



دانشگاه گلستان

نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان

جلد دوم، شماره سوم، ۱۳۹۳

<http://ejrr.gau.ac.ir>

تجزیه و تحلیل ژنتیکی درصد پروتئین شیر با استفاده از مدل تابعیت تصادفی در

گوسفند کردی شیروان

ساناز عباسی امین‌آبادی^۱، سعید حسنی^۲، سعید زره‌داران^۳،

علیرضا خان‌احمدی^۴ و رضا اشکانی‌فر^۵

^۱دانش آموخته کارشناسی ارشد و ^۲دانشیار گروه ژنتیک، اصلاح نژاد و فیزیولوژی دام و طیور، دانشکده علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، ^۳دانشیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، ^۴مربی گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبدکاووس، ^۵کارشناس ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند کردی حسین‌آباد شیروان تاریخ دریافت: ۹۳/۰۴/۲۲، تاریخ پذیرش: ۹۳/۰۷/۰۶

چکیده

این پژوهش روی میش‌های نژاد کردی ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد حسین‌آباد شیروان انجام شد. به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی، تعداد ۱۰۶۵ رکورد روزآزمون درصد پروتئین شیر مربوط به ۲۴۵ رأس میش جمع‌آوری شد. رکوردگیری از هر رأس میش در اردیبهشت ماه سال ۱۳۹۱ شروع گردید و تا پایان دوره شیردهی ادامه یافت. برای آنالیز ژنتیکی داده‌ها، از مدل روزآزمون با ضرایب تابعیت تصادفی استفاده شد. در مدل تابعیت تصادفی، اثرات ثابت شکم زایش، تعداد بره در زایش، ماه رکوردگیری، متغیرهای کمکی سن در هنگام رکوردگیری و روزهای شیردهی گنجانده شدند. برای برآزش مدل روزآزمون با تابعیت تصادفی از نرم افزار دابلینو او ام بی ای تی استفاده شد. اجزای واریانس (کواریانس) ژنتیکی و محیطی توسط روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده برآورد شدند. تابع چند جمله‌ای لژاندر با درجات برآزش مختلف برای مدل تصادفی در خصوص تنوع ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم در نظر گرفته شدند که چند جمله‌ای لژاندر با درجه برآزش دو برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم به‌عنوان بهترین مدل انتخاب شد. در این تحقیق میانگین و انحراف معیار

*نویسنده مسئول: hasani@gau.ac.ir

درصد پروتئین شیر در میش نژاد کردی 0.70 ± 6.69 برآورد گردید. کم‌ترین مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی در اوایل شیردهی (۰/۰۵۸) و بیش‌ترین مقدار آن در اواخر شیردهی (۰/۱۱۴) حاصل شد. واریانس فنوتیپی و محیطی دائم در ابتدا و انتهای شیردهی بالا بود. وراثت‌پذیری در طول دوره شیردهی افزایش یافت که کم‌ترین مقدار آن در ابتدا (۰/۰۹۶) و بیش‌ترین مقدار آن در انتهای شیردهی (۰/۱۷۸) بدست آمد. همبستگی‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم برآورد شده بین روز آزمون‌های نزدیک بیشتر از روزآزمون‌های دور از هم بود. به‌طورکلی نتایج این تحقیق نشان داد که میش‌های نژاد کردی شیروان پتانسیل ژنتیکی بالایی برای صفت درصد پروتئین شیر دارند. هم‌چنین وراثت‌پذیری بالاتر این صفت در انتهای دوره شیردهی نسبت به ابتدای دوره شیردهی نشان می‌دهد که احتمالاً سهم تنوع ژنتیکی افزایشی از تنوع کل در انتهای دوره شیردهی بیش‌تر بوده و بهتر است انتخاب میش‌ها در این بخش از دوره شیردهی صورت گیرد.

واژه‌های کلیدی: گوسفند کردی، تابعیت تصادفی، درصد پروتئین شیر، پارامترهای ژنتیکی

مقدمه

شیر و فرآورده‌های لبنی حاصل از آن مهم‌ترین منابع غذایی مورد استفاده در تغذیه انسان هستند. این ماده غذایی ارزشمند از ترکیباتی مانند لیپیدها، پروتئین‌ها، انواع ویتامین‌ها و مواد معدنی تشکیل شده است و یکی از مهم‌ترین این ترکیبات پروتئین است که روی خصوصیات کیفی شیر و فرآورده‌های فرعی حاصل از آن موثر است. درصد پروتئین شیر در گونه‌های دامی متفاوت بوده و در منابع مختلف برای گوسفند بیش‌تر از گاو و بز ذکر شده است که با توجه به مرحله شیردهی، وضعیت تغذیه، عوامل محیطی و غیره متغیر است (پارک و همکاران، ۲۰۰۷). پروتئین شیر گوسفند منبع مهمی از پپتیدهای زیست فعال مشتق شده از کازئین‌هاست که از طریق ممانعت از فعالیت آنزیم تبدیل‌کننده آنژیوتنسین، از افزایش فشار خون جلوگیری می‌کند و در قوی شدن ماهیچه‌ها و بافت ماهیچه‌ای نقش دارد (پارک و همکاران، ۲۰۰۷). علاوه بر این، پروتئین شیر از جمله ترکیبات شیر است که به همراه چربی شیر از نظر ارزش اقتصادی در قیمت‌گذاری شیر مؤثر می‌باشد (باشتنی، ۲۰۱۲). بنابراین، ارزیابی ژنتیکی دام‌ها برای صفت درصد پروتئین شیر به‌دلیل اهمیت ویژه آن ضروری خواهد بود. در چند دهه اخیر روش‌های ارزیابی حیوانات اهلی دائماً در حال تغییر بوده است و پیشرفت‌های زیادی

