مقایسه مدل‌های مختلف حیوانی در تخمین اجزای واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی وزن بدن گوسفند مهربان

فرهاد غفوری کسبی[۱*]، مرادپاشا اسکندری نسب[۱] و حسین محمدی[۲]

(تاریخ دریافت: ۱۳۸۶/۵/۱۶ ؛ تاریخ پذیرش: ۱۳۸۷/۲/۲۵)

چکیده

اجزای واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی وزن بدن گوسفندان مهربان با استفاده از مدل‌های تک‌متغیره و تابعیت تصادفی (RR) از تجزیه و تحلیل ۹۵۰۷ رکورد وزن بدن مربوط به ۲۷۴۶ بره مهربان که در طی سال‌های ۱۳۶۹ الی ۱۳۸۴ از گله‌های تحت پوشش معاونت امور دام سازمان جهاد کشاورزی استان همدان جمع‌آوری شده بود براورد گردید. در هر دو روش، براورد اجزاء واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده بدون مشتق‌گیری (DF-REML) و به‌ترتیب با استفاده از برنامه‌های DFUNI و DXMRR از نرم افزار DFREML 3.1 انجام شد. اجزای واریانس براورد شده از طریق مدل RR (به استثنای واریانس باقی‌مانده) برای برخی سنین بالاتر از مقادیر براورد شده از طریق مدل تک‌متغیره بود. وراثت‌پذیری مستقیم (h^2) حاصل از مدل‌های RR و تک‌متغیره تا سن شیرگیری (۹۰ روزگی) تقریباً با هم برابر بودند، ولی به‌طور کلی مقادیر براورد شده توسط مدل RR بالاتر از مقادیر براورد شده از طریق مدل تک متغیره بود. وراثت‌پذیری مادری (m^2) براورد شده از طریق مدل RR بالاتر از مقادیر براورد شده از طریق مدل تک متغیره بود و در ضمن با افزایش سن روند تغییرات متفاوتی را نشان داد. هم‌بستگی ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده از دو روش مذکور برای وزن تولد و شیرگیری به‌ترتیب ۷۲٪ و ۷۰٪ براورد گردید. نتایج نشان داد که براورد اجزای واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی توسط مدل RR تحت تأثیر ساختار اطلاعات قرار می‌گیرد و تحت شرایط اخیر، در صورت نیاز به فراسنجه‌های ژنتیکی به‌ویژه فراسنجه‌های مربوط به سنین پایانی، بهتر است از مقادیر براورد شده توسط مدل‌های تک‌متغیره استفاده شود.

واژه‌های کلیدی: وزن بدن، گوسفند، تابعیت تصادفی، وراثت‌پذیری

مقدمه

معمولاً صفاتی که در طول زندگی یک حیوان چندین بار قابل اندازه‌گیری هستند، با این پیش فرض که ارزش‌های فنوتیپی در سنین مختلف صفات متفاوتی هستند، با استفاده از روش‌های تک متغیره و چند متغیره تجزیه و تحلیل می‌شوند. اخیراً مدل‌های تابعیت تصادفی (Random regression models) به‌عنوان یک روش جایگزین مناسب برای تجزیه و تحلیل صفاتی که به‌طور مکرر در طول زندگی یک حیوان قابل اندازه‌گیری می‌باشند پیشنهاد شده‌اند (۲). این مدل‌ها اول بار توسط هندرسون (۹) در سال ۱۹۸۲ ارائه شدند، اما به‌دلیل عدم

۱. به‌ترتیب کارشناس ارشد و استادیار علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان
۲. کارشناس ارشد علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان
* : مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: farhad_ghy@yahoo.com

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1388.13.47.46.9]

آشنایی پژوهشگران با خصوصیات و مزایای این مدل‌ها و در ضمن در دسترس نبودن امکانات نرم افزاری مناسب جهت انجام تجزیه و تحلیل‌ها در قالب مدل‌های مذکور، استفاده عملی از این مدل‌ها جهت ارزیابی ژنتیکی دام‌ها تا اواسط دهه ۱۹۹۰م به تعویق افتاد. شیفر و دکرز (۲۲) برای اولین بار مدل‌های RR را جهت تجزیه و تحلیل رکوردهای روز آزمون تولید شیر مورد استفاده قرار دادند. اگر چه مدل‌های RR بیشتر جهت تجزیه و تحلیل رکوردهای روزآزمون تولید شیر مورد استفاده قرار گرفته‌اند (۱۱ و ۲۲)، اما در طی سال‌های اخیر استفاده از این مدل‌ها در تجزیه و تحلیل صفت وزن بدن در گاوهای گوشتی (۵، ۶، ۷، ۱۰، ۱۴ و ۱۷) و گوسفند (۱، ۳، ۴، ۸ و۱۲) توسعه یافته است. مایر (۱۶) با استفاده از روش شبیه‌سازی داده‌ها نشان داد که جایگزینی مدل‌های RR به‌جای مدل‌های رایج، دقت ارزیابی ژنتیکی دام‌ها را افزایش می‌دهد. علت این مسأله مدل‌سازی مناسب‌تر فراسنجه‌های ژنتیکی به‌دلایل عدم نیاز به تصحیح رکوردها، امکان در نظر گرفتن آثار محیطی خاص زمان رکوردگیری در محاسبات و افزایش میزان اطلاعات در دسترس از هر حیوان است.

مزیت مدل‌های RR بر سایر مدل‌های رایج در تجزیه و تحلیل رکوردهای وزن بدن در شرایطی که اولاً تعداد رکوردها به ازای هر حیوان زیاد بوده و در ضمن به‌دلیل رکوردبرداری منظم رکوردها توزیع یک‌نواختی در طول دوره رشد حیوانات دارند، نشان داده شده است (۱۲). ولی تحت شرایطی که تعداد رکوردها به ازای هر حیوان کم بوده و در ضمن رکوردها توزیع مناسبی در طول دوره رشد حیوانات ندارند، براوردهای مدل‌های RR به‌ویژه در سنین پایانی تحت تأثیر قرار گرفته و دقت براوردها برای سنین مذکور کاهش خواهد یافت (۸، ۱۷، ۱۸ و ۱۹). این مسأله خصوصاً زمانی مشاهده می‌شود که تفاوت زیادی بین تعداد رکوردها در سنین اولیه و تعداد رکوردها در سنین پایانی وجود داشته باشد (۱۷)، که معمولاً در گله‌های گوسفند به‌دلیل فروش حیوانات در سنین پس از شیرگیری و هم‌چنین حذف بعضی به‌دلیل بیماری، شرایط فوق حاکم است.

