



دانشگاه گوارش و تغذیه دام

نشریه پژوهش در نشخوارکنندگان  
جلد چهارم، شماره چهارم، ۱۳۹۵  
<http://ejrr.gau.ac.ir>

## تأثیر نقص شجره بر پیش‌بینی ارزش ارثی، روند ژنتیکی و وراثت‌پذیری صفات رشد قبل از شیرگیری گوسفندان قره‌گل

سید اکبر شیری<sup>۱</sup>، \* مجتبی طهمورث‌پور<sup>۲</sup>، مختار علی عباسی<sup>۳</sup>، محمد مهدی شریعتی<sup>۴</sup> و  
داوود علی ساقی<sup>۵</sup>

<sup>۱</sup> دانشجوی دکتری پردیس بین المللی، <sup>۲</sup> استاد و <sup>۳</sup> استادیار گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی  
مشهد، <sup>۴</sup> استادیار مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور، <sup>۵</sup> استادیار مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی  
خراسان رضوی

تاریخ دریافت: ۹۵/۰۲/۲۵؛ تاریخ پذیرش: ۹۵/۰۹/۲۳

### چکیده

**سابقه و هدف:** هدف از انجام این مطالعه بررسی تأثیر نقص شجره بر پیش‌بینی ارزش ارثی و روند ژنتیکی صفات رشد قبل از شیرگیری در گوسفند قره‌گل بود. بدین منظور از داده‌های جمع‌آوری شده در ایستگاه پرورش و اصلاح‌نژاد گوسفند قره‌گل سرخس، طی سال‌های ۱۳۷۳ تا ۱۳۹۳، استفاده گردید. صفات مورد مطالعه شامل وزن تولد، وزن از شیرگیری و متوسط افزایش وزن روزانه از تولد تا از شیرگیری بودند. اطلاعات حاصل از ۲۱ سال انتخاب و آمیزش برای هرصفتدر فایل جداگانه ذخیره شد. فایل داده‌ها برای هر صفت در حالت شجره کامل و ناقص (حذف پدر برایصفر، ۲۵، ۵۰، ۷۵ و ۱۰۰ درصد افراد شجره) تحت مدل حیوان آنالیز گردید. مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده با استفاده از نرم‌افزار DMU برآورد گردید. روند ژنتیکی صفات فوق از طریق تابعیت میانگین ارزش ارثی برسال تولد برآورد شد.

**یافته‌ها:** وراثت‌پذیری مستقیم برای وزن تولد و از شیرگیری در سطوح صفر، ۲۵، ۵۰، ۷۵ و ۱۰۰ درصد به ترتیب ۰/۱۱۶ و ۰/۴۹۶، ۰/۱۲۱ و ۰/۴۸۰، ۰/۱۰۵ و ۰/۴۴۴، ۰/۱۵۵ و ۰/۴۲۸ و ۰/۵۸۵ و ۰/۳۵۴ برآورد

\*مسئول مکاتبه: [m\\_tahmoorespur@yahoo.com](mailto:m_tahmoorespur@yahoo.com)

## سید اکبر شیبری و همکاران

گردید. روند ژنتیکی وزن تولد با حذف درصدهای مختلف شماره پدر (صفر، ۲۵، ۵۰، ۷۵ و ۱۰۰ درصد) از شجره به ترتیب  $0.0002 \pm 0.0001$ ،  $0.0003 \pm 0.0001$ ،  $0.0003 \pm 0.0001$ ،  $0.0003 \pm 0.0001$ ،  $0.0003 \pm 0.0001$  و  $0.0002 \pm 0.0001$  برآورد شدند. همچنین روند ژنتیکیوزن از شیرگیری با حذف صفر، ۲۵، ۵۰، ۷۵ و ۱۰۰ درصد شماره پدر از شجره به ترتیب  $0.1497 \pm 0.137$ ،  $0.1497 \pm 0.137$ ،  $0.499 \pm 0.137$ ،  $0.568 \pm 0.142$  و  $0.108 \pm 0.141$  و  $0.0709 \pm 0.171$  و  $0.108 \pm 0.141$  و  $0.0709 \pm 0.171$  و  $0.108 \pm 0.141$  به ترتیب  $0.0709 \pm 0.171$ ،  $0.5222 \pm 0.1288$ ،  $0.103 \pm 0.1222$ ،  $0.3273 \pm 0.1213$  و  $0.9591 \pm 0.1221$  برآورد گردید.

**نتیجه گیری:** با توجه به نتایج حاصل شده نقص در شجره با افزایش درصد حذف شماره پدر باعث کاهش روند ژنتیکی صفات مورد مطالعه گردید.

**واژه های کلیدی:** ارزش ارثی، روند ژنتیکی، نقص شجره، گوسفند قره گل

## مقدمه

برای برنامه‌ریزی، تصمیم‌گیری درست و دقیق و موفقیت در کارهای اصلاحی نیازمند اطلاعات کامل و صحیح از دام‌ها می‌باشیم و برای پیش‌بینی پیشرفت ژنتیکی، داشتن شجره نامه کامل و دقیق ضروری است. در حال حاضر در ایران با توجه به در دسترس نبودن شجره دقیق حیوانات نمی‌توان برآورد دقیقی از پارامترهای ژنتیکی صفات در حیوانات مزرعه‌ای به ویژه گوسفند، داشت. در بررسی داده‌های ایستگاه‌های اصلاح‌نژادی (عباس‌آباد مشهد و قره گل سرخس) موجود در استان خراسان رضوی، مشاهده می‌شود که در بسیاری از ثبت رکوردها، قوچ (پدر) و همچنین میش (مادر) و یا ترکیبی از هر دو پدر و مادر ثبت نشده و یا در طی سال‌های پرورش، شماره نصب شده بر گوش، دچار فرسودگی شده و موجب عدم شناسایی حیوان می‌شود. دو نوع خطای شجره نتایج ارزیابی ژنتیکی را تحت تأثیر قرار می‌دهد که شامل اطلاعات شجره اشتباه و ناشناخته است (۸). اگرچه در کشورهای توسعه یافته داده‌های با شجره از دست داده مخصوصاً نرها در جمعیت گاو گوشتی یک مشکل است، اما در کشورهای در حال توسعه رکورد و شجره از دست رفته یک مشکل جدی برای جمعیت گاو شیری باقیمانده است (۸ و ۱۷). برای استفاده از شجره و رکوردهای دام از مدل‌های مختلف استفاده می‌گردد. در مدل دام ماتریس روابط خویشاوندی ارتباط بهتری را با ماتریس مربوط به قطعات ثابت مدل (به‌طور عمده، گروه معاصر) به‌خاطر تعریف بهتر روابط ژنتیکی بین و درون گروه‌های مختلف ثابت برقرار می‌کند (۵). اطلاعات ژنتیکی از دست رفته منجر به ضعیف شدن ارتباط ژنتیکی داخل و بین گروه‌های معاصر می‌شود. به‌نظر می‌رسد از دست دادن اطلاعات مادری ارتباط گروه‌های ژنتیکی هم دوره‌ای‌های داخلی را کاهش می‌دهد و از دست دادن اطلاعات پدری ارتباط گروه‌های ژنتیکی هم‌دوره‌ای‌های بین گله‌ها را کاهش می‌دهد. از طرف دیگر به‌نظر می‌رسد که پدر از دست رفته، شجره‌نامه را در عرض باریک‌تر می‌سازد، در حالی که مادر از دست رفته، شجره نامه را در عمق، کم عمق‌تر می‌کند (۸). دقت ارزیابی ژنتیکی یک حیوان بستگی به تعداد فرزندان آن در گله‌های مختلف، تعداد فرزندان تنی و ناتنی، تعداد رکوردهای موجود مربوط به حیوانات و بستگان (به خصوص، آن‌هایی که نزدیک ترند) و همچنین به وراثت‌پذیری صفت دارد (۱۴).