در این زمینه حاصل شده است که یکی از مهم‌ترین آن‌ها استفاده از مدل‌های روزآزمون می‌باشد. از جمله مزایای مدل‌های روزآزمون می‌توان به عدم نیاز به استفاده از ضرایب تصحیح برای طول دوره شیردهی پیش از تجزیه و تحلیل رکوردها، کاهش فاصله نسلی، افزایش صحت ارزیابی حیوانات، کاهش هزینه رکوردگیری و امکان منظور نمودن اثر محیطی خاص برای هر روز رکوردگیری در تجزیه و تحلیل آماری اشاره نمود (سوالو، ۲۰۰۰؛ جنسن، ۲۰۰۱). در بین مدل‌های روز آزمون، مدل با تابعیت تصادفی بیش‌تر مورد توجه قرار گرفته است. در مدل تابعیت تصادفی به عنوان یک مدل آماری، شکل منحنی شیردهی برای هر حیوان، از طریق برازش ضرایب تابعیت برای هر حیوان که تحت عنوان ضرایب تابعیت تصادفی نامیده می‌شوند، در مدل وارد می‌شود (جامروزیک و شفر، ۱۹۹۷).

اکثر تحقیقات انجام شده با مدل تابعیت تصادفی روی رکوردهای روز آزمون صفات تولیدی شیر در گاو صورت گرفته است (جنگلر و همکاران، ۲۰۰۴؛ خان‌زاده و همکاران، ۲۰۱۳؛ عبدالله‌پور و همکاران، ۲۰۱۳) و تحقیقات محدودی روی پروتئین شیر گوسفندان خارجی گزارش شده است (هورستیک و همکاران، ۲۰۰۲؛ کمپریج و همکاران، ۲۰۱۳). بنابراین، با توجه به عدم انجام تحقیقات مشابه قبلی در نژادهای گوسفند بومی، هدف از این تحقیق تجزیه و تحلیل ژنتیکی رکوردهای روزآزمون درصد پروتئین شیر گوسفند کردی شیروان با استفاده از مدل تابعیت تصادفی بود.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه که در ایستگاه پرورش و اصلاح‌نژاد حسین‌آباد شیروان انجام شد از ۲۴۵ رأس میش نژاد کردی که متعلق به یک گله بودند، تعداد ۱۰۶۵ رکورد روز آزمون یک بار دوشش (صبح) برای صفت درصد پروتئین شیر جمع‌آوری شد. رکوردگیری هر رأس از میش‌هایی که ۵ روز از تاریخ زایش آن گذشته بود در اردیبهشت‌ماه سال ۱۳۹۱ شروع شد و تا پایان دوره شیردهی ادامه یافت. نمونه‌های شیر به دست آمده درون فالكون‌های ۵۰ سی‌سی برای تعیین درصد پروتئین شیر، توسط دستگاه اکومیلک توتال به آزمایشگاه این ایستگاه منتقل شد. آماده‌سازی و ویرایش داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار اف او ایکس پی آر او نسخه ویرایش شده ۱۲/۶ انجام شد. برخی موارد اعمال شده در ویرایش داده‌ها به شرح زیر بود:

۱) در فایل اصلی ارقام سن هنگام رکوردگیری بر اساس تاریخ رکوردگیری و تولد برای تک تک میش‌ها محاسبه شد.

۲) در فایل نهایی شماره پدر و مادر همواره کوچکتر از فرزند بود.

۳) همه میش‌ها دارای تاریخ زایش و تولد معلوم بودند.

۴) حداقل روز شیردهی ۵ و حداکثر ۱۲۶ در نظر گرفته شد.

