که نرها فرزندان زیادی نسبت به ماده‌ها تولید می‌کنند و شدت انتخاب در نرها بیشتر از ماده‌ها است (۵). پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار صفات مورد بررسی در جدول ۳ نشان داده شده است. نتایج این تحقیق نشان داد، انتخاب در نژاد Iran-Black توانسته است تغییرات اندک اما معنی‌دار ایجاد کند. مقایسه برآوردها نشان داد که روند ژنتیکی مشاهده شده از مقدار پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار کمتر است. این امر می‌تواند ناشی از دخالت عوامل مختلفی باشد که برآیند اثرات آن‌ها انحراف از مسیر انتخاب برای وزن بدن است. یعنی معیارهای دیگری غیر از وزن بدن در سنین مختلف در امر انتخاب دخالت دارند. احتمال دارد، در بعضی از سال‌ها قوچ‌های دارای ارزش ارثی پایین‌تر، نتایج بیشتری تولید نموده و مانع رسیدن گله به حد مورد انتظار پیشرفت ژنتیکی شدند. اما با توجه به وجود شدت انتخاب نسبتاً بالا و کنترل فاصله نسل با تمرکز بیشتر بر روی صفات وزن بدن می‌توان پیشرفت ژنتیکی را در این جمعیت افزایش داد.

جدول ۱. پیشرفت ژنتیکی مشاهده شده صفات وزن بدن بر اساس رگرسیون میانگین ارزش‌های ارثی به سال تولد

صفات	روند ژنتیکی مشاهده شده مستقیم	ضریب تبیین (%)	روند ژنتیکی مشاهده شده مادری	ضریب تبیین (%)
وزن تولد	$3/45 \pm 0/79$	۴۵/۴۰	$14/34 \pm 1/14$	۸۷/۳۰
وزن سه ماهگی	$135/69 \pm 20/75$	۶۵/۰۰	$77/15 \pm 13/19$	۵۹/۸۰
وزن شش ماهگی	$110/73 \pm 16/42$	۶۶/۴۰	$62/84 \pm 10/10$	۶۲/۷۰
وزن نه ماهگی	$97/86 \pm 16/62$	۶۰/۱۰		
وزن دوازده ماهگی	$112/37 \pm 15/40$	۶۹/۸۰		

* معنی داری با خطای مساوی یا کمتر از پنج درصد ** معنی داری با خطای مساوی یا کمتر از یک درصد

جدول ۲. شدت انتخاب اعمال شده و فواصل نسل برای صفات وزن بدن در انتخاب چهار مسیری

مسیرها	پدران پدران	پدران مادران	مادران پدران	مادران مادران	میانگین چهار مسیر



نسبت انتخاب	۰/۰۲۴۷	۰/۰۵۹۸	۰/۰۴۷۹	۰/۰۲۶۳۰	-
شدت انتخاب	۲/۳۴۲	۱/۹۸۷	۲/۰۸۱	۱/۲۴۱	۱/۹۱۳
فاصله نسل (سال)	۲/۶۷۸	۲/۷۵۳	۳/۴۵۷	۳/۷۴۱	۳/۱۵۷

جدول ۳. پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار صفات وزن بدن بر اساس عوامل موثر در انتخاب چهار مسیری

صفت	وزن تولد	وزن سه ماهگی	وزن شش ماهگی	وزن نه ماهگی	وزن دوازده ماهگی
σ_A	۰/۱۰	۲/۳۲	۴/۱۲	۵/۵۰	۹/۶۵
h^2	۰/۲۰±۰/۰۱	۰/۱۴±۰/۰۴	۰/۱۶±۰/۰۵	۰/۲۵±۰/۰۵	۰/۳۴±۰/۰۴
$\Delta\hat{g}$	۲۷	۵۲۶	۹۹۸	۱۶۶۷	۳۳۹۲

σ_A انحراف معیار ژنتیکی افزایشی، h^2 وراثت پذیری و $\Delta\hat{g}$ رشد ژنتیکی مورد انتظار صفات به گرم بر سال

منابع

1. Hanford, K. J., L. D. Van Vleck. and G. D. Snowder. 2006. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Polypay sheep. *Livestock Science*. 102: 72 - 82.
2. Jafaroghli, M., A. Rashidi, M. S. Mokhtari. and A. A. Shadparvar. 2010. (Co)Variance components and genetic parameter estimates for growth traits in Moghani sheep. *Small Ruminant Research*. 91: 170 - 177.
3. Shaat, I., S. Galal. and H. Mansour. 2004. Genetic trends for lamb weights in flocks of Egyptian Rahmani and Ossimi sheep. *Small Ruminant Research*. 51: 23 - 28
4. Solomon Gizaw, S. Lemma, H. Komen. and J. A. M. Van Arendonk. 2007. Estimates of genetic parameters and genetic trends for live weight and fleece traits in Menz sheep. *Small Ruminant Research*. 70: 145-153.
5. Van Vleck, L. D., E. J. Pollak. and E. A. B. Oltenacu. 1987. *Genetics for the animal science*. W. H. Freeman and Company, 391p.

Genetic growth potential of body weight in Iran-Black sheep in the four path of selection

M. Jafaroghli^{1*}, M. S. Mokhtari², A.A. Shadparvar³, A. Rashidi⁴ and B. Khalili⁵

¹ Department of Agriculture, Payame Noor University, Ardabil, Iran.

² Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid Bahonar University of Kerman, Jiroft, Iran.

³ Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Guilan, Rasht, Iran.

⁴ Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran.

⁵ Jihad Agriculture Organization, Ardabil, Iran

*Corresponding E-mail address: morteza_jafaroghli@yahoo.com

Abstract

Genetic progress in five lamb weight traits were studied using data collected from 1984 to 2010 at Abbasabad sheep breeding station, located in Khorasan Razavi province, north-eastern of Iran. Studied traits were birth weight (BW), weaning weight (WW), 6 months weight (6MW), 9 months weight (9MW) and yearling weight (YW) and number of data for each traits were 4962, 3962, 3389, 2942 and 2714, respectively. Variance components and genetic parameters were estimated with different models including direct effects, with and



without maternal additive genetic effects as well as maternal environmental effects using restricted maximum likelihood (REML) method. The most appropriate model for each trait was determined based on likelihood ratio tests and Akaike's Information Criterion (AIC). Realized genetic progresses were estimated by regressing estimated breeding values on year of birth. The realized annual genetic progress were estimated by regressing estimates of breeding values on year of birth using five-trait analysis, and results for BW, WW, W6, W9 and YW were, 2.11, 21.91, 31.97, 36.03 and 42.54 g per year, respectively and significantly different from zero ($P < 0.001$). Expected genetic progress was estimated using selection intensity, generation interval, square root of heritability's and additive genetic variance and were 27, 526, 998, 1667 and 3392 g per year for these traits, respectively. The results showed that there is a significant genetic trend for each of the investigated traits, though it was less than the expected amount performed. The less realized genetic progress can be resulted from the interference of factors and parameters other than bringing for the oriented selection on the traits of body weight.

Keywords: Genetic trends- Lamb weights- Selection- Iran Black sheep



بررسی تاثیر نرخ مهاجرت میشهای جوان جایگزین هسته از پایه بر پیشرفت ژنتیکی و برخی پارامترهای اساسی با استفاده از شبیه سازی طرح هسته باز اصلاح نژادی

حشمت الله عسکری همت^{۱*} و عبدالاحد شادپور^۲

۱. دانشجوی دوره دکتری اصلاح نژاد دام، دانشگاه گیلان و عضو هیات علمی گروه علوم دامی، دانشگاه شهید باهنر کرمان

۲. عضو هیات علمی گروه علوم دامی، دانشگاه گیلان

* کیلومتر ۵ جاده رشت-تهران، دانشگاه گیلان، دانشکده کشاورزی haskarih@yahoo.com

چکیده

در شبیه سازی طرح دولایه هسته باز اصلاح نژادی به روش قطعی با مهاجرت میش از پایه به هسته بدون مهاجرت میشهای جوان مازاد هسته به پایه در نرخ مهاجرت ۰,۳۵، برتری ژنتیکی نسبت به طرح هسته بسته به حداکثر میزان یعنی به ۱۰/۳۵ درصد رسید. با افزایش نرخ مهاجرت به هسته، شدت انتخاب در هسته افزایش و در پایه کاهش زیادی یافت، اما با اندازه ثابت هسته، تغییرات شدت انتخاب پایه و تاخیر ژنتیکی کم بود. در نتیجه، حساسیت پیشرفت ژنتیکی نسبت به تغییر نرخ بهینه مهاجرت میش به هسته (۰/۳۵) برای اندازه بهینه هسته نیز کم بود. با نرخ های مهاجرت $0/35 \pm 29\%$ ، اندازه هسته ثابت ماند، کاهش معنی دار در پیشرفت ژنتیکی ایجاد نشد و برآورد تاخیر ژنتیکی طرح هسته باز انحراف بسیار اندکی از میزان بهینه داشت.

واژگان کلیدی: شبیه سازی در گوسفند - هسته باز اصلاح نژادی - شدت انتخاب - نرخ مهاجرت میش

مقدمه

یکی از بهترین طرح های اصلاح نژادی گروهی برای کاهش هزینه های رکورد برداری از طریق منحصر کردن اندازه گیرها به گله های عضو، مدیریت بهتر اصلاح نژاد با تمرکز دقیقتر بر روی اندازه گیرها در هسته، طرح هسته باز میباشد. در این نوع طرحها، مناسبات اجتماعی مرتبط با اصلاح نژاد به اندازه ژنتیک اهمیت دارد و در شرایط اجرایی مساعد این گونه طرحها بسیار سودمندند (۵). در گله های عضو نیز رکورد برداری و شجره لازم است ولی معمولاً در هسته از شدت بیشتری برخوردار است (۲). گله های عضو به همان میزان از بهبود که در هسته ایجاد می شود برخوردار میشوند اما با تاخیر (۶) که بستگی به خصوصیات نژادی، ساختار سنی گله ها، اندازه جمعیت تحت پوشش هسته و نرخ های مهاجرت بین لایه ها دارد. هدف از این تحقیق، بررسی تاثیر مهاجرت میشهای جایگزین هسته از گله های پایه بر رشد ژنتیکی و برخی دیگر از پارامترها از طریق شبیه سازی به روش قطعی میباشد.

مواد و روشها

در تحقیق حاضر، شبیه سازی طرح های هسته باز و هسته بسته با نسل های همپوشان، ترکیب سنی و فاصله نسل یکسان در هسته و پایه به روش قطعی و به شرح زیر صورت گرفت. تعداد ۶ گروه سنی برای میش ها و ۳ گروه سنی برای نرها در هسته و پایه در نظر گرفته شد. انتخاب جایگزینها به تناسب جمعیت هر گروه، از فرزندان تمام گروه های سنی به عمل آمد. درصدی از میش های جوان مورد نیاز جهت جایگزینی در هسته به شرحی که خواهد آمد از پایه، و تمام قوچ های جوان مورد نیاز جهت جایگزینی در پایه، از هسته تأمین گردید و از پایه هیچ قوچی به هسته وارد نشد. برای بررسی اثر باز نمودن هسته جهت ورود میشهای جوان از پایه، مستقل از اثر مهاجرت میشهای جوان مازاد هسته به پایه، هیچیک از میشهای جوان هسته



به پایه منتقل نگردید. صفت مورد نظر در این تحقیق عبارت بود از وزن بیده پشم سالیانه در گوسفند. مقادیر یازده گانه مربوط به پاسخ ژنتیکی در سال، تاخیر ژنتیکی در واحد نسل، تاخیر ژنتیکی در واحد سال، میانگین شدت انتخاب در هسته، میانگین شدت انتخاب در پایه، برتری طرح هسته باز نسبت به طرح هسته بسته، انواع شدت انتخاب مربوط به مسیرهای پنجگانه: نرهای انتخابی هسته برای هسته، نرهای انتقالی به پایه متولد هسته، ماده‌های انتخابی هسته برای هسته، ماده‌های انتقالی به هسته متولد پایه و ماده‌های انتخابی پایه برای پایه برای ۸۰ ترکیب حاصل از یک دامنه ۸ نرخی از درصد انتقال میشهای جایگزین جوان هسته از پایه به هسته، با یک دامنه ۱۰ نرخی از اندازه‌های متفاوت هسته محاسبه گردید. بدین ترتیب ۸۸۰ داده حاصل گردید که بالاترین نرخ‌های پیشرفت ژنتیکی برای مجموعه‌های هشتادگانه (حاصل از ترکیب هر یک از مقادیر زیردامنه نرخ مهاجرت میشهای جوان از پایه به هسته با تمامی اندازه‌های هسته) مورد بازمینی واقع گردید. در نهایت، تعداد ۸ مجموعه حاوی پارامترهای یازده گانه فوق - هر مجموعه با بهترین نرخ مهاجرت در درون خود (و با اندازه هسته مشخص) و در نتیجه با بیشترین پیشرفت ژنتیکی سالیانه - انتخاب و مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. ضمناً، ۸ مجموعه برتر تنها مربوط به ۴ اندازه هسته بود. نرخ پیشرفت ژنتیکی سالیانه حاصل از انتخاب در حالت ثبات سیستم (G/yr) بر اساس جیمز (۱۹۷۷) با استفاده از معادله (۱) محاسبه گردید:

$$G/yr = (C_N + x C_B) / (I_N + x I_B) \quad (1)$$

در اینجا، C_N ، C_B ، I_N و I_B به ترتیب نرخ مهاجرت میشهای جایگزین هسته متولد پایه، میانگین اختلاف انتخاب قوچها و میشها در هسته، میانگین اختلاف انتخاب میشها در پایه، فاصله نسل هسته و فاصله نسل پایه میباشد. میانگین اختلاف انتخاب هر لایه (C) به صورت میانگین اختلاف انتخاب آن دسته از منتخبین مورد استفاده در آن لایه، اعم از منتخبین در خود لایه و آنهایی که در دیگر لایه گزینش و به لایه مورد نظر انتقال داده شدند، در نظر گرفته شد. این امر با در نظر گرفتن لایه مبدا منتخبین مورد استفاده در آن لایه، نرخ مشارکت هر گروه منتخب در جایگزینی در آن لایه، شدت انتخاب و صحت انتخاب در مسیر آمیزشی مربوطه محاسبه گردید. در مرحله بعد، میانگین اختلاف انتخابی دو لایه جهت محاسبه نرخ پیشرفت ژنتیکی سالیانه حالت ثبات برای کل سیستم، در معادله (۱) منظور گردید. در ضمن، جهت مقایسه نتایج طرح هسته-باز، یک طرح با هسته بسته ایجاد و محاسبه پیشرفت ژنتیکی در واحد سال بدین گونه انجام شد:

$$G/yr = (i_m + i_f) r_{g\wedge g} \sigma_g / (L_m + L_f) \quad (2)$$

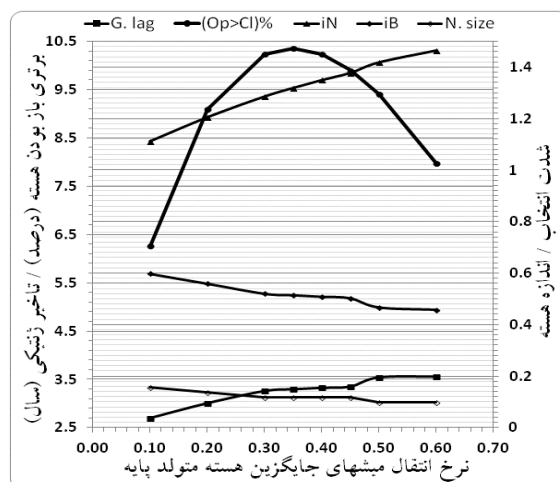
در معادله (۲)، G/yr نرخ پیشرفت ژنتیکی سالیانه، i_m و i_f شدت انتخاب در نرها و ماده‌ها، $r_{g\wedge g}$ صحت انتخاب، σ_g انحراف معیار ژنتیکی و L_m و L_f میانگین سن قوچ‌ها و میش‌ها در زمان تولد فرزندان جایگزین شونده آنها می باشد. ابتدا تعدادی از قوچهای متولد هسته جهت استفاده در خود هسته منظور و شدت انتخاب مربوطه محاسبه گردید. شدت انتخاب گروه باقی مانده به روش موثر و جیمز (۱۹۸۳) محاسبه شد. اما در پایه، ابتدا جایگزین‌های مورد نیاز هسته انتخاب، شدت انتخاب مربوطه محاسبه و سپس شدت انتخاب تعداد باقی مانده برای استفاده در خود پایه به بدست آمد.

نتایج و بحث

پس از تعیین بهترین اندازه هسته (۰/۱۱۷)، با فرض تامین ۱۰ درصد از میشهای جوان مورد نیاز جهت جایگزینی از پایه، ۶/۱۷٪ پیشرفت ژنتیکی سالیانه بیشتر در مقایسه با هسته بسته حاصل شد. افزایش نرخ مهاجرت میشهای جوان به سطح ۳۰ درصد از جایگزینهای هسته، ۴/۰۶ درصد به برتری نسبی پیشرفت ژنتیکی سالیانه افزود و آنرا به ۱۰/۲۳ درصد رساند. سپس، با نرخ مهاجرت بهینه ۳۵ درصد و تنها با ۰/۱۲٪ افزایش، این برتری نسبی به اوج خود (۱۰/۳۵٪) رسید. علت وجود چنین روندی را بایستی در اثرات متقابل پارامترهای موثر در پیشرفت ژنتیکی هسته و نیز موثر در بهره‌مندی پایه از پیشرفت حاصله



در هسته جستجو کرد. در محدوده ۳۰ الی ۴۵ درصدی تغییر نرخ مهاجرت میش به هسته، روندهای سریعا افزایشی شدت انتخاب هسته و تاخیر ژنتیکی، به ترتیب کاهش بسیار جزئی و کاهش زیادی داشتند. همزمان با این دو مورد، شدت انتخاب پایه که دارای روند کاهشی قابل توجهی بود، در سرتاسر محدوده نرخهای مهاجرت ۰/۳۰-۰/۴۵ فوق، مجموعا تغییرات اندکی به میزان ۰/۱۸ داشت. با انتقال بهینه میش های جوان مازاد هسته به پایه به دلیل بهبود سریعتر ارزش اصلاحی پایه و سپس برخورداری کل سیستم از آن، انتظار می رود به میزان قابل توجهی بیش از ۱۰/۳۵٪ به



شکل ۱. رابطه بین نسبت میشهای جوان مورد نیاز جهت جایگزینی در هسته انتقالی از پایه، با شدت انتخاب هسته: iN ، شدت انتخاب پایه: iB ، اندازه هسته: $N. size$ ، تاخیر ژنتیکی: $G. lag$ و برتری پیشرفت ژنتیکی طرح هسته باز نسبت به طرح هسته بسته: $(Op>Cl)\%$.

برتری طرح هسته باز اضافه گردد. ادامه افزایش نرخ انتقال میش به هسته به ۰/۵۰، به افزایش زیاد شدت انتخاب هسته، افزایش شدید تاخیر ژنتیکی و کاهش زیاد شدت انتخاب پایه منجر گشت. دو مورد اخیر در نرخ ۰/۶۰ مهاجرت میشهای جایگزین هسته از پایه تغییرات جزئی داشتند. این در حالی بود که میزان شدت انتخاب هسته با کاهش نسبی بسیار کمی همچنان به روند افزایشی قابل توجه خود ادامه داد. پیشرفتهای ژنتیکی حداکثر برای نرخهای مهاجرت میشهای جایگزین هسته متولد پایه در محدوده ۳۰ الی ۴۵ درصدی، با هستههایی دارای اندازه یکسان حاصل شدند. اما، برای نرخهای ۰/۵۰ و ۰/۶۰، جهت حصول حداکثر پیشرفت ژنتیکی به هسته ای با اندازه ۰/۰۲ کوچکتر نیاز بود. اندازه کوچکتر هسته باعث کاهش شدت انتخاب نرهای پایه متولد هسته شد چون تعداد قوچهای در دسترس مازاد در هسته جهت انتخاب و انتقال به پایه کاهش یافت. از سوی دیگر، شدت انتخاب مادههای هسته و پایه متولد پایه به علت نیاز هسته کوچکتر به تعداد کمتری از میشهای جایگزین افزایش یافت. با توجه به تامین تمام قوچهای پایه از هسته و تاثیر گذاری بیشتر قوچها در ارتباط با iB ، برآیند این تغییرات منجر به کاهش شدت انتخاب پایه به میزان قابل توجهی برای نرخهای مهاجرت ۰/۵۰ و ۰/۶۰ گردید. افزایش شدت انتخاب مادههای جایگزین هسته متولد هسته با زیادتر شدن نرخ مهاجرت میش از پایه به هسته همراه بود و به علت کاهش نسبت انتخاب میشهای هسته منجر به افزایش شدت انتخاب برای نرخهای مهاجرت مختلف با اندازه هسته مساوی گردید.

تاخیر ژنتیکی کمتر برای پایه و پیشرفت ژنتیکی بالاتر در هسته مطلوب است اما با توجه به همبسته بودن با پارامترهای مختلف مستقل نیست و در هر طرح ضرورتا نمیتواند از حد مشخصی کمتر باشد. گرچه با افزایش نرخ مهاجرت میش به



هسته شدت انتخاب در هسته افزایش و در پایه کاهش زیادی یافت اما، حساسیت پیشرفت ژنتیکی نسبت به تغییر نرخ بهینه مهاجرت میش به هسته (۰/۳۵) برای بهترین اندازه هسته کم بود. ضمناً، با توجه به خصوصیات طرح حاضر بهترین نرخ تاخیر ژنتیکی در شبیه‌سازی ۳/۳ سال بود که میتواند برای محدوده‌ای از نرخهای مهاجرت با بهترین اندازه هسته، تغییرات جزئی داشته باشد بدون اینکه اثر نامطلوبی بر روی پیشرفت ژنتیکی بگذارد. نتایج بررسی نشان داد تا مرز ۲۹ درصد انحراف از بهترین نرخ مهاجرت میشهای جوان جایگزین هسته از پایه به هسته (۰/۳۵±۲۹٪)، تاخیر ژنتیکی سیستم هسته‌باز را میتوان با انحرافی بسیار اندک از میزان بهینه کنترل نمود بدون اینکه کاهش معنی‌داری در پیشرفت ژنتیکی هسته و یا تغییری در اندازه بهینه هسته ایجاد شود. در این صورت، پیشرفت ژنتیکی پایه و کل سیستم نیز تغییر معنی‌داری نخواهند داشت.

