



دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گزن

نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان

جلد دوم، شماره سوم، ۱۳۹۳

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

## برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفند نژاد مغانی با استفاده از مدل تابعیت تصادفی

\***ابوالقاسم لواف<sup>۱</sup>، بهزاد همتی<sup>۲</sup> و طرلان فرهوش<sup>۳</sup>**

<sup>۱</sup>دانشیار و <sup>۲</sup>استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج،

<sup>۳</sup>مربی گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و دامپزشکی دانشگاه آزاد اسلامی واحد شبستر

تاریخ دریافت: ۹۲/۸/۲؛ تاریخ پذیرش: ۹۳/۸/۳۰

### چکیده

به منظور برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن با استفاده از مدل تابعیت تصادفی، از ۱۹۳۸۸ رکورد روز آزمون وزن مربوط به ۶۰۱۳ رأس گوسفند نژاد مغانی جمع‌آوری شده طی سال‌های ۱۳۷۴ تا ۱۳۸۸، در ایستگاه تحقیقاتی جعفرآباد دشت مغان، واقع در استان اردبیل استفاده گردید. سال- فصل رکوردگیری، سال- فصل تولد، جنس بره، نوع تولد و شکم زایش مادر به‌عنوان عوامل ثابت دسته‌بندی شده و سن مادر هنگام زایش بره و سن بره هنگام رکوردگیری به‌عنوان متغیرهای کمکی در نظر گرفته شدند. عوامل تصادفی موجود در مدل شامل اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثر ژنتیکی افزایشی مادری، اثر محیطی دائمی مستقیم و اثر باقیمانده بودند. مدل شماره نه با درجه برازش دو برای دو اثر ژنتیکی و درجه برازش چهار برای اثر محیطی دائمی و با تعداد ۲۱ پارامتر به‌عنوان مناسب‌ترین مدل معرفی شد. وراثت‌پذیری با این مدل برای وزن تولد و وزن بدن در سنین ۹۰، ۱۸۰، ۲۷۰ و ۳۶۰ روزگی به‌ترتیب ۰/۰۶۹، ۰/۰۰۲، ۰/۰۰۵، ۰/۰۱۳ و ۰/۰۲۱ برآورد شد. نتایج نشان داد که وراثت‌پذیری مستقیم، پس از تولد کاهش یافته و در سن ۹۰ روزگی به حداقل مقدار خود رسید و پس از آن همزمان با افزایش سن، افزایش یافت. وراثت‌پذیری مادری بعد از تولد، کاهش چشم‌گیری داشت و سپس با بالا رفتن سن تا ۳۶۰ روزگی با نوسان اندکی، افزایش یافت. حداکثر مقدار همبستگی بین وزن ۲۷۰ و ۳۶۰ روزگی به‌دست آمد. در اکثر موارد میزان همبستگی‌های ژنتیکی و فنوتیپی به موازات افزایش سن، کاهش یافت.

**واژه‌های کلیدی:** تابعیت تصادفی، پارامترهای ژنتیکی، وزن بدن، گوسفند مغانی.

\*نویسنده مسئول: [aynm.lavvaf@yahoo.com](mailto:aynm.lavvaf@yahoo.com)

## مقدمه

یک مدل مناسب برای تجزیه داده‌های تکرار شده در سنین مختلف، مدلی است که ساختار متغیر میانگین و کواریانس در طول زمان، در برآورد پارامترهای ژنتیکی مورد نیاز منظور گردند (مروود، ۲۰۰۵). شفر و دکرز (۱۹۹۴) مدل تابعیت تصادفی<sup>۱</sup> را برای تجزیه رکوردهای روز آزمون در گاو شیری پیشنهاد نمودند که در این مدل ساختار کواریانس داده‌های تکرار شده در طول زمان در محاسبات در نظر گرفته می‌شود. همزمان کریک پاتریک و همکاران (۱۹۹۰) و کریک پاتریک و تامپسون (۱۹۹۴)، از توابع کواریانس<sup>۲</sup> برای آنالیز داده‌های تکرار شده در زمان استفاده کردند و برای تشریح مدل مزبور از داده‌های مربوط به صفات رشد استفاده نمودند. مدل تابعیت تصادفی به محقق اجازه می‌دهد تغییرات واریانس ژنتیکی را نسبت به زمان بررسی نماید و افراد را بر اساس الگوی این تغییرات انتخاب نماید (شفر، ۲۰۰۴). امروزه تجزیه و تحلیل ژنتیکی صفات، با استفاده از مدل تابعیت تصادفی نسبت به مدل‌های حیوانی به دلیل عدم نیاز به تصحیح رکوردها برای به دست آوردن وزن در یک سن خاص، امکان منظور نمودن اثر محیطی خاص برای هر روز رکوردگیری در تجزیه و تحلیل آماری (میر، ۱۹۸۹؛ دکرز، ۲۰۰۲؛ میر، ۲۰۰۱)، پیش‌بینی ارزش اصلاحی دام‌ها در سنین پایین و یا انتخاب دام‌ها، کاهش فاصله نسلی و افزایش دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی و همچنین پیش‌بینی ارزش اصلاحی به دلیل افزایش تعداد رکورد هر حیوان نسبت به مدل‌های حیوانی، دارای مزیت فراوان بوده و رو به گسترش است (اسوالو، ۱۹۹۸؛ فرهنگ‌فر و همکاران، ۲۰۰۱). در سال‌های اخیر در ارتباط با برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات وزن بدن با استفاده از مدل تابعیت تصادفی، مطالعاتی در گوسفند انجام گرفته است. لویس و برودرستون (۲۰۰۲) در برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی دائمی صفت رشد با استفاده از وزن بدن گوسفندان در سنین مختلف، فیشر و همکاران (۲۰۰۴) در بررسی کواریانس بین رکوردهای وزن در سنین مختلف گوسفند نژاد پول دورست<sup>۳</sup>، عباسی و همکاران (۲۰۰۴) و صفایی و همکاران (۲۰۰۶) در برآورد پارامترهای ژنتیکی صفت وزن بدن گوسفند بلوچی در سنین مختلف، مولینا و همکاران (۲۰۰۷) در تعیین منحنی رشد گوسفند نژاد مرینوی اسپانیایی در طی ۳ ماه اول زندگی، غفوری کسبی و همکاران (۲۰۰۸) در بررسی کواریانس بین وزن بدن گوسفند نژاد مهربان در محدوده سنی بسیار وسیع و برآورد

---

1- Random Regression Model

2- Covariance Functions

3- Poll Dorset

اثرات ژنتیک افزایشی و محیطی مستقیم و مادری، البویرا و همکاران (۲۰۱۰) در برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات رشد در گوسفند نژاد سانتا اینس<sup>۱</sup> و ندایی و همکاران (۲۰۱۰) در برآورد پارامترهای ژنتیکی وزن بدن در گوسفند نژاد سنگسری همگی از روش رگرسیون تصادفی استفاده نموده و در بیان نتایج خود دقت بالاتر و انعطاف پذیری بیش تر این روش را نسبت به روش های قدیمی تر برآورد، گزارش نمودند. هدف از تحقیق حاضر این بود که با استفاده از رکوردهای روز آزمون وزن بدن با روش تابعیت تصادفی، برآورد دقیق تری از پارامترهای ژنتیکی صفات رشد گوسفند نژاد مغانی حاصل شود.