برای بررسی اثر عوامل محیطی بر صفت درصد پروتئین شیر روز آزمون از رویه مدل خطی عمومی نرم‌افزار آماری SAS نسخه ویرایش شده ۹/۱ استفاده شد. مدل مورد استفاده به صورت زیر بود:

$$y_{ijkl} = \mu + l_i + p_j + m_k + \beta_1(a_{ijkl} - \bar{a}) + \beta_2(d_{ijkl} - \bar{d}) + e_{ijkl}$$

در این مدل، y_{ijkl} : درصد پروتئین شیر، l_i : میانگین کل، i : اثر امین تعداد بره در زایش، p_j : اثر امین شکم زایش، m_k : اثر امین ماه رکوردگیری، a_{ijkl} : سن هنگام رکوردگیری، \bar{a} : میانگین سن هنگام رکوردگیری، d_{ijkl} : تعداد روزهای شیردهی، \bar{d} : میانگین تعداد روزهای شیردهی، β_1 : ضریب تابعیت درصد پروتئین شیر از سن هنگام رکوردگیری، β_2 : ضریب تابعیت درصد پروتئین شیر از تعداد روزهای شیردهی و e_{ijkl} : اثر تصادفی باقی مانده هستند.

برآورد اجزای (کو)واریانس ژنتیکی، محیطی و پارامترهای ژنتیکی صفت درصد پروتئین شیر روزآزمون به روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده و براساس مدل تابعیت تصادفی یک صفتی و با استفاده از نرم‌افزار دلبیو او ام بی ای تی^۱ (میر، ۲۰۰۶) صورت گرفت. به منظور برازش اثرات تصادفی با بهترین درجه برازش از ۶ مدل مختلف استفاده شد. تمامی مدل‌ها دارای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم بودند ولی درجات برازش اثرات مذکور در مدل‌های مختلف متفاوت بود. با استفاده از مقادیر ویژه که جزء خروجی نرم افزار بود، تاثیر درجه برازش‌های مورد استفاده برای اثرات تعیین شد. هم‌چنین جهت مقایسه مدل‌ها از معیار اطلاعاتی آکائیک^۲ استفاده شد.

از تابع چندجمله‌ای متعامد لژاندر با درجه‌های برازش مختلف برای در نظر گرفتن شکل منحنی درصد پروتئین شیر در دو سطح ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم در طول دوره شیردهی استفاده شد.

1- WOMBAT

2- AIC

چند جمله‌ای لژاندر به هیچ‌گونه پیش فرضی برای شکل تغییرات درصد پروتئین شیر در طول دوره شیردهی نیاز ندارد. از طرف دیگر به لحاظ خواص محاسبات عددی، به منظور پیدا کردن حداکثر تابع درست‌نمایی، هم‌گرایی^۱ سریع‌تر برای آن ایجاد می‌شود هم‌چنین واریانس باقی‌مانده در کل دوره شیردهی به صورت همگن در نظر گرفته شد. مدل آماری مورد استفاده در این تحقیق به صورت زیر بود (کمپریچ و همکاران، ۲۰۱۳):

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{kb-1} \beta_m \varphi_m(t_i) + \sum_{m=0}^{ka-1} \alpha_{jm} \varphi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{km-1} \gamma_{jm} \varphi_m(t_{ij}) + E_{ij}$$

در این مدل: y_{ij} : رکورد روزآزمون درصد پروتئین شیر j امین گوسفند در i امین روز شیردهی، F : شامل اثرات ثابت (تعداد بره در زایش، شکم زایش، ماه رکوردگیری) و متغیرهای کمکی (سن در هنگام رکوردگیری برحسب ماه به صورت خطی و روزهای شیردهی)، β_m : ضریب رگرسیون برای مدل‌سازی میانگین منحنی شیردهی، $\varphi_m(t_i)$: m امین چند جمله‌ای لژاندر بر مبنای روز شیردهی (t_i) ، $\varphi_m(t_{ij})$: تابع رگرسیون توصیف‌کننده منحنی‌های هر حیوان (i) بر مبنای روز شیردهی (t_i) برای اثرات تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم حیوان، α_{jm} و γ_{jm} به ترتیب ضرایب رگرسیون تصادفی ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی حیوان می‌باشند، k_a, k_b, k_m به ترتیب درجه چند جمله‌ای‌های مورد استفاده برای اثرات میانگین منحنی شیردهی، ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم و E_{ij} خطای تصادفی مرتبط با i امین روز شیردهی در j امین گوسفند هستند.

نتایج و بحث

آماره‌های توصیفی درصد پروتئین شیرگوسفند کردی در جدول ۱ ارائه شده است. در این تحقیق میانگین درصد پروتئین شیر در میش‌های نژاد کردی ۶/۶۹ و انحراف معیار آن ۰/۷۰ برآورد گردید که از میانگین درصد پروتئین نژادهای شال (۵/۴۵) و زندگی (۵/۵۰) بیش‌تر بود (زارع شحنه و همکاران، ۲۰۰۵). اما در مقایسه با نژاد کومیسانا که مسیو و همکاران (۱۹۸۷) میانگین و انحراف معیار درصد پروتئین این نژاد را ۷/۳۰±۰/۵۸ گزارش کردند، کم‌تر بود.

عمده تفاوت بین نتایج این تحقیق با مطالعات ذکر شده به تفاوت بین نژادها مربوط می‌شود و این نشان می‌دهد که نژاد عامل مهمی در تعیین درصد پروتئین شیر گوسفند است. همچنین تفاوت شرایط محیطی عامل تأثیر گذار دیگری در برآورد میانگین درصد پروتئین شیر در نژادهای مختلف بوده است.