منابع

1. James, J. W., 1977. Open nucleus breeding systems. *Anim. Prod.*, 24: 287-305
2. Kinghorn, B. P., 1999. Nucleus breeding schemes. In: *Animal breeding, Use of new technologies. The post graduate foundation in veterinary science*, Univ. of Sydney, Australia.
3. Mueller, J.P. and J. W. James, 1983. Effect of reduced variance due to selection in open nucleus breeding systems. *Aust. J. Agric. Res.* 34: 53-62
4. Mueller, J.P. and J. W. James, 1984. Developments in open nucleus breeding systems. *Proceedings of 2nd congress on sheep and beef breeding*, Proteria, RSA. Pp: 204-213
5. Nicholas, F. W., 1987. *Vet. Genets.* Oxf. Univ. Press, Walton Street, Oxford OX2 6DP. Pp 580.
6. Van der Werf J., 2010. *Livest. straight-breeding structures for the sustainable intensification of extensive grazing systems.* DLO-Institute of Anim. Sci. and Health. Lelystad, The Netherlands.

Simulation study of effect on genetic gain and some basic parameters of base-to-nucleus replacement young ewe migration rate in an open nucleus breeding scheme

H. Askari-Hemmat^{1,2*} and A.A. Shadparvar²

1. Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid-Bahonar University of Kerman, Iran.

2. Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Guilan, Iran.

*haskarih@yahoo.com

Abstract

Deterministic Simulation of a two tier open nucleus breeding scheme without migration of young surplus nucleus ewes to base, at the ewe migration rate of 0.35 resulted in maximum genetic superiority over closed nucleus scheme i.e. 10.35%. The nucleus selection intensity increased and that of the base decreased highly as ewe migration to nucleus rate increased. But, for a constant nucleus size, variation in base selection intensity and genetic lag was low. As a result, the sensitivity of genetic gain to base-to-nucleus ewe migration rate deviation from optimality (0.35) was also low. With migration rates of 0.35±29%, the nucleus size remained constant, no significant losses occurred in the genetic gain and the estimated genetic lag of the open nucleus scheme had very little deviation from optimality.

Keywords: sheep simulation - open nucleus - selection intensity - ewe migration rate



بررسی تاثیر اندازه هسته بر پیشرفت ژنتیکی و تاخیر
ژنتیکی با استفاده از شبیه سازی طرح اصلاح نژادی هسته باز

حشمت الله عسکری همت^{۱*} و عبدالاحد شادپرور^۲

۱. دانشجوی دوره دکتری اصلاح نژاد دام، دانشگاه گیلان و عضو هیات علمی گروه علوم دامی، دانشگاه شهید باهنر کرمان

۲. عضو هیات علمی گروه علوم دامی، دانشگاه گیلان

* کیلومتر ۵ جاده رشت-تهران، دانشگاه گیلان، دانشکده کشاورزی haskarih@yahoo.com

چکیده

در شبیه سازی یک طرح دولایه هسته باز اصلاح نژادی در گوسفند، با افزایش اندازه هسته تا میزان ۰/۱۱۷، پیشرفت ژنتیکی افزایش و سپس کاهش یافت. حساسیت پیشرفت ژنتیکی سالیانه نسبت به کاهش اندازه هسته در نزدیکی های اندازه بهینه بسیار اندک بود. لذا، در شرایط مشابه با تحقیق حاضر، می توان بدون ایجاد کاهش معنی دار در پیشرفت ژنتیکی، اندازه هسته را ۳۴٪ کوچکتر نمود. زمانی که اندازه هسته به دفعات افزایش یافت، با نرخ انتقال بهینه میش در هر دور افزایش، تاخیر ژنتیکی روندی کاهشی داشت.

واژگان کلیدی: شبیه سازی در گوسفند - اندازه هسته* باز - تاخیر ژنتیکی - پیشرفت ژنتیکی

مقدمه

طرح های اصلاح نژادی مبتنی بر هسته معمولاً دارای دو لایه به نام هسته و پایه (گله های مردمی) میباشند. در طرح هسته باز جریان ژنی دوطرفه است و از حیوانات ممتاز پایه به عنوان بخشی از جایگزینهای هسته استفاده میشود. در این گونه طرحها، آمیزش جور شده بین لایه ای همراه با آمیزش تصادفی درون لایه ای منجر به افزایش واریانس ژنتیکی و پیشرفت ژنتیکی بیشتری میشود. در آغاز اجرای طرح از بهترین حیوانات جهت ایجاد یک هسته ممتاز استفاده می شود. لذا، در ابتدا اختلاف انتخاب در هسته میتواند زیاد باشد و تا اندازه ای باعث افزایش تاخیر ژنتیکی (کمتر بودن ارزش اصلاحی پایه از ارزش اصلاحی هسته) گردد. با توزیع ژنوم دام های ممتاز هسته در پایه، این تاخیر ژنتیکی سریعاً جبران می گردد (۴ و ۵). در گوسفند و گاو گوشتی پاسخ به انتخاب در یک طرح دولایه هسته باز نسبت به طرح هسته بسته زمانی که شدت انتخاب در ماده ها پایین باشد ۱۵-۱۰ درصد بیشتر است (۳). این نرخ برای صفاتی که فقط در ماده ها قابل اندازه گیری هستند ۲۵-۱۵ درصد نسبت به طرح هسته بسته بیشتر می باشد (۲). در طرح هسته باز ممکن است دام های هسته در گله های مختلف حضور داشته باشند که طرح هسته باز با هسته غیر متمرکز نامیده می شود (۴). هدف از تحقیق حاضر بررسی چگونگی اثرگذاری اندازه هسته بر روی پیشرفت ژنتیکی طرح هسته باز و برخی دیگر از پارامترهای مرتبط می باشد.

مواد و روشها

شبیه سازی طرح هسته باز به روش قطعی با ۶ گروه سنی برای میش ها و ۳ گروه سنی برای قوچ ها و با نسل های هم پوشان، ترکیب سنی و فاصله نسل مساوی در هسته و پایه انجام شد. انتخاب جایگزینها به تناسب جمعیت هر گروه، از بین فرزندان تمام گروه های سنی به عمل آمد. هدف انتخاب، افزایش وزن بیده پشم سالیانه در گوسفند بود. فرض گردید که، تمامی قوچ های مورد نیاز طرح برای جایگزینی در هسته تولید و در صدی از میش های جوان جایگزین در هسته، از پایه تامین می شوند. با تعداد ۱۰ اندازه متفاوت هسته و ۶ نرخ انتقال میش های جایگزین هسته متولد پایه، ۶۰ ترکیب حاصل و سپس



مجموعه‌ای از ۱۰ پارامتر زیر برای هر ترکیب محاسبه گردید که در مجموع منجر به تولید ۶۰ مجموعه پارامتر با ۶۰۰ داده مورد نیاز جهت تجزیه و تحلیل گردید. اندازه‌های هسته، ابتدا در ۷ مورد به فواصل ۰/۰۲ و در ادامه در ۳ مورد به فواصل ۰/۰۶ بود. کوچکترین اندازه هسته (۰/۰۳۷) حداقل اندازه سازگار با ساختار سنی گله‌ها بود.

پارامترهای مذکور عبارت بودند از پیشرفت ژنتیکی در واحد سال، میانگین اختلاف انتخاب در هسته و در پایه، تأخیر ژنتیکی در واحد انحراف معیار ژنتیکی، تأخیر ژنتیکی در واحد سال، انواع اختلاف انتخاب مربوط به مسیرهای پنجگانه آمیزشی: نرهای انتخابی هسته برای جایگزینی در هسته، نرهای انتقالی به پایه متولد هسته، ماده‌های انتخابی هسته برای جایگزینی در هسته، ماده‌های انتقالی به هسته متولد پایه و ماده‌های انتخابی پایه برای جایگزینی در پایه. داده‌های حاصله به منظور مشخص نمودن بالاترین نرخ‌های پیشرفت ژنتیکی برای اندازه‌های مختلف هسته مورد بررسی قرار گرفتند. از بین مجموعه پارامترهای ۶۰گانه نامبرده در بالا، تعداد ۱۰ مجموعه که بالاترین نرخ پیشرفت ژنتیکی سالیانه را دارا بودند جهت بررسی بیشتر انتخاب گردیدند. با توجه به مؤثر و جیمز (۱۹۸۴)، میانگین برتری ژنتیکی آن دسته از منتخبین مورد استفاده در هر لایه شامل منتخبین در خود لایه و آنهایی که در دیگر لایه گزینش و جهت انتقال به آن لایه منظور شدند به عنوان پیش-بینی پیشرفت ژنتیکی سالیانه حاصل از انتخاب در حالت تعادل سیستم منظور شد:

$$G/yr = [g C_N + (1-g) C_B] / [g l_N + (1-g) l_B] \quad (۱)$$

در اینجا G/yr , C_N , C_B , g , l_N و l_B به ترتیب نرخ پیشرفت ژنتیکی در سال، میانگین اختلاف انتخاب قوچ‌ها و میش-ها در هسته، میانگین اختلاف انتخاب میش‌ها در پایه، سهم هسته از کل تبادلات بین لایه‌ای قوچ و میش، فاصله نسل هسته و پایه میباشد. میانگین اختلاف انتخاب آن دسته از منتخبین مورد استفاده در لایه مورد نظر اعم از منتخبین در خود لایه و آنهایی که در دیگر لایه گزینش و به آن انتقال داده شدند، به عنوان میانگین اختلاف انتخاب آن لایه (C) منظور گردید. لایه مبداء منتخبین مورد استفاده در لایه مورد نظر، نرخ مشارکت هر گروه منتخب در جایگزینی در آن لایه، صحت و شدت انتخاب در مسیر آمیزشی مربوطه در محاسبه دخالت داده شد. سپس، محاسبه نرخ پیشرفت ژنتیکی سالیانه حالت ثبات برای کل سیستم با استفاده از میانگین "اختلاف انتخاب"های هر لایه در معادله (۱) صورت گرفت. تعدادی از قوچ‌های جوان جایگزین هسته - متولد هسته، جهت استفاده در هسته، منظور و محاسبه شدت انتخاب مربوط به گروه انتخابی برای پایه به روش مؤثر و جیمز (۱۹۸۳) انجام شد. اما در پایه، ابتدا میش‌های جایگزین هسته انتخاب شدند.

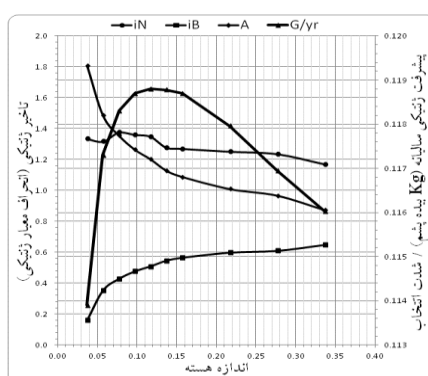
نتایج و بحث

برای هر اندازه بخصوص از هسته، با افزایش نرخ انتقال ماده‌های جایگزین هسته - متولد پایه به هسته، پیشرفت ژنتیکی افزایش یافت اما پس از رسیدن به نقطه اوج (میزان بهینه نرخ انتقال) روند کاهشی شروع شد. بهترین اندازه هسته با بهترین نرخ انتقال ماده‌های جایگزین هسته متولد پایه، برای اندازه‌های هسته ۰/۰۳۷ و ۰/۰۵۷ در حد ۰/۳۰ ثابت ماند، سپس برای ۳ اندازه بعدی هسته به ۰/۴۰ افزایش و متعاقب آن به ۰/۳۰ کاهش یافت. دلیل افزایش شدید شدت انتخاب در هسته‌ای با اندازه ۰/۰۷۷ و باقی ماندن آن در سطح بالا برای ۲ اندازه هسته بزرگتر از آن، وجود اثر متقابل بین اندازه هسته و نرخ انتقال ماده-های جایگزین هسته متولد پایه به هسته میباشد که ضرورتاً به منظور حداکثر شدن پیشرفت ژنتیکی سیستم، برای اندازه هسته یاد شده در بالا نرخ انتقال بالاتری را ایجاد نمود. با افزایش اندازه هسته هیچگونه تغییری در شدت انتخاب نرهای متولد هسته جهت جایگزینی در هسته و ماده‌های متولد هسته جهت جایگزینی در هسته حاصل نشد که علت آن عدم ورود قوچ-های جوان جهت جایگزینی از پایه میباشد که خود هسته با هر اندازه (به شرط ثابت بودن ساختار سنی آن) قادر به انتخاب جایگزینها با نسبتی ثابت میباشد. اما، به علت اینکه با افزایش اندازه نسبی جمعیت هسته، فشار انتخاب برای قوچ‌های



جایگزین شونده در پایه متولد هسته (از بین قوچ‌های جوان مازاد هسته) افزایش یافت، شدت انتخاب در مسیر مربوطه افزایش یافت و پیشرفت ژنتیکی بیشتری در پایه حاصل شد. با توجه به اینکه در هسته ابتدا انتخاب ماده‌های متولد هسته جهت جایگزینی در خود هسته صورت گرفت، به دلیل یاد شده در فوق تغییری در شدت انتخاب ماده‌های متولد هسته جهت جایگزینی در هسته ایجاد نگردید.

به دلیل اینکه بخشی از میش‌های هسته از پایه تامین شد، افزایش اندازه هسته منجر به انتخاب تعداد بیشتری از میش‌های جوان در دسترس جهت جایگزینی در پایه و در نتیجه کاهش شدت انتخاب در مسیر آمیزشی مربوطه شد. بر خلاف بررسی انجام شده توسط عبدالسلام و همکاران (۲۰۱۰) که در آن با افزایش اندازه هسته، بیشتر شدن پیشرفت ژنتیکی گزارش گردیده، در این تحقیق افزایش اندازه هسته فقط تا میزان مشخصی (۰/۱۱۷) افزایش پیشرفت ژنتیکی را در بر داشت که پس از آن، روند یاد شده (در شکل ۱) کاهشی بود.



شکل ۱. تاثیر اندازه هسته بر روی پیشرفت ژنتیکی و تاخیر ژنتیکی با ملاحظه تغییرات شدت انتخاب در هسته و پایه. G/yr : پیشرفت ژنتیکی سالیانه طرح، A : تاخیر ژنتیکی، iB : شدت انتخاب پایه و iN : شدت انتخاب هسته.

با توجه به اینکه افزایش اندازه هسته از اندازه بهینه با افزایش هزینه‌های طرح همراه است، فقط کاهش اندازه آن می‌تواند در شرایطی مورد نظر باشد. اینکه چه میزان کاهش از اندازه بهینه هسته (۰/۱۱۷) کاهش قابل توجهی در پیشرفت ژنتیکی ایجاد نخواهد کرد در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفت. همانگونه که در شکل ۱ ملاحظه می‌گردد، حداکثر کاهش در پیشرفت ژنتیکی سالیانه حاصل از اندازه هسته ۰/۰۹۷، تنها ۰/۰۰۰۱ کیلوگرم، معادل ۰/۰۸٪ بود. کاهش یاد شده برای اندازه‌های هسته ۰/۰۳۷، ۰/۰۵۷ و ۰/۰۷۷ به ترتیب برابر با ۰/۰۴۲٪، ۱/۲۶٪ و ۴/۱۲٪ بود. لذا، به طور کلی، حساسیت پیشرفت ژنتیکی سالیانه نسبت به کاهش اندازه هسته در نزدیکی اندازه بهینه بسیار اندک بود و روندی غیر خطی داشت. بنابراین، می‌توان براحتی و بدون کاهش معنی‌دار در پیشرفت ژنتیکی سالیانه، اندازه آنرا ۳۴٪ کوچکتر نموده، به ۰/۰۷۷ تقلیل داد. حد-اکثر شدن پیشرفت ژنتیکی هسته با حداقل تاخیر ژنتیکی ممکن در پایه، هدف اصلاح کننده دام است. این دو پارامتر هردو وابسته به عواملی من جمله اندازه هسته می‌باشند که مورد اخیر خود با پارامترهای مختلفی مرتبط است و الزاما حد بهینه‌ای دارد. همچنین، برای هر اندازه بخصوص و ثابت از هسته مرتبط با مجموعه‌ای از نرخهای انتقال، با افزایش نرخ انتقال، تاخیر ژنتیکی در واحد انحراف معیار ژنتیکی روندی افزایشی و سپس در میزان مشخصی از نرخ انتقال روندی کاهشی داشت - به جز برای اندازه هسته ۰/۳۳۷ که پیوسته افزایشی بود. اما، تاخیر ژنتیکی در واحد سال به طور پیوسته از روندی افزایشی و غیر خطی برخوردار بود. نکته قابل توجه اینکه زمانی که روند بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی برای مجموعه‌ای از اندازه‌های بهینه هسته (هر اندازه هسته بهینه مربوط به یک محدوده از نرخهای انتقال میش) در نظر گرفته شد، با افزایش اندازه هسته بهینه، تاخیر ژنتیکی در واحد انحراف معیار ژنتیکی و در واحد سال، هر دو روندی کاهشی داشتند. به دلیل وجود اثر متقابل



بین انواع شدت انتخاب، تاخیر ژنتیکی و پیشرفت ژنتیکی هسته، برآیند این اثرات که شامل اثر حاصل از تغییرات شدت‌های انتخاب مشروطه در فوق نیز می‌باشد، به صورت $1/2$ انحراف معیار ژنتیکی و پیشرفت ژنتیکی حداکثر، برای اندازهٔ هستهٔ $0/117$ ، ظاهر گردید. تاخیر ژنتیکی به ساختار سنی پایه، لایه‌ای که جایگزینها از آن برای پایه انتخاب میشوند و نیز به ارزش اصلاحی آنها بستگی دارد. لذا، یکی از راههای کاستن از تاخیر ژنتیکی، کم کردن سن نگهداری قوچ‌ها و میش‌ها در پایه می‌باشد (۸) که این هدف با بهینه سازی کل سیستم هسته‌باز جهت حصول حداکثر پیشرفت ژنتیکی محقق میگردد.

منابع

1. Abdel-Salam, S.A., A. I. Sayed, Manal Elsayed, S. Abou-Bakr, 2010. Genetic gain in open nucleus breeding scheme to improve milk prod. in Egyptian buffalo. *Livest. Sci.*, 131:162-167.
2. Del Bosque-Gonzales, A. S., 1989. Simulation of nucleus breeding schemes for wool production. Ph.D. thesis, Univ. New England, Australia.
3. James, J. W., 1977. Open nucleus breeding systems. *Anim. Prod.*, 24: 287-305
4. Kinghorn, B. P., 1999. Nucleus breeding schemes. In: *Animal breeding, Use of new technologies. The post graduate foundation in veterinary sci.*, Univ. of Sydney, Australia.
5. Kosgey I. S., 2004. Breeding objectives and breeding strategies for small ruminants in the tropics. *Animal breeding and genetics group. Ph.D. thesis*, Wageningen University.
6. Mueller, J.P. and J. W. James, 1983. Effect of reduced variance due to selection in open nucleus breeding systems. *Aust. J. Agric. Res.* 34: 53-62
7. Mueller, J.P. and J. W. James, 1984. Developments in open nucleus breeding systems. *Proc. of 2nd congress on sheep and beef breeding, Proteria, RSA.* Pp: 204-213
8. Nicholas, F. W., 1987. *Veterinary Genetics*, Oxf. Univ. Press, Walton St., Oxf. OX2 6DP.

Simulation study of effect on genetic gain and genetic lag of nucleus size in an open nucleus breeding scheme

H. Askari-Hemmat^{1,2*} and A.A. Shadparvar²

1. Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Shahid-Bahonar University of Kerman, Iran.

2. Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Guilan, Iran

* haskarih@yahoo.com

Abstract

In a 2-layer sheep open nucleus scheme simulation, increasing the nucleus size by 0.117 resulted in increases in genetic gain beyond which a downturn occurred in the gain. Sensitivity of the genetic gain per year with respect to decrease in the size of nucleus in the vicinity of its optimum value was very low. So, in situations similar to that of the present research, it is possible to make the nucleus size smaller by 34%, making no significant decrease in the genetic gain. Genetic lag had a downward trend as nucleus size increased for a number of times with optimal ewe transfer rate in every round of increase.

Keywords: sheep simulation - open nucleus size – genetic lag – genetic gain

مقایسه روش های مختلف مکان یابی ژن ها (QTL) با استفاده از داده های شبیه سازی شده

غلامرضا داشاب

استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل

* نویسنده مسئول: غلامرضا داشاب، زابل - دانشگاه زابل - دانشکده کشاورزی - گروه علوم دامی

dashab5@yahoo.co.in

چکیده

علی رغم موفقیت های زیاد در مطالعات ژنومیکس (GWAS) هنوز هم چالش هایی در شناسایی QTL وجود دارد، به ویژه برای داده هایی که سطوح مختلف ارتباطات ژنتیکی مختلف در بین مارکرها و حیوانات مورد مطالعه وجود دارد. در مطالعه اخیر، سه روش مختلف مطالعات ژنومیکس بر داده های شبیه سازی شده مورد بررسی قرار گرفت (۱) مدل تک مارکری (۲) مدل هاپلوتیپ تصادفی و (۳) مدل بیز. داده های شبیه سازی شده شامل ۲۰۰۰ حیوان حاصل از ۲۰ فامیل ناتنی پدری و داده های ژنوتیپی شامل ۹۹۹۰ SNP بر روی ۵ کروموزوم می باشد. طول هر کروموزوم ۱۰۰ cM در نظر گرفته شد و مارکرها در فواصل یکسانی از هم قرار دارند. هشت QTL بر روی کروموزوم های ۱ تا ۵ شبیه سازی شد. سه مدل مورد استفاده شامل تک مارکری، هاپلوتیپ تصادفی و بیز به ترتیب ۶، ۷ و ۸ QTL شبیه سازی شده را شناسایی نمود. از بین روش های فوق مدل بیز بالاترین قدرت در تشخیص QTL را دارا است اما دارای یک خطا نیز در تعیین QTL بود (False negative). استفاده از مدل های مختلف مطالعات ژنومیکس، می تواند موجب اطمینان بیشتر در شناسایی QTL گردد.