در ایران تحقیقات اندک‌در این زمینه انجام شده است. عباسی و همکاران (۲) اثر شجره ناقص پدری بر روی مؤلفه‌های واریانس، پارامترهای ژنتیکی و دقت انتخاب یک صفت کمی در گوسفند را با استفاده از شبیه‌سازی کامپیوتری در دو جمعیت با وراثت‌پذیری ۰/۱۵ و ۰/۳۰ مورد بررسی قرار داده و گزارش کردند که شجره ناقص پدری، مؤلفه‌های واریانس، وراثت‌پذیری و دقت انتخاب را تحت

تأثیر قرار می‌دهد. کلمنتو همکاران (۷) با استفاده از شبیه‌سازی کامپیوتری گزارش کردند ساختار داده (هویت پدری نامعلوم) بر برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات متأثر از عوامل ژنتیکی مستقیم و مادری در گوسفند مانند وزن تولد و وزن از شیرگیری مؤثر بوده و می‌تواند دقت برآورد مؤلفه‌های واریانس را تحت تأثیر قرار دهد. از طرفی اطلاعات شجره پدری ناکافی، انحراف معیار بین تکرارهای مختلف برآوردها را افزایش و ناریب بودن برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی را تحت تأثیر قرار می‌دهد. هاردر و همکاران (۸) از شبیه‌سازی تصادفی برای بررسی اثر اطلاعات پدری گمشده بر ارزیابی ژنتیکی گاوشریری استفاده کردند و نشان دادند که مؤلفه‌های واریانس پدری و باقیمانده با افزایش نسبت اطلاعات پدری گمشده تحت تأثیر قرار نمی‌گیرد.

دو نوع خطای شجره‌ای از قبیل اطلاعات نادرست شجره‌نامه (یعنی نسب اشتباه) و شجره‌نامه‌های گم شده (به‌عنوان مثال نسب ناشناخته) نتایج پیش‌بینی ارزش ارثی صفات را تحت تأثیر قرار می‌دهند. بخشی از نسب اشتباه می‌تواند قابل توجه باشد، به‌عنوان مثال، در دانمارک میزان نسب‌اشتباه در گاو ۵ تا ۱۵ درصد برآورد شده است (۶). به‌طور کلی اطلاعات شجره‌نامه‌های از دست رفته ارتباط بین حیوانات را کاهش خواهد داد و قدرت مدل‌های حیوانی در ارزیابی ژنتیکی را کاهش می‌دهد (۱۴). هدف از این مطالعه بررسی تأثیر نقص شماره پدر در شجره بر پیش‌بینی ارزش ارثی و روند ژنتیکی صفات رشد قبل از شیرگیری در گوسفند قره‌گل بود.

## مواد و روش‌ها

به‌منظور بررسی اثر نواقص شجره‌ای بر میزان پیش‌بینی ارزش ارثی و روند ژنتیکی صفات رشد قبل از شیرگیری در گوسفند قره‌گل از داده‌های ایستگاه پرورش و اصلاح‌نژاد گوسفند قره‌گل شهرستان سرخس استان خراسان رضوی استفاده گردید. این پژوهش در طی مراحل زیر انجام شد.

۱- تجزیه و تحلیل داده‌های مزرعه‌ای با شجره کامل برای صفات وزن تولد، وزن از شیرگیری و متوسط افزایش رشد روزانه از تولد تا از شیرگیری (متوسط رشد روزانه قبل از شیرگیری) جهت به‌دست آوردن پارامترهای ژنتیکی و ارزش ارثی.

۲- تجزیه و تحلیل داده‌های مزرعه‌ای صفات فوق با حذف ۲۵، ۵۰، ۷۵ و ۱۰۰ درصد شماره پدر از شجره و بررسی اثر آن‌ها بر برآوردها و پیش‌بینی ارزش‌های ارثی.

داده‌های مزرعه‌ای مورد استفاده در این پژوهش شامل رکوردهای صفات رشد قبل از شیرگیری (وزن تولد، وزن از شیرگیری و متوسط سرعت رشد روزانه از تولد تا شیرگیری) گوسفند قره‌گل طی سال‌های

۱۳۷۳ تا ۱۳۹۳ در ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند قره گل سرخس بود. این گله در طول سال و در شرایط مناسب آب و هوایی از مراتع و پس چر مزارع تغذیه نموده و از اواسط آبان تا اوایل اسفند ماه به صورت دستی تغذیه می شود. از اول اسفند تا آخر فروردین ماه از قصیل جو و مراتع به صورت تر استفاده می نماید. در این گله از جفت گیری های تصادفی کنترل شده حیوانات نر و ماده انتخاب شده از اول مرداد ماه تا سه سیکل فحلی استفاده می گردد. ۲۴ ساعت پس از تولد بره ها، رکوردگیری های لازم انجام می شود. اطلاعات مربوط به هر حیوان شامل شماره حیوان، پدر و مادر، وزن تولد، جنس بره و نوع تولد، شیرگیری، و متوسط سرعت رشد روزانه از تولد تا شیرگیری، سن مادر، سال تولد، جنس بره و نوع تولد می باشد. هر یک از این صفات به صورت جداگانه با در نظر گرفتن عوامل ثابت سال تولد، جنس، نوع تولد، سن مادر توسط نرم افزار آماری R مورد تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفتند.