بنابراین انجام یک تحقیق به‌منظور بررسی کارایی مدل‌های RR در تجزیه و تحلیل رکوردهای وزن بدن تحت شرایط مذکور ضروری به‌نظر می‌رسید. بدین منظور، ابتدا اطلاعات مربوط به وزن بدن در سنین تولد، شیرگیری، شش ماهگی و نه ماهگی بره‌های مهربان به‌عنوان صفات متفاوت با استفاده از روش تک‌متغیره تجزیه و تحلیل شد و نتایج حاصل با براوردهای مدل RR مقایسه شدند. بنابراین هدف از این تحقیق مقایسه مدل‌های RR و تک‌متغیره در تجزیه و تحلیل صفت وزن بدن گوسفندان مهربان بود.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از اطلاعات مربوط به گله‌های تحت پوشش معاونت امور دام سازمان جهاد کشاورزی استان همدان که در طی ۱۵ سال (۱۳۶۹ الی ۱۳۸۴) در واحد اصلاح نژاد گوسفند مهربان جمع‌آوری شده بود استفاده گردید. این اطلاعات پس از ورود به سیستم رایانه در محیط نرم افزار ACCESS طی چند مرحله مورد بازبینی قرار گرفته و پس از ویرایش در قالب مدل‌های تک‌متغیره و RR مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند.

الف) تجزیه و تحلیل تک‌متغیره

در این نوع تجزیه و تحلیل، برای رکوردهای وزن بدن در سنین تولد، شیرگیری، شش ماهگی و نه ماهگی بره‌های مهربان فایل‌های اطلاعات جداگانه تشکیل شد و اوزان بدن در سنین مذکور به‌عنوان صفات متفاوت تجزیه و تحلیل شدند. آمار توصیفی صفات مورد بررسی در این تحقیق در جدول ۱ ارائه شده است.

قبل از هر گونه تجزیه و تحلیل، ابتدا تجزیه واریانس عوامل مؤثر بر صفات مورد مطالعه با استفاده از مدل خطی عمومی GLM از نرم افزار SAS (۲۰) انجام شد. اثر عوامل سن مادر، نحوه تولد، و گروه هم‌زمان (سال – فصل– جنس) معنی دار شد ($P<0/05$)، لذا به‌عنوان اثرات ثابت در مدل آماری وارد شدند. مدل آماری مورد استفاده (در قالب مدل حیوانی) جهت

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1388.13.47.46.9]

جدول۱. خلاصه آمار توصیفی صفات مورد بررسی

صفات	وزن تولد	وزن شیرگیری	وزن شش ماهگی	وزن نه ماهگی
تعداد رکورد	۳۷۴۴	۲۲۴۳	۱۹۶۵	۱۵۵۵
میانگین (کیلوگرم)	۳/۸۹	۲۰/۰۵	۳۴/۱۸	۴۳/۶۴
انحراف معیار (کیلوگرم)	۰/۷۳	۲/۹۷	۳/۸۹	۴/۵۵
ضریب تغییرات (٪)	۱۸/۷	۱۴/۸	۱۱/۴	۱۰/۴
تعداد پدر	۸۲	۷۳	۷۳	۶۲
تعداد مادر	۱۲۳۵	۹۶۵	۹۱۳	۷۷۳

تجزیه و تحلیل رکوردها به‌صورت زیر بود:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e, \ (\sigma_{a,m} = A\,\sigma_{a,m})$$

که در آن y = بردار مشاهدات؛ b = بردار اثرات ثابت مرتبط با ماتریس ضرایب X؛ a= بردار مجهول اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مستقیم مرتبط با ماتریس ضرایب Z_1؛ m = بردار مجهول اثر تصادفی ژنتیکی افزایشی مادری مرتبط با ماتریس ضرایب Z_2؛ c= بردار مجهول اثر تصادفی محیطی دائمی مادری مرتبط با ماتریس ضرایب Z_3 و e = بردار آثار باقی‌مانده (محیطی موقت) هستند. A = ماتریس خویشاوندی ژنتیکی افزایشی بین حیوانات و $\sigma_{a,m}$ = کوواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری می‌باشد. براورد اجزای واریانس به روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (Restricted maximum likelihood) و با استفاده از برنامه DFUNI از نرم افزار DFREML 3.1 (۱۵) انجام شد.

ب) تجزیه و تحلیل تابعیت تصادفی

در این روش، رکوردهای وزن بدن مربوط به سنین مختلف با یکدیگر ترکیب شد و در نهایت تعداد ۹۵۰۷ رکورد وزن بدن توسط مدل‌های RR مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. اثرات ثابت منظور شده در مدل آماری مشابه تجزیه و تحلیل تک متغیره بود. از الگوریتم میانگین اطلاعات (Average information) در قالب روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) برای براورد کوواریانس بین ضرایب تابعیت تصادفی با کمک برنامه DXMRR از نرم افزار DFREML 3.1 (۱۵) استفاده شد. مدل آماری مورد استفاده (در قالب مدل حیوانی) جهت تجزیه و تحلیل رکوردها به‌صورت زیر بود:

$$y_{ij} = F_{ij} + \sum_{m=0}^{f}\beta_m\phi_m\left(a^*_{ij}\right) + \sum_{m=0}^{k_a-1}\alpha_{pm}\phi_m\left(a^*_{ij}\right) + \sum_{m=0}^{k_m-1}\gamma_{pm}\phi_m\left(a^*_{ij}\right) + \sum_{m=0}^{k_c-1}\delta_{pm}\phi_m\left(a^*_{ij}\right) + \sum_{m=0}^{k_q-1}\rho_{pm}\phi_m\left(a^*_{ij}\right) + \varepsilon_{ij}$$