### مواد و روش ها

اطلاعات مورد استفاده در این تحقیق شامل رکوردهای روز آزمون مربوط به صفات وزن بدن از تولد تا یک سالگی گوسفند مغانی، جمع آوری شده طی سال های ۱۳۷۴ تا ۱۳۸۸ بودند که از دفاتر ثبت اطلاعات ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند مغانی جعفرآباد واقع در استان اردبیل، استخراج شده بود. داده های ثبت شده ایستگاه مورد ویرایش قرار گرفتند. بر اساس فایل داده عواملی شامل جنس بره، تیپ تولد، شکم زایش مادر، سال- فصل رکورد و سال- فصل تولد به عنوان عوامل ثابت دسته بندی شده و سن مادر هنگام زایش و سن بره هنگام وزن کشی به عنوان متغیرهای کمکی پس از برازش مدل، در نظر گرفته شدند. داده ها به وسیله نرم افزار دی.اف.ریمیل<sup>۲</sup> و با استفاده از الگوریتم میانگین اطلاعات<sup>۳</sup> تجزیه و تحلیل شدند و پارامترهای مورد نظر با معیار همگرایی<sup>۴</sup> ۱۰<sup>-۸</sup> برآورد شدند. مدل آماری مورد استفاده برای برآورد پارامترها عبارت بود از:

$$Y_{ijfdkm} = YSR_i + YSB_j + S_f + L_d + P_k + \sum_{n=0}^2 b_n (Age_{ijfdkm})^n + \sum_{m=0}^4 \beta_m \Phi_m(a^*_{ijfdkm}) + \sum_{m=0}^{k_a-1} \alpha_{pm} \Phi_m(a^*_{ijfdkm}) + \sum_{m=0}^{k_m-1} \gamma_{pm} \Phi_m(a^*_{ijfdkm}) + \sum_{m=0}^{k_q-1} \rho_p \Phi_m(a^*_{ijfdkm}) + \epsilon_{ijfdkm}$$

1- Santa Ines

2- DFREML

3- AI-REML

در این مدل  $Y_{ijfdkm}$ : هر یک از رکوردهای روز آزمون وزن،  $YSR_i$ : اثر ثابت  $i$  امین سال- فصل رکوردگیری،  $YSB_j$ : اثر  $j$  امین سال- فصل تولد،  $S_f$ : اثر ثابت  $f$  امین جنس بره،  $L_d$ : اثر ثابت  $d$  امین تیپ تولد بره،  $P_k$ : اثر ثابت  $k$  امین شکم زایش مادر،  $n:b_n$ : امین ضریب تابعیت برای سن زایش میش،  $\beta_m$ :  $m$  امین ضریب تابعیت ثابت برای سن رکوردبرداری،  $\alpha_{pm}$ ،  $\gamma_{pm}$ ،  $\rho_{pm}$ : به ترتیب شامل  $m$  امین ضریب تابعیت تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری و محیطی دائمی مستقیم مربوط به  $p$  امین حیوان،  $\varepsilon_{ijfdkm}$ : اثر تصادفی باقیمانده،  $a^*_{ijfdkm}$ : سن استاندارد شده در دامنه  $(-1)$  تا  $(+1)$  که از طریق فرمول  $a^*_{ijfdkm} = -1 + \frac{\gamma(t-t_{min})}{t_{max}-t_{min}}$  که در این فرمول  $t$ : هر یک از سنین رکوردگیری،  $t_{min}$  کوچکترین سن رکوردگیری،  $t_{max}$ : بزرگترین سن رکوردگیری،  $Age_{ijfdkm}$ : سن مادر هنگام زایش بره،  $\Phi_m(a^*_{ijfdkm})$ :  $m$  امین چند جمله‌ای لژاندر از سن رکوردبرداری و  $k_\alpha$ ،  $k_m$ ،  $k_q$ : به ترتیب درجات برازش توابع واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری و محیطی دائمی مستقیم باشند. فرم ماتریسی معادله مدل عبارت است از:

$$Y = \beta X + Z_1 \alpha + Z_2 \gamma + Z_3 \rho + \varepsilon$$

در این مدل  $Y$ : بردار رکوردهای روز آزمون وزن،  $\beta$ : بردار پاسخ برای عوامل ثابت،  $\alpha$ ،  $\gamma$  و  $\rho$ : به ترتیب بردارهای ضرایب تابعیت تصادفی برای اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مستقیم مادری و محیطی دائمی مستقیم،  $X$  و  $Z_1$  و  $Z_2$  و  $Z_3$ : به ترتیب ماتریس‌های طرح برای عوامل ثابت، عوامل ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری و محیطی دائمی مستقیم و  $\varepsilon$ : بردار اثرات تصادفی باقیمانده بودند.

در مجموع دوازده مدل (جدول ۱) برای داده‌ها برازش شدند. مدل‌های در نظر گرفته شده از نظر نوع اثرات موجود در مدل و درجه برازش چندجمله‌ای‌های استفاده شده برای این اثرات، اختلاف داشتند. در تمامی مدل‌ها اثرات باقیمانده به صورت نامتجانس در نظر گرفته شدند. در شش مدل اول اثرات تصادفی موجود در مدل تنها اثر ژنتیکی مستقیم، اثر محیطی دائمی مستقیم و اثر باقیمانده بود ولی در مدل‌های بعدی اثر ژنتیکی مادری نیز به مدل اضافه گردید. معیار انتخاب مدل برتر، داشتن لگاریتم

درست‌نمایی بالا و ارزش کم برای معیار اطلاعات آکایک<sup>۱</sup> و معیار اطلاعات بیزی<sup>۲</sup> بود که فرمول‌های آنها آنها به صورت زیر است:

$$\text{معیار اطلاعات آکایک} = -2 \log L + 2p$$

$$\text{معیار اطلاعات بیزی} = -2 \log L + p \log(n - x)$$

در این رابطه،  $p$ : تعداد پارامترها،  $n$ : تعداد رکوردها و  $x$ : تعداد سطوح عوامل ثابت را نشان می‌دهند. تعداد پارامترها از طریق رابطه زیر به دست می‌آید که در آن  $k$  درجه برازش چندجمله‌ای لژاندر برای اثرات تصادفی را نشان می‌دهد (کریک‌پاتریک و همکاران، ۱۹۹۰).

$$p = \frac{k(k+1)}{2}$$

کامل‌ترین معیار، معیار اطلاعات بیزی می‌باشد و مدلی که دارای کمترین میزان معیار اطلاعات بیزی بود، به عنوان برترین مدل تعیین شد.