جدول ۱- اطلاعات شجره ای مربوط به حالت حذف تصادفی شماره پدر در صفات رشد قبل از شیرگیری.

Table 1. Pedigree information of random elimination of sire's number for pre-weaning growth traits.

100	75	50	25	0	درصد نقص شجره پدر Percentage of defect sire's pedigree
7040	7040	7040	7040	7040	تعداد حیوانات دارای رکورد Number of animals with record
2640	2640	2640	2640	2640	تعداد مادر Dams
0	269	291	288	305	تعداد پدر Sires
1378	1691	1507	1501	1515	تعداد حیوانات پایه Base animal
9845	9958	9974	9968	9983	تعداد حیوانات در شجره Animals in pedigree
0	2078	4180	6266	8349	تعداد حیوانات با پدر و مادر معلوم With known sire and dam
0	19	80	494	1405	تعداد همخون Numbers of Inbred
0	101	347	631	960	گروه های برادر و خواهر تنی Full sib group
0	2.09	2.19	2.31	2.393	متوسط اندازه خانواده Average family size
0	2	2	2	2	حداقل Minimum
0	3	5	5	7	حداکثر Maximum

با اجرای کدهای نوشته شده در محیط R از فایل شجره دارای ۹۹۸۳ دام، به صورت تصادفی به میزان ۲۵، ۵۰، ۷۵ و ۱۰۰ درصد شماره‌های پدر حذف گردید و هریک در فایل جداگانه ذخیره شد. فایل داده‌ها با حدود ۸۱۹۴ حیوان برای هر صفت به صورت جداگانه ایجاد گردید (جدول ۱). فایل شجره شامل شماره حیوان، شماره پدر، شماره مادر و میانگین صفر بود. برای هر صفت برای هر درصد نقص شجره‌ای که ایجاد می شد یک فایل شجره جداگانه تهیه و ذخیره گردید و فایل داده شامل سال تولد، جنس بره، نوع تولد، سن مادر، شماره حیوان، اثر محیط دائمی مادری، شماره مادر، متغیر کمکی و ارزش فنوتیپی صفت بود. برای هر صفت از یک فایل داده استفاده شد. در روش حذف تصادفی، حذف ۲۵ درصد شماره پدر از ۳۰۵ پدر در حالت شجره کامل به ۲۸۸ پدر و در ۱۰۰ درصد حذف شماره پدر، تعداد قوچ یا پدر به صفر درصد کاهش یافت. به عنوان مثال اگر یک قوچ ۳۰ فرزند در کل شجره داشته باشد به تصادف شماره این قوچ در ستون پدرها مثلاً ۵ تا از فرزندان حذف می شود. بدین ترتیب این قوچ در شجره وجود دارد ولی ۵ تا از فرزندانش پدر مشخص ندارند. پس حذف پدرها به معنی حذف یک قوچ به طور کامل نیست. در تمام صفات مورد مطالعه از آزمون نسبت درست‌نمایی جهت تعیین مدل مناسب استفاده گردید که برای همه صفات مدل ۲ مناسب تر بود.

بعد از مطالعات اولیه به منظور برآورد مؤلفه‌های واریانس صفات وزن تولد، وزن از شیرگیری و متوسط سرعت رشد روزانه از تولد تا شیرگیری با استفاده از مدل‌های مختلف، مدل حیوانی کامل که شامل اثرات افزایشی، مادری و کوواریانس بین این اثرات بود به صورت ذیل انتخاب و از نرم افزار DMU برای آنالیز استفاده گردید (۱۰).

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3pe + e, \quad \sigma_{am} \neq 0$$

در این مدل؛  $y$  بردار مشاهدات و  $a$ ،  $b$ ،  $m$ ،  $pe$  و  $e$  به ترتیب بردار اثرات ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی حیوان، اثرات ژنتیکی افزایشی مادری، اثرات محیط دائمی مادر و اثرات باقیمانده و ماتریس‌های  $Z_1$ ،  $Z_2$  و  $Z_3$  به ترتیب ماتریس‌های ارتباط دهنده مشاهدات با اثرات مربوطه است و  $\sigma_{am}$  کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی و مادری می باشد.

با برنامه نویسی در محیط R درصدهای مختلفی از شماره پدرها (۲۵، ۵۰، ۷۵ و ۱۰۰) به طور تصادفی از فایل شجره حذف شد. این حالت شبیه زمانی است که در گله‌های گوسفند با برخی جفت‌گیری‌های ناخواسته امکان ثبت شماره پدر و مادر وجود ندارد. روند ژنتیکی صفات از طریق رگرسیون ارزش ارثی بر سال تولد با استفاده از نرم افزار R محاسبه گردید. همبستگی ارزش‌های ارثی بین متغیرهای مختلف (۰ و ۲۵، ۰ و ۵۰، ۰ و ۷۵، ۰ و ۱۰۰) با استفاده از نرم افزار R انجام گرفت، ابتدا

ارزش‌های ارثی گوسفندان برای هر صفت در سطوح مختلف حذف شماره پدر (۰، ۲۵، ۵۰، ۷۵ و ۱۰۰) محاسبه گردید و سپس همبستگی رتبه‌ای ارزش‌های ارثی هر دو متغیر باهم در محیط R محاسبه گردید. همچنین واریانس ارزش‌های ارثی حیوانات در سطوح مختلف حذف شماره پدر از شجره (۰، ۲۵، ۵۰، ۷۵ و ۱۰۰ درصد) برای وزن تولد، وزن از شیرگیری و متوسط رشد روزانه از تولد تا شیرگیری با استفاده از نرم‌افزار R محاسبه گردید.

### نتایج و بحث

**وزن تولد:** اثر عوامل محیطی سال تولد، جنس بره، نوع تولد و سن مادر برای وزن تولد معنی‌دار بود ( $P < 0.05$ ). برای صفت وزن تولد اثر ژنتیک مستقیم و مادری و محیط دائمی مادری وارد مدل گردید و وراثت‌پذیری مستقیم، مادری و محیط دائمی مادری برآورد گردید که در جدول ۲ ارائه شده است. با افزایش درصد حذف شماره پدر در شجره از صفر درصد یا شجره کامل تا ۱۰۰ درصد حذف شماره پدر همان‌طور که در جدول یک مشاهده می‌گردد، تعداد پدر، تعداد افراد همخون، گروه‌های برادر و خواهر تنی، متوسط اندازه خانواده، حداکثر افراد خانواده در گله ایستگاه پرورش و اصلاح‌نژاد گوسفند قره گل سرخس کاهش یافت که احتمالاً باعث افزایش انحراف معیار یا تغییرات صفات وزن تولد، وزن از شیرگیری و متوسط رشد روزانه از تولد تا شیرگیری گردید. به همان نسبت به تعداد افراد غیر خویشاوند افزوده شده است.