که در آن y_{ij} = هر یک از رکوردهای مربوط به وزن بدن؛ F_{ij} = بردار اثرات ثابت مربوط به y_{ij} ؛ $m=\beta_m$ امین ضریب تابعیت ثابت جهت برازش منحنی رشد حیوانات مورد مطالعه؛ a^*_{ij} = سن استاندارد شده در دامنه ۱- تا ۱+ ، $m=\varphi_m(a^*_{ij})$ امین چندجمله‌ای لجندر (Legendre polynomial) از سن؛ α_{pm}، γ_{pm}، δ_{pm} و ρ_{pm} به‌ترتیب m امین ضریب تابعیت برای اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، محیطی دائمی مستقیم و محیطی دائمی مادری برای p امین حیوان؛ f = درجه برازش تابعیت ثابت (در تمامی مدل‌ها برابر ۳ منظور شد)؛ k_a، k_m، k_c و k_q = به‌ترتیب درجات برازش توابع کوواریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، محیطی دائمی حیوان و محیطی دائمی مادری (اثرات تصادفی) و ε_{ij} = اثر باقی‌مانده (محیطی موقت) مربوط به y_{ij} است. نماد ماتریسی مدل آماری فوق به‌صورت زیر است:

$$y = Xb + Z_1\alpha + Z_2\gamma + W_1\delta + W_2\rho + \varepsilon$$

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1388.13.47.46.9]

$$V\begin{bmatrix}\alpha\\ \gamma\\ \delta\\ \rho\\ \varepsilon\end{bmatrix}=\begin{bmatrix}K_A\otimes A & 0 & 0 & 0 & 0\\ 0 & K_M\otimes A & 0 & 0 & 0\\ 0 & 0 & K_C\otimes I & 0 & 0\\ 0 & 0 & 0 & K_Q\otimes I & 0\\ 0 & 0 & 0 & 0 & R\end{bmatrix}$$

که در آن y= بردار مشاهدات مربوط به وزن بدن؛ b= بردار اثرات ثابت؛ α = بردار مجهول ضرایب تابعیت تصادفی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم؛ γ = بردار مجهول ضرایب تابعیت تصادفی اثر ژنتیکی افزایشی مادری؛ δ = بردار مجهول ضرایب تابعیت تصادفی اثر محیطی دائمی مستقیم؛ ρ = بردار مجهول ضرایب تابعیت تصادفی اثر محیطی دائمی مادری؛ X، Z_1، Z_2، W_1 و W_2 = ماتریس‌های معلوم ضرایب؛ ε = بردار اثرات باقی‌مانده؛ K_A، K_M، K_C و K_Q = به‌ترتیب ماتریس ضرایب توابع کوواریانس آثار ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، محیطی دائمی مستقیم و محیطی دائمی مادری هستند. A = ماتریس خویشاوندی ژنتیکی افزایشی بین حیوانات و I= ماتریس واحد است.

در تجزیه و تحلیل تابعیت تصادفی به‌منظور برازش اثرات تصادفی با بهترین درجه برازش، ۵ مدل مختلف مورد استفاده قرار گرفت. تمامی مدل‌ها حاوی اثرات مستقیم و مادری بودند، ولی درجات برازش اثرات مذکور در مدل‌های مختلف متفاوت بود (جدول ۲). جهت مقایسه این مدل‌ها از آماره آزمون (Akaike's Information Criterion) AIC استفاده شد (۲۴). شاخص AIC برای مدل i به‌صورت زیر محاسبه می‌شود:

$$AIC_i = -2 \log L_i + (2p_i)$$

در رابطه فوق $\log L_i$ و p_i به‌ترتیب لگاریتم تابع درست نمایی و تعداد اجزای واریانس براورد شده در مدل مورد نظر می‌باشند. در زمان استفاده از این روش، مدلی که حداقل مقدار را برای شاخص مذکور حاصل نماید به‌عنوان مدل مناسب انتخاب خواهد شد. این شاخص جهت مقایسه مدل‌های مختلف به‌ویژه در تجزیه و تحلیل‌های RR مورد استفاده قرار می‌گیرد (۳، ۵، ۸ و ۱۴).

برای براورد واریانس باقی‌مانده از یک تابع واریانس استفاده شد. در این حالت، واریانس باقی‌مانده غیریک‌نواخت و وابسته به سن رکوردگیری در نظر گرفته می‌شود. با استفاده از تابع واریانس، میزان واریانس باقی‌مانده برای تمامی سنین (البته در دامنه‌ای که مشاهدات ثبت شده‌اند) قابل براورد خواهد بود. تابع واریانس مورد استفاده جهت براورد واریانس باقی‌مانده به‌صورت زیر محاسبه و منظور شد (۵ و ۱۴):

$$\sigma_j^2 = \sigma_0^2 \exp\{1 + \sum_{r=1}^{v-1} br(a_{ij}^*)^r\}$$

که در آن σ_j^2 = واریانس باقی‌مانده در j امین سن، σ_0^2 = عرض از مبداء، br و v به‌ترتیب ضرایب و تعداد فراسنجه‌های تابع واریانس می‌باشند. بر این اساس R ماتریسی قطری است که هر عنصر قطری آن نشان‌دهنده براوردی مجزا و متفاوت برای هر سن مورد نظر خواهد بود.

به‌منظور مقایسه ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده و نیز مقایسه رتبه‌بندی حیوانات در دو روش RR و تک‌متغیره، ارزش‌های اصلاحی حیوانات نر از دو روش مذکور پیش‌بینی شد و هم‌بستگی بین ارزش‌های اصلاحی به روش اسپیرمن (Spearman) براورد شد.

نتایج

اجزای واریانس

اجزای واریانس براورد شده توسط مدل تک‌متغیره و بهترین مدل RR (مدل ۴) در شکل ۱ ارائه شده است. در مدل‌های RR، با استفاده از ماتریس‌های ضرایب توابع کوواریانس (جدول ۳)، توابع کوواریانس برای اثرات تصادفی تشکیل شده و از طریق توابع مذکور، اجزای واریانس برای هر سن خاص و نیز کوواریانس‌های بین سنین مختلف به‌دست می‌آیند. قابل ذکر است که جزء واریانس محیطی دائمی حیوان در روش تک‌متغیره قابل استفاده نیست و خاص مدل‌های RR است.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1388.13.47.46.9]

جدول۲. درجات برازش برای اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم (k_a)، ژنتیکی افزایشی مادری (k_m)، محیطی دائمی مستقیم (k_c)، محیطی دائمی مادری (k_q) و باقیمانده (v-1)، تعداد پارامتر مورد براورد در هر مدل (np) و شاخص AIC (به صورت انحراف از کمترین مقدار)

مدل	k_a	k_m	k_c	k_q	v-1	np	AIC
۱	۳	۳	۳	۳	۳	۲۷	۲۶۸
۲	۳	۴	۳	۴	۳	۳۶	۳۷۸
۳	۴	۴	۳	۳	۳	۳۶	۲۸۰
۴	۳	۳	۴	۴	۳	۳۶	۰
۵	۴	۴	۴	۴	۳	۴۴	۶۲۳