واژگان کلیدی: هاپلوتیپ تصادفی، روش بیز، مدل تک مارکری، ژنومیکس و مکان یابی ژن ها

مقدمه

علی رغم موفقیت های بسیار زیاد در مطالعات ژنومیکس (GWAS) هنوز هم چالش های زیادی در روش ها و مدل های آماری تعیین QTL وجود دارد، به ویژه در جمعیت هایی که سطوح مختلف روابط خویشاوندی در بین حیوانات وجود دارد. براین اساس در مطالعه اخیر دقت سه روش مطالعات ژنومیکس در شناسایی جایگاه های QTL شامل (۱) مدل تک مارکری^۱ (SMM) (۲) مدل هاپلوتیپ تصادفی^۲ (RHM) و (۳) مدل بیز^۳ (BVS) مورد ارزیابی قرار می گیرد. مطالعات نشان داده است که مدل هاپلوتیپ تصادفی با توجه به این که از تمام ظرفیت عدم تعادل پیوستگی^۴ (LD) در جمعیت استفاده می نماید قدرتمند تر مدل تک مارکری در شناسایی QTL های کنترل کننده صفات کمی است (او ۴).

مواد و روش ها

جمعیت شبیه سازی شده: یک جمعیت غیر همخون با استفاده از نرم افزار LDSO (۶) شبیه سازی گردید. داده های در دسترس برای مکان یابی نهایی QTL از آمیزش تصادفی ۱۰۰۰ فرد در طی ۱۰۰۰ نسل در مرحله اول و در ادامه ۱۵۰ فرد در طی ۳۰ نسل آمیزش تصادفی بدست آمد. جمعیت نهایی مربوط به آخرین نسل در ساختار شجره شامل ۲۰ فامیل نتاج

¹ Single Marker Model

² Random Haplotype Model

³ Bayesian Variable Selection

⁴ Linkage Disequilibrium



ناتنی پدری است که هر یک از والد های نر با تعداد ۱۰ والد ماده آمیزش داده شده و از هر والد ماده ۱۵ نتاج حاصل گردیده است که تنها ۱۰ تا از نتاج آنها دارای رکورد فنوتیپی هستند و در مجموع ۲۰۰۰ رکورد فنوتیپی در اختیار می باشد. داده های ژنوتیپی مربوط به ۵ کروموزوم و ۱۹۹۹ مارکر SNP هستند که در فواصل یکسان از هم قرار دارند (۰/۰۵cM). طول هر کروموزوم ۱۰۰ سانتی مورگان و بر روی هر کروموزوم ۲۰۰۰ مارکر SNP قرار دارد. تعداد مکان های ژنی (QTL) شبیه سازی شده شامل یک QTL با اثر بزرگ در موقعیت ۲/۸۵ سانتی مورگان، دو QTL به هم پیوسته در موقعیت های ۸۱/۹ و ۹۳/۷۵ سانتی مورگان، دو QTL پیوسته ولی با اثرات مخالف هم در موقعیت های ۵ و ۱۵ سانتی مورگان، یک QTL در موقعیت ۳۲/۲ سانتی مورگان و دو QTL با اثرات اپیستاتیک در موقعیت های ۳۶/۳ و ۹۹/۲ سانتی مورگان به ترتیب بر روی کروموزوم های ۱ تا ۵ بود. روش های آماری

مدل تک مارکری (Single Marker Model). در این روش ارتباط بین هر مارکر SNP و فنوتیپ با آنالیز مدل های مختلط مورد بررسی قرار می گیرد (۷)، که مدل آماری طرح فوق عبارتست از:

$$y = 1\mu + Xg_i + Zu + e$$

که در معادله فوق Y بردار مشاهدات فنوتیپی صفت، μ میانگین جمعیت، g_i اثر ژنتیک افزایشی مارکر SNP و X بردار ضرایب ژنوتیپی (۰، ۱) است که هر رکورد را با اثر مارکر مرتبط می سازد. U ماتریس اثرات پلی ژنیک حیوان با توزیع نرمال $N(0, A\sigma_u^2)$ که A ماتریس روابط ژنتیکی افزایشی بین حیوانات و σ_u^2 واریانس ژنتیکی افزایشی حیوان و Z ماتریس ضرایب مرتبط کننده اثرات پلی ژنیک به هر یک از فنوتیپ ها است و e بردار اثرات تصادفی محیطی با توزیع نرمال $N(0, I\sigma_e^2)$ است. برای تعیین مارکر های معنی دار در مقابل فرض اولیه که اثر مارکر برابر با صفر است از تست Wald استفاده شد و برای تعیین سطح معنی داری از روش Bonferroni در سطح ژنوم استفاده شد. تجزیه مدل فوق با نرم افزار DMU (۳) استفاده گردید.

مدل رگرسیون هاپلوتیپ تصادفی مارکرها بر روی فنوتیپ (RHM^۱). در روش رگرسیون مبتنی بر هاپلوتیپ های تصادفی آلل های جایگاه های مجاور هم تشکیل یک هاپلوتیپ را می دهند و در بررسی ارتباط فنوتیپ با هاپلوتیپ های منتقل شده از پدر و مادر به نتاج در هر مرحله یک آلل به جلو رانده شده تا به انتهای کروموزوم برسد. مدل آماری طرح فوق عبارتست از:

$$y_i = \mu + u_i + q_{hm_i} + q_{hp_i} + e_i$$

در معادله فوق، y_i فنوتیپ حیوان i، μ میانگین جمعیت، u_i اثرات پلی ژنیک حیوان، q_{hm_i} و q_{hp_i} اثرات تصادفی هاپلوتیپ پدری و مادری منتقل شده به حیوان i و e_i اثرات تصادفی باقیمانده است. برای اثرات پلی ژنیک حیوان فرض می گردد که دارای توزیع نرمال $(N(0, A\sigma_g^2))$ است که σ_g^2 واریانس ژنتیکی افزایشی و A ماتریس روابط ژنتیکی افزایشی حیوانات می باشد و همچنین فرض می گردد که دو عامل تصادفی دیگر یعنی هاپلوتیپ (q) و خطای باقیمانده (e) نیز دارای توزیع نرمال با میانگین صفر و واریانس های $I\sigma_e^2$ و $I\sigma_h^2$ هستند که I ماتریس واحد است. نسبت حداکثر درستنمایی دو مدل با اثرات تصادفی هاپلوتیپ و بدون اثر هاپلوتیپ بیانگر اثرات جایگزینی هاپلوتیپ ها می باشد و در نقطه ای که بالاترین نسبت درستنمایی را دارند مکان QTL را نشان می دهند. در مطالعه اخیر طول هاپلوتیپ ها ۴ مارکر SNP در نظر

¹ Haplotype Random Model



گرفته شد و فرض می گردد که مکان QTL در وسط هاپلوتیپ است. آنالیز مدل هاپلوتیپ با نرم افزار DMU (۳) انجام گرفت.

روش بیز (Bayesian Variable Selection). مدل فوق براساس تعریف ترکیبی از توزیع های مختلف اثرات مارکر های SNP است هنگامی که در آنالیز تمام مارکر های به طور همزمان مورد استفاده قرار می گیرد. در مدل فوق فرض می گردد که اکثر مارکر ها دارای اثرات خیلی کوچک روی صفت هستند (۹۸٪) و تنها بخش اندکی از مارکرها (۲٪) دارای اثرات بزرگ می باشند. آنالیز مدل فوق با نرم افزار BAYZ (۲) انجام و اجزاء واریانس دو ترکیب فوق برآورد گردید. مارکر های SNP که دارای فاکتور بیز (Bayes Factor) بالاتر از ۵/۵ هستند به عنوان مکان QTL معرفی گردید.

نتایج

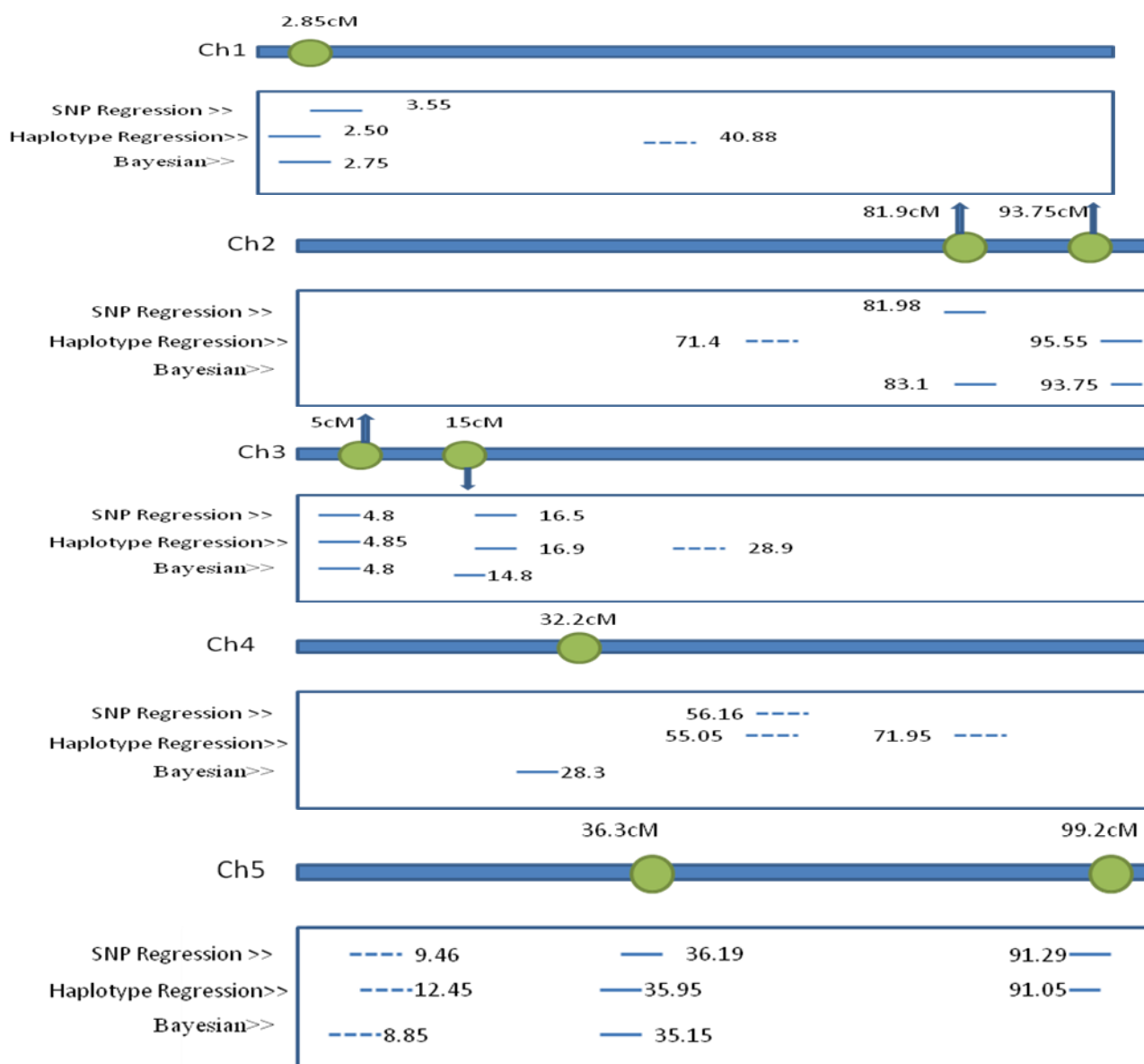
نتایج بررسی سه مدل مختلف تجزیه QTL بر روی کروموزوم های ۱ تا ۵ در شکل ۱ خلاصه شده است. تمام QTL هایی که در دامنه ۱۰ سانتی مورگان انحراف از محل اصلی شبیه سازی شده قرار داشتند به عنوان مکان صحیح شناسایی شده تلقی گردید. از ۸ QTL شبیه سازی شده بر روی کروموزوم های مختلف، ۷ تا از آنها شناسایی گردید تنها خطا در تشخیص مربوط به کروموزوم هایی است که بر روی آنها دو QTL با اثرات متقابل شبیه سازی شده اند. تعداد جایگاه هایی که به خطا تشخیص داده شد در روش های مختلف متفاوت بود و در مدل های تک مارکری، هاپلوتیپ تصادفی و بیز به ترتیب ۲، ۶ و ۱ مورد بود که مقایسه روش های فوق در تشخیص مکان دقیق QTL ها و تعداد خطا، مدل بیز مفید تر می باشد، اما ترکیبی از مدل های مختلف می تواند قدرت اطمینان را افزایش دهد.

بحث

در مطالعه اخیر از مدل های افزایشی بدون در نظر گرفتن ساختار ژنتیکی QTL های شبیه سازی شده استفاده گردید و مدل های فوق توانستند به خوبی اکثر جایگاه ها را شناسایی نمایند، اما از بین روش های فوق مدل بیز مؤثر تر بود و توانست ۷ تا از ۸ جایگاه را تشخیص دهد هر چند که با یک خطا هم همراه بود (False positive). بر روی کروموزوم ۵ که دو QTL با اثرات اپیستاتیک شبیه سازی شده بود با توجه به این که در مدل بیز اولین جایگاه بیشترین واریانس را به خود اختصاص داده است لذا شانس جایگاه دوم کاهش یافت. مدل های تک مارکری و هاپلوتیپ تصادفی در تشخیص اکثر QTL ها موفق بود و تنها جایگاهی را که نتوانست تشخیص دهد QTL شبیه سازی شده بر روی کروموزوم ۴ بود که یک imprintQTL است و با توجه میزان عدم تعادل پیوستگی ضعیف جایگاه فوق با مارکر ها شانس شناسایی آن را کاهش داد و فقط با روش بیز تشخیص داده شد. مدل هاپلوتیپ با بیشترین تعداد خطا (False positive) همراه بود که احتمالاً با خاطر فراوانی پایین بعضی از هاپلوتیپ ها است و اگر نقاط خطا به عنوان اثر ثابت به مدل اضافه گردد، دقت مدل در شناسایی QTL افزایش می یابد (۵).

نتیجه گیری

استفاده از روش های مختلف ژنومیکس (GWAS) می تواند موجب افزایش دقت تشخیص جایگاه های QTL گردد. با توجه به وجود روابط پیچیده در بین مارکر ها و بین جایگاه های QTL ضرورت دارد تا همزمان از روش های مختلفی در شناسایی QTL ها استفاده گردد.



شکل ۱- مکان های ژنی (QTL) شناسایی شده با مدل های مختلف در مقایسه با محل اصلی شبیه سازی شده بر روی کروموزوم های ۱ تا ۵.

References

1. Akey, J., L. Jin, M. Xiong. 2001. Haplotypes vs. single marker linkage disequilibrium tests, what do we gain? *Eur. J. Hum. Genet.*, 9,291-300.
2. Janss L: BAYZ Manual version 2.02. Janss Biostatistics, Leiden, Netherlands, 2011.
3. Madsen, P., and J. Jensen, DMU: A user's guide, A package for analysing multivariate mixed models. Version 6, DJF, Foulum, Denmark (2011) release 5.
4. Morris, R.W., N.L. Kaplan. 2002. On the advantage of haplotype analysis in the presence of multiple disease susceptibility alleles. *Genet. Epidemiol.*, 23, 221-233.
5. Sahana G, B. Guldbrandtsen, L. Janss, M.S. Lund. 2010b. Comparison of association mapping methods in a complex pedigreed population. *Genet Epidemiol.* 34(5):455-62.
6. Ytournal F. PhD thesis. AgroParisTech; 2008. Linkage disequilibrium and QTL fine mapping in a selected population.



7. Yu, J., G. Pressoir, W.H. Briggs, I.V. Bi, M. Yamasaki. 2006. A unified mixed-model method for association mapping that accounts for multiple levels of relatedness. *Nat. Genet.* 38:203-208.

Comparison of different methods for QTL detection in simulated dataset

Gholam Reza Dashab

Assistant Professor of Animal Science

* Corresponding E-mail address: dashab5@yahoo.co.in

Abstract

Despite many success stories of Genome wide association studies (GWAS), challenges exist in QTL detection especially in datasets with many levels of relatedness. In this study we compared three methods of GWA on a simulated dataset. 1) Single marker model; 2) Random haplotype model (RHM) and 3) Bayesian variable selection. The data consisted of phenotypes of 2000 animals from 20 sire families and were genotyped with 9990 SNPs on five chromosomes. Out of total eight simulated QTL, these three methods MMA, RHM and BVS identified 6, 6 and 7 QTL respectively. BVS had highest power to detect QTL however it also produced 1 false positive. Use of several methods for GWAS gives confidence in the detected QTL.

Key words: Random Haplotype, Bayesian methods, Single marker model, Genomic, QTL mapping



تخمین پارامترهای ژنتیکی صفات تولید شیر در گاو هلشتاین

نویسندگان:

محمد مهدی معتمدی^۱، کاظم ظفر نژاد^{۲*}، علیرضا فضایی راد^۳

۱- دانش آموخته کارشناسی ارشد اصلاح نژاد دام گروه علوم دامی دانشگاه فردوسی، ۲- دانش آموخته کارشناسی علوم دامی

دانشگاه آزاد اسلامی واحد بیرجند، ۳- دانشجوی کارشناسی ارشد طیور گروه علوم دامی دانشگاه بیرجند

*مسئول مکاتبه: کاظم ظفر نژاد دانشگاه آزاد اسلامی واحد بیرجند، دانشکده کشاورزی، گروه علوم دامی تلفن:

۰۹۱۵۱۶۳۷۱۰۰ . آدرس پست الکترونیک: ka.zafarnejad64@gmail.com

چکیده:

در تحقیق حاضر، به منظور بررسی عوامل موثر روی برخی صفات تولید شیر و برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مذکور، اطلاعات موجود در واحد گاوداری دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد مورد استفاده قرار گرفت. صفات تولیدی مورد مطالعه عبارت بودند از تولید شیر در یک دوره شیردهی، تولید در اوج شیردهی، میانگین تولید شیر روزانه و میانگین تولید شیر ماهیانه که در بررسی اثر عوامل ژنتیکی، صفت تولید شیر در یک دوره شیردهی به صورت کاملاً معنی‌داری تحت تاثیر عوامل سال زایش، سن زایش به صورت خطی و درجه دوم و تعداد روزهای شیردهی به صورت خطی و درجه دوم قرار گرفت ($P < 0.01$). همچنین صفات تولید در اوج شیردهی، میانگین شیر روزانه و میانگین شیر ماهیانه بطور معنی‌داری تحت تاثیر عوامل سال زایش، فصل زایش، سن زایش و دوره شیردهی قرار گرفتند ($P < 0.05$). برآورد ضریب توارث-پذیری و همبستگی بین صفات مورد مطالعه توسط مدل یک نرم افزار DFREML و در برنامه تک‌صفتی (Univariate) با استفاده از مدل دام انجام شد. توارث‌پذیری صفات تولید شیر شامل تولید در یک دوره شیردهی، تولید در اوج شیردهی، میانگین شیر روزانه و میانگین شیر ماهیانه به ترتیب 0.054 ± 0.276 ، 0.050 ± 0.215 ، 0.060 ± 0.311 و 0.26 ± 0.519 برآورد گردید.

واژه‌های کلیدی: پارامترهای ژنتیکی - گاو هلشتاین - مدل دام - تولید شیر

مقدمه:

دام‌های اهلی با هدف بهبود کیفی و افزایش کمی در تولیدات اقتصادی، نظیر گله اصلاحی جایگزین، شیر و ترکیبات آن، تولید گوشت و اصلاح نژاد می‌شوند. مشخص نمودن اهداف دقیق اصلاحی در این زمینه ها بسیار مهم است. این اهداف باید با توجه به شرایط اقتصادی، محدودیت‌های بیولوژیکی و ژنتیک حیوان تنظیم شوند (۵). در شرایط کنونی، هدف مطلوب برنامه‌های اصلاح نژادی، دست یافتن به یک راندمان اقتصادی قابل توجه و منطقی است. از این رو محققان در جستجوی راهی برای افزایش کمی و کیفی تولیدات، کاهش هزینه‌ها، بدست آوردن ضریب تبدیل مطلوب‌تر و بطور کلی بهبود بازدهی تولید و افزایش میزان سوددهی برای هر رأس گاو شیری در طول عمر اقتصادی آن و در نتیجه افزایش سود-آوری واحد تولیدی می‌باشند (۶، ۸). هدف از تحقیق حاضر، برآورد پارامترهای ژنتیکی برخی صفات تولیدی در یک گله گاو هلشتاین بوده است.

مواد و روش‌ها:

در این تحقیق ۱۳۰۰ رکورد مربوط به ۴۸۰ رأس گاو شیری نژاد هلشتاین واحد گاوداری دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد، در یک دوره ۱۴ ساله، مورد ارزیابی و مطالعه قرار گرفت. صفات مورد مطالعه در این تحقیق، شامل میزان تولید شیر در یک دوره شیردهی، تولید در اوج شیردهی و میانگین تولید شیر روزانه بودند. در جدول ۱ برخی خصوصیات آماری مربوط به ساختار داده‌ها و صفات تولیدی ارائه شده‌اند.