جدول ۱- آماره‌های توصیفی درصد پروتئین شیر گوسفند کردی شیروان

نوبت رکوردگیری	تعداد رکورد	پروتئین (درصد)		حداکثر	حدانقل
		میانگین حدانقل مربعات	انحراف معیار		
۱	۲۴۵	۶/۲۳	۰/۶۷	۸/۴۰	۴/۹۰
۲	۲۴۳	۶/۳۷	۰/۹۵	۸/۵۰	۴/۶۶
۳	۲۳۱	۶/۱۲	۰/۸۴	۸/۵۳	۵/۲۲
۴	۱۷۲	۷/۴۲	۰/۶۸	۸/۵۵	۵/۹۲
۵	۱۱۹	۷/۷۳	۰/۵۷	۸/۶۲	۶/۱۵
۶	۵۵	۷/۹۴	۰/۴۶	۸/۵۷	۶/۵۸
کل	۱۰۶۵	۶/۶۹	۰/۷۰	۸/۵۳	۵/۵۷

برای تجزیه و تحلیل رکوردهای درصد پروتئین شیر روز آزمون، از مدل‌های مختلفی استفاده شد. خلاصه‌ای از ساختار مدل‌های مورد بررسی در جدول ۲ ارائه شده است. با توجه به شاخص آکائیک می‌توان گفت مدل ۴ با درجه برازش ۲ برای اثرات ژنتیکی افزایشی و محیطی دائم برای درصد پروتئین شیر از دقت بیشتری برخوردار است و به عنوان بهترین مدل انتخاب شد. نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل رکوردهای درصد پروتئین شیر با استفاده از مدل ۴ نشان داد با استفاده از درجه برازش ۲، ۹۵/۴۴ درصد از تنوع ژنتیکی افزایشی و ۹۳/۰۳ درصد از تنوع محیطی دائم صفت تحت مطالعه، توسط مقادیر ویژه ماتریس‌های مربوط به اثرات تصادفی فوق در مدل روز آزمون، تبیین می‌گردد.

جدول ۲- درجه های برازش اثرات ژنتیکی افزایشی، محیطی دائم، تعداد پارامتر و شاخص (AIC)

مدل های تابعیت تصادفی	درجه برازش		تعداد پارامترها	شاخص آکائیک
	ژنتیکی افزایشی	محیطی دائم		
۱	۲	۲	۷	-۲۱۱/۵۱۸
۲	۳	۲	۱۰	-۲۱۸/۱۷۳
۳	۳	۳	۱۳	-۲۳۳/۴۸۰
۴	۲	۲	۷	-۲۴۷/۹۵۲
۵	۳	۲	۱۰	-۱۶۹/۰۳۸
۶	۳	۳	۱۳	-۱۹۳/۳۷۴

الگوی تغییرات وراثت‌پذیری، واریانس ژنتیکی افزایشی، محیطی دائم و فنوتیپی صفت درصد پروتئین شیر روز آزمون در طول دوره شیردهی در جدول ۳ ارائه شده است. به‌طور کلی در پژوهش حاضر، واریانس ژنتیکی صفت درصد پروتئین روز آزمون در نیمه دوم شیردهی بزرگ‌تر از واریانس ژنتیکی افزایشی برآورد شده برای نیمه اول دوره شیردهی بود. هم‌چنین بیش‌ترین میزان واریانس ژنتیکی افزایشی در انتهای دوره شیردهی بدست آمد که با مطالعه انجام شده روی میش‌های نژاد ایست فریزین مطابقت داشت (هورستیک و همکاران، ۲۰۰۲). در مطالعه‌ای با استفاده از مدل تابعیت تصادفی در گاوهای هلشتاین، بیش‌ترین میزان واریانس ژنتیکی افزایشی در ابتدای دوره شیردهی گزارش شد (همامی و همکاران، ۲۰۰۹)، که تفاوت آن با تحقیق حاضر می‌تواند به دلیل ساختار ژنتیکی متفاوت در گاو و گوسفند و ساختار داده‌ها باشد. به‌طورکلی، چند ژنی بودن صفات تولیدی شیر و فعال یا غیر فعال بودن تعدادی از این ژن‌ها در سنین و روزهای مختلف شیردهی سبب تغییراتی در فیزیولوژی و عملکرد حیوان می‌شود و در نتیجه سبب تغییر واریانس ژنتیکی افزایشی در طول دوره شیردهی می‌گردد (وان در ورف و همکاران، ۱۹۹۸).