جدول ۲- وراثت‌پذیری مستقیم، مادری و مؤلفه‌های واریانس مربوط به وزن تولد.

Table 2. Direct, maternal heritability and variance component for birth weight.

$h^2_m \pm S.E$	$h^2_d \pm S.E$	$V_p$	$V_E$	$V_{PE}$	$\sigma_{am}$	$V_M$	$V_A$	درصد حذف شماره پدر Percentage of elimination of sire
0.073±0.010	0.116±0.011	0.457	0.349	0.020	0.005	0.034	0.053	0
0.073±0.012	0.121±0.013	0.452	0.347	0.016	0.009	0.033	0.055	25
0.075±0.013	0.105±0.013	0.443	0.351	0.012	0.018	0.033	0.046	50
0.078±0.016	0.155±0.021	0.452	0.334	0.015	0.008	0.035	0.069	75
0.017±0.525	0.585±2.097	0.547	0.176	0.012	-0.086	0.082	0.277	100

وراثت‌پذیری مستقیم= $h^2_d$  وراثت‌پذیری مادری= $h^2_m$ ،  $S.E$  = خطای معیار، واریانس افزایشی مستقیم= $V_A$ ، واریانس افزایشی مادری= $V_M$ ، واریانس محیط دائمی مادری= $V_{PE}$ ، واریانس خطا= $V_E$ ، واریانس فنوتیپی= $V_P$ ،  $\sigma_{am}$  = کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی و مادری

وراثت‌پذیری وزن تولد و مؤلفه‌های واریانس: وراثت‌پذیری مستقیم و مادری و واریانس افزایشی، واریانس افزایشی مادری، محیط دائمی مادری و واریانس خطای صفت وزن تولد در گله اصلاح‌نژادی گوسفند قره‌گل با درصد‌های مختلف حذف شماره پدر در شجره در جدول ۲ ارائه شده است. وراثت‌پذیری مستقیم، واریانس افزایشی و واریانس اثرات مادری افزایش یافته در حالی که واریانس محیطی دائمی و واریانس خطا با افزایش درصد حذف شماره پدر در صفت وزن تولد کاهش یافت. وراثت‌پذیری وزن تولد با شجره کامل ۰/۱۲ و در حالت ۱۰۰ درصد حذف شماره پدر ۰/۵۸ بود و با افزایش درصد حذف شماره پدر وراثت‌پذیری مستقیم افزایش یافت. وراثت‌پذیری مستقیم وزن تولد با سطوح مختلف حذف شماره پدر در مقایسه با شجره کامل با افزایش سطح حذف افزایش و وراثت‌پذیری مادری به جز سطح ۱۰۰ درصد حذف تقریباً ثابت بود (جدول ۲). به دلیل این که در تمامی درصد‌های حذف تعداد مادران ثابت بوده است به همین دلیل وراثت‌پذیری مادری نیز ثابت می‌باشد. وراثت‌پذیری مستقیم وزن تولد با سطوح مختلف حذف شماره پدر در مقایسه با شجره کامل با افزایش سطح حذف کاهش و وراثت‌پذیری مادری افزایش یافت. در حالت کلی روند مربوطه افزایشی است. فقط در حالت ۵۰ درصد کاهش جزئی در مقدار وراثت‌پذیری داشتیم که ممکن است مربوط به تعداد رکوردهای موجود باشد. همچنین به دلیل این که در این حالت هیچ اطلاعاتی از پدران موجود در شجره نداشته ایم و تمامی پدران حذف شده اند. در این حالت ارتباط بین خانواده‌ها قطع می‌شود و مدل مختلط قادر به جدا کردن اثرات ژنتیک افزایشی از اثرات محیطی نمی‌باشد. در عمل اگر هیچ رکوردی از پدرها نداشته باشیم بهتر است برای برآورد واریانس افزایشی و وراثت‌پذیری از رگرسیون والد بر نتاج استفاده کنیم. حسنی و همکاران (۹) وراثت‌پذیری وزن تولد را در گوسفند قره‌گل با استفاده از مدل حیوانی و روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده با اثرات ثابت سال تولد، جنس بره، نوع تولد و سن مادر ۰/۲۴ گزارش نمودند. راشدی ده صحرايي و همکاران (۱۶) وراثت‌پذیری مستقیم وزن تولد در گوسفند لری بختیاری را  $0.33 \pm 0.03$  گزارش کردند که از نتایج این پژوهش با مقدار ۰/۱۲ بالاتر بود. بانه و همکاران (۴) وراثت‌پذیری وزن تولد در گوسفند قزل را  $0.16 \pm 0.05$  گزارش کردند. محمدی و همکاران (۱۱) روند ژنتیکی وزن تولد در گوسفند کردی را  $0.18 \pm 0.08$  و روند فنوتیپی را ۱/۱۳ گرم گزارش کردند که با نتایج این پژوهش مغایرت دارد. رشیدی و آخشی (۲۵) روند ژنتیکی وزن تولد در گوسفند کردی طی سال‌های ۱۳۷۱ تا ۱۳۷۸ را ۲۰ گرم در سال گزارش کردند که با نتایج این پژوهش همخوانی ندارد. حسنی و همکاران (۹) روند



ژنتیکی وزن تولد در گوسفند قره‌گل را طی سال‌های ۱۳۷۳ تا ۱۳۸۱، ۰/۰۱۳ کیلوگرم در سال و روند فنوتیپی آن را ۰/۱۵۱- گزارش کردند که با نتایج این پژوهش مغایرت داشت (جدول ۵) که احتمالاً به‌خاطر طول مدت آزمایش و استفاده از داده‌های تصحیح شده و نرم‌افزار مربوطه باشد.

جدول ۳- وراثت‌پذیری مستقیم و مادری و مؤلفه‌های واریانس مربوط به وزن از شیرگیری.

Table 3. Direct, maternal heritability and variance component for weaning weight.