جدول ۱. برخی مشخصات آماری داده‌های تحقیق

صفه	میانگین	انحراف معیار
تولید شیر در یک دوره شیردهی (کیلوگرم)	۵۴۹۷	۲۰۴۰
میانگین تولید شیر روزانه (کیلوگرم)	۱۹/۷	۵/۵
تولید شیر در اوج شیردهی (کیلوگرم)	۳۰/۴	۶/۷

داده‌های مورد استفاده در این پژوهش، پس از ورود به کامپیوتر، توسط نرم افزار Quattro-pro پردازش و سپس به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی شامل وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی به نرم افزار تخصصی DFREML منتقل شد (۷). برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مورد بررسی، از مدل دام استفاده گردید. برآورد اجزای واریانس و کواریانس ژنتیکی و محیطی صفات، به روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده بدست آمد. مدل آماری برای برآورد پارامترهای ژنتیکی در شکل ماتریس $(Y=Xb+Zu+e)$ مورد استفاده قرار گرفت. که در آن y بردار مشاهدات، X و Z ماتریس ضرایب برای اثرات ثابت و تصادفی، b بردار اثرات ثابت، u بردار اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی و e بردار تصادفی باقیمانده مدل است. اثرات ثابت برای صفات تولید شیر دوره شیردهی و میانگین تولید شیر روزانه، سال و سن زایش و برای صفت تولید شیر در اوج شیردهی، سال، سن و فصل زایش و نوبت شیردهی بود.

نتایج و بحث:

واریانس ژنتیکی افزایشی، واریانس باقیمانده و وراثت‌پذیری مربوط به صفات مورد مطالعه در جدول ۲ ارائه شده است.

جدول ۲. واریانس ژنتیکی افزایشی، واریانس باقیمانده و وراثت‌پذیری صفات تولیدی

صفه	واریانس ژنتیکی افزایشی	واریانس باقیمانده	وراثت‌پذیری
تولید شیر در یک دوره شیردهی	۵۵۰۴۳۸	۱۴۴۲۹۱۳	۰/۲۷۶ ± ۰/۰۵
میانگین تولید شیر روزانه	۴/۲	۹/۴	۰/۳۱۱ ± ۰/۰۶
تولید شیر در اوج شیردهی	۸/۸	۳۲/۱	۰/۲۱۵ ± ۰/۰۵



صفات تولیدی مورد بررسی، دارای واریانس ژنتیکی افزایشی و وراثت پذیری متوسطی بود. در مورد وراثت پذیری میزان تولید شیر در یک دوره شیردهی، گزارشات بسیار متفاوتی وجود دارد که از حداقل ۰/۱۲ تا حداکثر ۰/۴۷ گزارش شده است (۱، ۲، ۳ و ۶). میزان وراثت پذیری صفت میانگین تولید شیر روزانه توسط جیراث و همکاران (۱۹۹۵) برابر ۰/۳۲ برآورد شد. ضریب وراثت پذیری صفت تولید شیر در اوج شیردهی، توسط هانسن و همکاران (۱۹۸۳) برابر ۰/۱۳ برآورد گردید. اختلاف بین برآورد پارامترهای ژنتیکی می تواند بدلیل عوامل متعددی نظیر تفاوت در سطح تولید گله، تنوع محیطی و آب و هوایی، مدیریت گله، مدل آماری مورد استفاده، روش برآورد اجزای واریانس و کواریانس، نحوه ویرایش داده ها باشد. علاوه بر موارد فوق، متفاوت بودن نوع تعریف صفت نیز می تواند در اختلاف بین برآوردهای گزارش شده در تحقیقات اثر داشته باشد. جدول ۳ همبستگی ژنتیکی افزایشی و فنوتیپی بین صفت میانگین تولید شیر روزانه و صفات تولید در اوج شیردهی و تولید شیر در یک دوره شیردهی را نشان می دهد. همبستگی ژنتیکی بین میانگین تولید شیر روزانه و تولید شیر در یک دوره شیردهی مثبت و بسیار بالا و همبستگی فنوتیپی آن نیز نسبتاً بالا بود، اما همبستگی ژنتیکی بین میانگین تولید شیر روزانه و تولید در اوج شیردهی پائین و همبستگی فنوتیپی آن منفی و نزدیک به صفر بود.

جدول ۳. همبستگی ژنتیکی افزایشی و فنوتیپی میانگین تولید شیر روزانه با اوج شیردهی و تولید شیر در یک دوره شیردهی

همبستگی	تولید در اوج شیردهی	تولید شیر در یک دوره شیردهی
ژنتیکی	۰/۱۳	۰/۹۹
فنوتیپی	-۰/۰۲	۰/۵۶

جیراث و همکاران (۱۹۹۵) نیز همبستگی ژنتیکی تولید شیر اولین دوره شیردهی با تولید شیر روزانه را برابر با ۰/۹۱ و همبستگی فنوتیپی آن را برابر ۰/۵۳ برآورد و گزارش نمودند که نتایج بدست آمده از تحقیق حاضر را کاملاً تأیید می نماید. با توجه به نتایج حاصل از این تحقیق، در مورد صفات تولیدی که دارای واریانس ژنتیکی متوسط و در نتیجه ضریب وراثت-پذیری متوسط و نسبتاً مناسبی می باشند، می توان از طریق انتخاب به پیشرفت های ژنتیکی مطلوب دست یافت. از طرفی بدلیل اینکه وراثت پذیری صفات مربوط به عملکرد در طول دوره زندگی در حد متوسطی قرار داشته و همبستگی این صفات با تولید شیر در اولین دوره شیردهی بالا می باشد، در نتیجه به منظور افزایش سود و بهبود عملکرد در طول دوره زندگی، انتخاب را می توان بر اساس تولید شیر در اولین دوره شیردهی انجام داد. از طرفی با توجه به وراثت پذیری نسبتاً مناسب صفت تولید شیر روزانه و همبستگی بالا و مثبت صفت مذکور با میزان تولید شیر در یک دوره شیردهی، به منظور سرعت بخشیدن در امر انتخاب و استفاده بهینه از فرصت و منابع موجود (یا نهاده های دامی) برای گزینش افراد برتر، استفاده از رکوردهای تولید شیر روزانه در ابتدای دوره شیردهی می تواند بسیار موثر باشد.

منابع:

1. Amimo, J.O., R.O. Mosi, J.W. Wakhungu, T.K. Muasya, B.O. Inyangala. (2006). Phenotypic and genetic parameters of reproductive traits for Ayrshire cattle on large-scale farms in Kenya. *Livestock Research for Rural Development*. Vol. 18(10).
2. Estrada-Leon, R.J., J.G. Magana., J.C. Segura-Correa. (2008). Genetic parameters for reproductive traits of Brown Swiss cows in the Tropics of Mexico. *Journal of Animal and Veterinary Advance*. Vol. 7 pp: 124-129.
3. Hansen, L.B., A.E. Freeman, P.J. Berger. (1983). Yield and fertility relationships in dairy cattle. *J. Dairy Sci*. Vol. 66 p: 293.



4. Jairath, L.K., J.F. Hayes, R.I. Cue. (1995). Correlations between first lactation and lifetime performance traits of Canadian Holsteins. J. Dairy Sci. Vol. 78 p: 438.
5. McAllister, A.J. (2000). Breeding for profitability and reproduction. University of Kentucky, USA.
6. Meyer, K. (1983). Maximum likelihood procedures for estimating genetic parameters for later lactations of dairy cattle. J. Dairy Sci. Vol. 66 p: 1988.
7. Meyer, K. (1998). DFMREML, User Notes, Version 3.0 β . Mimeo. Anim. Genet. Breed. Unit, Univ. New England, Armidale, Australia.
8. Rogers, G.W. (1993). Index selection using milk yield, somatic cell score, udder depth, teat placement, and foot angle. J. Dairy Sci. Vol. 76. pp: 664.

Estimation of genetic parameters for production traits in Holstein cow

Mohammad Mahdi Motamedi¹, Kazem Zafarnejad^{2*}, Alireza Fazaeli Rad³

1- Graduated Animal breeding Ferdowsi University of Mashhad – Department of Animal Science.

2-Graduated of Animal Science Islamic Azad University Birjand Branch.

3-University of Birjand – Department of Animal Science.

* Corresponding E-mail address: ka.zafarnejad64@gmail.com

Abstract

In this study the factors affecting some productive traits and their genotypic parameters were studied in Holstein dairy cow, using data from Mashhad Agricultural college dairy farm. productive traits were total milk yield (TMY), peak yeild (PY), daily milk yield (DMY) and average monthly milk yield (AMMY). TMY was significantly ($P<0.01$) affected by calving year, calving age (linear & quadratic), number of lactation days (linear & quadratic). The effects of calving year, calving season ,calving age and pariety on traits such as PY, DMY and AMMY were significant ($P<0.05$). Heritabilities and correlations among these traits were estimated based on a Derivative-free Restricted Maximum Likelihood (DFREML) method with an animal model. The estimated heritabilities for TMY, PY, DMY, AMMY, were 0.276 (± 0.054), 0.215 (± 0.050), 0.311 (± 0.060) and 0.519 (± 0.026), respectively.

Keywords: Genetic parameters- Milk yield- Holstein cattle- Animal model



بررسی روند مرگ و میر بزغاله های بز کرکی بیرجندی از تولد تا شیرگیری طی ۲۲ سال

محمد حسن عادل^{۱*}، مهدی میرزایی^۲ و سکینه نقویان^۳

به ترتیب کارشناس ارشد اصلاح نژاد دام ازدانشگاه تربیت مدرس تهران، دانشجوی کارشناس ارشد بیوتکنولوژی دانشگاه پیام

نور واحد تهران و کارشناس ارشد اصلاح نژاد دام از دانشگاه گرگان

*نویسنده مسئول: محمد حسن عادل^۱ - خراسان جنوبی - قاین - مدیریت جهاد کشاورزی شهرستان قائنات -

mh.adelikhah@gmail.com

چکیده

هدف این تحقیق بررسی روند تلفات بزغاله ها طی سال های ۱۳۶۷ تا ۱۳۸۸ در ایستگاه بز کرکی سریشه بود. از تعداد ۲۲۱۵۰ راس حیوان ثبت شده در این مرکز، تنها اطلاعات مربوط به مرگ و میر و حذف ۴۲۴۹ راس از گله شماره ۴۰۹۵ موجود می باشد که در محاسبات لحاظ شده است. تعداد ۳۷۵ راس از تولد تا یک سالگی در این گله تلف شده اند. در این مطالعه عوامل جنس بزغاله، تیپ تولد، وزن تولد، سن مادر و سن مرگ و میر مورد بررسی قرار گرفت. بزغاله های متولد شده در خارج از فصل معمول زایمان در منطقه، از درصد تلفات بالاتری برخوردار بودند. درصد تلفات در بزغاله های دو قلو بیشتر از بزغاله های تک قلو بود که با وزن تولد آنها رابطه داشت بطوریکه بزغاله هایی که از وزن تولد بالاتری برخوردار بودند میزان درصد تلفات در آنها پایین تر بود. همچنین بیشترین میزان تلفات مربوط به بزغاله های متولد شده از بزهای مادر با سن ۲ و ۳ سال بود و حدفاصل سن شیرگیری تا یکسالگی بیشترین تلفات دیده شد.

واژه های کلیدی: بز کرکی بیرجندی - مرگ و میر - عوامل محیطی

مقدمه:

از آنجا که تعداد بره و بزغاله متولد شده به ازای هر راس میش و بز مولد، صفت اقتصادی مهمی در فعالیت پرورش گوسفند به شمار می رود و با توجه به هزینه های بالای نگهداری و پرورش این حیوانات، سودآوری این حرفه تا حد زیادی بستگی به تعداد بره و بزغاله فروخته شده به ازای هر حیوان مولد خواهد داشت با این وجود میزان تلفات در نژادهای مختلف گوسفند متفاوت و از ۱۵ درصد تا بیش از ۵۰ درصد گزارش شده است (۳). زنده ماندن بره ها و بزغاله های تازه متولد شده تحت تاثیر عوامل متعددی از قبیل توانائی مادری، شرایط آب و هوائی، تغذیه، مدیریت، ژنتیک، بیماری ها و عوامل عفونت زا می باشد (۶). از این رو داشتن اطلاعات کافی در مورد زمان و تعداد مرگ و میرها می تواند کمک موثری به دامداران در جهت پایین نگه داشتن تعداد تلفات بره ها و بزغاله ها بکند. زیرا با توجه به فصل زایش، حیوانات تازه متولد شده در شرایط فعلی پرورش سنتی دامپروری در کشورمان، به نظر می رسد از حساسیت بالایی برخوردار باشند و تعداد تلفات آنها از تولد تا یک سالگی قابل توجه باشد (۴). لذا در این بررسی سعی شده است خلاصه ای از وضعیت تلفات بزغاله های به دنیا آمده در طی ۲۲ سال در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد بزکرکی بیرجندی ارائه شود.

مواد و روش ها:

در این پژوهش از اطلاعات مربوط به ۲۲۱۵۰ راس از دام های ثبت شده در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد بز کرکی بیرجندی واقع در شهرستان سریشه که در قالب ۱۰۰ زیر جمعیت طی سال های ۱۳۶۷ تا ۱۳۸۸ به ثبت رسیده بودند استفاده شد. از آنجا که تنها از سال ۱۳۷۹ اقدام به ثبت اطلاعات مربوط به مرگ و میر و حذف دام ها در این مرکز شده است از این رو در جداول از ارائه اطلاعات مربوط به سال های ۱۳۶۷ تا ۱۳۷۸ خودداری شده است. پرورش گله مذکور به صورت نیمه متحرک و روستایی می باشد. بزغاله ها در سن 90 ± 5 روزگی از شیر گرفته می شوند و از سن ۱۵ روزگی علاوه بر شیر مادر



به غذای تکمیلی نیز دسترسی دارند. داده ها به منظور شناسایی اثر عوامل محیطی موثر بر صفات مورد بررسی از رویه GLM برنامه آماری SAS (۵) و مدل آماری زیر استفاده گردید.

$$Y_{ijklm} = \mu + A_i + B_j + M_k + T_l + S_m + BW_{ijklm} + AGE_{ijklm} + e_{ijklm}$$

که Y_{ijklm} هریک از مشاهدات برای صفات زنده ماننی بزغاله ها، μ میانگین کل، A_i اثر i امین سن مادر، B_j اثر j امین سال زایش میش، M_k اثر k امین ماه زایش، T_l اثر l امین نوع تولد، S_m اثر m امین جنس تولد، BW اثر وزن تولد بره، AGE اثر سن مرگ و میر و e_{ijklm} اثر باقی مانده می باشد.

نتایج:

از تعداد ۲۲۱۵۰ راس حیوان ثبت شده در مرکز اصلاح نژاد بز کرکی سربیشه، تنها اطلاعات مربوط به مرگ و میر و حذف ۴۲۴۹ راس از گله شماره ۴۰۹۵ از سال ۱۳۷۹ موجود می باشد که در محاسبات لحاظ شده است. از تعداد ۴۲۴۹ راس بزغاله زنده متولد شده در طی این مدت تنها تعداد ۳۷۵ راس به علت مرگ و میر از گله حذف شده است که هر چند درصد تلفات بالایی نیست (۸/۸۳ درصد) و کمتر از یافته های گزارش شده می باشد (۳) ولی با توجه به هزینه بالای نگهداری و پرورش، زیان قابل توجهی را در طی سالیان متمادی نصیب دامدار خواهد کرد.

جدول (۱) اطلاعات مربوط به میزان تلفات بزغاله ها بر اساس جنس، تیپ تولد و ماه تولد

تعداد کل	نر	ماده	جنس			تیپ تولد			ماه زایش		
			تک	دو	سه	چهار	فروردین	اردیبهشت	خرداد	آذر	دی
۴۲۴	۲۳۶	۱۸۸	۲۷۸	۱۳۳	۱۲۴	۶	۳۶	۶۵	۹	۱۲۷	۵۸۹
۹	۸	۱	۲	۷						۳	
۳۷۵	۲۲۱	۱۵۴	۲۳۱	۱۳۵	۹	۰	۱۰	۱۲	۵	۱۸	۷۳
۹۰	۱۶۷										
۸۳	۳۳	۱۹	۳۰	۱	۲۶	۰	۳۸/۴۶	۱۸/۴۶	۵۵	۱۷	۴
۸	۹	۸	۸	۱۰	۷				۵۵	۱۴	۱۲
۷	۷										

بررسی عوامل محیطی تاثیر گذار بر میزان مرگ و میر نشان می دهد (جدول ۱) که درصد مرگ و میر بزغاله های نر بیشتر از بزغاله های ماده می باشد به نظر می رسد که تنها بیشتر بودن تعداد حیوانات متولد شده این جنس دلیل این امر باشد و عوامل خارجی در آن چندان دخل و تصرفی نداشته باشد. بررسی اثر تیپ تولد بر میزان مرگ و میر بزغاله های متولد شده در این گله نشان می دهد که درصد تلفات بزغاله های دوقلو بیشتر از بزغاله های تک قلو می باشد که می توان به پایین بودن وزن تولد این حیوانات، کمتر بودن شیر مادران و مشکلات مدیریتی موجود در هنگام نگهداری این نوع بزغاله ها اشاره



کرد(۱). هرچند زایش های گزارش شده در گله مورد بررسی نشان می دهد که بیشتر تولد ها در ماه های بهمن و اسفند و تا حدی در دی ماه اتفاق افتاده است اما دلایلی همچون قصر ماندن تعدادی از بزها، عدم رها سازی به موقع بزهای نر در گله، باعث شده که ۵/۳۴ درصد از تولدها در خارج از فصل معمول با توجه به شرایط منطقه صورت بگیرد. همین موضوع باعث شده به علت توجه کمتر کارگران و کمبود نیروی انسانی در واحد و مصادف شدن زمان شیرگیری این بزغاله با تمام شدن مرتع در منطقه، ۱۲ درصد تلفات این گله مربوط به بزغاله های متولد شده در ماه های فروردین، اردیبهشت، خرداد و آذر باشد. بررسی وزن تولد بزغاله های زنده متولد شده و حیوانات تلف شده تا سن یک سالگی نشان می دهد هر چند از روند قابل تشخیصی پیروی نمی کند ولی بطور کلی با افزایش وزن تولد درصد تلفات کاهش یافته است ($p < 0.01$).

بررسی سن مادر بر میزان تلفات نشان می دهد که با افزایش سن مادران مولد در این گله از میزان مرگ و میر کاسته می شود که تکمیل شدن سیستم پستانی مادران و تجربه آنها در نگهداری و پرورش بزغاله ها می تواند از دلایل کاهش میزان تلفات برای مادران مسن تر باشد. بیشترین درصد تلفات مربوط به مادران با سن ۲ و ۳ سال بود که با یافته های گزارش شده مطابقت نداشت(۱).

جدول ۲) درصد تلفات بزغاله ها با سنین مختلف مادر از تولد تا یک سالگی

سن مادر	۲	۳	۴	۵	۶
تعداد تلفات	۹۱	۱۱۲	۷۰	۸۱	۲۱
درصد تلفات	۲۴/۲۷	۲۹/۸۷	۱۸/۶۷	۲۱/۶	۵/۶

بررسی اثر سال تولد بر میزان تلفات نشان می دهد که تنوع زیادی در تعداد تلفات بزغاله ها بین سال های مختلف وجود دارد که تفسیر نتایج را با مشکل همراه می کند ولی بطور کلی با افزایش دقت در ثبت اطلاعات مربوط به حیوانات پرورش یافته در این واحد می توان گفت تعداد حیواناتی که مرگ و میر آنها گزارش شده است افزایش یافته است. همچنین بررسی سن مرگ و میر بزغاله ها نشان می دهد که هر چند بزغاله ها تا سن شیرگیری از حساسیت بالاتری برخوردار می باشند ولی کمترین میزان تلفات مربوط به این دوره سنی بوده (۲۲/۹۳ درصد) و با افزایش سن بزغاله ها (از شیرگیری تا سن ۶ ماهگی ۳۳/۰۷ درصد و از سن ۶ ماهگی تا یک سالگی ۴۴ درصد) بر میزان تلفات افزوده شده است که استرس های بعد از شیرگیری و تمام شدن مراتع منطقه و ضعف قوای جسمانی بزغاله های در حال رشد می تواند از دلایل تاثیر گذار بر میزان تلفات باشد.

جدول ۳) میزان تلفات بزغاله ها از تولد تا یک سالگی در سال های مختلف*

سال	۷ روز	۱۴ روز	۲۱ روز	۳۰ روز	۶۰ روز	۹۰ روز	۱۲۰ روز	۱۸۸ روز	۳۶۵ روز	جمع
۷۹	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۱۳	۹	۲۲
۸۰	۰	۰	۱	۰	۰	۰	۱۱	۱۷	۲	۳۱
۸۱	۴	۲	۷	۰	۳	۲	۲	۲	۸	۳۰
۸۲	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۲	۰	۲
۸۳	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۷	۹	۱۶
۸۴	۱	۰	۰	۰	۲	۳	۰	۷	۴۵	۵۸
۸۵	۱	۲	۲	۲	۰	۳	۳	۱۶	۳۲	۶۱
۸۶	۰	۰	۱	۰	۲	۳	۳	۱۲	۶۰	۸۱

۶۶	۰	۱۶	۵	۱۹	۱۷	۰	۱	۰	۸	۸۷
۸	۰	۰	۸	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۸۸
۳۷۵	۱۶۵	۹۲	۳۲	۳۰	۲۴	۲	۱۲	۴	۱۴	جمع

*- اطلاعات سال های ۱۳۶۷ تا ۱۳۷۸ به علت عدم ثبت گزارشات مرگ و میر در این جدول نیامده است.

نتیجه گیری:

با توجه به اینکه بالاترین میزان نسبی تلفات بزغاله بعد از شیرگیری تا یک سالگی حاصل شده است، به منظور افزایش زنده ماندنی بزغاله ها، بایستی نحوه مدیریت (بهداشتی و تغذیه ای) در دوره های بعد از شیرگیری بهبود یابد و زمان رهاسازی بزهای نر در گله با توجه به فصل زایش مناسب با منطقه خراسان جنوبی رعایت شود. همچنین به خاطر اثر معنی دار وزن تولد بر میزان تلفات، برای بهبود میزان زنده ماندنی بایستی به دنبال بهبود وزن تولد بزغاله ها در حد میانگین این نژاد از طریق بهبود شرایط محیطی و اصلاح نژاد بود (۲).