الگوی تغییرات واریانس محیطی دائم نشان داد که واریانس محیطی دائم در ابتدا و انتهای دوره شیردهی بالا بوده، به‌طوری که حداکثر میزان این پارامتر (۰/۳۱۲) در ابتدای دوره شیردهی و حداقل آن (۰/۲۵۰) در اواسط دوره شیردهی به دست آمد. برخی محققین چنین روندی را برای گاوهای شیری هلشتاین گزارش نمودند (دی روس و همکاران، ۲۰۰۴؛ زودیلوا و همکاران، ۲۰۰۵). میزان واریانس فنوتیپی در اوایل و اواخر شیردهی روند افزایشی داشت. حداقل مقدار این پارامتر (۰/۵۵۶)

ساناز عباسی امین‌آبادی و همکاران

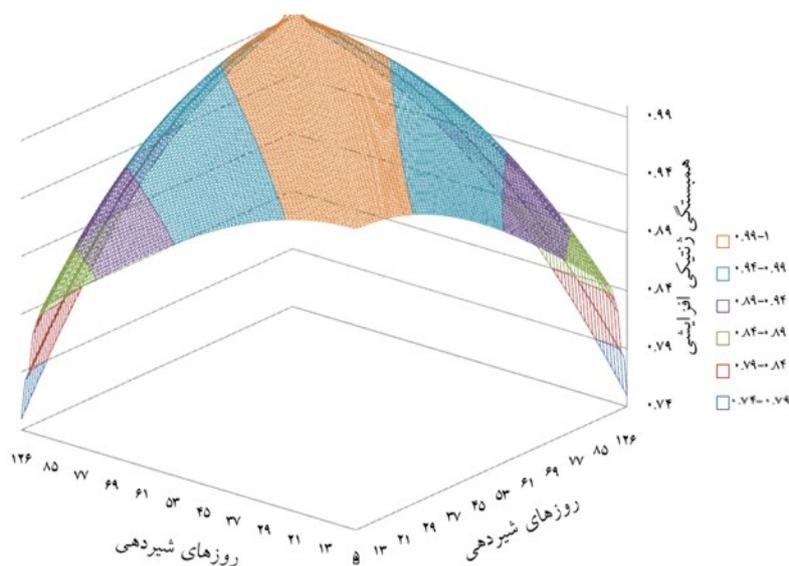
در اواسط و حداکثر آن (۰/۶۴۳) در اواخر دوره شیردهی به‌دست آمد. آفولاین و همکاران (۲۰۰۹) با استفاده از مدلی دیگر تغییرات واریانس فنوتیپی در طول دوره شیردهی را در میش‌های آمیخته استرالیایی کم‌تر از تحقیق حاضر بدست آوردند. تغییرات واریانس فنوتیپی در این تحقیق می‌تواند به دلیل تاثیر ژن‌ها و عوامل محیطی در طول دوره شیردهی باشد که بیش‌ترین تأثیر توسط عوامل محیطی بوده است. بنابراین، با کنترل شرایط محیطی می‌توان واریانس محیطی را کاهش و میزان وراثت‌پذیری و در نتیجه دقت انتخاب را افزایش داد.

جدول ۳- برآورد وراثت‌پذیری، واریانس ژنتیکی افزایشی، محیطی دائم و فنوتیپی در روزهای مختلف شیردهی

روز	۵	۱۴	۲۸	۴۲	۵۶	۷۰	۸۴	۹۸	۱۱۲	۱۲۶
وراثت‌پذیری	۰/۰۹۶	۰/۱۰	۰/۱۰۷	۰/۱۱۶	۰/۱۲۶	۰/۱۳۶	۰/۱۴۷	۰/۱۵۷	۰/۱۶۹	۰/۱۷۸
واریانس ژنتیکی افزایشی	۰/۰۵۸	۰/۰۵۸	۰/۰۶۱	۰/۰۶۴	۰/۰۶۹	۰/۰۷۶	۰/۰۸۳	۰/۰۹۲	۰/۱۰۳	۰/۱۱۴
محیطی دائم	۰/۳۱۲	۰/۲۹۶	۰/۲۷۶	۰/۲۶۲	۰/۲۵۳	۰/۲۵۰	۰/۲۵۳	۰/۲۶۱	۰/۲۷۷	۰/۲۹۵
فنوتیپی	۰/۶۰۳	۰/۵۸۸	۰/۵۷۰	۰/۵۵۹	۰/۵۵۶	۰/۵۵۹	۰/۵۷۰	۰/۵۸۶	۰/۶۱۳	۰/۶۴۳