$h^2_m \pm S.E$	$h^2_d \pm S.E$	$V_P$	$V_{PE}$	$\sigma_{am}$	$V_M$	$V_A$	درصد حذف شماره پدر Percentage of elimination of sire
							0
0.0014±0.0007	0.496±0.012	752.193	377.688	2.055	1.100	373.405	Full pedigree
0.0020±0.0008	0.480±0.012	731.062	377.959	3.409	1.498	351.605	25
0.069±0.006	0.444±0.009	790.142	384.226	-0.439	54.718	351.198	50
0.101±0.007	0.428±0.009	758.018	382.738	0.274	77.113	325.167	75
0.220±0.007	0.354±0.013	574.535	244.270	-71.511	126.753	203.512	100

وراثت‌پذیری مستقیم= $h^2_d$  وراثت‌پذیری مادری= $h^2_m$   $S.E$  خطای معیار، واریانس افزایشی مستقیم= $V_A$ ، واریانس افزایشی مادری= $V_M$ ، واریانس محیط دائمی مادری= $V_{PE}$ ، واریانس خطا= $V_E$ ، واریانس فنوتیپی= $V_P$ ،  $\sigma_{am}$ =کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی و مادری

وزن از شیرگیری: اثر عوامل محیطی سال تولد، جنس بره، نوع تولد و سن مادر برای وزن از شیرگیری در مدل آماری استفاده گردید و سن از شیرگیری به‌عنوان متغیر همراه وارد مدل شد که بسیار معنی‌دار بود ( $p < 0/001$ ). سپس آنالیز کوواریانس انجام شد که سن از شیرگیری و سال تولد در صفت وزن از شیرگیری معنی‌دار بود ( $p < 0/001$ ). برای صفات وزن از شیرگیری اثر ژنتیک مستقیم و مادری و محیط دائمی مادری وارد مدل گردید و وراثت‌پذیری مستقیم، مادری و محیط دائمی مادری برآورد شد که در جدول ۳ ارائه گردیده است. با افزایش درصد حذف شماره پدر در شجره از صفر درصد یا شجره کامل تا ۱۰۰ درصد حذف شماره پدر وراثت‌پذیری مستقیم کاهش یافت و وراثت‌پذیری مادری افزایش یافت (جدول ۳). حسنی و همکاران (۹) وراثت‌پذیری وزن از شیرگیری را در این گوسفند ۰/۱۹ گزارش نمود و راشدی ده صحرايي و همکاران (۱۵) وراثت‌پذیری مستقیم وزن شیرگیری در گوسفند لری بختیاری را ۰/۱۵±۰/۰۲ گزارش کردند. شروستا و همکاران (۱۸) وراثت‌پذیری وزن از شیرگیری را ۰/۳۵ گزارش کردند. بانه و همکاران (۳ و ۴) در دو مطالعه وراثت‌پذیری وزن از شیرگیری در گوسفند قزل را ۰/۲۴±۰/۰۶ و ۰/۲۹ گزارش کردند. محققین مختلف

## سید اکبر شیبری و همکاران

وراثت‌پذیری وزن از شیرگیری را از ۰/۰۷ در نژاد پلی پی تا ۰/۴۶ در نژاد ود (WAD) گزارش کردند (۱۳).

جدول ۴- وراثت‌پذیری و مؤلفه‌های واریانس مربوط به متوسط افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری.

Table 4. Direct, maternal heritability and some variance component for average daily gain from birth to weaning.

$h_m^2 \pm S.E$	$h_d^2 \pm S.E$	$V_P$	$V_{PE}$	$\sigma_{am}$	$V_M$	$V_A$	درصد حذف شماره پدر Percentage of elimination of sire's Number
$0.000008 \pm 0.0002$	$0.536 \pm 0.01$	56969.19	26385	-8.80	0.484	30583.71	0 Full pedigree
$0.0292 \pm 0.007$	$0.515 \pm 0.011$	62050.81	28242.13	-210.55	1816.56	31992.11	25
$0.065 \pm 0.006$	$0.474 \pm 0.01$	55864.43	25715.87	-91.30	3643.98	26504.58	50
$0.094 \pm 0.006$	$0.445 \pm 0.009$	54532.43	25150.02	-135.48	5126.73	24255.68	75
$0.144 \pm 0.007$	$0.435 \pm 0.009$	52621.89	22110.72	-8.41	7573.47	22937.71	100

وراثت‌پذیری مستقیم  $h_d^2$  و وراثت‌پذیری مادری  $h_m^2$ ،  $S.E$  = خطای معیار، واریانس افزایشی مستقیم  $V_A$ ، واریانس افزایشی مادری  $V_M$ ، واریانس محیط دائمی مادری  $V_{PE}$ ، واریانس خطا  $V_E$ ، واریانس فنوتیپی  $V_P$ ،  $\sigma_{am}$  = کواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی و مادری

افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری: سال تولد، جنس بره، نوع تولد و سن مادر عوامل محیطی بودند که در مدل آماری استفاده گردید. سال تولد و نوع تولد بره در سطح ( $P < 0.001$ ) و جنس بره در سطح ( $P < 0.05$ ) برای صفت افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری معنی‌دار بود. وراثت‌پذیری مستقیم متوسط رشد روزانه از تولد تا شیرگیری با حذف درصدهای مختلف شماره پدر از صفر درصد تا ۱۰۰ درصد کاهش و وراثت‌پذیری مادری افزایش یافت (جدول ۴). محققین مختلف وراثت‌پذیری متوسط رشد روزانه قبل از شیرگیری را از ۰/۱۸ در نژاد آمیخته دی من- تیماه دایتا ۰/۲۵ در نژاد تیماه دایت گزارش کردند (۱۳). شرستا و همکاران (۱۸) وراثت‌پذیری متوسط سرعت رشد روزانه تا ۵۰ روزگی را در نژاد سافولک را ۰/۴۷ گزارش کردند که نتایج این تحقیق در شجره کامل بالاتر از این دامنه و در بقیه سطوح حذف شماره پدر از شجره در دامنه تحقیقات سایر محققین قرار دارد (۱۳).

جدول ۵- میانگین ارزش ارثی برآوردشده و رگرسیون ارزش ارثی برسال تولد در حالت حذف تصادفی شماره پدر برای صفات قبل از شیرگیری.