### نتایج و بحث

به‌طورکلی دوازده مدل برای داده‌ها برازش شدند که لگاریتم درست‌نمایی مربوطه و ارزش‌های معیار اطلاعات آکایک و معیار اطلاعات بیزی این مدل‌ها در جدول ۱ ارائه شده است. در شش مدل نخست، اثرات تصادفی موجود در مدل غیر از اثر باقیمانده، شامل اثر ژنتیکی مستقیم و اثر محیطی دائمی مستقیم بود.

افزایش درجه برازش برای این دو اثر، مقدار معیار اطلاعات بیزی را بهبود داد. با افزودن اثر ژنتیکی مادری به اثرات موجود در مدل، مقدار معیار اطلاعات بیزی نیز بهبود پیدا کرد. افزایش درجات برازش اثرات ژنتیکی مستقیم و ژنتیکی مادری از دو به سه یا بالاتر، نتیجه مطلوبی نداشت ولی افزایش درجه برازش برای اثر محیطی دائمی مستقیم از دو به چهار، مطلوب بود. این در حالی است که افزایش به بالاتر از درجه چهار، موجب افزایش معیار اطلاعات بیزی می‌گردد که نشان می‌دهد افزایش درجه برازش مناسب نبوده است. در نهایت بر اساس معیار اطلاعات بیزی، مدل شماره نه انتخاب شد که دارای درجه

1- Akaike Information Criterion (AIC)

2- Schwartz-Bayesian Information Criterion (BIC)

## ابوالقاسم لوف و همکاران

برازش دو برای اثر ژنتیکی مستقیم و ژنتیکی مادری و درجه برازش چهار برای اثر محیطی دائمی مستقیم بود و تعداد پارامترهای برآورد شده با این مدل ۲۱ پارامتر بوده است.

جدول ۱- مدل‌های مختلف برای برازش توابع کواریانس و توصیف آن‌ها

مدل	$k_a$	$k_m$	$k_q$	$p$	لگاریتم درست‌نمایی	۲- (لگاریتم درست‌نمایی)	معیار اطلاعات آکایک	معیار اطلاعات بیزی
۱	۲	۰	۲	۱۱	-۲۶۴۳۹/۸	۵۲۸۷۹/۵۰	۵۲۹۰۱/۵۰	۵۲۹۸۸/۰۴
۲	۲	۰	۳	۱۴	-۲۵۲۳۹/۳۸	۵۰۴۷۸/۷۵	۵۰۵۰۶/۷۵	۵۰۶۱۶/۸۹
۳	۳	۰	۳	۱۷	-۲۵۲۲۱/۱۳	۵۰۴۴۲/۲۷	۵۰۴۷۶/۲۷	۵۰۶۱۰/۰۱
۴	۴	۰	۴	۲۵	۲۵۱۵۹/۰۸-	۵۰۳۱۸/۱۷	۵۰۳۶۸/۱۷	۵۰۵۶۴/۸۴
۵	۴	۰	۵	۳۰	-۲۵۱۳۷/۹۱	۵۰۳۳۵/۸۱	۵۰۳۳۵/۸۱	۵۰۵۷۱/۸۲
۶	۵	۰	۵	۳۵	-۲۵۰۶۴/۶۹	۵۰۱۲۹/۳۹	۵۰۱۹۹/۳۹	۵۰۴۷۴/۷۴
۷	۲	۲	۲	۱۴	-۲۶۳۵۵/۹۶	۵۲۷۱۱/۹۲	۵۲۷۳۹/۹۲	۵۲۸۵۰/۰۶
۸	۲	۲	۳	۱۷	-۲۵۱۵۶/۲۵	۵۰۳۳۰/۵۱	۵۰۳۳۰/۵۱	۵۰۴۹۸/۲۵
۹	۲	۲	۴	۲۱	-۲۵۱۱۰/۹۶	۵۰۲۲۱/۹۱	۵۰۲۲۱/۹۱	۵۰۴۲۹/۱۲
۱۰	۳	۳	۳	۲۳	-۲۵۱۳۲/۶۵	۵۰۲۶۵/۲۹	۵۰۳۱۱/۲۹	۵۰۴۹۲/۲۴
۱۱	۳	۳	۵	۳۲	-۲۵۰۶۸/۳۸	۵۰۱۳۶/۷۶	۵۰۲۰۰/۷۶	۵۰۴۵۲/۵۰
۱۲	۴	۴	۴	۳۵	-۲۵۰۷۰/۹۴	۵۰۱۴۱/۸۷	۵۰۲۱۱/۸۷	۵۰۴۸۷/۲۲

$k_q$ ,  $k_m$ ,  $k_a$  به ترتیب درجات برازش توابع کواریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری و محیطی دائمی مستقیم می‌باشند.

لوئیس و برودرستون (۲۰۰۲) نتیجه گرفتند که مدل‌سازی اثر مادری به‌عنوان بخشی از اثرات مدل، برازش مدل را بهبود داد. حذف اثر مادری از مدل منجر شد که واریانس ژنتیکی مستقیم افزایش یابد و در نتیجه برآوردهای بالای وراثت‌پذیری را در پی داشته است. غفوری کسبی و همکاران (۲۰۰۸)، مشاهده نمودند که وجود اثر ژنتیکی مادری برای مدل‌سازی آنالیزها به‌طور معنی‌داری لگاریتم درست‌نمایی را افزایش داد که این امر به اهمیت اثر ژنتیکی مادری روی وزن بره‌ها اشاره داشت.

**ضرایب تابعیت تصادفی:** برآوردهای ماتریس واریانس (کواریانس) ضرایب تابعیت تصادفی و همبستگی‌های مدل شماره ۹ در جدول ۲ ارائه شده است. برای هر سه اثر، بزرگ‌ترین واریانس، واریانس ضرایب تابعیت درجه یک بوده و همبستگی میان ضرایب تابعیت درجه یک و دو برای هر سه اثر مثبت

بود که با نتایج فیشر و همکاران (۲۰۰۴) و غفوری کسبی و همکاران (۲۰۰۸) مطابقت داشت. همبستگی بین ضریب تابعیت درجه دو و سه برای اثر محیطی دائمی منفی بود. مقادیر ویژه<sup>۱</sup> بزرگ، تغییر ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای برای اعمال تغییرات در منحنی رشد را نشان می‌دهد که می‌تواند از طریق انتخاب بهبود یابد، در صورتی که مقادیر ویژه کوچک یا صفر نشان می‌دهد که روند تغییر آهسته خواهد بود (کریک‌پاتریک و همکاران، ۱۹۹۰).