سپاسگذاری:

از همکاری صمیمانه سازمان جهاد کشاورزی استان خراسان جنوبی و پرسنل زحمتکش مرکز اصلاح نژاد بزکرکی سریش قدردانی و تشکر می شود.

منابع:

باقری، م و فرجی ناچقی، م. ۱۳۸۷ بررسی روند مرگ و میر بره های لری بختیاری از تولد تا شیرگیری طی ۱۲ سال. مین کنگره علوم دامی کشور.

سی سختی، د. وطن خواه، م. میرزایی، ح. ر. یوسف الهی، م و حسین پور مشهدی، م. ۱۳۸۷. بررسی برخی از عوامل محیطی موثر بر زنده ماندنی در بره های نژاد لری بختیاری. سومین کنگره علوم دامی کشور.

- 1- Daniels, J. T., P. G. Hatfield, R. W. Kott and J. G. P. Bowman. 2000. Evaluation of ewe and lamb immune response when ewes were supplemented with vitamin E. J. Anim. Sci. 78, 2731-2736.
- 2- Johnston, W. S., G. K. MacLauchlan, j. s. Murray. 1980. A survey of sheep losses and their causes on commercial farm in the north of Scotland. Vet. Rec. 106:238.
- 3- SAS, 1996. Release 6.11, SAS Institute Inc., Cary, North Carolina, USA.
- 4- Sawalha. R. M., J. coning ton. S. Brother Stone and B. Villanueva. 2007. Analyses of lamb survival of Scottish Blackface sheep. Anim. 1:151-157.

Review process Birjandy fluffy goat kid mortality from birth to age over 22 years
 Mohammad Hassan adelikhah^{*1}, Mahdi mirzaei² and sekinah naghaviean³
 MSc in animal breeding of tarbiat modares university¹, bio technology student of paeam nor
 university of Tehran² and MSc in animal breeding of Gorgan university³
 * Corresponding E-mail address: mh.adelikhah@gmail.com

Abstract

This study was mortality trends during the years 1367 to 1388 goats in the goat station fluffy Sarbishe. from 22 150 heads of animals recorded in the center, Only information's death and removal from the herd numbered 4249 head 4095 is available that considered in the



calculations. Animals 375 from birth to age in a herd have been lost. In this study, sex of kid, type of birth, birth weight, birth year, maternal age and age at death was investigated. The kid was born outside the usual season of birth in the region had a higher mortality. Mortality percent in twin goats was more goats' singleton. Their relationship was found with birth weight Kids so that a higher birth weight in their mortality rate was lower. The highest mortality rate of goats born to mothers with kids ages 2 and 3 years and between the age of weaning and one year was seen greatest losses.

Key word: Birjany fluffy goat- Death and removal- Environment factors

بررسی وضعیت Bottleneck در نمونه ای از جمعیت کبک ایرانی با استفاده از آنالیز ریز ماهواره ها

کربلائیان عباس^۱، امیری نیا سیروس^۲، همتی بهزاد^۳ و عمرانی حسین^۴

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دانشگاه آزاد کرج karbala_47@yahoo.com

۲و۴- عضو هیئت علمی موسسه تحقیقات علوم دامی کشور^۳- عضو هیئت علمی دانشگاه آزاد کرج

چکیده

در این تحقیق از ۱۲۰ قطعه کبک بطور تصادفی خونگیری و با استفاده از روش نمکی استخراج DNA صورت گرفت. جایگاه های مورد استفاده عبارت بودند از ARU 1G49، ARU1I 125، ARU1E7، ARU1E93، ARU 1F25، ARU 1D39 و ARU 1A1، 1K10. که پس از بهینه سازی، PCR الکتروفورز محصولات آن بر روی ژل اکریل آمید، رنگ آمیزی به روش نیترات نقره انجام شد و تعیین ژنوتیپ صورت گرفت. داده های آماری با استفاده از نرم افزار های POPGENE و GENALEX مورد آنالیز و همچنین جهت برآورد میزان باتلنک از نرم افزار BOTTLENECK استفاده گردید. تعادل هاردی واینبرگ با آزمون مربع کای χ^2 بدست آمد. در کل جمعیت تمامی مکانهای ژنی مورد مطالعه از تعادل فوق انحراف معنی داری نشان دادند ($P < 0.05$). بیشترین و کمترین تعداد الل مشاهده شده به ترتیب مربوط به جایگاه های ARU1G49 با ۲۱ الل و ARU 1K10 با ۴ الل بود. میانگین فراوانی اللی (NA)، شاخص شانون و PIC، به ترتیب ۹/۳۳۳، ۱/۸۲۸۳ و ۰/۷۰۹۲ بود. تنوع درون جمعیتی بر اساس آنالیز مقادیر هتروزیگوسیتی بررسی شد که میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده ۰/۲۰۳ و میانگین هتروزیگوسیتی مورد انتظار نا اریب در این جمعیت ۰/۷۹۷ بود. تعداد مورد انتظار جایگاههای با فزونی هتروزیگوسیتی با استفاده از مدل IAM و TPM به ترتیب ۳/۵۶ و ۳/۵۴ بدست آمد. مقادیر احتمالات نیز در این دو مدل به ترتیب ۰/۴۳۳۱ و ۰/۴۲۲۸ محاسبه شد که بر اساس آن می توان گفت BOTTLENECK اتفاق نیفتاده است.

واژه های کلیدی: کبک ایرانی - نشانگرهای ریز ماهواره-هتروزیگوسیتی BOTTLENECK-

مقدمه

افزایش اطلاعات از ساختار ژنتیکی پرندگانی مثل کبک و بلدرچین (عمرانی و همکاران ۱۳۸۸) می تواند مقدمه ای بر برنامه ریزی های اصلاح نژادی آتی باشد. این تحقیق بعنوان دومین بررسی بر روی ساختار ژنتیکی کبک ایرانی انجام شد، به علت کاهش افراد، علایم inbreeding depression در جمعیت پدیدار می شود. در واقع فراوانی های ژنی دستخوش تغییر می شوند. ژنهایی با فراوانی بالاتر احتمال باقی ماندنشان بیشتر و ژنهای نادر احتمال عدم وجودشان در جمعیت Bottleneck یافته بسیار زیاد است. به دلیل ثبات آلل های کشته و کاهش واریانس ژنتیکی روی Fitness تاثیر منفی می گذارد. ضمناً موتاسیون های مفید کمتری رخ می دهد (به دلیل کاهش سایز جمعیت) و به سبب رانده شدن ژنی بسیاری آللهای مفیدی که در اثر موتاسیون ایجاد شده بود نیز حذف خواهند شد (Reed.D.H 2003). بسیاری از جمعیت های bottleneck یافته به این ترتیب منقرض شده اند یا در معرض خطر انقراض هستند. هدف از این تحقیق بررسی احتمال بروز Bottleneck در نمونه ای از جمعیت کبک ایرانی می باشد.

مواد و روش ها



از ۲۰۰ میکرولیتر خون گرفته شده از ۱۲۰ قطعه کبک ۵ ماهه موجود در موسسه تحقیقات علوم دامی (جمع آوری شده از مراتع کشور)، استخراج نمکی DNA (Miler و همکاران ۱۹۹۸) صورت گرفت. پس از استخراج، برای تعیین کیفیت DNA ژنومی (Karp.A و همکاران ۱۹۹۸) دوروش اسپکتروفتومتریو ژل آگارز ۲ درصد استفاده شد. برای تعیین میزان چند شکلی^۱ (PIC)، تعداد آلل^۲، تعداد آلل موثر^۳ و میزان هتروزیگوسیتی از آغازگرهای طراحی شده توسط Ferrero (۲۰۰۷) استفاده شد که توالی آغازگرها به صورت جدول شماره ۱ بودند. برای انجام واکنش زنجیره ای پلیمرز از بافر PCR، dNTPs، MgCl₂ و آنزیم Taq ساخته شده توسط شرکت GeneCraft آلمان استفاده شد. برنامه های دمایی واکنش زنجیره ای پلیمرز شامل ۳۵ سیکل تکثیر با دمای واسرشت اولیه ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۲ دقیقه، دمای واسرشت ۹۴ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه، دمای اتصال متغیر (جدول ۲) به مدت ۳۰ ثانیه، دمای تکثیر ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۳۰ ثانیه و دمای تکثیر نهایی ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۵ دقیقه بود. سپس محصول واکنش زنجیره ای پلیمرز روی ژل پلی اکریلامید ۸٪ الکتروفورز و متعاقباً باروش نیترا ت نقره رنگ آمیزی گردید و سپس تعیین ژنوتیپ صورت گرفت و داده های آماری با استفاده از نرم افزار GENALEX مورد آنالیز قرار گرفت. همچنین جهت برآورد میزان باتلنک از نرم افزار BOTTLENECK استفاده شد. برای تعیین کیفیت DNA، نمونه ها بر روی ژل آگارز ۲٪ بارگذاری و سپس در زیر نور ماورای بنفش مشاهده و عکس برداری شدند. نمونه ها عاری از هر گونه کشیدگی و شکستگی بودند که نشان از کیفیت خوب و عدم آلودگی آنها داشت و کیفیت آنها برای PCR مناسب ارزیابی گردید. بجر دو نشانگر Aru1A1 و Aru1F25 باقی نشانگرهای مورد مطالعه پس از بهینه سازی واکنشهای PCR تکثیر شدند.

جدول ۱- مشخصات جایگاههای انتخاب شده برای تحقیق حاضر

شماره دسترسی	واحد تکرار شونده	سایز bp ()	توالی آغازگرها	نام جایگاه
AEF54663	(CCAT)19	۲۵۲- ۲۳۲	F GGAAGCCAGATGAACCAAGG	Aru1A1
			R ATGCATGCGTGGAGGCTGAG	
EF546639	(GT)16	۱۶۰- ۱۵۰	F ATGTGGAGACCTGGCGAGGA	Aru 1D39
			R CCACTTCACATCAACACCCA	
EF546640	(GGAT)12	۲۱۲- ۱۷۶	F CCACTTCACATCAACACCCA	Aru 1E7
			R GCACTGGATTTCGGTTTGG	
EF546648	(GAGAA)31	۳۳۳- ۲۳۳	F TTCTACGATCTGGTCAGCCTC	Aru 1G49
			R GCACTTCTTCAGGCGCAGCT	
EF546649	(GCT)8	۹۱-۹۷	F TTCTACGATCTGGTCAGCCTC	Aru 1I121
			R TGCCTGCTAAGGAGCCAC	
EF546642	(GACA)32	۸۲-۱۲۶	F CACGTCAATATGCTAGAGCG	Aru 1E93
			R TGCCTGCTAAGGAGCCAC	
EF546651	(GT)14	۹۱-۹۷	F GTGGAGAAGATATTGTTT	Aru 1K10
			R GGGAGCATTCAATTATTG	
EF546645	(CCAT)15	۲۴۰- ۱۷۴	F CCTAATGCTGTGTCCACCTC	Aru 1F25
			R CCTAATGCTGTGTCCACCTC	



نتایج و بحث

قبل از انجام واکنش های PCR، اجزا و چرخه های دمایی PCR طبق پیشنهاد FERRERO و همکاران (۱۹۹۶) (جدول ۳) بهینه سازی شد. اندازه الی، تعداد ال مشاهده شده ودمای اتصال برای هر جایگاه بررسی که به شرح جدول ۲ نشان داده شده است.

در این تحقیق، دامنه مقادیر هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho) از ۰/۹۴ تا یک متغیر می باشد که کمترین مقدار درجایگاه Aru 1D39 و بیشترین مقدار در جایگاه های Aru1E7, Aru1G49 می باشد. میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده در این مطالعه ۰/۷۹۴ بدست آمد.

میانگین ال واقعی در این مطالعه ۶/۲۲ بدست آمد در حالیکه Ferrero و همکاران (۲۰۰۷) که از جایگاه های مشابه تحقیق حاضر بر روی کبک های اسپانیا استفاده کرده بودند، ۷/۴۵ و ۸/۱۵ مورد گزارش نمودند (جدول ۲). با توجه به مقادیر محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) محاسبه شده مربوط به نشانگر Aru 1G49 در جمعیت کبکهای مورد مطالعه، با وجود تعداد ۲۱ آللهای مشاهده شده در آن دارای بیشترین چندشکلی است. شاخص اطلاعات شانون (I) نیز تایید کننده این مطلب است. همچنین نشانگرهای Aru 1K10 که ۴ ال دارد، چند شکلی کمتری دارد.

جمعیت مورد مطالعه در تعادل هاردی واینبرگ می باشد، تنوع ژنی مورد انتظار در تعادل از روی تعداد آللهای مشاهده شده با فرض ثابت بودن اندازه جمعیت (فرض تعادل) محاسبه می شود. فرض مدل TPM (جهش دو مرحله ای) برای انجام آزمون Bottleneck پیشنهاد می گردد Luikart.G و همکاران (۱۹۹۸). مدل TPM حد واسطه دو مدل SMM (جهش مرحله ای) و IAM (ال نامحدود) می باشد و نسبت به این دو مدل، برای ریز ماهواره ها مناسب ترمی باشد. برای تعیین معنی دار بودن یا نبودن تعداد جایگاههایی که فزونی تنوع ژنی دارند سه آزمون بکار گرفته شد. آزمون sign test، که از لحاظ آماری آزمونی ضعیف شناخته می شود، آزمون standardized different test یا آزمون تفاوت های استاندارد شده که این آزمون به حداقل ۱۰ جایگاه چند شکل برای داشتن دقت بالاییاز دارد و آزمون رتبه ای Wilcoxon (آزمون ناپارامتری) با توجه به تعداد ۶ جایگاه این مطالعه، نسبت به دو آزمون دیگر توانمند تر است. (این آزمون برای تعداد جایگاه کم، و یا برای هر جمعیت با هر تعداد فرد می تواند مورد استفاده قرار بگیرد) (سیدآبادی و همکاران ۱۳۸۸).

جدول ۲- خلاصه ای از وضعیت تکثیر جایگاه های مورد مطالعه

دامنه اندازه	دامنه اندازه	تعداد ال	تعداد ال	دمای	دمای	جایگاه
الی در	الی بدست	مشاهده شده در	ال	اتصال در	اتصال	
گزارش	آمده (BP)	گزارش	مشاهد ه شده	گزارش	بدست آمده	
FERRE RO	FERRERO	FERRERO CADIZ /ALAVA				
۱۵۰-۱۶۰	۱۴۰-۱۷۰	۴ / ۵	۷	۵۸	۵۸	Aru1D39
۱۷۶-۲۱۲	۱۷۵-۲۱۵	۷ / ۸	۹	۵۵	۵۵	Aru1E7



Aru1G49	۶۲	۶۲	۲۱	۱۵ / ۱۵	۲۳۵-۳۳۵	۲۳۳-۳۳۳
Aru1I121	۶۲	۶۲	۶	۲ / ۳	۹۰-۹۸	۹۱-۹۷
Aru K10	۵۲	۵۲	۴	۲ / ۴	۹۰-۹۷	۹۱-۹۷
Aru1E93	۵۶	۵۶	۹	۷ / ۷	۸۰-۱۲۰	۸۲-۱۲۶

جدول ۳- غلظت و میزان اجزاء مورد استفاده در این تحقیق

غلظت	اجزاء واکنش
1X	BUFFER
2 MM	PCR
1.5μM	MGCL2
1.5μM	PRIMERF
200μM	PRIMERR
0.5U/REAC	DNTPS
TION	TAQ
150	DNA
NG/REACT	DDH2O
ION	
-	
20ML	حجم نهایی

استفاده از ۳ مدل تکامل ریزماهورهای

جدول ۴-۷ آزمون فرض صفر با

Test/Model	IAM		TPM		SMM	
	انتظار	احتمال	انتظار	احتمال	انتظار	احتمال
sign test	۳/۵۶	۰/۴۳۳۱	۳/۵۴	۰/۰۴۲۲۸	۳/۵۵	۰/۵۲۵۶۶
Wilcoxon test	۳/۵۱۷	۰/۰۰۰۲۲	۲/۹۱۰	۰/۰۰۱۸۰	۱/۲۳۴	۰/۰۱۰۸۵
standardized different test	۱/۰۰۰	۰/۰۰۷۸۱	۱/۰۰۰	۰/۰۰۷۸۱	۰/۹۷۶۵۶	۰/۳۹۰۶

منابع و ماخذ:

۱- سیدآبادی حمیدرضا و همکاران (۱۳۸۸) در بررسی تنوع ژنتیکی و احتمال وقوع Bottleneck در جمعیت اسبچه خزر با استفاده از نشانگرهای ریزماهورها.

۲- عمرانی، حسین- نجاتی، اردشیر - امیری نیا، سیروس- اسماعیل خانیان، سعید- علیوردی نسب، رامین- جوانروح، علی. آنالیز تنوع ژنتیکی در جمعیت بلدرچین با استفاده از مارکرهای ریزماهورها. موسسه تحقیقات علوم دامی کشور. گزارش نهایی. ۱۳۸۸.

3-Ferrero, M.E, Gonzalez, P. DAVILA, P. (2007). Sixteen new polymorphic microsatellite markers isolated for red legged partridge (*Alectoris rufa*) and related species. molecular Ecology Notes. 2007. Volume 7 Issue 6, Pages 1349 – 1351

4-Karp. A., P. G. Isaac., and D. S. Ingram. 1998. Molecular tools for screening biodiversity, Plants and Animals, First edition. Chapman & Hall, London. UK.

5-Luikart G., Allendorf F.W., Cornuet J.M. & Sherwin W.B. (1998) Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks. *The Journal of Heredity* 89, 238-247.

6-Reed.D.H, E.H.Lowe, D.A.Briscoe and R.Frankham, 2003, Fitness and adaptation in novel environment :Effect of inbreeding , prior environment and lineage.

An Investigation on Bottleneck in a Persian Partridge Population Sample by using Microsatellite Markers

Karbalaieian, A.¹, Amirinia, S.², Hemmati, B.³ And omrani, H.⁴

1. Graduate student of animal genetic improvement. karbala_47@yahoo.com
- 2,4 Faculty member of animal science institute,
3. Faculty member of Islamic Azad university, Karaj branch, Iran

Abstract

This study was aimed to investigate the genetic variation and bottleneck probability in a Persian partridge population and the loci used in this study were Aru 1F25, Aru1E93, Aru1E7, Aru1I 125, Aru 1G49, Aru 1K10, Aru 1A1, and Aru 1D39. All loci in this population showed a significant bias from the Hardy-Weinberg equilibrium (Table 4, $P < 0.05$). The maximum and minimum frequency for observed alleles were Aru1G49 (21 alleles) and Aru 1K10 (4 alleles) respectively. The average allele frequency (n_a), Shannon diversity index and PIC were 9.333, 1.8283 and 0.7092 respectively. Intra-population diversity investigated based on heterozygosity values. Based on data analysis of the given population, the average of observed and expected unbiased heterozygosity was 0.203 and 0.797 respectively. The number of expected loci with increasing of heterozygosity determined by IAM and TPM models was 3.56 and 3.54 with the probability of 0.4331 and 0.04228 respectively. Based on standardized different test, sign test and the more potent Wilcoxon test, probability values calculated in these models showed no bottleneck occurrences in the population.

Key words: Persian partridge - micro satellite markers - heterozygosity- Bottleneck



برآورد پارامترهای ژنتیکی تعداد روزهای باز و فواصل گوساله زایی در

گاوهای هلشتاین ایران

^۱، احمد آیت اللهی^{۲*} مژده محمودی

^۱ عضو انجمن پژوهشگران جوان و دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح دام، دانشگاه شهید باهنر کرمان

^۲ استادیار دانشگاه شهید باهنر کرمان

Mozhdeh3940@gmail.com نویسنده مسئول: مژده محمودی، *

چکیده

به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی روزهای باز و فواصل گوساله زایی گاوهای هلشتاین از رکوردهای مربوط به ۴۵۳۰۶ حیوان از ۸۴ گله استفاده شد. رکوردها توسط مرکز اصلاح نژاد دام کشور طی سالهای ۱۳۸۰ تا ۱۳۹۰ جمع آوری شده بودند. مدل تکرارپذیر برای آنالیز داده ها استفاده شد. میانگین و انحراف استاندارد برای روزهای باز به ترتیب ۱۱۸/۳ و ۶۴ و برای فاصله گوساله زایی به ترتیب ۳۹۶/۳ و ۶۴ روز برآورد گردید. وراثت پذیری روزهای باز و فواصل گوساله زایی به ترتیب 0.056 ± 0.0049 ، 0.054 ± 0.0049 و تکرارپذیری به ترتیب 0.11 ± 0.0047 ، 0.11 ± 0.0048 برآورد شد. واژگان کلیدی: وراثت پذیری- تکرارپذیری- روزهای باز- فواصل گوساله زایی- گاو هلشتاین

مقدمه

عملکرد تولید مثلی دام سود آوری گله های گاو شیری را تحت تاثیر قرار می دهد (۵). می توان گفت گاوی از لحاظ باروری مناسب می باشد که در یک زمان مناسب پس از زایش فحلی را بروز دهد و با حداقل تعداد تلقیح آستن گردد (۶). اثرات عملکرد نامطلوب باروری شامل: افزایش روزهای باز و فاصله گوساله زایی، افزایش حذف غیر اختیاری، افزایش هزینه جایگزینی باعث کاهش سود آوری می گردد (۱۱). در حال حاضر مشکلات تولیدمثلی بخش مهمی از مشکلات گاوهایی موجود (۱۶٪ در ایالات متحده آمریکا و ۲۵٪ در کانادا) را تشکیل می دهد. در سالهای اخیر بیشترین توجه در برنامه های اصلاح نژادی بر روی تولید شیر بوده است، که این خود سبب کاهش در باروری گاوهایی شیری گردیده است زیرا بین صفات تولید شیر و باروری همبستگی ژنتیکی نامطلوبی وجود دارد. بنابراین در برنامه های اصلاح نژادی باید به صفات تولیدمثلی دام نیز توجه شود (۸).