Table 5. Average breeding value and regression of breeding value in the case of random elimination of sires for pre-weaning traits.

p-value	b <sub>BV,Y</sub>	SD	EBV	درصد حذف شماره پدر	
				Percentage of elimination of Sire number	صفت Trait
0.101	0.0002±0.0001	0.0894 0.0870	0.0116	0	وزن تولد birth weight(kg)
0.007	0.0003±0.0001		0.0099	25	
0.016	-0.0003±0.0001	0.0824	0.0056	50	
0.872	-0.000002±0.0001	0.0869	0.0038	75	
0.688	0.0001±0.0003	0.2117	0.0047	100	
0.00003	-0.0709±0.0171	94.0615	3.9489	0	متوسط افزایش روزانه
0.00005	0.5222 ± 0.1288	97.6884	56.0778	25	
0.933	-0.0103±0.1222	92.9647	53.7387	50	از تولد تا شیرگیری Average daily gain from birth to weaning(gr)
0.007	-0.3273±0.1213	92.3059	51.3486	75	
0.0000	-0.9591 ± 0.1221	92.6323	54.3088	100	
0.000000	0.1497± 0.0137	10.6691	6.6197	0	وزن از شیرگیری
0.0003	0.0499± 0.0137	10.5590	6.4557	25	
0.00006	0.0568±0.0142	10.9388	6.3006	50	Weaning weight(kg)
0.441	-0.0108± 0.0141	10.8227	6.0209	75	
0.00003	-0.0709± 0.0171	13.4293	3.9489	100	

میانگین ارزش ارثی برآوردشده و روند ژنتیکی: روند ژنتیکی و میانگین ارزش ارثی صفات وزن تولد، وزن از شیرگیری و افزایش وزن روزانه از تولد تا از شیرگیری بعد از ۲۱ سال انتخاب فنوتیپی وزن بدن و سرعت رشد در سطوح مختلف حذف تصادفی شماره پدر از شجره در جدول ۵ نشان داده شده است. کم یا زیاد شدن روند با توجه به درصد حذف بستگی به ساختار داده، صفت، وراثت پذیری و سایر عوامل دارد که در کنترل ما نیست. در صورت تکرار حذف تصادفی جوابها متفاوت خواهد بود. به هر حال در حالت حذف محاسبه روندها زیاد معتبر نیست و ما قصد نشان دادن این تفاوت را با شجره کامل داشتیم. این روند نزولی شبیه حالت شبیه سازی یک صفتی با دو وراثت پذیری ۰/۱۵ و ۰/۳۰ بود (۱). در روش حذف تصادفی، روند ژنتیکی یا رگرسیون ارزش ارثی برسال با افزایش میزان نقص شجره پدر در صفت وزن تولد و وزن شرگیری به شدت کاهش یافت. ولی در صفت متوسط افزایش وزن روزانه از تولد تا از شیرگیری به جز در سطح ۲۵ درصد حذف شماره پدر که افزایش

یافت در بقیه سطوح کاهش یافت، که در صفت وزن تولد و وزن از شیرگیری با نتایج عباسی (۱) همخوانی داشت. نتایج این پژوهش نشان داد که روند ژنتیکی برای صفات وزن تولد، وزن از شیرگیری و افزایش وزن روزانه از تولد تا از شیرگیری در حالت شجره کامل به ترتیب  $0/0020$ ،  $0/1497$  کیلوگرم در سال و  $0/078$ - گرم در سال بود و در شجره با  $25$  درصد حذف تصادفی  $0/0099$ ،  $0/0499$  و  $0/5222$  و در شجره فاقد شماره پدر به ترتیب  $0/0001$ ،  $0/0709$  کیلوگرم در سال و  $0/9591$  گرم در سال بود. نتایج این پژوهش نشان داد که مقدار کاهش روند ژنتیکی در صفت وزن تولد یا صفر درصد حذف تصادفی شماره پدر از شجره معنی دار نبود ( $P < 0/1$ ) و در  $25$  و  $50$  درصد حذف بسیار معنی دار بود ( $P < 0/01$ ) اما در سایر سطوح معنی دار نبود. کمترین روند ژنتیکی در بین صفات رشد مربوط به وزن تولد است که احتمالاً به خاطر معیار انتخاب قرار نگرفتن این صفت به واسطه اجتناب از سخت‌زایی است.

در وزن از شیرگیری روند ژنتیکی در سطح  $75$  درصد حذف شماره پدر از شجره معنی دار نبود ( $P < 0/423$ ) و در مابقی سطوح بسیار معنی دار بود ( $P < 0/001$ ). در صفت متوسط افزایش وزن روزانه از تولد تا شیرگیری روند ژنتیکی در سطح  $50$  درصد حذف شماره پدر از شجره معنی دار نبود ( $P < 0/933$ ) و در سایر سطوح به شدت معنی دار بود (جدول ۵).

در وزن تولد روند ژنتیکی سالیانه گوسفندان باهم اختلاف معنی‌داری نداشتند، اما در سطح  $25$  و  $50$  درصد حذف شماره پدر از شجره روند ژنتیکی گوسفندان بسیار معنی دار بود ( $P < 0/01$ ) و بقیه سطوح حذف شماره پدر معنی دار نبود. در وزن از شیرگیری روند ژنتیکی در سطح  $75$  درصد حذف شماره پدر از شجره معنی دار نبود ( $P < 0/441$ ) و مابقی سطوح بسیار معنی دار بود ( $P < 0/001$ ). در متوسط سرعت رشد روزانه قبل از شیرگیری روند ژنتیکی در سطح  $75$  درصد حذف شماره پدر از شجره معنی دار نبود ( $P < 0/441$ ) و مابقی سطوح بسیار معنی دار بود ( $P < 0/01$ ). ناچیز بودن روند ژنتیکی برای یک صفت خاص را می‌توان به نامشخص بودن معیار انتخاب و استفاده از دام‌های با ارزش ارثی کم در جفت‌گیری و تأثیر عوامل محیطی نسبت داد (۱۷). روی هم‌رفته نقص در شجره با افزایش درصد حذف شماره پدر باعث افزایش وراثت‌پذیری مادری و کاهش وراثت‌پذیری مستقیم و کاهش روند ژنتیکی صفات مورد مطالعه گردید.

واریانس ارزش ارثی: در وزن تولد با افزایش سطوح حذف شماره پدر از شجره، واریانس ارزش ارثی برآورد شده از سطح صفر درصد یا شجره کامل تا ۱۰۰ درصد حذف شماره پدر ۴/۶۷ برابر افزایش یافت. در وزن از شیرگیری با افزایش سطوح حذف شماره پدر از شجره، واریانس ارزش ارثی برآورد شده از سطح صفر درصد یا شجره کامل تا ۱۰۰ درصد حذف شماره پدر ۵۸/۴ درصد افزایش یافت. در متوسط رشد روزانه از تولد تا شیرگیری با افزایش سطوح حذف شماره پدر از شجره، واریانس ارزش ارثی از سطح صفر درصد یا شجره کامل تا ۱۰۰ درصد حذف شماره پدر ۳ درصد کاهش یافت.

جدول ۶- واریانس ارزش ارثی حیوانات در سطوح مختلف حذف شماره پدر از شجره برای وزن تولد، وزن از شیرگیری و متوسط رشد روزانه از تولد تا شیرگیری.