جدول ۲- مؤلفه‌های واریانس (کواریانس) ضرایب تابعیت تصادفی و همبستگی بین آن‌ها (بالای قطر: مقادیر همبستگی)

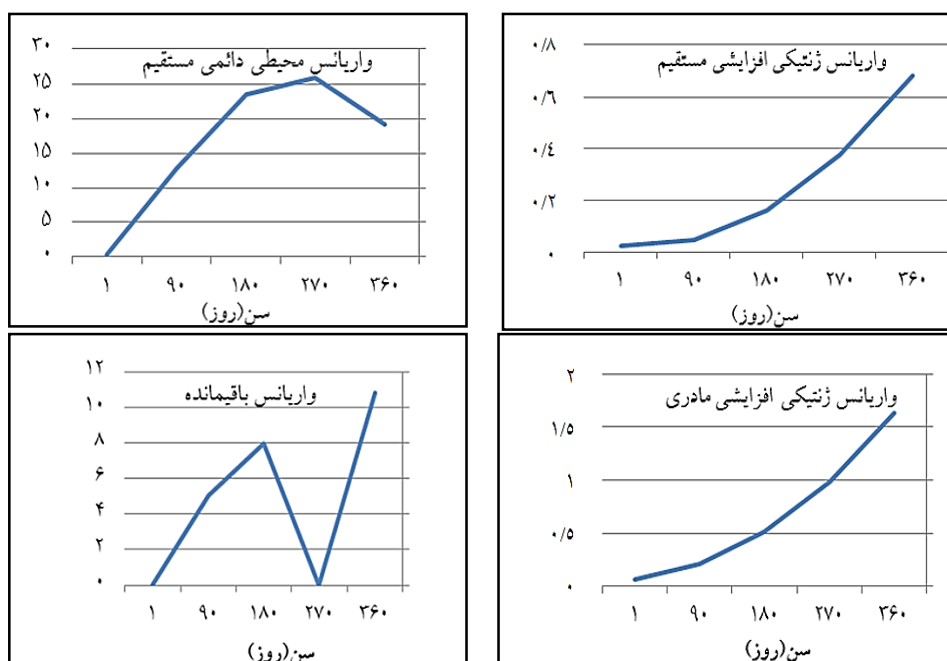
ویژه مقدار	ضرایب تابعیت تصادفی		
	۰	۱	۲
$K_A$			
۰/۶۰	۰/۴۴	۰/۹۵	
۰/۰۱	۰/۲۶	۰/۱۷	
$K_M$			
۱/۵۸	۱/۳	۰/۹۵	
۰/۰۲	۰/۵۹	۰/۳۰	
$K_Q$			
۳۳/۵۴	۳۰/۴۰	۰/۶۲	-۰/۹۹
۲/۱۷	۵/۷۰	۰/۷۶	-۰/۵۶
۰/۰۳	-۷/۸۱	-۱/۳۳	۲/۰۵
۰/۰۰۰۷	۰/۷۱	-۰/۷۹	۰/۲۸

$k_A$ ،  $k_M$  و  $k_Q$  به ترتیب ماتریس‌های واریانس (کواریانس) ضرایب تابعیت تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری و محیطی دائمی مستقیم.

اولین مقدار ویژه ماتریس‌های  $k_A$ ،  $k_M$  و  $k_Q$  رقم بزرگی بود که بیانگر این مطلب است که نسبت بالایی از واریانس کل (۹۳-۹۸ درصد) می‌تواند از طریق اولین ویژه توابع هر تابع کواریانس توضیح داده شود. فیشر و همکاران (۲۰۰۴) گزارش نمودند که ۹۴-۸۹ درصد از واریانس کل می‌تواند از طریق اولین ویژه توابع هر تابع کواریانس توضیح داده شود. غفوری کسبی و همکاران (۲۰۰۸) میزان ۹۵-۹۸ درصد را گزارش نمودند. مقادیر ویژه توابعی که از مقادیر ویژه بردارهای ماتریس کواریانس ژنتیکی

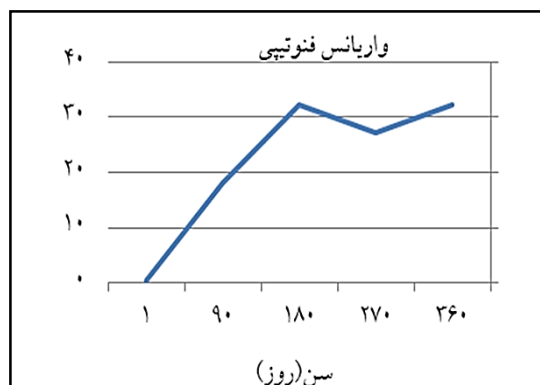
برآورد می‌شوند، بیانگر اطلاعات مربوط به اثر انتخاب بر مقدار رشد هستند (کیرک پاتریک و همکاران، ۱۹۹۰). بخش کوچکی از واریانس را می‌توان با کمک دومین ویژه توضیح داد که نشان می‌دهد امکان تغییر الگوهای رشد از لحاظ ژنتیکی بسیار کم است (فیشر و همکاران، ۲۰۰۴).

برآورد اجزای واریانس: شکل ۱ مقادیر برآورد شده اجزای کواریانس هر اثر تصادفی را توسط مدل ۹ نشان می‌دهد. واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم از تولد تا سن ۳۶۰ روزگی روندی افزایشی داشت. لويس و برودراستون (۲۰۰۲)، فیشر و همکاران (۲۰۰۴)، صفایی و همکاران (۲۰۰۶) و غفوری کسبی و همکاران (۲۰۰۸) نیز الگوی مشابهی را برای تغییر واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم گزارش نمودند.



شکل ۱- روند تغییر واریانس‌های ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، محیطی دائمی مستقیم، فنوتیپی و باقیمانده.