گزالس-رسیو و آندا (۲۰۰۵) برای فاصله گوساله زایی، روزهای باز، موفقیت در اولین تلقیح وراثت پذیری ۰/۰۴ برای فاصله بین زایش تا اولین تلقیح وراثت پذیری ۰/۰۵ و برای فاصله بین اولین تا آخرین تلقیح وراثت پذیری ۰/۰۳ را گزارش کردند.

مؤلفه های واریانس و کوواریانس مبنای برآورد وراثت پذیری، تکرارپذیری صفات هستند. بر این اساس برآورد مؤلفه های واریانس و کوواریانس برای طراحی برنامه های مناسب اصلاحی، پیش بینی ارزش های اصلاحی حیوانات و محاسبه پیشرفت ژنتیکی ضروری می باشد (۱۰). هدف از این مطالعه برآورد وراثت پذیری و تکرارپذیری برای تعداد روزهای باز و فواصل گوساله زایی در گاوهایی هلشتاین ایران بود.

مواد و روشها



در این پژوهش از داده‌های جمع آوری شده توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور برای گاوهای هلشتاین در ۴ دوره شیردهی شامل داده‌های روزهای باز و شجره در طی سال‌های ۱۳۸۰ تا ۱۳۹۰ و مربوط به ۸۴ گله استفاده گردید. تعداد و ترکیب جمعیت مورد مطالعه در جدول ۱ نشان داده شده است. به این دلیل که داده‌ها به صورت شمارشی بود و توزیع نرمال نبود از لگاریتم داده‌ها استفاده شد. سپس ویرایش داده‌ها با اعمال محدودیت‌های زیر انجام گردید:

۱. حیواناتی که دارای روزهای باز در محدوده ۲۱ تا ۳۰۰ روز نبودند، حذف شدند.
۲. حیواناتی که دارای روزهای شیردهی در محدوده ۵ تا ۳۰۵ روز نبودند حذف شدند.
۳. آماده سازی و ویرایش داده‌ها توسط نرم افزارهای فاکس پرو نسخه ۲/۶، سیگوین نسخه ۱-۱،۷،۷ و ایکسل ۲۰۱۰ انجام گرفت.

جدول ۱- تعداد و ترکیب جامعه آماری مورد مطالعه

تعداد حیوانات دارای رکورد	۴۵۳۰۶
تعداد کل نرها	۱۴۳۸
تعداد کل ماده‌ها	۲۸۴۲۲
تعداد حیوانات دارای نتاج	۲۹۸۶۰
تعداد حیوانات فاقد نتاج	۲۹۴۰۱
تعداد حیوانات پایه	۱۴۳۸ پدران
	۱۳۵۲۸ مادران
	۲۲۵۸ فاقد نتاج
تعداد پدر بزرگ‌ها	۹۹۰ پدر بزرگ‌ها
	۱۱۶۸۱ مادر بزرگ‌ها
تعداد پدر پدر بزرگ‌ها	۵۷۴ پدر پدر بزرگ‌ها
	۴۴۱۴ مادر مادر بزرگ‌ها

مدل مورد استفاده

برای تجزیه و تحلیل از مدل تکرارپذیر استفاده شد که به صورت زیر تعریف می‌شود:

$$y = Xb + Z_1u + Z_2pe + e$$

در این مدل، y بردار مشاهدات (شامل روزهای باز)، b بردار اثرات ثابت (شامل گله-سال-فصل زایش، ۴ سطح شکم زایش، تعداد دفعات دوشش ۳ و ۴ بار)، u بردار اثر ژنتیک افزایشی هر حیوان (تصادفی)، pe بردار اثر تصادفی کواریانس محیطی بین رکورد های تکرار شده (یا اثر محیطی پایدار) مربوط به حیوان، X ماتریس ضرایب ارتباط دهنده اثرات ثابت به بردار مشاهدات، Z_1 ماتریس ضرایب ارتباط دهنده اثر تصادفی به بردار مشاهدات، Z_2 ماتریس ضرایب ارتباط دهنده محیط دائمی به بردار مشاهدات، e بردار اثر تصادفی باقیمانده می‌باشد. برآورد مولفه‌های واریانس برای صفت روزهای باز با استفاده از نرم افزار ASReml محاسبه گردید. در این مطالعه مقادیر واریانس فنوتیپی، ژنتیکی افزایشی، محیطی دائم و واریانس خطا با استفاده از مدل تکرارپذیری برای صفت روزهای باز به ترتیب برابر با ۰/۰۵۶، ۰/۰۰۳، ۰/۰۰۳، ۰/۰۰۵ و برای صفت فواصل گوساله زایی به ترتیب برابر با ۰/۰۰۴۶، ۰/۰۰۰۳، ۰/۰۰۰۳، ۰/۰۰۰۴ محاسبه گردید.

نتایج و بحث



وراثت پذیری و تکرارپذیری

وراثت پذیری روزهای باز $0/056 \pm 0/0049$ و تکرارپذیری $0/11 \pm 0/0047$ برآورد شد و وراثت پذیری فواصل گوساله زایی در این تحقیق $0/054 \pm 0/0049$ و تکرار پذیری $0/11 \pm 0/0048$ برآورد شد.

توقیانی پوزوه و همکاران (۲۰۰۹) وراثت پذیری صفات تولیدمثلی را در گاوهای هلشتاین استان خراسان $0/04$ تا $0/07$ و تکرارپذیری را $0/06$ تا $0/12$ گزارش نمودند. قیاسی و همکاران (۱۳۸۹) وراثت پذیری روزهای باز را ($0/076$) و برای فاصله گوساله زایی ($0/074$) برآورد کردند. گروهی از محققین وراثت پذیری فاصله گوساله زایی، روزهای باز، موفقیت در اولین تلقیح را $0/04$ برآورد کردند (۷). بختیاری زاده و همکاران (۱۳۸۸) وراثت پذیری صفت روزهای باز با کاربرد مدل تکرارپذیر در ۳ دوره زایش $0/34$ و تکرارپذیری را $0/06$ همچنین وراثت پذیری این صفت با کاربرد مدل تک متغیره و دو متغیره را همین مقدار برآورد کردند. پهلوان و همکاران (۱۳۸۹) وراثت پذیری فاصله دو زایش اول و دوم، $0/02 \pm 0/01$ برآورد کردند. وراثت پذیری فاصله زایش گاوهای هلشتاین ایران $0/05$ گزارش شده است (۴).

وراثت پذیری و تکرارپذیری حاصل از این پژوهش در دامنه نتایج سایر محققین قرار دارد و در محدوده وراثت پذیری صفات تولیدمثلی ($0/10 - 0/01$) می باشد. به طور کلی وراثت پذیری کم صفات تولیدمثل نشان می دهد که تغییرات آنها بیشتر تحت تاثیر عوامل غیر ژنتیکی قرار داشته و تغییر در میانگین آنها به بهبود عوامل محیطی و مدیریتی مختلف (نظیر تغذیه، مدیریت تشخیص فحلی و غیره) بستگی دارد. لذا پیشرفت ژنتیکی در این صفات از طریق انتخاب کم است (۹). در کل با توجه به این که وراثت پذیری از خصوصیات جمعیتی می باشد، از جامعه ای به جامعه دیگر متفاوت می باشد. همچنین با تعریف مدل های مختلف و عوامل موجود در مدل تغییر می کند در نتیجه متفاوت بودن مقادیر بدست آمده در مطالعات انجام شده امری طبیعی می باشد.

سپاسگزاری

از مرکز اصلاح نژاد دام کشور جهت فراهم نمودن اطلاعات مورد نیاز این تحقیق صمیمانه تقدیر و تشکر می شود.

منابع

۵. بختیاری زاده، م. مرادی شهربابک، م. پاکدل، ع. مقیمی، ا. ۱۳۸۸. برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تیپ، تولید شیر و روزهای باز در گاوهای هلشتاین ایران. مجله علوم دامی ایران. ۴: ۱۹-۱۳.
۶. پهلوان، ر. مقیمی، ا. ۱۳۸۹. بررسی ژنتیکی صفات ظاهری بدن، تولید و تولید مثل در یک جامعه گاو هلشتاین. فصلنامه تخصصی علوم دامی ۱۲: ۳-۱.
۷. قیاسی، ح. پاکدل، ع. نجاتی جوارمی، ا. مهربانی یگانه، ح. شهریور ۱۳۸۹. برآورد اجزای واریانس صفات مرتبط با باروری در گاوهای هلشتاین. چهارمین کنگره علوم دامی ایران. دانشگاه تهران (کرج).
۸. هنرور، م. مرادی شهربابک، م. میرایی آشتیانی، س. ر. ۱۳۸۳. بررسی پارامترهای صفات تولیدمثلی و رابطه آن با تولید شیر در گاوهای هلشتاین ایران. اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور. صفحه ۶۸۵.

5. De Vries, A. 2006. Economic Value of Pregnancy in Dairy Cattle J. Dairy Sci. 89: 3876-3885.
6. De Jong, G. 1998. Index for daughter's fertility in the Netherlands. 1997. Interbull Bull. 18: 102-105.
7. González-Recio O and Alenda R 2005. Genetic Parameters for Female Fertility Traits and a Fertility Index in Spanish Dairy Cattle. J. Dairy Sci. 88, 3282-3289.



8. Liu, Z., J. Jaitner, E. Pasman, S. Rensing, F. Reinhardt, and R. Reents. 2007. Genetic evaluation of fertility traits of dairy cattle using a multiple-trait model. *Interbull Bull.* 37:134 – 139.
9. Royal, M. D., Flint, A. P. F. and Woolliams, J. A. 2002. Genetic and phenotypic relationships among endocrine and traditional fertility traits and production traits in Holstein-Friesian dairy cows. *J Dairy Sci* 85:958-967.
10. Thompson, R. 1996. Design of experiments to estimate genetic parameters within population. In: *Evolution and Animal Breeding*. W. G. Hill and T. F. C. Mackay. CAB International. 169-174.
11. Toghiani Pozveh, S., A.A. Shadparvar, M. Moradi Shahrababak, and M. Dadpasand Taromsari. 2009. Genetic analysis of reproduction traits and their relationship with conformation traits in Holstein cows. *Livestock Science*. 125: 84–87.

Estimates Genetic Parameters of Open Days and Calving Interval in Holstein Dairy Cattles

Mahmoudi M.^{1*}, Ayatollahi A.²

¹Member of Young Researchers Society,

MSc. Student of Animal genetic and breeding, Shahid Bahonar University of Kerman

²Assistant professor of Shahid Bahonar University of Kerman

* Corresponding E-mail address: mozhddeh3940@gmail.com

Abstract

The genetic parameters of open days and calving interval traits of Holstein Cows was estimated using the records measured on 45,306 cows from 84 herds. The records were collected by the Animal Breeding Center of Iran, during 2001 to 2011. Univariate animal models were used for the analyses. The means and standard deviation of open days were estimated 118.3, 64 and for calving interval 396.3, 64 days, respectively. The heritability of open days and calving interval by using repeatability model were 0.056 ± 0.0049 and 0.054 ± 0.0049 , respectively. Repeatability of these traits were 0.11 ± 0.0047 and 0.11 ± 0.0048 , respectively.

Key Words: Heritability- Repeatability- Open days- Calving Interval- Holstein dairy cattle



عوامل موثر بر تعداد سلولهای سوماتیک شیر گاو بر اساس

بالینی سابقه ورم پستان

عبداله میرزایی^{*}، محمود ایاره^۱، عباس روشن قصرالدشتی^۲

۱- گروه علوم درمانگاهی دانشکده دامپزشکی دانشگاه شیراز ۲- گروه علوم درمانگاهی دانشگاه آزاد اسلامی واحد

کازرون

* نویسنده مسئول: عبداله میرزایی، شیراز، دانشکده دامپزشکی، گروه علوم درمانگاهی

Email: abdolah607@yahoo.com

چکیده

هدف از انجام این مطالعه بررسی فاکتورهای موثر بر تعداد سلولهای سوماتیک شیر گاوهای با و بدون سابقه ورم پستان بالینی در دوره‌های شیردهی قبلی است. به منظور انجام این مطالعه از گاوهای هلشتاین در یکی از گاوداری‌های شیراز استفاده گردید. زمان انجام مطالعه در ماههای تیر و آذر ۱۳۸۹ و اردیبهشت ۱۳۹۰ بود. نمونه‌های شیر (تعداد ۲۲۲ عدد، با حجم ۲۰ سی‌سی) از هر گاو (چهار کارتی) پس از خارج کردن چند دوشش اول جمع آوری شد و به آزمایشگاه اتحادیه دامداران فارس ارسال گردید. تعداد سلولهای سوماتیک شیر با استفاده از دستگاه خودکار فوزوماتیک ساخت کشور دانمارک اندازه‌گیری شد. شاخص‌های دوره‌ی شیردهی، روزهای پس از زایش یا مرحله شیردهی، زمان (ماه) نمونه‌گیری، میزان تولید شیر در زمان نمونه‌گیری و سابقه ابتلا گاو به بیماری ورم پستان بالینی یا عدم آن در دوره‌ی شیردهی قبلی تجزیه و تحلیل شد. ارتباط بین تعداد سلولهای سوماتیک و روزهای پس از زایش در گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی معنی‌دار بود، درحالی که در گاوهای با سابقه ورم پستان، ارتباط بین تعداد سلولهای سوماتیک و دوره‌ی شیردهی معنی‌دار می‌باشد. در تفسیر تعداد سلولهای سوماتیک مربوط به گاوهای بدون سابقه ابتلا به ورم پستان بالینی، میزان تولید شیر و روزهای پس از زایش دارای اهمیت بیشتری هستند؛ درحالی‌که در مورد گاوهای با سابقه ابتلا به ورم پستان بالینی، علاوه بر میزان تولید شیر، دوره شیردهی و زمان (ماه) نمونه‌گیری دارای اهمیت بیشتری می‌باشند. بنابراین سابقه ورم پستان بالینی در استفاده از تعداد سلولهای سوماتیک شیر به منظور انتخاب گاوهای مقاوم به ورم پستان حائز اهمیت می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: شیر- سلولهای سوماتیک- ورم پستان بالینی- گاو شیری

مقدمه

با افزایش تولید شیر برای پاسخ به نیازهای روز افزون جمعیت انسانی، حساسیت به بیماری‌ورم پستان در گاو افزایش یافته است؛ زیرا وراثت پذیری ورم پستان حدود یک سوم بیشتر از وراثت‌پذیری تولید شیر است (۱). ارتباط ژنتیکی بین ورم پستان بالینی و سلولهای سوماتیک شیر در دوره‌های شیردهی اول تا سوم ۰/۶ می‌باشد و انتخاب ژنتیکی براساس پایین بودن تعداد سلول-های سوماتیک شیر بروز ورم پستان بالینی را کاهش می‌دهد (۲). اصلاح نژاد به منظور انتخاب گاو شیری مقاوم به ورم پستان از طریق انتخاب مستقیم، با استفاده از اطلاعات ثبت شده ورم پستان بالینی و به طور غیرمستقیم با استفاده از صفاتی که با ورم پستان در ارتباط باشند از قبیل تعداد سلولهای سوماتیک شیر (SCC) (۳) و یا با استفاده از هر دو روش مستقیم و غیر مستقیم انجام می‌شود.

فاکتورهای مهم خطر ساز موثر بر تعداد سلولهای سوماتیک شیر شامل دوره‌ی شیردهی (سن گاو)، دوره‌های پس از زایش (مرحله‌ی شیردهی)، میزان تولید شیر، وضعیت عفونت و فصل سال می‌باشد (۱ و ۴).



هرچند مطالعات مختلفی در زمینه‌های بررسی ارتباط ژنتیکی بین ورم پستان بالینی و میزان تولید شیر و ترکیبات شیر از قبیل پروتئین و SCC انجام شده است، اما مطالعه‌ای جهت مقایسه عوامل مؤثر بر تعداد سلول‌های سوماتیک شیر گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی در دوره‌های شیردهی قبلی نسبت به گاوهای بدون سابقه ورم پستان صورت نگرفته است. با توجه به اهمیت SCC که اساس انتخاب گاوها جهت بهبود ژنتیکی مقاومت به ورم پستان قرار می‌گیرد، نتایج این مطالعه می‌تواند به استفاده دقیق‌تر از سلول‌های سوماتیک به صورت هدفمند در جهت انتخاب گاوهای مقاوم به ورم پستان کمک کننده باشد. هدف از انجام مطالعه حاضر مقایسه تعداد سلول‌های سوماتیک و عوامل مؤثر بر آنها در گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی و گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی است.

مواد و روش‌ها

این مطالعه در یک گاوداری صنعتی واقع در کیلومتر ۳۰ جاده شیراز-بوشهر انجام شد. به منظور مقایسه‌ی عوامل مؤثر بر تعداد سلول‌های سوماتیک شیر گاو، بررسی کارت های شناسایی هر گاو انجام شد. اطلاعات استخراج شده از کارت‌ها شامل: سابقه و تعداد ورم پستان بالینی و دوره شیردهی گاو بود. روزهای پس از زایش و میزان تولید شیر بر اساس فاصله زایمان تا روز نمونه گیری و میزان تولید شیر گاو در آن زمان محاسبه گردید. این مطالعه از تیرماه سال ۱۳۸۹ تا اردیبهشت سال ۱۳۹۰ و در سه ماه تیر ۱۳۸۹، آذر ۱۳۸۹ و اردیبهشت ۱۳۹۰ انجام گرفت. میزان دما، رطوبت نسبی و شاخص دما-رطوبت در زمان نمونه گیری در تیرماه به ترتیب $31/6^{\circ}\text{C}$ ، 17% و $74/8$ ؛ در آذرماه $29/3^{\circ}\text{C}$ ، 29% و $51/3$ ؛ و در اردیبهشت ماه $23/8^{\circ}\text{C}$ ، 20% و $67/4$ بود. در این مطالعه، تعداد ۲۲۲ نمونه شیر جمع‌آوری گردید.

پس از آماده‌سازی پستان و در زمان شروع شیردوشی به میزان ۲۰ میلی لیتر شیر از هر گاو (چهار کارتی) جمع‌آوری شد و به منظور شمارش تعداد سلول‌های سوماتیک شیر به آزمایشگاه اتحادیه دامداران فارس ارسال شد. تعداد سلول‌های سوماتیک با دستگاه فوسوماتیک اندازه‌گیری شد و سپس اعداد مورد نظر بر اساس کدهای اختصاص یافته برای هر گاو مشخص گردید. مقایسه تعداد سلول‌های سوماتیک و میزان تولید شیر گاوهای دارای سابقه ورم پستان و بدون آن با استفاده از تست من‌وایتنی انجام شد. تعداد سلول‌های سوماتیک در زمان‌های (ماه‌های) مختلف نمونه‌گیری به وسیله ی تست کروسکال‌والیس ۱ مورد آنالیز آماری قرار گرفتند. ارتباط بین تعداد سلول‌های سوماتیک و دوره‌ی شیردهی، روزهای پس از زایش و میزان تولید شیر به وسیله آزمون اسپیرمن انجام شد.

نتایج و بحث

میانگین (انحراف معیار) لگاریتم تعداد سلول‌های سوماتیک و میزان تولید شیر گاوهای دارای سابقه ی ورم پستان بالینی به طور معنی‌داری بیشتر از گاوهای بدون سابقه‌ی ورم پستان بالینی بود ($4/82 \pm 0/73$ در مقابل $0/56 \pm 0/48$ ، $p < 0/05$). همچنین میزان تولید شیر (کیلوگرم در روز) گاوهای دارای سابقه ی ورم پستان بالینی به طور معنی‌داری بیشتر بود ($9/70 \pm 36/50$ در مقابل $10/70 \pm 33/50$ کیلوگرم، $p = 0/05$). ارتباط بین تعداد سلول‌های سوماتیک و روزهای پس از زایش در گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی معنی‌دار بود، درحالی که در گاوهای با سابقه ورم پستان، ارتباط بین تعداد سلول‌های سوماتیک و دوره‌ی شیردهی معنی‌دار می باشد (جدول شماره ۱ و ۲). نتایج بیانگر ارتباط منفی معنی‌دار بین تعداد سلول‌های سوماتیک و میزان تولید شیر در هر دو گروه می باشد.

¹- Kruskal-Wallis Test



جدول شماره ۱: ارتباط بین دوره‌ی شیردهی، روزهای پس از زایش، میزان تولید شیر و تعداد سلول‌های سوماتیک شیر گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی ($n=122$)

فاکتور مؤثر	دوره‌ی شیردهی	روزهای پس از زایش	میزان تولید شیر
تعداد سلول‌های سوماتیک	+ ۰/۰۴	+ ۰/۴	- ۰/۵
مقدار احتمال	۰/۶	< ۰/۰۰۱	< ۰/۰۰۱

جدول شماره ۲: ارتباط بین دوره‌ی شیردهی، روزهای پس از زایش، میزان تولید شیر و تعداد سلول‌های سوماتیک شیر گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی ($n=100$).

فاکتور مؤثر	دوره‌ی شیردهی	روزهای پس از زایش	میزان تولید شیر (کیلوگرم در روز)
تعداد سلول‌های سوماتیک	+ ۰/۲	+ ۰/۰۰۳	- ۰/۳
مقدار احتمال	۰/۰۵	۰/۹	۰/۰۰۳

مقایسه میانگین تعداد سلول‌های سوماتیک در هر میلی لیتر شیر گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی در زمان‌های مختلف نمونه گیری، بیانگر تفاوت معنی‌داری بین ماه‌های اردیبهشت (۱۱۲۹۷۳) و تیر (۵۰۳۳۳)، تیر و آذرماه (۱۰۳۰۰۰) می باشد. در مورد گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی بین ماه‌های اردیبهشت (۶۷۷۲۷۲) و تیر (۱۴۱۰۰۰)، اردیبهشت و آذر (۱۵۳۰۰۰) تفاوت آماری معنی‌داری مشاهده گردید. تعداد سلول‌های سوماتیک گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی (۱۱۲۹۷۳) به طور معنی‌داری کمتر از گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی (۶۷۷۲۷۲) در ماه اردیبهشت بود. هرچند که تعداد سلول‌های سوماتیک گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی در ماه‌های تیر و آذر بیشتر از گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی بود؛ اما این تفاوت معنی‌دار نبود ($p > 0.05$). بر اساس نتایج مطالعه حاضر چنین به نظر می رسد که میزان تولید شیر و سابقه‌ی ابتلا به ورم پستان بالینی از اهمیت خاصی برخوردار هستند.