جدول ۳. براوردهای واریانس‌ها (عناصر قطری)، کوواریانس‌ها (عناصر پایین قطر) و هم‌بستگی‌های (عناصر بالای قطر) بین ضرایب تابعیت تصادفی بر اساس مدل ۴ با درجات برازش ۳، ۳، ۴ و ۴ به ترتیب برای اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، ژنتیکی افزایشی مادری، محیطی دائمی مستقیم و محیطی دائمی مادری

۰[a]	۱[b]	۲[c]	۳[d]
اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم			
۸/۶۰۰	۰/۹۸۷	−۰/۲۷۴	
۲/۶۹۳	۱/۰۴۸	−۰/۰۴۲	
−۰/۴۰۶	−۰/۰۲۲	۰/۲۵۴	
اثر ژنتیکی افزایشی مادری			
۱/۵۵۳	۰/۹۳۵	۰/۶۳۲	
۰/۶۴۹	۰/۳۱۱	−۰/۲۳۷	
۰/۲۸۶	−۰/۰۴۸	۰/۱۳۲	
اثر محیطی دائمی مستقیم			
۱/۰۱۲	۰/۸۹۹	−۰/۹۵۰	۰/۴۳۶
۰/۲۷۵	۰/۰۹۲	−۰/۸۸۸	۰/۱۲۵
−۰/۱۷۱	−۰/۰۴۸	۰/۰۳۲	−۰/۴۱۲
۰/۰۲۴	۰/۰۰۲	−۰/۰۰۴	۰/۰۰۳
اثر محیطی دائمی مادری			
۱/۷۲۳	−۰/۸۰۳	−۰/۹۸۸	۰/۱۷۷
−۰/۲۶۴	۰/۰۶۲	۰/۸۵۳	۰/۱۷۶
−۰/۹۹۱	۰/۱۶۳	۰/۵۸۵	−۰/۰۰۹
۰/۰۴۳	۰/۰۰۸	−۰/۰۰۱	۰/۰۳۲

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1388.13.47.46.9]

فراسنجه‌های ژنتیکی

روند تغییرات وراثت‌پذیری مستقیم (h^2)، وراثت‌پذیری مادری (m^2)، نسبت واریانس محیطی دائمی مستقیم به واریانس فنوتیپی (p^2) و نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی (c^2) وزن بدن در سنین مختلف در شکل ۲ ارائه گردیده است.

بحث

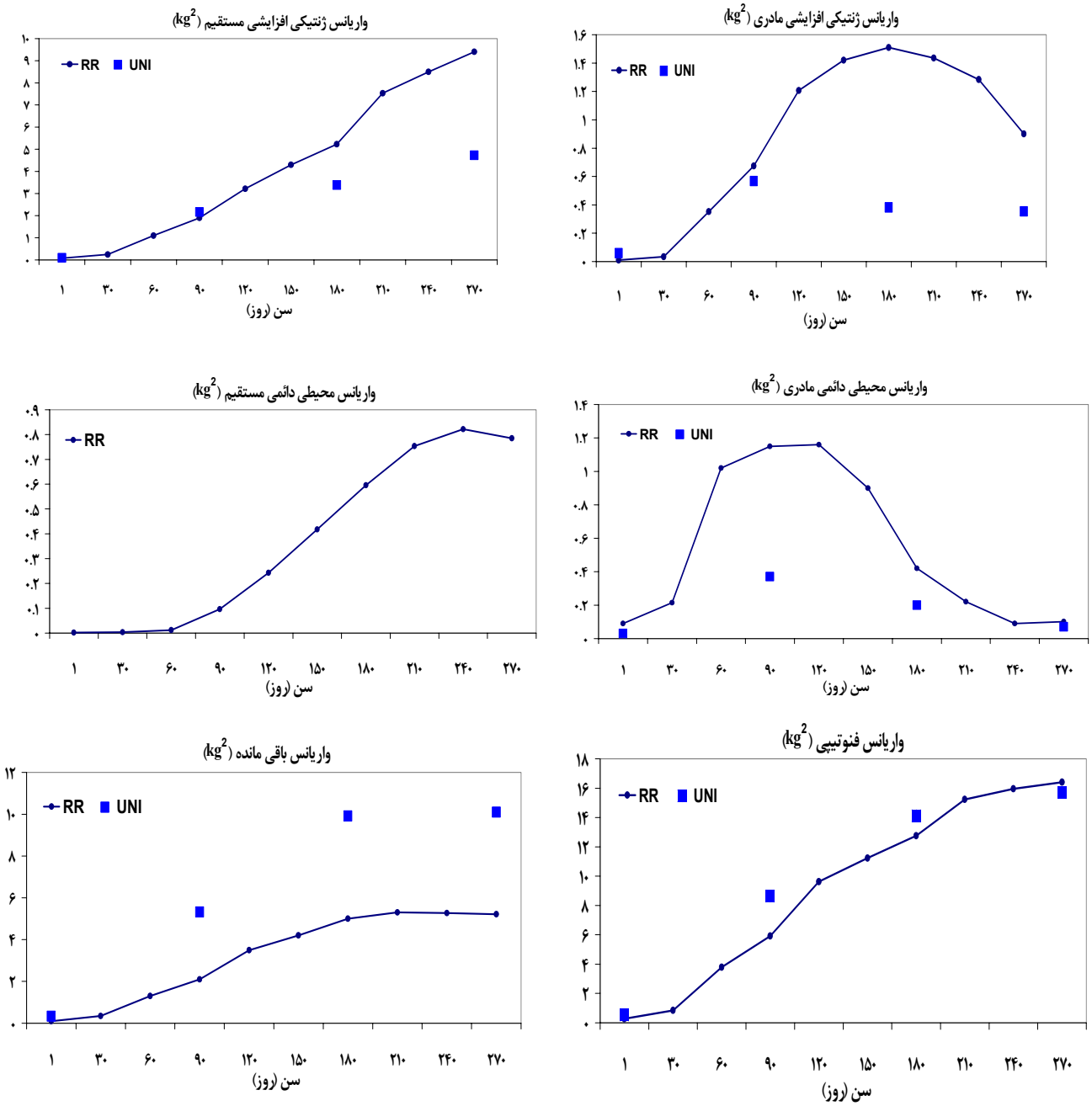
همان‌طور که در شکل ۱ دیده می‌شود، الگوی تغییرات اجزای واریانس با افزایش سن در هر دو روش تک‌متغیره و RR مشابه است، به‌طوری که در هر دو روش واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم از بدو تولد تا سن ۲۷۰ روزگی روند افزایشی داشته و واریانس‌های ناشی از آثار مادری نیز پس از تولد تا حوالی سن شیرگیری افزایش یافته و پس از آن کاهش یافته‌اند. اجزای واریانس مستقیم و مادری براورد شده از طریق مدل RR برای برخی از سنین بالاتر از مقادیر براورد شده توسط مدل‌های تک‌متغیره می‌باشد. مایر (۱۴) براوردهای بالاتر از واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم و محیطی دائمی مادری در روش RR نسبت به روش تک‌متغیره را گزارش نمود. به‌طور کلی براوردهای مدل‌های RR به میزان زیادی تحت تأثیر ساختار اطلاعات قرار می‌گیرند و در زمانی که توزیع مشاهدات در طول دوره رشد حیوانات یک‌نواخت نبوده و بین تعداد مشاهدات مربوط به سنین اولیه و پایانی تفاوت زیادی وجود داشته باشد، تفکیک واریانس به اجزای آن در هنگام به‌کار بردن مدل‌های مذکور مشکل خواهد شد (۱۸ و ۱۹). این مشکل که اثر انتهایی چندجمله‌ای‌ها (End effect of polynomials) و یا اثر رانگه (Range's phenomenon) (۱۸) نامیده می‌شود، اساساً ناشی از حساسیت چندجمله‌ای‌های لجندر به ساختار رکوردها می‌باشد. به‌طوری که در نقاطی از مسیر رشد که به‌علت کم بودن تعداد رکوردها واریانس نمونه‌گیری افزایش می‌یابد، این چندجمله‌ای‌ها به خوبی نمی‌توانند تغییرات در اجزای واریانس را مدل‌سازی نمایند و منحنی حاصل از آنها در اصطلاح شکسته شده و در نتیجه براوردهای بالاتری از اجزای واریانس به‌دست خواهد آمد. از طرفی مایر (۱۸) گزارش نمود که در هنگام استفاده از مدل‌های RR بر پایه چندجمله‌ای‌های لجندر، اثر هر مشاهده به‌صورت کلی است. به‌عبارت دیگر کم بودن تعداد مشاهدات در سنین پایانی علاوه براین‌که بر اجزای واریانس براورد شده در آن سنین تأثیر می‌گذارد، بر براورد اجزای واریانس برای سایر سنین نیز تأثیر خواهد داشت. اجزای واریانس براورد شده برای وزن تولد حاصل از دو روش تک‌متغیره و RR تقریباً بر هم منطبق هستند. ایواساکی و همکاران (۱۰) علت این مسأله را عدم تنوع در سن رکوردگیری برای وزن تولد گزارش کردند.