Table 6. Variance of estimated breeding values of animals in different levels of elimination of sires for birth weight, weaning weight and average daily gain from birth to weaning.

100	75	50	25	0	سطوح حذف شماره پدر (درصد) Levels of elimination sires (%)
0.04481	0.00787	0.00679	0.00758	0.00799	وزن تولد Birth weight
180.34620	117.13246	119.65818	111.49369	113.83039	وزن از شیرگیری Weaning weight
8580.757	8520.391	8642.446	9543.026	8847.575	متوسط رشد روزانه از تولد تا شیرگیری average daily gain from birth to weaning

همبستگی ارزش ارثی بین سطوح مختلف حذف: در وزن تولد بالاترین همبستگی ارزش های ارثی بین سطوح صفر و ۲۵ درصد با مقدار ۰/۰۱۷ و معنی دار بود ( $P < 0/05$ ) و کمترین آن مربوط به سطوح صفر و ۲۵ و نیز صفر و ۱۰۰ درصد با مقدار ۰/۰۰۶ که معنی دار نبود (جدول ۷). همبستگی ارزش های ارثی ارتباط مستقیم با  $r^2$  یعنی قابلیت اطمینان پیش بینی ارزش های ارثی دارد و در مورد گوسفند چون هر دام حداکثر یک رکورد دارد  $r^2$  بسیار پائین و همبستگی همیشه پائین است. در وزن از شیرگیری بالاترین همبستگی ارزش های ارثی بین سطوح صفر و ۵۰ درصد با مقدار ۰/۱۱۵ و معنی دار بود ( $P < 0/01$ ) و کمترین آن مربوط به سطوح صفر و ۱۰۰ درصد با مقدار ۰/۰۸۲، معنی دار بود ( $P < 0/01$ ). در متوسط رشد روزانه از تولد تا شیرگیری بالاترین همبستگی ارزش های ارثی بین سطوح صفر و ۲۵ درصد با مقدار ۰/۱۴۸ معنی دار بود ( $P < 0/01$ ) و کمترین آن مربوط به سطوح صفر و ۱۰۰

## سید اکبر شیبری و همکاران

درصد با مقدار ۰/۱۰۴، معنی‌دار بود ( $P < ۰/۰۱$ ). نتایج این پژوهش نشان داد که با افزایش درصد حذف شماره پدر از شجره، همبستگی بین ارزش‌های ارثی کاهش می‌یابد، به بیان دیگر دقت برآوردها کاهش می‌یابد.

جدول ۷- همبستگی ارزش ارثی برآورد شده در حالت شجره کامل با ارزش ارثی برآورد شده در سطوح مختلف حذف شماره پدر از شجره برای صفات وزن تولد، وزن از شیرگیری و متوسط رشد روزانه از تولد تا شیرگیری.

Table 7. Correlation between estimated breeding values in case of no sire elimination with different levels of elimination of sires for birth weight, weaning weight and birth to weaning.

P_value	همبستگی رتبه‌ای Spearman Correlation	متغیرها Variables	صفت Trait
0.05	0.017	0,25 <sup>1</sup>	وزن تولد Birth weight
ns	0.006	0,50	
ns	0.010	0,75	
ns	0.006	0,100	
0.01	0.110	0,25	وزن از شیرگیری Weaning weight
0.01	0.115	0,50	
0.01	0.085	0,75	
0.01	0.082	0,100	
0.01	0.148	0,25	متوسط رشد روزانه از تولد تا شیرگیری Average daily gain from birth to weaning
0.01	0.138	0,50	
0.01	0.117	0,75	
0.01	0.1047	0,100	

$H_0: \mu=0$ , \*\*\*  $p < 0.001$ ; n.s.  $p > 0.05$

۱- متغیر ۰ و ۲۵ = سطوح حذف شماره پدر از شجره بین ۰ (شجره کامل) و ۲۵ درصد حذف شماره پدر از شجره

## نتیجه‌گیری

نتایج این مطالعه نشان داد که نقص در شجره با افزایش درصد حذف شماره پدر باعث افزایش وراثت‌پذیری مادری و کاهش وراثت‌پذیری مستقیم و روند ژنتیکی صفات مورد مطالعه گردید. در سناریوهای حذف بیش از ۷۵ درصد پدرها برآوردهای مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری معتبر نمی‌باشد، چون افزایش واریانس افزایشی همراه با کاهش واریانس محیطی بوده و نشان دهنده عدم توانایی مدل در جدا کردن اثرات ژنتیکی، مادری و محیطی می‌باشد. در وزن تولد تا ۷۵ درصد و در وزن از شیرگیری تا ۵۰ درصد و در متوسط رشد روزانه از تولد تا شیرگیری تا ۷۵ درصد حذف شماره پدر را می‌توان اعمال کرد بدون اینکه در روند ژنتیکی اختلاف معنی‌داری حاصل شود.

### تشکر و قدردانی

از معاونت امور دام سازمان جهادکشاورزی خراسان رضوی، مدیریت جهاد کشاورزی شهرستان سرخس، مسئول محترم ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند قره گل سرخس، آقای مهندس احمدی به لحاظ در اختیار گذاشتن اطلاعات صمیمانه تقدیر و تشکر می‌گردد.

### منابع

1. Abbasi, M.A. 2014. The impact of incomplete pedigrees father to predict breeding values and estimation of genetic trend weaning weight and daily weight gain in sheep. *Iranian J. Anim. Sci.* 45: 135-141. (In Persian)
2. Abbasi, M.A., Aghaii, E., Jalali, M.Z., and Eskandari Nasab, M.P. 2011. The effect of pedigree structure on estimation of variance components and genetic parameters of a quantitative trait in sheep. *Food and Agriculture Organization of the United Nations.* (In Persian)
3. Baneh, H., Rokouei, M., Ghafouri-Kesbi, F., Veysi, A., and Niknafas, S. 2013. Multivariate genetic analysis on body weight traits in Ghezel sheep. *Songklanakarinn. J. Sci. Technol.* 35: 131-135.
4. Baneh, H., Hafezian, S.H., Rashidi, A., Gholizadeh, M., and Rahimi, G. 2010. Estimation of Genetic parameters of body weight traits in Ghezel sheep. *Asian-Aust. J. Anim.Sci.* 23: 149-153.
5. Burnside, T., Sulltivan, B., and Smith, G. 1989. The animal model-making cow family genetics work to the breeder's advantage. *Holstein J.* 52: 25.
6. Christensen, L.G., Madsen, P., and Petersen, J. 1982. The influence of incorrect sire-identification on the estimate of genetic parameters and breeding values. *Proc. 2nd World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Madrid, Spain* 7: 200-208.
7. Clement, V., Bibe, B., Verrier, Jean-Michel, E., Elsen, Manfredi, E., Bouix, J. and 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.*, 33: 369-395.
8. Harder, B., Bennewitz, J., Reinsch, N., Mayer, M., and Kalm, E. 2005. Effect of missing sire information on genetic evaluation. *Arch. Tierz., Dummerstorf.* 48: 219-232.
9. Hasani, S., Imam Verdi, A., Zerehdaran, S., Ahani-Azari, M., and Farhangfar, H. 2009. Estimation of genetic, phenotypic and environmental trend of some economical traits and degree of skin in Karakul sheep. *Iranian J. Anim. Sci.* 41: 344-349. (In Persian)
10. Madsen, P., and Jensen. J. 2008. DMU. A package for multivariate analyzing multivariate mixed models. Version 6. University of Aarhus, Faculty