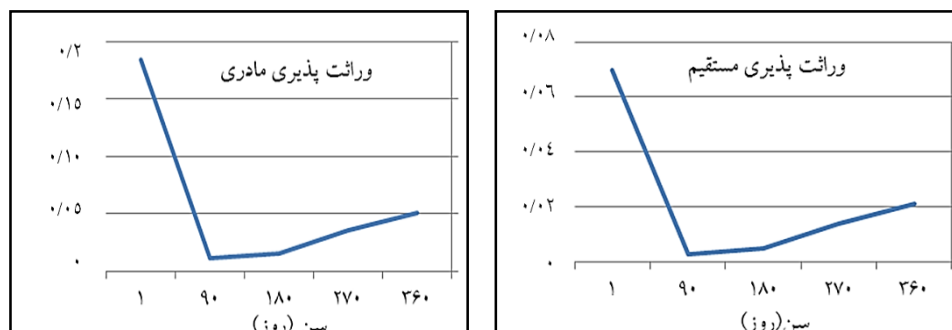
ادامه شکل ۱- روند تغییر واریانس های ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، محیطی دائمی مستقیم، فنوتیپی و باقیمانده

واریانس ژنتیکی افزایشی مادری از تولد تا ۳۶۰ روزگی روند افزایشی را دنبال کرده است. کاریوکی و همکاران (۲۰۱۰) گزارش نمودند که مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی مادری از سن ۲۰ الی ۳۸۰ روزگی روندی افزایشی را نشان داده و مقدار تغییرات در افزایش این واریانس کمتر از تغییرات مشاهده شده در واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم بود. می توان بیان نمود که روند افزایشی به دست آمده در تحقیق حاضر به سبب ماهیت تأثیرگذار اثرات مادری بر صفات رشد بره ها به خصوص در سنین قبل از شیرگیری باشد که از این طریق قابل انتقال به سنین پس از شیرگیری نیز می باشد (میر، ۱۹۹۲). اما غفوری کسبی و همکاران (۲۰۰۸) گزارش کردند که واریانس ژنتیکی مادری بعد از تولد تا حداکثر سن ۱۵۰ روزگی افزایش یافت و بعد از آن کاهش پیدا کرد. در صورتی که صفایی و همکاران (۲۰۰۶) گزارش نمودند که واریانس مادری در اوایل زندگی بیش تر بود و با افزایش سن، خصوصاً سنین بعد از شیرگیری کاهش یافت.

فیشر و همکاران (۲۰۰۴) مشاهده کردند که واریانس محیطی دائمی مستقیم پس از تولد تا سن ۳۰۰ روزگی افزایش یافت و سپس کاهش پیدا کرد. البویرا و همکاران (۲۰۱۰) مشاهده نمودند که این واریانس تا سن ۱۵۰ روزگی تقریباً ثابت بود و پس از این سن، روند افزایشی را تا پایان دوره دنبال نمود. عباسی و همکاران (۲۰۰۴) کاهش این واریانس را تا سن ۱۵۰ روزگی و افزایش پس از آن را گزارش نمودند. واریانس باقیمانده از زمان تولد تا ۱۸۰ روزگی افزایش یافت ولی در سن ۲۷۰ روزگی کاهش نزدیک صفر شد ولی در سن ۳۶۰ روزگی به بیش ترین مقدار خود رسید که با نتایج مطالعات عباسی

و همکاران (۲۰۰۴)، فیشر و همکاران (۲۰۰۴) و غفوری کسبی و همکاران (۲۰۰۸)، که بیان نمودند که این واریانس روند افزایشی را بدون کاهش طی کرده است، متفاوت است. واریانس فنوتیپی از تولد تا سن ۱۸۰ روزگی افزایش یافت و در سن ۲۷۰ روزگی اندکی کاهش پیدا کرد و مجدداً در سن ۳۶۰ روزگی افزایش یافت. می‌توان بیان نمود که کاهش واریانس فنوتیپی در سن ۲۷۰ روزگی، به تبعیت از واریانس باقیمانده می‌باشد. الیویرا و همکاران (۲۰۱۰)، روند افزایشی واریانس فنوتیپی را بدون کاهش تا پایان دوره گزارش نمودند. فیشر و همکاران (۲۰۰۴) کاهش واریانس فنوتیپی در سن ۴۰۰ روزگی و افزایش مجدد پس از آن را گزارش کردند.

وراثت‌پذیری مستقیم در سن ۹۰ روزگی کاهش یافت و به کم‌ترین مقدار خود رسید و پس از آن تا سن ۳۶۰ روزگی روند افزایشی را ادامه داد (شکل ۲). به طور کلی مقادیر وراثت‌پذیری در مطالعه حاضر پایین بود (۰/۰۶-۰/۰۲). روند کاهش وراثت‌پذیری در سن ۹۰ روزگی و افزایش مجدد آن تا پایان دوره با نتایج مطالعات رشیدی و همکاران (۲۰۱۱)، ندایی و همکاران (۲۰۱۰) و الیویرا و همکاران (۲۰۱۰)، مطابقت داشته است. الیویرا و همکاران (۲۰۱۰) در مطالعه خود روی گوسفند نژاد سانتائینس، مقدار وراثت‌پذیری مستقیم را برای وزن تولد، ۵۰، ۱۵۰، ۲۵۰ و ۴۱۱ روزگی، به ترتیب ۰/۲۴، ۰/۱۲، ۰/۴۴، ۰/۸۴ و ۰/۹۶ به دست آوردند. ندایی و همکاران (۲۰۱۰) نیز کاهش وراثت‌پذیری مستقیم در سن ۹۰ و افزایش پس از آن را گزارش نمودند. فیشر و همکاران (۲۰۰۴) روی گوسفند نژاد دورست پول مطالعه نمودند و مشاهده کردند که وراثت‌پذیری مستقیم با افزایش سن رکوردگیری افزایش یافته است. مولینا و همکاران (۲۰۰۷) گزارش نمودند که وراثت‌پذیری مستقیم پس از کاهش در ۴۵ روزگی دوباره افزایش یافته است. عباسی و همکاران (۲۰۰۴) گزارش نمودند که با افزایش سن تا ۱۵۰ روزگی، وراثت‌پذیری افزایش و پس از آن کاهش می‌یابد. البته در مطالعه فوق، تنها دو اثر ژنتیکی مستقیم و محیطی دائمی مستقیم در نظر گرفته شده بود و اثر مادری در نظر گرفته نشده بود.