روند تغییرات وراثت‌پذیری برآورده شده نشان می‌دهد که کم‌ترین مقدار وراثت‌پذیری برابر (۰/۰۹۶) در روز ۵ شیردهی و بیش‌ترین مقدار برابر (۰/۱۷۸) در روز ۱۲۶ شیردهی بود. این امر نشان می‌دهد که سهم تنوع ژنتیکی افزایشی از تنوع کل، در انتهای دوره شیردهی بیش‌ترین مقدار بود. هم‌چنین متوسط وراثت‌پذیری و خطای استاندارد درصد پروتئین شیر در کل دوره شیردهی ($0/124 \pm 0/16$) برآورد گردید. در ابتدای شیردهی عواملی چون وضعیت تغذیه حیوان و افزایش فشار متابولیکی وارده به حیوان به منظور رسیدن به حداکثر تولید، افزایش واریانس محیطی را در پی دارد که سبب می‌شود وراثت‌پذیری پایین‌تری به‌دست آید. وراثت‌پذیری برآورد شده در این تحقیق تقریباً با نتایج منندز و همکاران (۲۰۱۰) که وراثت‌پذیری پروتئین شیر روز آزمون را در بزهای اسپانیایی بین ۰/۱۰ تا ۰/۱۸ و با نتایج خیرآبادی و همکاران (۲۰۱۳) که میزان این پارامتر را برای گاوهای هلستاین ایرانی بین ۰/۰۸ تا ۰/۱۸ برآورد کردند، مطابقت داشت. اما از مقدار وراثت‌پذیری گزارش شده توسط برخی محققین دیگر کم‌تر بود (هورستیک و همکاران، ۲۰۰۲؛ کمپریچ و همکاران، ۲۰۱۳). این تفاوت را می‌توان به

عواملی چون جنس و گونه مورد مطالعه، سطح تولید متفاوت، خطای اندازه‌گیری صفت مورد بررسی، حجم داده‌ها، وجود شرایط محیطی متفاوت، نحوه ویرایش ارقام و استفاده از روش‌های مختلف برآورد اجزای واریانس و کواریانس نسبت داد. به‌طورکلی وراثت‌پذیری هر جامعه، خاص آن جامعه می‌باشد و عوامل زیادی روی آن تأثیر گذار هستند که این عوامل می‌توانند باعث ایجاد اختلاف در برآورد آن پارامتر ژنتیکی گردند (فالکونر و مکی، ۱۹۹۶). می‌توان مهم‌ترین علت پایین بودن متوسط وراثت‌پذیری را به دلیل پایین بودن واریانس ژنتیکی افزایشی دانست.

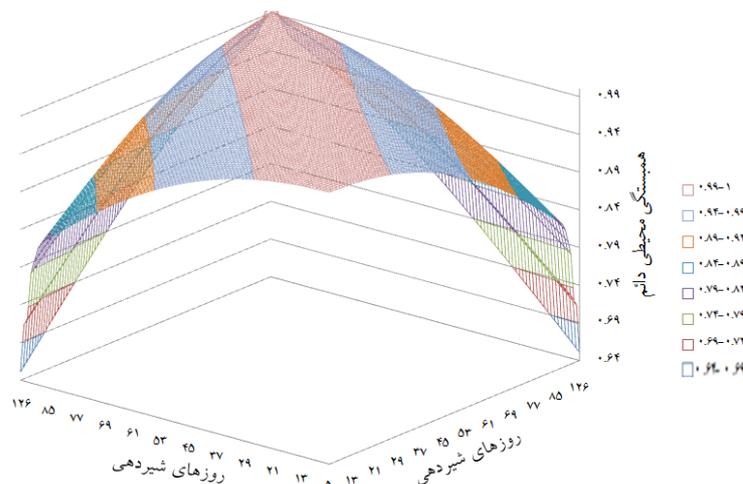


شکل ۱- همبستگی ژنتیکی افزایشی بین روزآزمون‌های مختلف شیردهی

همبستگی ژنتیکی افزایشی بین روزآزمون‌های مختلف شیردهی در شکل ۱ نشان داده شده است. مقادیر همبستگی ژنتیکی رکوردهای آزمون‌ها در طول دوره شیردهی مثبت و بالا بوده میزان این پارامتر به موازات افزایش فاصله بین روزآزمون‌ها کاهش یافت به‌طوری که حداقل آن (۰/۷۴) بین روزهای ابتدایی و انتهایی شیردهی به‌دست آمد. چنین روندی توسط اکثر مطالعات انجام شده بر اساس مدل تابعیت تصادفی که به بررسی همبستگی ژنتیکی افزایشی بین روزهای شیردهی پرداخته‌اند، گزارش

شده است (جامروزیك و شفر، ۱۹۹۷؛ استرابل و همكاران، ۲۰۰۵). در مطالعه‌ای همبستگی بین روزهای ابتدا و انتهای شیردهی را (۰/۳۴) گزارش نمودند (کمپریچ و همكاران، ۲۰۱۳). نتایج تحقیق فوق و تحقیق حاضر نشان می‌دهد که همبستگی ژنتیکی بین روزهای شیردهی متفاوت است. تغییرات همبستگی ژنتیکی بین روزهای شیردهی ناشی از تغییرات ساختار (کو) واریانس داده‌های تکرار شده در زمان، حیوان می‌باشد. انحراف همبستگی‌های ژنتیکی بین روزهای مختلف شیردهی از یک بیان‌گر این امر است که عملکرد صفت پروتئین روز آزمون شیر در روزهای مزبور را عملاً نمی‌توان به عنوان یک صفت قلمداد نمود، زیرا ژن‌های مختلفی روی آن تأثیرگذار می‌باشند که اشتراک بیشتر این ژن‌ها در روزآزمون‌های مجاور سبب برآورد همبستگی ژنتیکی بالا در آن دوره زمانی می‌شود.