- Agricultural Sciences (DJF), Department of Genetics and Biotechnology, Research Centre Foulum, Box 50, 8830 Tjele, Denmark.
11. Mohammadi, Y., Sanaei Mokhtari, M., and Bahrami, A.M. 2009. Estimation of genetic and phenotypic trend of some growth traits in Kurdian sheep. *J. New Genetic*. 3: 29-36. (In Persian)
  12. Mokhtari, M.S., M., Moradi Shahrababak, Esmailzadeh, A.K., Moradi Shahrababak, H., and Gutierrez, J.P. 2014. Pedigree analysis of Iran-Black sheep and inbreeding effects on growth and reproduction traits. *Small Rumin. Research*. 116: 14-20.
  13. Notter, D.E. 1998. Genetic parameters for growth traits in Suffolk and Poly pay sheep. *Livestock. Produc. Sci.* 55: 205-213.
  14. Nilforooshan, M.A., Khazaeli, A., and Edriss, M.A. 2008. Effects of missing pedigree information on dairy cattle genetic evaluations (short communication). *Arch. Tierz., Dummerstorf*. 51: 99-110.
  15. Rashidi, A., Fayyazi, J., Vatankhah, M., and Begay Nasiri, M.T. 2013. Evaluating of components of (co) variance components and genetic parameters for growth traits in Lori-Bakhtiari lambs using Gibbs sampling. *J. Research in ruminants*. 1: 109-127. (In Persian)
  16. Rashidi, A., and Akhshy, H. 1386. Estimation of genetic and environmental trend of growth traits in a flock of Kurdian sheep. *Iranian J. Agri. Sci.* 38: 329-335.
  17. Sanders, K., Bennewitz, J., and Kalm, E. 1997. Wrong and missing sire information affects genetic gain in the Angeln dairy cattle population. *J. Dairy Sci.* 89: 315-321
  18. Shrestha, B.N., Peters, H.F., Heaney, D.P., and Van Vleck, L.D. 1995. Genetic trends over 20 years of selection in the three synthetic arcotts, Suffol, and finnish Landrace sheep breeds. 1. Early growth traits. *Can. J. Anim. Sci.* 76: 23-34.





Gorgan University of Agricultural  
Sciences and Natural Resources

*J. of Ruminant Research*, Vol. 4(4), 2016  
<http://ejrr.gau.ac.ir>

## **Impact of incomplete pedigree on genetic trends and genetic parameters of pre-weaning growth traits in Karakul sheep**

**S. Shiri<sup>1</sup>, \*M. Tahmoorespur<sup>2</sup>, M. Abbasi<sup>3</sup>, M. M. Shariati<sup>4</sup>, D. Saghi<sup>5</sup>**

<sup>1</sup>PhD Student, <sup>2</sup>Professor, <sup>4</sup>Assistant Prof., Dept. of Animal Sciences, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, <sup>3</sup>Assistant Prof., Animal Science Research Institute of Iran, <sup>5</sup>Assistant Prof., Agricultural and Natural Resources Research and Education Center of Khorasan Razavi

Received: 05/14/2016; Accepted: 12/13/2016

### **Abstract**

**Background and objectives:** The objective of this study was to evaluate the impact of the predicted incomplete pedigree breeding value and genetic trend growth before weaning traits of Karakul sheep.

**Materials and methods:** In this study, data collected at the Sarakhs-karakul sheep breeding station during the years 1995 to 2015 were used. Studied traits were birth weight, weaning weight and average daily gain from birth to weaning. Mating and selection 21 years for every trait be stored in a separate file. The data file for each trait in a state of complete and incomplete pedigrees (remove, 0, 25, 50, 75 and 100% Number of Sires) were analyzed under the animal model. Variance components and genetic parameters were estimated applying restricted maximum likelihood method using DMU. Genetic trend of the studied traits were calculated by regression of means of predicted breeding values on birth year.

**Results:** Direct heritability for birth and weaning weights in different levels of numbers sires (0, 25, 50, 75 and 100) were 0.116 and 0.496, 0.121 and 0.480, 0.105 and 0.444, 0.155 and 0.428, 0.585 and 0.354, respectively. Genetic trends of the birth weight through regression of average breeding value on birth year estimate that has to remove different percentages numbers sire (0, 25, 50, 75 and 100 percent) from pedigree were as follows:  $0.0002 \pm 0.0001$ ,  $0.0003 \pm 0.0001$ ,  $-0.0003 \pm 0.0001$ ,  $-0.000002 \pm 0.0001$  and  $0.0001 \pm 0.0003$  respectively. Genetic trends of

---

\*Corresponding author; [m\\_tahmoorespur@yahoo.com](mailto:m_tahmoorespur@yahoo.com)

weaning weight with removing of percentages of Sire's number (0, 25, 50, 75 and 100%) were respectively:  $0.1497 \pm 0.0137$ ,  $0.0499 \pm 0.0137$ ,  $0.0568 \pm 0.0142$ ,  $-0.0108 \pm 0.0141$  and  $-0.0709 \pm 0.0171$  and genetic trend average growth rate from birth to weaning with removing of percentages of Sire's number (0, 25, 50, 75 and 100%) were respectively:  $-0.0709 \pm 0.0171$ ,  $0.5222 \pm 0.1288$ ,  $-0.0103 \pm 0.1222$ ,  $-0.3273 \pm 0.1213$  and  $-0.9591 \pm 0.1221$ .

**Conclusion:** According to the results were obtained imperfect in the pedigree with the increasing percentage of elimination of sires's Number decreased genetic trends of studied traits.

**Keywords:** Breeding value, Genetic trend, incomplete pedigree, Karakul sheep