نکته قابل توجه براورد پایین‌تر از واریانس باقی‌مانده در روش RR نسبت به روش تک‌متغیره برای تمامی سنین است. به‌طور کلی، مدل‌های RR براوردهای دقیق‌تری از واریانس باقی‌مانده به عمل می‌آورند، لذا واریانس باقی‌مانده در آنها کمتر خواهد شد. نتیجه حاضر با نتایج حیدری (۱) مطابقت دارد. علاوه براین در مدل‌های RR، جزء واریانس محیطی دائمی مستقیم نیز براورد شده، که این جزء از واریانس باقی‌مانده خارج می‌گردد (۱۰).

وراثت‌پذیری مستقیم (h^2) براورد شده از هر دو روش تک‌متغیره و RR برای وزن بدن از هنگام تولد تا سن ۲۷۰ روزگی از روند افزایشی برخوردار است. اسنایمن و همکاران (۲۳) و یزدی و همکاران (۲۵) در تجزیه و تحلیل‌های تک‌متغیره و صفایی و همکاران (۳)، فیشر و همکاران (۸) و لوئیس و برادرستون (۱۲) در تجزیه و تحلیل‌های RR روند تغییرات مشابهی را برای وراثت‌پذیری مستقیم با افزایش سن گزارش نمودند. افزایش وراثت‌پذیری مستقیم به موازات افزایش سن ناشی از افزایش بیان ژن‌هایی از حیوان است که دارای اثرات افزایشی بر وزن بدن می‌باشند (۲۹). عامل دیگر کاهش واریانس‌های ناشی از اثرات مادری در سنین پایانی است (۸). وراثت‌پذیری مستقیم براورد شده در این تحقیق از طریق مدل‌های تک‌متغیره و RR (تا سن ۱۸۰ روزگی) در دامنه سایر

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1388.13.47.46.9]