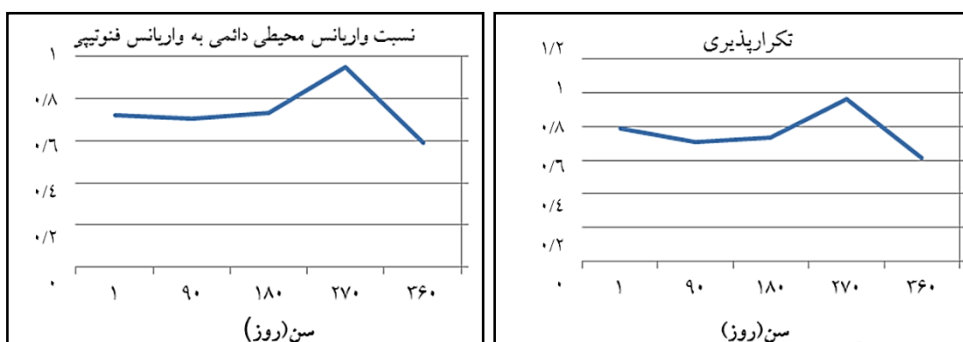
شکل ۲- برآوردهای وراثت‌پذیری مادری و مستقیم

فیشر و همکاران (۲۰۰۴) افزایش وراثت‌پذیری را برای سنین بالا ناشی از کاهش سایر اجزای واریانس به‌خصوص واریانس‌های ناشی از اثرات مادری در سنین بالاتر و پراکنده بودن ساختار اطلاعات و کاهش رکوردها برای سنین پایانی ذکر نمودند. وراثت‌پذیری مادری پس از تولد کاهش چشم‌گیری داشته و سپس با نوسان اندکی تا ۳۶۰ روزگی با بالا رفتن سن افزایش یافت. اکثر مطالعات نشان می‌دهد که وراثت‌پذیری مادری پس از سن ۲۰۰ روزگی کاهش می‌یابد. غفوری کسبی و همکاران (۲۰۰۸)، بیان نمودند که وراثت‌پذیری مادری از تولد تا ۱۲۰ روزگی افزایش یافته و سپس به‌تدریج تا ۲۷۰ روزگی کاهش پیدا کرد. در مطالعه رسولی و همکاران (۲۰۱۰) روی بزهای مرخز، کاهش وراثت‌پذیری مادری پس از یک افزایش تا سن ۶۰ روزگی مشاهده شد. مولینا و همکاران (۲۰۰۷) افزایش وراثت‌پذیری مادری را تا سن ۴۵ روزگی و کاهش پس از آن را گزارش نمودند. ندایی و همکاران (۲۰۱۰) گزارش کردند که وراثت‌پذیری مادری از تولد تا ۱۸۰ روزگی کاهش می‌یابد. دامنه وراثت‌پذیری مستقیم از ۰/۰۲ تا ۰/۰۷ و وراثت‌پذیری مادری از ۰/۰۱ تا ۰/۰۸ بوده است.

در ارتباط با پایین بودن میزان وراثت‌پذیری در این مطالعه برخی دلایل را می‌توان بیان نمود. ممکن است سهم اثرات ژنتیکی و اثر محیطی دائمی حیوان در ایجاد تنوع بین رکوردها (واریانس فنوتیپی) ناچیز بوده و سهم بیشتر اثرات باقی‌مانده ناشی از تغییرات مدیریتی از قبیل تغییرات در سیستم تغذیه، تغییر در سن از شیرگیری بره‌ها و ثبت غیردقیق رکوردها در سنین مختلف در طی ۱۵ سال می‌باشد. مقادیر پایین وراثت‌پذیری حاصل در این مطالعه، با نتایج بوجنانن و خانساری (۲۰۰۲) در مورد اوزان

بدن گوسفند تیمادیت<sup>۱</sup> مطابقت داشت. این افراد در بررسی خود دریافتند که علت اصلی این برآورد پایین، شرایط غیر یکنواخت پرورش می باشد.

نسبت واریانس محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی و تکرارپذیری: نسبت واریانس محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی و تکرارپذیری در شکل ۳ نشان داده شده است. نسبت واریانس محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی پس از تولد کاهش یافت ولی پس از آن تا سن ۲۷۰ روزگی روندی افزایشی را دنبال نمود و به حداکثر مقدار خود در ۲۷۰ روزگی رسید و سپس تا سن ۳۶۰ روزگی کاهش یافت و به کمترین مقدار خود رسید. غفوری کسبی و همکاران (۲۰۰۸) افزایش نسبت واریانس محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی را پس از ۶۰ روزگی تا سن ۱۸۰ روزگی نشان دادند و پس از آن تا سن ۲۷۰ روزگی تقریباً در یک مقدار ثابت باقی ماند. در مطالعه فیشر و همکاران (۲۰۰۴) نسبت واریانس محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی از ۵۰ روزگی تا ۲۰۰ روزگی افزایش پیدا نمود و پس از آن تا سن ۵۰۰ روزگی روندی کاهشی داشته است. طبق نتایج ندایی و همکاران (۲۰۱۰) نسبت واریانس محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی بعد از ۹۰ روزگی تا سن ۳۶۰ روزگی به تدریج افزایش یافت.



شکل ۳- برآورد نسبت واریانس محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی و تکرارپذیری

عباسی و همکاران (۲۰۰۴) گزارش کردند که نسبت واریانس محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی از تولد تا سن ۱۵۰ روزگی روندی کاهشی و پس از آن تا سن ۳۶۰ روزگی روند افزایشی را دنبال نمود. آبگاز و همکاران (۲۰۰۵) بیان کردند که نسبت واریانس محیطی دائمی به واریانس فنوتیپی از ۰/۴۱ در زمان تولد تا ۰/۱۲ در ۹۰ روزگی کاهش پیدا کرد. سپس به تدریج تا ۰/۴۰ در ۲۷۰ روزگی افزایش یافت

1- Timahdite

و تا پایان دوره (۳۵۶ روزگی) در همین محدوده عددی نوسان نمود. مقدار تکرارپذیری پس از تولد کاهش یافت ولی پس از آن تا سن ۲۷۰ روزگی روند افزایشی داشت و در نهایت در وزن ۳۶۰ روزگی به کمترین مقدار خود رسید.

**همبستگی‌ها:** جدول ۳ همبستگی‌های ژنتیکی مستقیم و فنوتیپی بین وزن‌ها در سنین مختلف را نشان می‌دهد. همبستگی ژنتیکی مستقیم بین وزن تولد و سایر وزن‌ها نسبت به همبستگی بین وزن‌های بالاتر پایین بود و نشان‌دهنده این امر است که در سنین کم، ژن‌های متفاوتی وزن را کنترل می‌نمایند (لویس و برودراستون، ۲۰۰۲). الیویرا و همکاران (۲۰۱۰) همبستگی منفی بین وزن تولد و اوزان ۲۳۱ و ۴۱۱ روزگی را گزارش نمودند.