شارما و همکاران (۲۰۱۱)، گزارش کردند که مهم‌ترین فاکتور تأثیرگذار بر سلول‌های سوماتیک شیر یک کارتیبه بستگی به وضعیت عفونت در کارتیبه‌ی مورد نظر دارد (۵). مهم‌ترین فاکتور تأثیرگذار بر سلول‌های سوماتیک شیر کارتیبه‌های انفرادی و در نهایت گاو و گله، وضعیت عفونت در کارتیبه و پستان است. یکدیگر از عوامل مؤثر بر تعداد سلول‌های سوماتیک شیر، میزان تولید شیر است. تحقیق حاضر نشان داد که در هر دو گروه گاوهای مورد مطالعه، میزان تولید شیر ارتباط منفی معنی‌داری را با تعداد سلول‌های سوماتیک نشان می دهد؛ به عبارتی دیگر هر چه میزان تولید شیر افزایش می‌یابد تعداد سلول‌های سوماتیک شیر کاهش می‌یابد، که به دلیل حجم زیاد شیر، تعداد سلول‌ها در واحد حجم کاهش می‌یابد. با توجه به بیشتر بودن تعداد سلول‌های سوماتیک شیر گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی نسبت به گاوهای بدون سابقه بیماری، در نتیجه قدر-مطلق ضریب همبستگی بین تعداد سلول‌ها و میزان تولید شیر در گاوهای بدون سابقه بیشتر از گاوهای با سابقه بیماری می-باشد. به دلیل اثر رقیق‌سازی افزایش میزان تولید شیر بر SCC و همچنین مدیریت و نظارت دقیق‌تر و صحیح‌تر در گله‌های پرتولید و همچنین بکارگیری برنامه‌های منظم کنترل و پیشگیری ورم پستان، تعداد سلول‌های سوماتیک شیر در گله‌های پرتولید کمتر است (۱).



نتایج مطالعه حاضر نشان داد که در زمان تفسیر اطلاعات مربوط به تعداد سلول‌های سوماتیک، از بین عوامل موثر بر این سلول‌ها سابقه ورم پستان بالینی گاو، میزان تولید شیر آن و همچنین زمان نمونه‌گیری مهمتر از مابقی عوامل می‌باشند. اهمیت این سه عامل ذکر شده بیشتر از روزهای پس از زایمان و دوره شیردهی گاو می‌باشد. در مورد گاوهای بدون سابقه ورم پستان روزهای پس از زایش و در گاوهای با سابقه بیماری دوره شیردهی در تفسیر نتایج مربوط به شمارش تعداد سلول‌های سوماتیک باید در نظر گرفته شوند. تعداد سلول‌های سوماتیک گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی، فقط در ماه اردیبهشت به طور معنی‌داری بیشتر از گاوهای بدون سابقه ورم پستان می‌باشد. در هر دو گروه گاوهای مورد مطالعه، بیشترین تعداد سلول‌های سوماتیک در ماه اردیبهشت وجود دارد؛ در نتیجه در این مطالعه موثرترین ماه یا زمان نمونه‌گیری بر تعداد سلول‌های سوماتیک هر دو گروه اردیبهشت‌ماه می‌باشد.

نتایج بدست آمده حاصل از آنالیز ارتباط بین تعداد سلول‌های سوماتیک و عوامل تاثیرگذار در دو گروه گاوهای دارای سابقه و بدون سابقه ابتلا به ورم پستان بالینی نشان دهنده اهمیت تاثیر دوره شیردهی در گاوهای دارای سابقه ورم پستان بالینی بوده، اما در گروه گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی، روزهای پس از زایش از اهمیت خاصی برخوردار هستند؛ بطوریکه با افزایش دوره شیردهی گاوهای دارای سابقه ورم پستان، تعداد سلول‌های سوماتیک افزایش می‌یابد و بین روزهای مختلف پس از زایش و تعداد سلول‌ها ارتباطی مشاهده نمی‌شود.

در این مطالعه نشان داده شد که اثر زمان نمونه‌گیری دما و رطوبت نسبی بر تعداد سلول‌های سوماتیک در گاوهای دارای سابقه بیماری ورم پستان بالینی معنی‌دار بوده اما در گاوهای بدون سابقه اثر آن معنی‌دار نمی‌باشد. اثر میزان تولید شیر بر تعداد سلول‌های سوماتیک در هر دو گروه معنی‌دار بود. در نتیجه در تفسیر داده‌های مربوط به سلول‌های سوماتیک در گاوهای با سابقه ابتلا به ورم پستان نیز در نظر گرفته شود. چنین به نظر می‌رسد که در گاوهای با سابقه ورم پستان تعداد سلول‌های سوماتیک با افزایش روزهای پس از زایش تغییر معنی‌داری نمی‌کند، هرچند که میزان تولید شیر در مراحل مختلف شیرداری تغییر می‌کند؛ اما با افزایش دوره شیردهی گاو بطور معنی‌داری افزایش می‌یابد. در گاوهای بدون سابقه ورم پستان بالینی ارتباط بین تعداد سلول‌های سوماتیک و دوره‌های شیردهی مختلف گاو معنی‌دار نیست، اما با افزایش روزهای پس از زایش، بطور معنی‌داری تعداد سلول‌ها افزایش می‌یابد.

در نتیجه، همه عوامل تاثیرگذار بر تعداد سلول‌های سوماتیک شیر اهمیت دارند؛ اما براساس سابقه ابتلا به ورم پستان ورم پستان، اثر متفاوتی خواهند داشت. در تفسیر تعداد سلول‌های سوماتیک مربوط به گاوهای بدون سابقه ابتلا به ورم پستان بالینی، میزان تولید شیر و روزهای پس از زایش دارای اهمیت بیشتری هستند. درحالی‌که در مورد گاوهای با سابقه ابتلا به ورم پستان بالینی، علاوه بر میزان تولید شیر، دوره شیردهی و زمان (ماه) نمونه‌گیری دارای اهمیت بیشتری می‌باشند.

منابع

۱. قراگوزلو، ف. وجگانی، م. ۱۳۸۳. پیروزی در مبارزه علیه ورم پستان، ترجمه. انتشارات شرکت خدمات کشاورزی.
2. Bloemhof, S., G. De Jong, Y. De Haas. 2009. Genetic parameters for clinical mastitis in the first three Lactations of Dutch Holstein cattle. *Veterinary Microbiology*, 134:165-171.
3. Heringstad, B., G. Klemetsdal, J. Ruane. 2000. Selection for mastitis resistance in dairy cattle: a review with focus on the situation in the Nordic countries. *Livestock Production Science*. 64:95-106.
4. Ruegg, P. L. 2003. Investigation of mastitis problems on farms. *Veterinary Clinics of North America: Food Animal Practice*, 19:47-73.
5. Sharma, N., N. K. Singh, M. S. Bhadwal. 2011. Relationship of somatic cell count and mastitis: An overview. *Asian-Aust. Journal of Animal Science*, 3:429-438.



Factors affecting on the milk somatic cell count(SCC) of cow with and without clinical mastitis

Abdollah Mirzaei^{1*}, Mahmoud Ayareh¹, Abbas Rowshan Ghasrodashti²

1- Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, ShirazUniversity, Shiraz, Iran

2- Department of Clinical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Islamic AzadUniversity, Kazerun, Iran

*Corresponding E-mail address: abdollah607@yahoo.com

Abstract

Mastitis is one of the most important diseases that result in devastating economic effect on dairy herds. Milk somatic cell count(SCC) is an udder health parameter. This study conducted to study factor affecting on the milk somatic cell count of cow with and without clinical mastitis in previous lactations. Multiparous Holstein cows from a farm in Shiraz, southern Iran were used. The study was carried out in July and December 2010 and May 2011. Milk samples(n = 222; 20 ml) were taken from all quarters of lactating cows after the first three squirts of milk from each quarter were discarded. Milk SCC was measured using an electronic cell counting method(Fossomatic, Foss Electric, Denmark). SPSS software was used for the analyses of factors affecting the milk SCC including lactation number, days in milk, month of sampling, milk yield, and clinical mastitis in previous lactation. There was significant correlation between SCC and days in milk of cow without mastitis, and lactation number of cow with mastitis. Results of the present study showed that milk yield and days in milk were considerable factors for interpreting of SCC in cows without the historical information of clinical mastitis detection in previous lactation. While in cows with the clinical mastitis in previous lactation, milk yield, lactation number, and month of sampling should be considered. So, we concluded that the historical clinical mastitis could be important for interpreting of SCC used as a tool in order to select for mastitis resistance in dairy cow.

Keywords: Milk - Somatic cell count – Clinical mastitis – Dairy cow



تأثیر تنوع ژنتیکی ژن آلفا-۱-آنتی تریپسین بر صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی در گاوهای شیری هلشتاین
 میلاد هیه‌اوند^{۱*}، راضیه نوری^۱، دکتر محمدعلی ادریس^۲، دکتر امیرحسین مهدوی^۲، دکتر حمیدرضا رحمانی^۲، دکتر مجید
 طالبی^۳

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان، ۲- عضو هیئت علمی گروه علوم دامی دانشگاه
 صنعتی اصفهان، ۳- عضو هیئت علمی گروه بیوتکنولوژی دانشگاه صنعتی اصفهان
 *نویسنده مسئول: میلاد هیه‌اوند، milad_h1794@yahoo.com

چکیده:

تجزیه پروتئین‌ها در شیر گاو تحت تأثیر کیفیت شیر تولیدی دام قرار می‌گیرد. آلفا-۱-آنتی تریپسین (AAT) به وسیله
 نوتروفیل الاستاز، بافت‌های الاستیک آسیب‌پذیر را از تجزیه پروتئین‌ها محافظت می‌کند. هدف از این مطالعه بررسی تأثیر پلی-
 مورفیسم ژن (AAT) گاو بر صفات تولید و ترکیب شیر در گاوهای هلشتاین ایران می‌باشد. صفات مورد مطالعه، درصد
 چربی، درصد پروتئین، تولید شیر در ۳۰۵ روز و امتیاز سلول‌های بدنی شیر می‌باشد. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR-RFLP)
 روش مورد استفاده به منظور تعیین ژنوتیپ لوکوس موردنظر در نواحی کدکننده این توالی شامل جایگاه G5504A در گاو
 هلشتاین ایران بود که این جهش خاموش بوده و تغییری در توالی آمینواسیدی به وجود نمی‌آورد. نتایج این مطالعه نشان داد که
 AAT به عنوان یک ژن کاندید توانست صفات تولید شیر را تحت تأثیر قرار داده و در برنامه‌های اصلاح نژادی به منظور بهبود
 عملکرد تولیدی گاو هلشتاین ایران استفاده شود.

کلمات کلیدی: گاو هلشتاین - ژن آلفا-۱-آنتی تریپسین - پلی مورفیسم - صفات تولید شیر

مقدمه:

صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی شیر از جمله صفات مهم در گاوهای شیری بوده و الگوی توارث آنها از
 صفات کمی پیروی می‌کند [۹]. تعداد سلول‌های سوماتیکی، همبستگی ژنتیکی بالایی با بیماری ورم پستان دارد که این
 همبستگی به طور میانگین ۰/۷ برآورد می‌گردد [۸ و ۲]. بیماری ورم پستان، تورم غدد پستانی در حیوانات تولیدکننده شیر می-
 باشد که در هر دو حالت کلینیکی و بالینی از طریق کاهش میزان تولید و کیفیت شیر موجب خسارات اقتصادی در صنعت
 دامداری می‌گردد. به طور معمول روش‌های مبتنی بر انتخاب در جهت بهبود تولید شیر، روش‌هایی هزینه‌بر بوده و به زمان
 زیادی نیاز دارند تا بتوانند تأثیر خود را بر تولید شیر اعمال کنند. اما انتخاب به کمک مارکرها موجب افزایش دقت انتخاب
 شده و به زمان و هزینه کمتری نیاز دارد. بنابراین برای مطالعات ژنتیکی و ژن‌های کاندید و تأثیر آنها بر تولید شیر و صفات
 مرتبط با ورم پستان کاملاً مناسب هستند. آلفا-۱-آنتی تریپسین (AAT) یک مهارکننده پروتئاز مؤثر بوده که به نام آلفا-۱-
 پروتئاز اینهیبتور ($\alpha 1PI$) نیز شناخته می‌شود. این ژن دارای ۵ اگزون می‌باشد که طولی معادل ۹kb از DNA ژنومی را به
 خود اختصاص می‌دهد و یک پروتئین ۴۱۶ اسیدآمینه‌ای را کد می‌کند. گزارش شده است که غلظت AAT در طول هفته اول
 شیردهی در انسان ۰/۱ - ۰/۶ گرم در لیتر بوده و در هفته‌های بعدی این مقدار کاهش می‌یابد [۴، ۵ و ۱]. نقش اصلی AAT
 محافظت از بافت در مقابل تجزیه پروتئولیتیکی توسط نوتروفیل الاستاز می‌باشد [۱۰]. افزودن AAT به شیر انسان موجب
 محافظت بیشتر از لاکتوفرین در شیر می‌گردد. AAT نه تنها در ابتدا در کبد سنتز می‌شود بلکه بیان نیز می‌گردد و توسط
 بافت‌های فراکبدی، انتروسایت‌های روده‌ای، ماکروفاژها و مونوسایت‌ها ترشح می‌شود [۶ و ۷]. به علاوه، گزارش شده است که



پروتئین AAT به وسیله غدد پستانی تولید می‌شود و به عنوان یک مهارکننده پروتئازی در کمک به دوام سایر پروتئین‌های فعال زیستی شیر نقش دارد. هدف از این مطالعه بررسی ارتباط احتمالی بین واریانت‌های ژن AAT و صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی شیر در گاوهای هلشتاین ایران بود.

مواد و روش‌ها:

در مطالعه حاضر به منظور بررسی ارتباط چندشکلی ژن AAT با صفات عملکردی در گاوهای نژاد هلشتاین ایرانی و همچنین برآورد فراوانی اللی و ژنوتیپی آنها ۳۶۵ نمونه خون به طور تصادفی از پنج گله صنعتی در استان اصفهان جمع‌آوری و بررسی شد. استخراج DNA به کمک روش نمکی میلر انجام گرفت و در نهایت جایگاه G5504A موجود در اگزون ۱ ژن AAT تعیین ژنوتیپ شد. برای انجام واکنش PCR از ۳ میکرولیتر DNA ژنومی، ۲ میکرولیتر بافر PCR، ۰/۸ میکرولیتر $MgCl_2$ ، ۰/۵ میکرولیتر dntp، ۱ میکرولیتر پرایمر رفت و ۱ میکرولیتر پرایمر برگشت، ۰/۸ میکرولیتر آنزیم taq و ۱۰/۹ میکرولیتر آب مقطر استریل در حجم ۲۰ میکرولیتر استفاده شد. برنامه PCR مورد استفاده برای تکثیر جایگاه ژنی موردنظر عبارتست از: ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه، ۳۵ سیکل تکثیر با دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، ۵۵/۸ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه و ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه و در نهایت مرحله گسترش نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد و به مدت ۱۰ دقیقه در دستگاه ترموسایکلر انجام شد. محصولات PCR به دست آمده توسط آنزیم برشی sph1 به مدت ۱۲ الی ۱۶ ساعت و در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد تیمار و روی ژل آگارز ۱/۲ درصد بارگذاری شد. به منظور بررسی رابطه میان ژنوتیپ‌های موجود در جایگاه مورد مطالعه با صفات تولید شیر و امتیاز سلول‌های بدنی شیر از روش آنالیز خطی، نرم‌افزار sas, v9.1 استفاده شد. مدل آماری مورد استفاده تحت روش GLM به صورت ذیل می‌باشد:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + HYS_j + b_1 (X_{ijk} - \bar{X}) + b_2 (W_{ijk} - \bar{W}) + b_3 (Z_{ijk} - \bar{Z}) + e_{ijk}$$

Y_{ijk} ، صفت تولید و ترکیب شیر (تولید شیر تصحیح شده، ارزش اصلاحی تولید شیر، درصد چربی و پروتئین، ارزش اصلاحی تولید چربی، طول دوره شیردهی و امتیاز سلول‌های بدنی شیر) و G_i مربوط به اثر ژنوتیپ چندشکلی ژن AAT (AA، AB، BB) و HYS_j بیانگر اثر ترکیبی گله، سال و فصل زایش می‌باشد. X_{ijk} طول دوره شیردهی بر اساس روز و $\bar{X}$ میانگین طول دوره شیردهی، W_{ijk} روزهای باز و $\bar{W}$ میانگین روزهای باز است. Z_{ijk} تولید شیر بر اساس روز و $\bar{Z}$ میانگین تولید شیر می‌باشد. b_1 ، b_2 و b_3 به ترتیب ضریب رگرسیون طول دوره شیردهی، روزهای باز و تولید شیر و e_{ijk} نیز اثر خطا می‌باشد. ضمناً صفت تولید شیر تصحیح شده به منظور آنالیز صفت تولید شیر تصحیح شده از مدل حذف گردید.

نتایج و بحث:

فراوانی‌های اللی برای ال‌های A و B جایگاه G5504A به ترتیب برابر با ۰/۶۳ و ۰/۳۷ و فراوانی ژنوتیپی AA، AB و BB به ترتیب برابر با ۰/۲۹، ۰/۵۰ و ۰/۲۱ برآورد گردید. نتایج حاصل از آنالیز خطی تفاوت معنی‌داری را بین ژنوتیپ‌های جایگاه G5504A با درصد چربی و پروتئین شیر نشان داد. مقایسه حداقل میانگین مربعات درصد چربی نشان داد که افراد دارای ژنوتیپ AB در مقایسه با ژنوتیپ BB و AA از نظر آماری درصد چربی شیر بیشتری داشتند ($P < ۰/۰۵$). مقایسه حداقل میانگین مربعات درصد پروتئین شیر نیز حاکی از آن بود که افراد دارای ژنوتیپ BB درصد پروتئین شیر بیشتری در مقایسه با ژنوتیپ AB و AA داشتند ($P < ۰/۰۵$). در بررسی اثر ژنوتیپ‌های جایگاه G5504A با امتیاز سلول‌های بدنی رابطه معنی‌داری مشاهده نشد ($P > ۰/۰۵$).



جدول ۱- تجزیه واریانس صفات تولید شیر تصحیح شده و اجزای شیر دوره اول

منبع تغییر	تولید شیر تصحیح شده (کیلوگرم)		درصد چربی		درصد پروتئین	
	درجه آزادی	میانگین مربعات	درجه آزادی	میانگین مربعات	درجه آزادی	میانگین مربعات
ژنوتیپ	۲	۶۳۷۰۵/۳ ^{ns}	۲	۰/۵۳۹۴۷۷۴*	۲	۰/۰۹۱۰۲۸۳۳*
اثر ترکیبی گله، سال و فصل زایش	۴۰	۶۲۷۹۹۳۰/۱***	۴۰	۰/۴۸۵۳۳۴۶۲***	۴۰	۰/۰۳۵۹۲۲۸۶ ^{ns}
روزهای باز	۱	۳۴۲۸۷۸۰۴/۰***	۱	۰/۰۳۲۴۵۹۱۸ ^{ns}	۱	۰/۰۴۲۶۲۷۶۰ ^{ns}
طول دوره شیردهی	۱	۴۳۵۷۶۹۴۴/۴***	۱	۰/۰۳۸۶۲۵۱۰ ^{ns}	۱	۰/۰۰۴۲۶۱۱۵ ^{ns}
تولید شیر تصحیح شده	-	-	۱	۰/۶۷۰۹۴۶۵۳*	۱	۰/۶۹۲۴۶۱۰۸***
خطا	۲۷۸	۱۴۵۹۴۲۲/۵	۲۷۳	۰/۱۶۹۹۳۳۱۰	۲۷۵	۰/۰۲۸۶۰۸۷۲

* معنی داری در سطح احتمال ۵ درصد ($P < 0/05$)*** معنی داری در سطح احتمال ۱ هزارم درصد ($P < 0/001$)ns عدم معنی داری ($P > 0/05$)جدول ۲- مقایسه حداقل میانگین مربعات ($\pm SE$) ژنوتیپ‌ها برای صفات امتیاز سلول‌های بدنی، درصد چربی و درصد پروتئین شیر دوره اول

ژنوتیپ	امتیاز سلول‌های بدنی شیر	درصد چربی	درصد پروتئین
	LSMean $\pm$ SE	LSMean $\pm$ SE	LSMean $\pm$ SE
AA	۱/۷۶۹ $\pm$ ۰/۱۰۷ ^a	۳/۰۹۹ $\pm$ ۰/۰۵۴۹ ^{ab}	۲/۹۲۴ $\pm$ ۰/۰۲۳۳ ^a
AB	۱/۸۴۱ $\pm$ ۰/۰۹۶۳ ^a	۳/۲۳۴ $\pm$ ۰/۰۴۷۳ ^{ac}	۲/۹۷۷ $\pm$ ۰/۰۲۰۱ ^a
BB	۱/۵۹۳ $\pm$ ۰/۱۸۱ ^a	۳/۲۱۴ $\pm$ ۰/۰۸۵۲ ^a	۲/۹۹۰ $\pm$ ۰/۰۳۶۲ ^a

abc میانگین‌های با حروف متفاوت در هر ستون، به لحاظ آماری تفاوت معنی داری ($P < 0/05$) دارند.