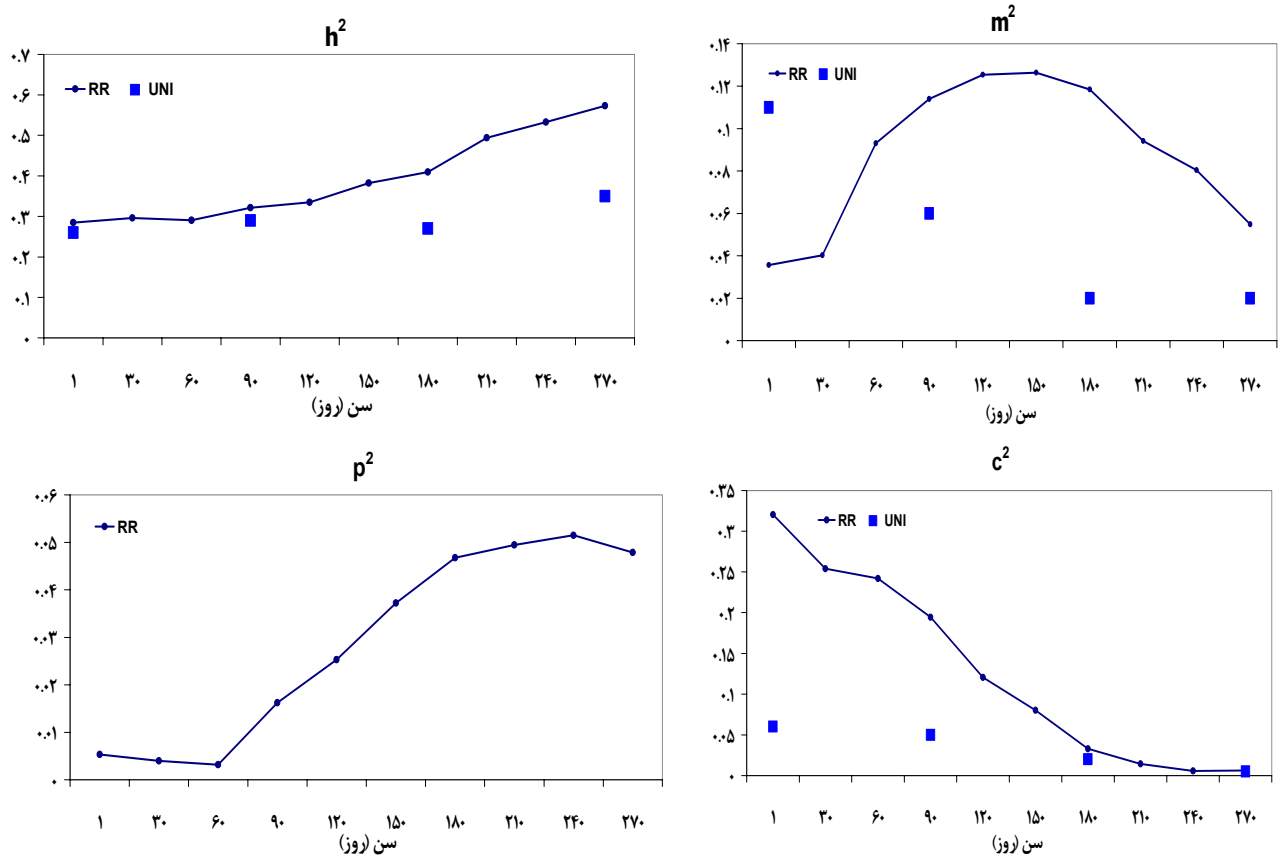


شکل ۱. اجزای واریانس براورد شده از طریق مدل‌های RR (مدل ۴) و تک‌متغیره (UNI)

گزارش‌ها قرار دارند. برای مثال حیدری (۱) با بررسی صفات رشد گوسفندان افشاری، وراثت‌پذیری مستقیم وزن بدن در سنین تولد، شیرگیری، شش ماهگی و نه ماهگی را به مقادیر ۰/۲۳، ۰/۱۶، ۰/۱۱ و ۰/۱۹ گزارش نمود. سیدعلیان و همکاران (۲) وراثت‌پذیری مستقیم وزن بدن در سنین تولد، شیرگیری، شش ماهگی و ۹ ماهگی را در گوسفندان نژاد سنگسری به مقادیر ۰/۳۳، ۰/۱۷، ۰/۴۹ و ۰/۰۸ گزارش نمودند. اسنایمن و همکاران (۲۳) نیز با تجزیه و تحلیل صفات رشد

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1388.13.47.46.9]



شکل۲. وراثت‌پذیری مستقیم (h^2)؛ وراثت‌پذیری مادری (m^2)؛ نسبت واریانس محیطی دائمی مستقیم به واریانس فنوتیپی (p^2) و نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی (c^2) وزن بدن در سنین مختلف حاصل از مدل‌های RR (مدل ۴) و تک متغیره (UNI)

جدول۴. رتبه بندی ۱۰ حیوان نر به لحاظ ارزش‌های اصلاحی برای وزن تولد و شیرگیری در مدل‌های تک‌متغیره و RR

شماره حیوان	وزن تولد		وزن شیرگیری	
	تک‌متغیره	RR	تک‌متغیره	RR
۵۰۰۲۳۰۰۲۱۱	۶	۶	۴	۲
۵۰۰۲۳۰۰۲۱۵	۳	۳	۳	۳
۵۰۰۲۳۰۰۲۲۴	۸	۱۵	۱۰	۱۸
۵۰۰۲۳۰۰۲۲۶	۱	۱	۲	۲
۵۰۰۲۳۰۰۲۳۸	۴	۸	۱	۱
۵۰۰۲۳۰۰۲۶۹	۷	۱۲	۸	۱۴
۵۰۰۲۳۰۰۲۷۷	۲	۲	۶	۶
۵۰۰۲۳۰۰۲۷۸	۵	۵	۷	۴
۵۰۰۲۳۰۰۳۱۹	۱۰	۱۰	۹	۹
۵۰۰۲۳۰۰۳۳۸	۹	۹	۵	۵

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1388.13.47.46.9]

گوسفندان نژاد آفرینو (Afrino)، به ترتیب مقادیر ۰/۲۲، ۰/۳۳، ۰/۴۷ و ۰/۵۰ را برای وراثت‌پذیری وزن بدن در سنین تولد، شیرگیری، شش ماهگی و ۹ ماهگی گزارش کردند. براوردهای متفاوت از وراثت‌پذیری و سایر فراسنجه‌های ژنتیکی وزن بدن در تحقیقات مختلف، ناشی از متفاوت بودن نژادها، ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها، حجم اطلاعات مورد استفاده، مدل و روش محاسباتی، مسأله مدیریت و شرایط محیطی می‌باشد. به‌طورکلی وراثت‌پذیری مستقیم براورد شده از طریق مدل‌های RR بالاتر از مقادیر براورد شده از روش تک‌متغیره قرار دارند، به‌ویژه این تفاوت برای سنین پس از ۱۸۰ روزگی چشمگیرتر است. در سنین بالاتر در هنگام استفاده از مدل‌های RR، واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم با سرعت بیشتری نسبت به واریانس فنوتیپی افزایش یافته است. عباسی و همکاران (۴) ضمن تجزیه و تحلیل صفت وزن بدن گوسفندان بلوچی از هنگام تولد تا سن یک سالگی با استفاده از مدل‌های RR و مقایسه نتایج خود با سایر نتایج گزارش شده از طریق مدل‌های تک‌متغیره برای نژاد بلوچی، گزارش کردند که وراثت‌پذیری به‌دست آمده در آن تحقیق برای وزن بدن بالاتر از نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل‌های تک‌متغیره بود. البته در آن تحقیق از آثار مادری چشم پوشی شده و فقط اثرات مستقیم در مدل گنجانیده شده بود. به هر حال در این بررسی به‌نظر می‌رسد علت این مسأله ساختار اطلاعات مورد استفاده است. ارانگو و همکاران (۶) گزارش کردند که به‌علت ناتوانی مدل‌های RR در برازش مناسب اجزای واریانس برای سنین پایانی، وراثت‌پذیری‌های حاصل از مدل‌های مذکور بالاتر از مقادیر براورد شده توسط مدل‌های رایج هستند. نوبر و همکاران (۱۹) با مقایسه مدل‌های RR و چند متغیره در تجزیه و تحلیل صفت وزن بدن در گاوهای گوشتی نژاد نلور (Nelore) نشان دادند که هر چه ساختار اطلاعات مورد استفاده کامل‌تر باشد، مقادیر وراثت‌پذیری حاصل از دو روش RR و چندمتغیره به یکدیگر نزدیک خواهند شد.