در شکل ۲ همبستگی محیطی دائم بین روز آزمون‌های مختلف شیردهی نشان داده شده است. دامنه تغییرات این همبستگی بین ۰/۶۵ تا ۰/۹۹ برآورد شد که حداکثر آن بین روزآزمون‌های مجاور و حداقل آن بین روزهای ابتدایی و انتهایی شیردهی به دست آمد. روزهای نزدیک به هم نسبت به روزهایی که از هم فاصله دارند دارای شرایط محیطی مشابه‌تری هستند و همبستگی محیطی بالاتری دارند.



شکل ۲- همبستگی محیطی دائم بین روزآزمون‌های مختلف شیردهی

نتیجه گیری

میانگین و انحراف معیار درصد پروتئین روزانه در گوسفند کردی شیروان طی یک دوره شیردهی $6/70 \pm 6/69$ بدست آمد که در مقایسه با گوسفندان بومی شال و زندی بالاتر بود و این حاکی از پتانسیل ژنتیکی بالای این نژاد برای این صفت می باشد. به طور کلی وراثت پذیری برآورد شده در روزهای ابتدایی شیردهی کم تر از انتهای شیردهی بود که دلالت بر توارث پذیرتر بودن صفت درصد پروتئین شیر در روزهای انتهایی شیردهی دارد. بر اساس نتایج به دست آمده از این تحقیق، متوسط وراثت پذیری پایین برآورد شده صفت درصد پروتئین شیر بیانگر تاثیر بسیار زیاد محیط بر این صفت می باشد. لذا بهبود عوامل محیطی نقش قابل ملاحظه ای در برآورد افزایش وراثت پذیری دارد. هم چنین همبستگی ژنتیکی بین روزهای شیردهی که از هم فاصله داشتند کم بود و این نشان می دهد که ژن های مؤثر بر این صفت در روزهای شیردهی دور از هم متفاوت می باشند. بطور کلی بر اساس نتایج این تحقیق که بیانگر پتانسیل نسبتاً مناسب نژاد کردی برای تولید پروتئین شیر بود، انجام رکوردبرداری منظم برای تولید شیر و ترکیبات آن و وارد کردن این صفت در شاخص انتخاب گوسفندان کردی ایستگاه اصلاح نژاد شیروان پیشنهاد می گردد.

تشکر و قدردانی

این تحقیق در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد حسین آباد شیروان انجام گرفته است به این وسیله مؤلفان مراتب تقدیر و تشکر خود را از مسئولین محترم این ایستگاه اعلام می نمایند. هم چنین، از همکاری های ارزنده و صمیمانه آقایان دکتر روح اله عبدالله پور، دکتر رستم عبدالمهی و مهندس عبدالرحیم تقی زاده در تجزیه و تحلیل داده ها سپاس گذاری می شود.

منابع

- Abdollahpour, R., Moradi Shahrabak, M., Nejati Javaremi, A., Vaez Torshizi, R. and Mrode, R. 2013. Genetic analysis of milk yield, fat and protein content in Holstein dairy cows in Iran: Legendre polynomials random regression model applied. *J. Arch. Tierzucht.* 56: 1-19.
- Afolayan, R.A., Fogarty, N.M., Morgan, J.E., Gaunt, G.M., Cummins, L.J., Gilmour, A.R. and Nielsen, S. 2009. Genetic analysis of milk production and composition in crossbred ewes from different maternal genotypes. *J. Anim. Prod. Sci.* 49: 24-31.

- Bashtani, M. 2012. Parameter estimation and genetic evaluation of Holstein cows of industrial dairy farms of Razavi Khorasan province for protein yield using fixed and random regression test day models. *J. Anim. Sci. Res.* 22: 63-71. (In Persian)
- De Roos, A.P.W., Harbers, A.G.F. and De Jong, G. 2004. Random herd curves in a test-day model for milk, fat, and protein production of dairy cattle in the Netherlands. *J. Dairy Sci.* 87: 2693-2701.
- Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th ed., London, Longman. 465pp.
- Gengler, N., Wiggans, G.R. and Gillon, A. 2004. Estimated heterogeneity of phenotypic variance of test-day yield with a structural variance model. *J. Dairy Sci.* 87: 1908-1916.
- Hammami, H., Rekik, B., Soyeurt, H., Ben Gara, A. and Gengler, N. 2009. Genetic parameters for Tunisian Holsteins using a test-day random regression model. *J. Dairy Sci.* 91: 2118-2126.
- Horstick, A., Hamann, H. and Distl, O. 2002. Estimation of genetic parameters for daily milk performance of East Friesian milk sheep by random regression models. In: *Proc. 7th World Congress. Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, France, 263-266.
- Jamrozik, J. and Schaeffer, L.R. 1997. Estimation of genetic parameters for test day model with random regression for production of first lactation Holsteins. *J. Dairy Sci.* 80: 762-770.
- Jensen, J. 2001. Genetic Evaluation of Dairy Cattle Using Test-Day Models. *J. Dairy Sci.* 84: 2803-2812.
- Khanzadeh, H., Ghavi Hosseinzadeh, N. and Naserani, M. 2013. Estimation of genetic parameters and trends for milk fat and protein percentages in Iranian Holsteins using random regression test day model. *J. Arch. Tierzucht.* 56: 1-22.
- Kheirabadi, K., Alijani, S., Zavadilova, L., Rafat, S.A. and Moghaddam, G. 2013. Estimation of genetic parameters for daily milk yields of primiparous Iranian Holstein cows. *J. Arch. Tierzucht.* 56: 1-12.
- Komprej, A., Malovrh, S., Gorjanc, G., Kompan, D. and Kovac, M. 2013. Genetic and environmental parameter estimation for milk traits in Slovenian dairy sheep using random regression model. *J. Anim. Sci.* 58: 125-135.
- Menendez, 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. *J. Dairy Sci.* 93: 2718-2726
- Meyer, K. 2006. *WOMBAT- A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood*. User notes, Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale, 55p.
- Muscio, A., Centoducati, P., Montemurro, O. and Dellaquila, S. 1987. Milk production of grazing Comisana breed sheep fed with or without feed