این

در حال است که Qiu-ling Li و همکاران در سال ۲۰۱۰ به این نتیجه دست یافتند که ژنوتیپ AA بیشترین درصد چربی شیر را در بین سایر ژنوتیپ‌ها در گاوهای هلشتاین چین نشان داد [۹]. اما در رابطه با امتیاز سلول‌های بدنی شیر نتایج این مطالعه در تطابق با نتایج حاصل از مطالعه Qiu-ling Li و همکاران در سال ۲۰۱۰ بود [۹]. نتایج این مطالعه در توافق با نتایج خطیب و همکاران (۲۰۰۵) بود که دریافتند ژن AAT در ارتباط با صفات تولید شیر است [۳].

منابع

- Davidson, L. A. & Lönnnerdal, B. (1990). Fecal alpha-1-antitrypsin in breast-fed infants in derived from human milk and is not indicative of enteric protein loss. Acta Paediatr. Scand. 79, 137-141.



2. Heringstad, B., Klemetsdal, G. & Ruane, J. (2000). Selection for mastitis resistance in dairy cattle: A review with focus on the situation in the Nordic countries. *Livest. Prod. Sci.* 64, 94-106.
3. Khatib, H., Heifetz, E. & Dekkers, J. C. M. (2005). Association of the protease inhibitor Gene with production traits in Holstein dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 88, 1208-1213.
4. Lindberg, T. (1979). Protease inhibitors in human milk. *Pediatr. Res.* 13, 969-972.
5. McGilligan, K. M., Thomas, D. W. & Eckhert, C. D. (1987). Alpha -1- antitrypsin concentration in human milk. *Pediatr. Res.* 22, 268-270.
6. Molmenti, E. P., Perlmutter, D. H. & Rubin, D. C. (1993). Cell-specific expression of α 1-antitrypsin in human intestinal epithelium. *J. Clin. Invest.* 92, 2022-2034.
7. Perlmutter, D. H., Cole, F. S., Kilbridge, P., Rossing, T. H. & Colten, H. R. (1985). Expression of the α 1-proteinase inhibitor gene in human monocytes and macrophages. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA.* 82, 795-799.
8. Pösö, J. & Mäntysaari, E. A. (1996). Relationships between clinical mastitis, somatic cell score, and production for the first three lactations of Finnish Ayrshire. *J. Dairy Sci.* 79, 1284-1291.
9. Qiu-ling, L., Zheng-feng, Z., Chang-fa, W., Hai, Y., Hong-mei, W., Jian-bin, L., Jin-ming, H. & Ji-feng, Z. (2010). Association of polymorphism of the alpha 1-antitrypsin gene with milk production traits in Chinese Holstein. *South African J. of anim. Sci.* 40, 113-120.
10. Travis, J. & Salvesen, G. S. (1983). Human plasma proteinaseinhibitors. *Ann. Rev. Biochem.* 52, 655-709.

The effect of polymorphism of alpha 1-antitrypsin on milk yield and somatic cell score in Holstein cattle

Heihavand M.^{1*}, Nori R.¹, Edris M. A.², Mahdavi A. H.², Rahmani H. R.², Talebi M.³

^{1,2}Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan 84156-83111, Iran

³Department of Biotechnology, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan 84156-83111, Iran

*Corresponding E-mail address: milad_h1794@yahoo.com

Abstract

Protein degradation in bovine milk affects the quality of dairy products. Alpha 1-antitrypsin (AAT) can protect vulnerable elastic tissues from degradation by neutrophil elastase. The aim of this study was to assess the association of polymorphisms in bovine AAT gene with milk yield and milk composition in Iranian Holstein. Traits analyzed were fat percentage, protein percentage, 305-day milk yield and somatic cell score (SCS). Polymerase chain reaction – restriction fragment length polymorphism (PCR – RFLP), the method was used to genotype a locus in coding regions of the sequence, including position 5504 in Iranian Holstein. The mutation was silent mutation that caused no alteration in the amino acid sequence. These results suggest that AAT is a candidate gene that influences milk production traits and it could be implemented in breeding programmes to improve the production performance of Iranian Holstein cattle.

Keywords: Holstein cattle- alpha -1- antitrypsin gene- polymorphism- milk production traits



تاثیر فرایند های اپی ژنتیک در طی دوره انکوباسیون بر بیان ژن های محور تیروتروپین

هیپوتالاموس و مقاوم سازی جوجه های گوشتی به سرما

رسول کریمی^{۱*}، محمد حسین شهیر^۲، محمد طاهر هرکی نژاد^۳ و رحمان رستمخانی^۴

۱- دانش آموخته کارشناسی ارشد علوم دامی دانشگاه زنجان

۲- استادیار گروه علوم دامی دانشگاه زنجان

۳- معاونت امور دام استان زنجان

* رسول کریمی Rasool_karimi@znu.ac.ir

چکیده

هدف از این طرح که در اداره ثبت اختراعات به شماره ۷۲۱۳۲ ثبت شده است و نیز دارای گواهی تایید از سازمان پژوهشهای صنعتی ایران نیز می باشد، بررسی اثرات فرایندهای اپی ژنتیک بر عملکرد و مقاومت جوجه های گوشتی به سرما می باشد. بدین منظور تعداد ۶۰۰ عدد تخم مرغ نطفه دار (کاب ۵۰۰) در دمای ۳۷/۸ و رطوبت نسبی ۵۶٪ درون دستگاه جوجه کشی قرار داده شد. تخم مرغ ها به طور مساوی به دو گروه شاهد (بدون دستکاری دمایی) و گروه تنش سرمایی (تحت تاثیر دمای ۱۵ درجه سانتیگراد در روز ۱۸ انکوباسیون) تقسیم شدند. پس از اعمال تنش سرمایی از هر تکرار سرما دیده (تیماز) و ندیده (شاهد) تعداد ۲ عدد تخم حاوی جنین جهت بررسی بیان ژنهای مرتبط با هورمون های محور تیروتروپین^۱ (TRH) نمونه برداری شد. در آزمایشگاه نمونه گیری از ناحیه هیپوتالاموس جنین ها، جهت استخراج RNA و بررسی بیان ژن ها توسط روش Real-Time PCR صورت گرفت. از روز ۱۵ تا انتهای دوره پرورش نیمی از تیمار های شاهد و استرس دیده به شرایط دمایی ۱۵±۲ درجه سانتیگراد منتقل شدند. تنش سرمایی سبب افزایش معنی دار بیان ژن های مرتبط با هورمون های تیروئیدی شده بود. با بررسی داده ها مشخص شده که استرس سرمایی به طور معنی داری باعث بهبود افزایش وزن و ضریب تبدیل غذایی در هر دو سطح دمایی (نرمال و سرمایی) شده است. بر اساس محاسبات ترمودینامیکی صورت گرفته در طی اجرای آزمایش با استفاده از جوجه حاصل از این روش به میزان ۲۱۳۳ لیتر گازوئیل در مصرف سوخت واحد مورد نظر صرفه جویی شد. که نسبت به گروه شاهد این میزان کاهش معادل ۳۸٪ بود. با توجه به میزان بالای مصرف سوخت در واحدهای مرغداری کشور (۲/۵ تا ۳ میلیارد لیتر در سال) استفاده از نتایج این تحقیق می تواند گام مهمی در جهت بهینه سازی مصرف سوخت بردارد.

واژه های کلیدی: اپی ژنتیک - استرس سرمایی - مقاومت به سرما - Real-Time PCR - مصرف سوخت

مقدمه

تحقیقات بسیار کمی در مورد تاثیر تنش سرمایی دوره جوجه کشی و اثرات آن بر روی مقاومت به سرما انجام شده است (۵۰۴). بلوغ سیستم های غدد درون ریز و همچنین سیستم عصبی در دوره جنینی آغاز می شود و این سیستم ها در طی دوره انکوباسیون و نیز اوایل دوره پرورش تحت تاثیر عوامل محیطی میتوانند دچار دگرگونی شوند. یکی از مکانیسم های عادت پذیری به شرایط محیطی در دوره جوجه کشی و اوایل دوره پرورش زمانی که سیستم عصبی مرکزی تکامل نهایی را پیدا نکرده است، "سازگاری اپی ژنتیک" نامیده می شود (۲۱). در بررسی انجام شده توسط وانگ و همکارش (۲۰۰۸) تاثیر استرس سرمایی بر روی بیان ژن هورمون کورتیکوتروپین (CRH) و هورمون آزاد کننده تیروتروپین (TRH) آزمایش شد. استرس سرمایی حاد (۶ و ۱۲ ساعت) در گروه تحت آزمایش باعث کاهش معنی دار بیان سطوح هورمون CRH نسبت به گروه شاهد شد. استرس سرمایی مزمن (۵، ۱۰ و ۲۰ روز) باعث افزایش معنی دار بیان سطوح هورمون CRH در گروه سرما دیده نسبت به گروه شاهد گردید (۶). شیندر و همکارانش (۲۰۰۹) با مطالعه اثرات استرس سرمایی در اواخر دوره جوجه

¹ Thyrotropin-releasing hormone



کشی و انتقال جوجه های حاصل از پروتکل خود به دمای ۱۵ درجه سانتیگراد نتوانستند نتیجه خوبی از لحاظ وزن پایان دوره بگیرند. به طوری که تنش سرمایی سبب کاهش عملکرد وزنی تا میزان ۷۰۰ گرم در تیمارها شده بود. آنها همچنین در تحقیق بعدی خود (۲۰۱۱) به نتایج مشابهی رسیدند (۵و۴).

مواد و روش ها

تخم مرغ های نطفه دار (۶۰۰ عدد با میانگین وزنی یکسان) به طور مساوی به دو گروه شاهد (بدون دستکاری دمایی) و گروه تنش سرمایی (تحت تاثیر دمای ۱۵ درجه سانتیگراد در روز ۱۸ انکوباسیون) تقسیم شدند. پس از اعمال تنش سرمایی به فاصله زمانی ۱ و ۵ ساعت از هر تکرار سرما دیده (تیمار) و ندیده (شاهد) تعداد ۲ عدد تخم حاوی جنین جهت بررسی بیان ژنهای مرتبط با هورمون های تیروئیدی (TRH) برداشته شد و به فریزر ۸۰- منتقل گردید. از ژن GAPDH به عنوان ژن خانه دار جهت کنترل داخلی آزمایش استفاده گردید. در آزمایشگاه نمونه گیری از ناحیه هیپوتالاموس جنین ها، جهت استخراج RNA و سپس تبدیل RNA استخراجی به cDNA توسط کیت سیناکلون استخراج انجام گرفت. بررسی بیان ژن توسط روش Real- Time PCR به وسیله دستگاه Rotor Gene 3000 صورت گرفت. توالی آغازگرها (از سایت NCBI) به شرح ذیل می باشد:

TRH- Reverse / GCTGCTGACCTCCAAACCTA : TRH- Forward
TGGGCTCGTAAAGGAAGTAC
AAGGGTGGTGCTAAGCGTGT: Gap – Forward / GTGATGGCATGGACAGTGGT: Gap – Reverse

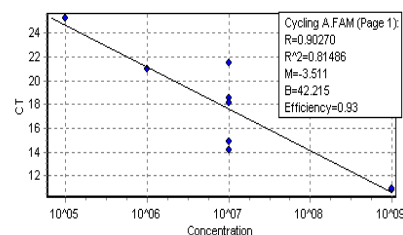
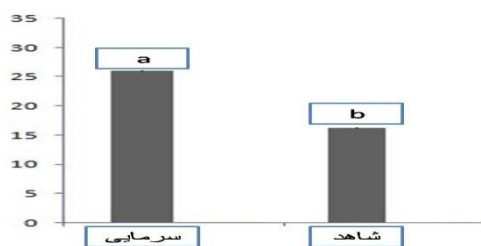
جهت بررسی بیان ژن اندازه های C_t و نیز اندازه مطلق تعداد کپی های DNA که با مقایسه با منحنی استاندارد رسم شده بدست آمد مقایسه نمونه های تیمار با گروه شاهد انجام شد. از روز ۱۵ تا انتهای دوره پرورش نیمی از تیمار های شاهد و استرس دیده به شرایط دمایی 25 ± 15 درجه سانتیگراد منتقل شدند. جوجه گوشتی یکروزه نر از سویه کاب ۵۰۰ در قالب طرح فاکتوریل 2×2 به طور تصادفی انتخاب شده و پس از توزین، به ۲ گروه (شاهد و تیمار) در دو سطح دمایی (معمولی و کاهش دما) تقسیم شدند. داده ها با استفاده از نرم افزار SPSS و بر اساس مدل $Y_{ijk} = \mu + A_i + B_j + AB_{ij} + e_{ijk}$ تجزیه و تحلیل شد. μ = میانگین جامعه؛ A = اثر عادت دهی سرمایی دوره انکوباسیون؛ B = استرس سرمایی آخر دوره AB = اثر دو عامل در نظر گرفته شده؛ e = اثر خطای آزمایشی

نتایج

نتایج مربوط به عملکرد جوجه کشی تحت تاثیر فرایند های اپی ژنتیک در جدول شماره ۱ آمده است. این نتایج با مشاهدات شیندر و همکارانش (۵) مغایرت دارد. نتایج عملکرد دوره پرورش در جدول شماره ۲ مشاهده می شود. استرس سرمایی در دوره جوجه کشی از طریق فرایندهای اپی ژنتیک سبب بهبود عملکرد در دمای پایین در جوجه های سرما دیده شد. در تحقیق شایندر و همکاران (۲۰۰۹) که براساس پروتکل مخصوص خودشان سرمادهی جوجه کشی را انجام دادند، عکس این نتایج بدست آمد. جوجه سرما دیده آنها با ورود به دمای پایین، دچار کاهش وزن شدید نسبت به دمای نرمال شد (۵). همچنین یاردمچی و همکاران به این نتیجه رسیدند که افزایش وزن در گروه استرس دیده (اوایل دوره پرورش) نسبت به گروه شاهد می تواند به تغییرات اپی ژنتیک در اثر سرما برگردد (۷و۸). بررسی بیان ژن های محور تیروتروپین (TRH) به عنوان عامل اصلی سازگاری جوجه ها به سرما یکی از کارهای بسیار جدید در این آزمایش بود که نقش مهم فرایندهای اپی ژنتیک را در موفقیت دوره پرورش جوجه های تیمار نشان می دهد. در شکل شماره ۱ منحنی استاندارد سری رقیق شده مربوط به ژن GAPDH به عنوان ژن خانه دار آمده است. همانطور که در نمودار شماره ۱ مشاهده می شود میزان بیان ژن



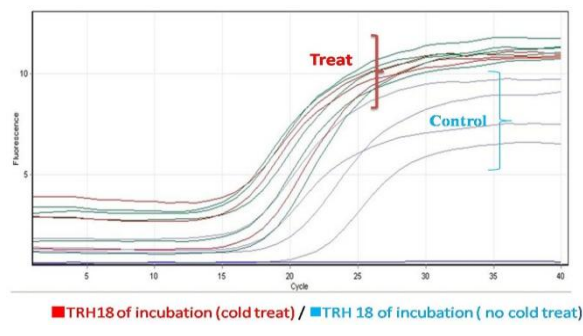
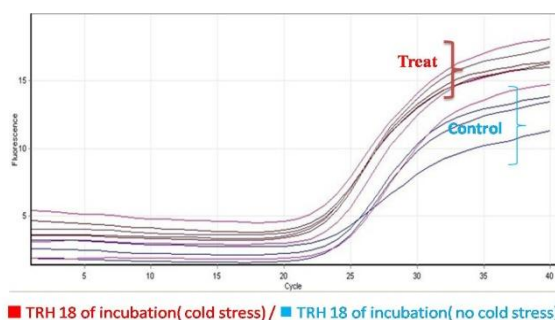
های مرتبط با محور تیروتروپین به طور معنی داری در گروه سرما دیده نسبت به گروه شاهد در دوره جوجه کشی بالاتر رفته است. میزان بیان ژن های محور TRH در دو گروه شاهد و سرما دیده در طی دو بازه زمانی ۱ ساعت و ۵ ساعت پس از اعمال استرس در تصاویر ۲ و ۳ آمده است. همانطور که در شکل ۲ مشاهده می شود پس از گذشت ۱ ساعت از اعمال تنش سرمایی بیان ژن های این محور در گروه شاهد (تنش ندیده/ رنگ آبی) به طور معنی داری کمتر از گروه تنش دیده (رنگ قرمز) می باشد. پس از گذشت ۵ ساعت از اعمال استرس، فاصله خطوط بیان کمتر شده و یا به عبارتی شوک ناشی از تنش در گروه تنش دیده روبه افول رفته است، هرچند هنوز هم میزان بیان در گروه تیمار (قرمز) بیشتر از گروه شاهد (آبی) می باشد (شکل ۳). این نتایج مشابه نتایج وانگ و همکاران بود. البته در آزمایش آنها استرس سرمایی در اوایل دوره اعمال شده بود (۶).



شکل (۱)

نمودار (۱) مقایسه از لحاظ بیان TRH در مقدار سیکل آستانه C_t ($P < 0.01$)

منحنی استاندارد سری های رقیق شده ژن GAPDH



۳ بیان ژن ۵ ساعت پس از اعمال تنش

شکل (۲) بیان ژن ۱ ساعت پس از اعمال تنش شکل

جدول ۴-۱ درصد تفریخ، وزن یكروزی و میانگین وزن تخم مرغ ها در انكوباسیون

تیمار	درصد تفریخ	وزن یكروزی (گرم)	میانگین وزن تخم نطفه دار
شاهد	۶۹/۸ ^b	۴۵/۴۲	۷۰±۲۰
تنش	۷۴/۶ ^a	۴۵/۲۹	۷۰±۱۸
SEM	۰/۵۱۰	۰/۱۹۹	۰/۱۰۹

جدول ۲- مقایسه عملکرد گروه شاهد و تیمار در دو بازه دمایی نرمال (۲۳±۲) و سرمایی (۱۵±۲)

متغیر	تیمار	دمای نرمال	دمای استرس	SEM
وزن پایان دوره (گرم)	شاهد	۲۵۶۰	۲۲۹۴/۶۴ ^b	۵۹/۲۳



۵۹/۲۳	۲۶۴۷/۶۸ ^a	۲۵۸۰/۱۳	سرمایی
۰/۰۳۷	۲/۰۵ ^a	۱/۹۸ ^a	ضریب تبدیل غذایی
۰/۰۳۷	۱/۸۰ ^b	۱/۷۸ ^b	سرمایی

حروف غیر مشترک در هرستون بیانگر وجود تفاوت معنی دار در سطح احتمال ۰.۵٪ می باشد.

منابع

1. Blahova, J, R. Dobsikova, E. Strakova and P. Sucha. 2007. Effect of Low Environmental Temperature on Performance and Blood System in Broiler Chickens (*Gallus domesticus*) Acta vet. Brno 2007, 76: S17-23
2. Daneshyar, M., H. Kermanshahi, and A. Golian. 2009. Changes of biochemical parameters and enzyme activities in broiler chickens with cold-induced ascites. Poultry Science 88:106-110
3. Hangalapura B. N., G. B. Nieuwland, J. Buyse, B. Kemp, and H. K. Parmentier. 2004. Effect of Duration of Cold Stress on Plasma Adrenal and Thyroid Hormone Levels and Immune Responses in Chicken Lines Divergently Selected for Antibody Responses. Poultry Science 83:1644-1649
4. Shinder, D. M. Rusal, M. Giloh, S. Druyan, Y. Piastun and S. Yahav. 2011. Improvement of cold resistance and performance of broilers by acute cold exposure during late embryogenesis. Poultry Science 90: 633-641
5. Shinder, D. M. Rusal, M. Giloh, and S. Yahav. 2009. Effect of repetitive acute cold exposures during the last phase of broiler embryogenesis on cold resistance through the life span. Poultry Science 88:636-646
6. Wang, J. W., and S. W. Xu. 2008. Effects of Cold Stress on the Messenger Ribonucleic Acid Levels of Corticotrophin-Releasing Hormone and Thyrotropin-Releasing Hormone in Hypothalamus of Broilers. Poultry Science 87:973-978
7. Yahav, S., R. Sasson-Rath, and D. Shinder. 2004. The effect of thermal manipulations during embryogenesis of broiler chicks (*Gallus domesticus*) on hatchability, body weight and thermoregulation after hatch. J. Therm. Biol. 29:245-25
8. Yardimci, M., E. Peng, R. E. Hesna pahun and U. Bayram. 2006. The Influence of Cold Conditioning on the Performance of the Broiler Chicken. Turk. J. Vet. Anim. Sci 30 (2006) 583-588.

The effect of epigenetic processes during the incubation period on gene expression of hypothalamic thyrotropin and cold resistant in broiler Chicken

Rasool Karimi^{1*}, Mohammad Hosein Shahr², Mohammad Harki Nezhad², Rahman Rostam Khani³

Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Zanjan, Iran

*Corresponding author. E mail: rasool_karimi@znu.ac.ir

Abstract

The aim of this project which is registered in the Patent Office to No. 72 -132 and also certified to be confirmed from Industrial Research Organization of Iran, is investigating the effects of epigenetic processes on broiler performance and resistance to cold. Six hundred fertile Cobb 500 eggs were incubated at 37.8°C and 56% RH. The eggs were divided into 2 treatments, including Control and cold treatment (15°C -18 day of embryo). During the stress process, eggshell temperature was measured by infrared thermometer. After hatching chick weight and percentage of hatchability were measured. Only males were used in the post hatch experiment. Eggs containing embryos were sampled to analyze the expression of genes associated with thyrotropin (TRH). Sampling for RNA extraction and gene expression by using Real-Time PCR was performed from the embryos hypothalamus. From day 15 to the end of the breeding period half of control and stress treatments were transferred to 15 ± 2 °C room temperature. Average body weight gain and average feed intake (FI) were measured weekly (0-42d), and feed conversion ratio (FCR) was calculated. No significant difference was seen in one day weight of chicks. Cold stress caused a significant increase in expression



of genes associated with thyroid hormones. Results showed that cold stress significantly improved weight gain and feed conversion in both normal and cold temperature reared birds . Based on the results, cold conditioning caused significant increase in thyrotropine expression and cold resistance of broilers by epigenetics adaptation process.

Keywords: Epigenetic- Cold stress- Resistance to cold- Real Time PCR- Fuel consumption