وراثت‌پذیری مادری (m^2) در دو روش فوق روند تغییرات کاملاً متفاوت نشان داد به نحوی که در روش تک‌متغیره از بدو تولد تا سنین پایانی روند کاهشی داشته اما در روش RR پس از تولد افزایش یافته و در سن ۱۲۰ روزگی به بیشترین مقدار خود رسید و پس از آن به تدریج کاهش یافت. الگوی تغییرات وراثت‌پذیری مادری مشاهده شده در این تحقیق با گزارش‌های اسنایمن و همکاران (۲۳) در تجزیه و تحلیل‌های تک‌متغیره و حیدری (۱)، عزیز و همکاران (۷) و مایر (۱۷) در تجزیه و تحلیل‌های RR مطابقت دارد. مایر (۱۷) گزارش نمود که احتمالاً تفکیک جزء واریانس ژنتیکی افزایشی مادری در مدل‌های RR به نحو متفاوتی از روش تک‌متغیره و چند متغیره رایج صورت می‌گیرد، بنابراین روند تغییرات متفاوت در وراثت‌پذیری مادری حاصل از دو روش RR و تک‌متغیره قابل انتظار است. این امر می‌تواند بر براورد سایر اجزای واریانس نیز تأثیر داشته باشد. به هرحال، با توجه به بالا بودن وراثت پذیری مادری در سنین قبل از شیرگیری چنانچه انتخاب بر اساس وزن بدن در سنین اولیه انجام گیرد، قابلیت مادری میش‌ها افزایش خواهد یافت (۵).

روند تغییرات مشاهده شده در این تحقیق برای نسبت واریانس محیطی دائمی مستقیم به واریانس فنوتیپی (p^2) که خاص مدل‌های RR است، با گزارشات حیدری (۱) و عزیز و همکاران (۷) مطابقت دارد.

نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی (c^2) نیز در هر دو روش در بدو تولد حداکثر بوده و با افزایش سن کاهش می‌یابد. ماریا و همکاران (۱۳) گزارش نمودند که علت کاهش قابل توجه c^2 به‌ویژه برای سنین پس از شیرگیری به این دلیل است که اولاً وابستگی بره به مادر قطع شده و در ضمن در این زمان نقش عوامل محیطی موقت بارزتر می‌شود. مایر (۱۴) گزارش کرد که هر چه دوره شیرخوارگی حیوان طولانی‌تر باشد، c^2 تداوم بیشتری داشته و پس از شیرگیری اوزان بدن در سنین بالاتر را به میزان بیشتر و برای مدت طولانی‌تری تحت تأثیر قرار می‌دهد. بنابراین با کاهش سن از شیرگیری بره‌ها، از اهمیت c^2در سنین بالاتر کاسته خواهد شد.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1388.13.47.46.9]

به‌طور کلی می‌توان گفت که در مدل‌های RR، به‌دلیل تشکیل توابع کوواریانس برای هر اثر تصادفی تغییرات در اجزای واریانس به‌صورت تابعی از زمان در نظر گرفته شده و در ضمن مقدار هر جزء واریانس برای تمامی روزهای موجود در دامنه سنین رکوردگیری (در اینجا تولد تا ۲۷۰روزگی) قابل براورد خواهد بود. حتی برای روزهایی که هیچ مشاهده‌ای در دسترس نیست، اجزای واریانس از طریق توابع کوواریانس مربوطه براورد می‌شوند. بنابراین مدل‌سازی آثار تصادفی به نحو مناسب‌تری صورت می‌گیرد. اما در روش تک‌متغیره، تغییرات در اجزای واریانس به صورت مستقل از زمان در نظر گرفته شده و ساختار کوواریانس تشکیل نمی‌شود.

در تحقیق حاضر، هم‌بستگی ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده از دو روش تک‌متغیره و RR برای وزن تولد و شیرگیری به‌ترتیب ۷۲٪ و ۷۰٪ براورد گردید. رتبه بندی۱۰ حیوان نر بر اساس ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده از دو روش مذکور برای وزن تولد و شیرگیری در جدول ۴ ارائه شده است. همان‌گونه که مشاهده می‌شود رتبه بندی برخی از حیوانات در مقایسه دو روش متفاوت است. فیشر و همکاران (۷) هم‌بستگی ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده از دو روش RR و تک‌متغیره برای وزن بدن در سنین ۱۰۰ و ۲۰۰ روزگی گوسفندان نژاد پولد دورزت (Polled Dorset) را به‌ترتیب ۸۲٪ و ۸۷٪ براورد نموده و گزارش کردند با توجه به این‌که مقادیر هم‌بستگی براورد شده کمتر از یک می‌باشد، بنابراین رتبه‌بندی بعضی از حیوانات در مقایسه دو روش متفاوت خواهد بود. به هر حال با توجه به این‌که در هنگام استفاده از مدل‌های RR، تعداد رکورد مورد استفاده از هر حیوان افزایش یافته و در ضمن مدل‌های کامل‌تر و با جزئیات بیشتری تشکیل می‌شود (۲۱) لذا هم‌بستگی ارزش‌های اصلاحی – پیش‌بینی شده از دو روش تک‌متغیره و RR کمتر از مقادیر قابل انتظار خواهد بود.