- supplementation in dry areas of Southern Italy. In Proceedings of the 2nd International Symposium on the Nutrition of Herbivores. Rose. pp. 195-6.
- Park, Y.W., Juarez, M., Ramos, M. and Haenlein, G.F.W. 2007. Physico-chemical characteristics of goat and sheep milk. *Small. Rumin Res.* 68: 88-13.
- Strabel, T., Szyda, J., Ptak, E. and Jamrozik, J. 2005. Comparison of random regression test-day models for Polish Black and White cattle. *J. Dairy Sci.* 88: 3688-3699.
- Swalve, H.H. 2000. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. *J. Dairy Sci.* 83: 1115-1124.
- Van Der Werf, J.H., Goddard, M.E. and Meyer, K. 1998. The use of covariance function and random regression for genetic evaluation of milk production based on test day records. *J. Dairy Sci.* 81: 3300-3308.
- Zare Shahne, A., Rashti, S. and Salehi, A.R. 2005. Determination of lactation performance, milk composition and lamb growth in shall and Zandy ewes. *J. Agr. Sci. Nat Resou.* 13: 100-108. (In Persian)
- Zavadilova, L., Jamrozik, J. and Schaeffer, L.R. 2005. Genetic parameters for test-day model with random regressions for production traits of Czech Holstein cattle. *J. Anim. Sci.* 50: 142-154.



Gorgan University of Agricultural
Sciences and Natural Resources

J. of Ruminant Research, Vol. 2(3), 2014

<http://ejrr.gau.ac.ir>

Genetic analysis of milk protein percentage using random regression model in Shirvan Kurdi sheep

S. Abbasi Aminabadi¹, *S. Hassani², S. Zerehdaran³, A. KhanAhmadi⁴
and R. Ashkanifar⁵

¹M.Sc. Graduate and ²Associate Prof., Dept. of Animal and Poultry Genetics, Breeding and Physiology, Faculty of Animal Science, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, ³Associate Prof., Dept. of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, ⁴Lecturer, Dept. of Animal Science, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Gonbad-e-Kavous University, ⁵Expert in Kurdi Sheep Breeding of Hossein Abad Station, Shirvan

Received: 07/13/2014; Accepted: 09/28/2014

Abstract

The present study was conducted on Kurdi ewes of Hossein Abad Sheep Breeding Station of Shirvan. In order to estimate genetic parameters, 1065 test day records of milk protein percentage from 245 ewes were collected. Data collection was started from April 2012 up to the end of lactation period. For genetic analysis of data, test day models with random regression coefficient were utilized. In random regression model, parity, litter size, month of recording as fixed effects and age at recording and days in milk as covariates were included. Random regression test day model was carried out using WOMBAT software. Genetic and environmental (co)variance components of milk protein percentage were estimated using restricted maximum likelihood. Orthogonal Legendre polynomials with different orders were applied for taking into account of genetic and permanent environmental effects. Legendre polynomial with the order of 2 was the best fitting model. In this research, the average milk protein percentage in Kurdi ewes was 6.69 ± 0.70 . The lowest and highest additive genetic variances were at the beginning (0.058) and the end (0.114) of lactation, respectively. Phenotypic and permanent environmental variances were high at the beginning and at the end of lactation. Estimates of heritability increased over the lactation. Minimum and maximum heritabilities were estimated at the beginning (0.096) and end (0.178) of lactation, respectively. The higher the distance between days of lactation, the less were the genetic and permanent environmental correlations. Generally, results indicated that Shirvan Kurdi ewes had high milk protein production potential. Moreover, higher heritability for this trait at the end of lactation probably indicated higher contribution of additive genetic variation to the total variation and selection of ewes in this part of lactation would be preferred.

Keywords: Kurdi Sheep, Random regression, Milk protein percentage, Genetic parameters

*Corresponding author; hasani@gau.ac.ir