فیشر و همکاران (۲۰۰۴) نتیجه گرفتند که وقتی فاصله بین وزن‌ها افزایش می‌یابد همبستگی نیز کاهش می‌یابد و بیان کردند که همبستگی ژنتیکی بین اولین سن (۵۰ روزگی) و آخرین سن (۵۵۰ روزگی)، برابر ۰/۳۷ بود که نشان می‌دهد وزن در سنین پایین تحت کنترل ژن‌های مشابه وزن در سنین بالا نمی‌باشد. الگوی مشابهی از همبستگی ژنتیکی صفات رشد در سنین مختلف گوسفند توسط غفوری کسبی و همکاران (۲۰۰۸)، گزارش شده است. همبستگی ژنتیکی مثبت بین دو سن نشان‌دهنده این است که انتخاب برای وزن بدن در یک سن، اثر مثبت روی وزن بدن در سن بعدی خواهد داشت. عباسی و همکاران (۲۰۰۴) از مطالعه بر روی گوسفند بلوچی مشاهده نمودند که همبستگی ژنتیکی مستقیم بین سنین نزدیک به هم، بالا بوده و با افزایش فاصله سنین از هم، مقدار همبستگی بین آن‌ها کاهش یافت. در مطالعه حاضر نیز الگوی مشابه با نتیجه عباسی و همکاران (۲۰۰۴) رخ داد به طوری که همبستگی ژنتیکی مستقیم بین وزن ۹۰ و ۱۸۰ روزگی ۰/۹۲ بود و این همبستگی بین ۹۰ و ۲۷۰ روزگی ۰/۸۶ به دست آمد. از طرفی این همبستگی بین وزن‌های ۹۰ و ۳۶۰ روزگی ۰/۸۳ بود.

جدول ۳- همبستگی ژنتیکی (بالای قطر)، همبستگی فنوتیپی (زیر قطر) بین وزن‌های بدن در سنین مختلف

سن (روز)	۱	۹۰	۱۸۰	۲۷۰	۳۶۰
۱	۱	۰/۳۶	-۰/۰۱	-۰/۱۴	-۰/۲۱
۹۰	۰/۲۷	۱	۰/۹۳	۰/۸۷	۰/۸۳
۱۸۰	۰/۲۴	۰/۷۰	۱	۰/۹۹	۰/۹۸
۲۷۰	۰/۲۵	۰/۷۱	۰/۸۳	۱	۰/۹۹
۳۶۰	۰/۲۰	۰/۵۱	۰/۶۳	۰/۸۱	۱

همبستگی ژنتیکی مادری بین وزن تولد با سایر اوزان کمتر از میزان همبستگی بین سایر وزن‌ها بود (جدول ۳). میزان این همبستگی با افزایش فاصله بین سنین کاهش یافته است. الیویرا و همکاران (۲۰۱۰) گزارش کردند که همبستگی‌های ژنتیکی مادری بین وزن تولد و وزن ۸۵، ۱۵۸، ۲۳۱ و ۴۱۱ روزگی به ترتیب ۰/۸۸، ۰/۸۴، ۰/۶۹ و ۰/۴۶ بود که مقادیر گزارش شده بیشتر از نتایج مطالعه حاضر بودند. فیشر و همکاران (۲۰۰۴) نشان دادند که همبستگی ژنتیکی مادری برای تمامی سنین بالا بود (بالتر از ۰/۷) و نشان‌دهنده این امر است که ژن‌های مادری عمل‌کننده در سنین اولیه مشابه همان ژن‌ها در اواخر رشد می‌باشد. غفوری کسبی و همکاران (۲۰۰۸) نشان دادند که همبستگی ژنتیکی مادری بین وزن تولد و وزن‌های بالاتر از ۱۸۰ روزگی، کم‌تر از ۰/۳ می‌باشد و نشان‌دهنده این است که رابطه ژنتیکی کمی بین کنترل ژنتیکی مادری رشد جنین و تولید شیر وجود دارد، هم‌چنین گزارش کردند که همبستگی ژنتیکی مادری بین وزن‌های ۱۸۰ تا ۲۷۰ روزگی بالاتر از ۰/۶ بود که این امر بر این دلالت می‌کند که اثرات مادری در سنین فوق‌توسط ژن‌های مشابهی ایجاد می‌شوند. در مطالعه حاضر نیز بین وزن‌های سنین بالا و مجاور هم میزان همبستگی ژنتیکی مادری نزدیک به یک به دست آمد. به طور مثال، همبستگی ژنتیکی مادری بین وزن‌های ۹۰ و ۱۸۰ روزگی، ۰/۹۸، بین وزن‌های ۱۸۰ و ۲۷۰ روزگی، ۰/۹۹ و بین وزن‌های ۲۷۰ و ۳۶۰ روزگی، ۰/۹۹ بود و میزان همبستگی بین وزن‌ها در مطالعه حاضر بین ۰/۵۴ تا ۰/۹۹ به دست آمد. همبستگی محیطی دائمی مستقیم بین وزن تولد و وزن‌های بعدی پایین بود (۰/۳۲-۰/۲۳) که نشان می‌دهد ارتباط ضعیفی بین عوامل محیطی دائمی حیوانات در وزن تولد و وزن در سنین بالاتر وجود دارد. در مطالعه لویس و برودرستون (۲۰۰۲) میزان همبستگی بین روزهای مجاور، تقریباً یک شد و مقارن با زیاد شدن فاصله بین وزن‌ها، کاهش یافت و به حدود ۰/۲۸ بین وزن زنده در سن ۲ روزگی و وزن ۱۵۹ روزگی رسید. عزیز و همکاران (۲۰۰۵) مشاهده نمودند که همبستگی محیطی دائمی مستقیم بین وزن تولد و وزن‌های دیگر نسبت به این همبستگی میان وزن‌ها در سنین دیگر، کم‌تر بود. این همبستگی بین وزن تولد و ۳۶۵ روزگی حداقل (۰/۴) و بین وزن‌های ۹۰ و ۱۲۰ روزگی، بین ۱۲۰ و ۱۵۰ روزگی، بین ۱۵۰ و ۱۸۰ روزگی و بین ۱۸۰ و ۲۱۰ روزگی حداکثر و تقریباً برابر یک بود. غفوری کسبی و همکاران (۲۰۰۸) و لویس و برودرستون (۲۰۰۲) مشاهده کردند که این همبستگی با افزایش فاصله بین رکوردها کاهش می‌یابد. عزیز و همکاران (۲۰۰۵) دریافتند که همبستگی فنوتیپی وزن تولد با وزن‌های رکورد برداری شده در سنین دیگر، پایین‌تر از همبستگی میان وزن‌های دیگر بود که این گزارش، نتایج این مطالعه را تأیید می‌کند. در رابطه با هر سه نوع همبستگی ژنتیکی مستقیم، ژنتیکی

مادری و محیطی دائمی مستقیم، بالاترین مقدار همبستگی، بین وزن‌های ۲۷۰ و ۳۶۰ روزگی بوده که نشان‌دهنده رابطه قوی بین این دو سن می‌باشد.