نتیجه‌گیری

براوردهای وراثت‌پذیری مستقیم وزن بدن در سنین مختلف، افزایش اثرات ژنتیکی مستقیم بر وزن بدن را در سنین پس از شیرگیری نشان داد. آثار مادری در سنین اولیه حائظ اهمیت بودند و پس از شیرگیری بره‌ها و به موازات افزایش اثرات مستقیم از اهمیت آنها کاسته شد. در مقایسه دو روش تک‌متغیره و RR، با توجه به این‌که در هنگام استفاده از مدل‌های RR، مدل‌های آماری کامل‌تر و با جزئیات بیشتری تشکیل می‌شود، لذا اندکی تفاوت بین فراسنجه‌های براورد شده از طریق مدل‌های RR و مدل تک‌متغیره قابل انتظار خواهد بود. به هر حال علی‌رغم تمامی مزایای عنوان شده برای مدل‌های RR در مقایسه با مدل‌های رایج، باید توجه داشت که پایین بودن کیفیت اطلاعات مورد استفاده قابلیت این مدل‌ها را به میزان زیادی کاهش می‌دهد. در صورت انجام تجزیه و تحلیل‌ها با مدل‌های RR، جهت حداقل نمودن مشکلات محاسباتی سعی شود که درجات برازش مورد استفاده برای اثرات تصادفی بالاتر از میانگین تعداد رکورد به ازاء هر حیوان نباشد، چرا که نتایج نشان می‌دهند با افزایش درجه برازش میزان خطا در براوردها افزایش می‌یابد (۱۷). معمولاً در برنامه های اصلاح نژادی، انتخاب بر اساس وزن بدن در سنین پایانی صورت نمی‌گیرد. بنابراین براوردهای اریب از فراسنجه‌های ژنتیکی توسط مدل‌های RR، برای سنین پایانی بی اهمیت خواهد بود. اما در صورتی که شاخص انتخاب اوزان بدن در سنین پایانی باشد، پیشنهاد می‌شود به نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل تک‌متغیره و یا چند متغیره استناد شود.

منابع مورد استفاده

۱. حیدری، م. ر. ۱۳۸۵. براورد فراسنجه‌های ژنتیکی صفات رشد و لاشه در گوسفند افشاری از طریق مدل‌های تابعیت تصادفی و

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1388.13.47.46.9]

کلاسیک. پایان نامه کارشناسی ارشد علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان.

۲. سید علیان، س. ا. ر.، س. ر. میرایی آشتیانی، م. مرادی شهر بابک و م. ب. صیاد نژاد. ۱۳۸۳. برآورد اجزای (کو) واریانس و فراسنجه‌های ژنتیکی صفات رشد گوسفندان نژاد سنگسری با استفاده از مدل حیوانی یک متغیره. مجموعه مقالات اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور ۲: ۶۰۹-۶۱۴.

۳. صفایی، م.، م. پ. اسکندری نسب و ع. شعرباف طوسی. ۱۳۸۵. براورد فراسنجه‌های ژنتیکی صفات رشد گوسفند بلوچی با استفاده از مدل‌های تابعیت تصادفی. علوم و صنایع کشاورزی ۲۰ (۲): ۹۳-۱۰۲.

۴. عباسی، م. ع.، ر. واعظ ترشیزی و ر. عصفوری. ۱۳۸۴. براورد فراسنجه‌های ژنتیکی صفات وزن بدن با استفاده از مدل تابعیت تصادفی در گوسفند نژاد بلوچی ایستگاه عباس آباد. پژوهش و سازندگی ۶۵: ۷۵-۸۰.

5. Albuquerque, L.G and K. Meyer. 2001. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. J. Anim. Sci. 79: 2776-2789.
6. Arango, J.R., L.V. Cundiff and L.D. Van Vleck. 2004. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. J. Anim. Sci. 82: 54-67.
7. Aziz, M.A., S. Nishida, K. Suzuki and A. Nishida. 2005. Estimation of direct and maternal genetic and permanent environmental effects for weights from birth to 356 days of age in herd of Japanese Black cattle using random regression. J. Anim. Sci. 83: 519-530.
8. 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. Livest. Prod. Sci. 89:175-185.
9. Henderson, Jr. C.R. 1982. Analysis of covariance in the mixed model: higher level, nonhomogeneous, and random regressions. Biometrics 38: 623-640.
10. Iwasaki, H., S. Tsuruta, I. Misztal and J.K. Bertrand. 2005. Genetic parameters estimated with multi-trait and linear spline-random regression models using Gelbiveh early growth data. J. Anim. Sci. 83: 757-763.
11. Jamrozik, J., L.R. Schaeffer and J.C.M. Dekkers. 1997. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. J. Dairy. Sci. 80: 1219-1226.
12. Lewis, R.M and S. Brotherstone. 2002. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. Anim. Sci. 74: 63-70.
13. Maria, G.A., K.G. Boldman and L.D. Van Vleck. 1993. Estimates of variance due to direct and maternal effects for growth traits of Romanov sheep. J. Anim. Sci. 71: 845-849.
14. Meyer, K. 2001a. Estimates of direct and maternal covariance functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. Genet. Sel. Evol. 33: 487-514.
15. Meyer, K. 2001b. Programs to estimate variance components for individual animal models by restricted maximum likelihood (REML) ver.3.1. Users notes. Institute of Animal Science, Armidale, Australia.
16. Meyer, K. 2004. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. Livest. Prod. Sci. 86: 68-83.
17. Meyer, K. 2005a. Estimates of covariance functions for growth of Angus cattle from random regression analyses fitting B-spline function. Proc. Assoc. Advant. Anim. Breed. Genet. 16: 52-55.
18. Meyer, K. 2005b. Advances in methodology for random regression analyses. Animal genetics and breeding Unite, university of New England, Armidale, NSW 2351.
19. Nobre, P.R.C., I. Misztal, S. Tsuruta, J.K. Bertrand, L.O.C. Silva and P.S. Lopes. 2003. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. J. Anim. Sci. 81: 918-926
20. SAS. 2004. Version 9.0. SAS Institute Inc., Cary, NC.
21. Schenkel, F.S., S.P. Miller, J. Jamrozik and J.W. Wilton. 2002. Two-step and random regression analyses of weight gain of station-tested beef bulls. J. Anim. Sci. 80: 1497-1507.
22. Shaeffer, L.R and J.C.M. Dekkers. 1994. Random regression in animal models for test day production in dairy cattle. Proc. 5th World. Conger. Gent. Appl. Livest .Prod, Guelph, XVIII: 443
23. Snyman, M., A. Erasmus, J.B. Van Vyk and J.J. Olivier. 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.
24. Wolfinger, R.D. 1996. Covariance structure in general mixed models. Commun. Stat. 22(B): 1079-1106.
25. Yazdi, M.H., G. Engstrom, A. Nasholm, K. Johansson, H. Jorjani and L.E. Liljedahl. 1997. Genetic parameters for lamb weight at different ages and wool production in Baluchi sheep. Anim. Sci. 65: 247-255.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1388.13.47.46.9]