#### منابع

- Abbasi, M., Vaez Torshizi, R., Nejati Javaremi, A. and Asfoori, R. 2004. Estimation of genetic parameters of body weight traits using random regression in Balouchi sheep from Abbasabad Research Center. *J. Res. Instruc.* 65: 29- 37. (In Persian)
- Abegaz, S., Van wyk, J.B. and Oliver, J. 2005. Model comparisons and genetic and environmental parameter estimates of growth and the kleiber ratio in Horro Sheep. *Sout. Afric. J. Anim. Sci.* 35: 30-40.
- Boujenant, I. and Kansari, J. 2002. Estimates of (co) variances due to direct and maternal effects for body weights in Timahdite sheep. *J. Anim. Sci.* 74: 409- 414.
- Dekkers, J. 2002. Models for genetic analysis of longitudinal data. Course Notes. University of Guelph, Canada. Available on the [http//www. Anslab. Iastate. edu/class/An5657/RR\\_Models\\_1.doc](http://www.Anslab.Iastate.edu/class/An5657/RR_Models_1.doc).
- Farhangfar, H., Rowlinson, P.M. and Willis, B. 2001. Genetic correlation between 305-day and monthly test day milk yield in primiparouse Iranian Holstein. *British Soci. J. Anim. Sci.* 55: 219-231.
- Fischer, T., Vanderwert, M., Banks, J.H.J. and Ball, J. 2004. Description of lamb growth using random regression on field data. *Livest. Prod. Sci.* 89: 175- 185.
- Ghafouri Kesbi, F., Eskandarinasab, M. and Shahir, P.M. 2008. Estimation of direct and maternal effects on body weight in Mehraban sheep using random regression model. *Arch. Tierz., Dummerstorf.* 51: 235- 246.
- Kariuki, C.M., Ilatsia, E.D., Wasike, C.B., Kosgey, I.S. and Kahi, A.K. 2010. Genetic evaluation of growth of Dorper sheep in semi-arid Kenya using random regression models. *Small Rumin. Res.* 93:126–134.
- Kirkpatrick, M., Lofsvold, D. and Bulmer, M. 1990. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. *Genetics.* 124: 979- 993.
- Kirkpatrick, M., Hill, W.G. and Thompson, G.R. 1994. Estimating the covariance of traits during growth and ageing, illustrated with lactation in dairy cattle. *Genetic Res.* 64: 57- 69.
- Levis, R. and Brotherstone, S. 2002. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. *J. Anim. Sci.* 74: 63- 70.
- Meyer, K. 1989. Approximate accuracy of genetic evaluation under an animal model. *Livest. Prod. Sci.* 21: 87-100.
- Meyer, K. 1992. Bias and sampling covariance of estimates of variance components due to maternal effects. *Genet. Sel. Evol.* 24: 487–509.
- Meyer, K. 2001. Estimates of direct and maternal covariance function for growth of Australian beef calve from birth to weaning, *Genet. Sel. Evol.* 33: 487- 514.

- Molina, A., Menendez Buxadera, A., Valera, M.J. and Serradilla, M. 2007. Random regression model of growth during the first three months of age in Spanish Merino sheep. *J. Anim. Sci.* 85: 2830-2839.
- Mrode, R.A. 2005. *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values*. 2nd (ed.). CAB International. Wallingford, UK.
- Nedayi, A., Miraei Ashtiani, S. and Sadeghi, R.M. 2010. Estimation of genetic parameters of body weight using random regression model in Sanghsari sheep. In *Proceedings of the 4<sup>th</sup> Congress of Animal Science of Iran*. University of Tehran. Iran. Pp: 560. (In Persian)
- Oliveira, K.A.P., DeLobo, R.N.B. and Facó, O. 2010. Genetic evaluation of partial growth trajectory of Santa Inês breed using random regression models. *Revista Brasileira De Zootecnia, Viçosa. MG.* 39: 1029-1036.
- Rashidi, A., Mokhtari, M.S., Esmailzadeh, A.K. and Asadi Fozi, M. 2011. Genetic analysis of ewe productivity traits Moghanisheep. *Small Rumi. Res.* 95: 11-15.
- Safaei, M., Eskandarinasab, M. and Shearbaftoosy, P.A. 2006. Estimates of genetic parameters for growth traits in Baluchi sheep using random regression models. *J. Agri. Sci. Tech.* 20: 93-102.
- Scheaffer, L.R. 2004. Application of random regression models in animal breeding. *Livest. Prod. Sci.* 86: 35-45.
- Scheaffer, L.R. and Dekkers, M. 1994. Random regression models for test day production dairy cattle. In *Proceedings of the 5<sup>th</sup> World Congress on Applied Livestock Production*, Guelph, Canada, XVIII, 443-446.
- Swalve, H.H. 1998. Use of test day records for genetic evaluation. In *Proceedings of the 6<sup>th</sup> World Congress on Genetic Applied to Livestock Production*. Armidale, Australia. Pp: 295-302.





Gorgan University of Agricultural  
Sciences and Natural Resources

*J. of Ruminant Research*, Vol. 2(2), 2014  
<http://ejrr.gau.ac.ir>

## **Estimation of genetic parameters of growth traits in Moghani sheep using random regression model**

**\* A. Lavvaf<sup>1</sup>, B. Hemati<sup>2</sup> and T. Farahvash<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Associate Prof., and <sup>2</sup>Assistant Prof., Dept. of Animal Science, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Islamic Azad University, Karaj Branch, Karaj, Iran,

<sup>3</sup>Lecturer, Dept. of Animal Science, Faculty of Agriculture and Veterinary, Islamic Azad University, Shabestar Branch, Shabestar, Iran

Received: 10/24/2013; Accepted: 11/21/2013

### **Abstract**

In order to estimate genetic parameters of body weight trait using random regression model 19388 test day records from 6013 Moghani sheep which were collected at Moghan Research Station located in Ardebil province, Iran, during 1995 to 2009 were used. In the model, year-season, birth year-season, sex of lamb, birth type and dam parity were classified as fixed effects and age of dam at parturition and age of animal were as covariates. Random effects of model were direct additive genetic effect, maternal additive genetic effect, direct permanent environmental effect and residual effect. Model 9 with 2nd order of fit for genetic effects and 4th order of fit for permanent environmental effect and 21 parameters was considered as the most appropriate model. Direct heritability estimated for weight at birth, 90, 180, 270 and 360 days were 0.069, 0.002, 0.005, 0.013 and 0.021, respectively. Results showed that direct heritability reduced after birth and reached to the lowest amount at 90 days of age, but after that increased as the age increased. Maternal heritability had considerable reduction after birth and then increased to 360 days. Weights at 270 and 360 days had the highest correlation. Commonly genetic and phenotypic correlations reduced as the age increased.

**Keywords:** Random regression, Genetic parameters, Body weight, Moghani sheep

---

\*Corresponding author; [aynm.lavvaf@yahoo.com](mailto:aynm.lavvaf@yahoo.com)

