

Genetic parameters for the residual variance of some body weight traits in Sangsari lambs

Jamshid Ehsaninia

Assistant Professor, Department of Agriculture, Minab Higher Education Center, University of Hormozgan, Bandar Abbas, Iran,
Email: ehsaninia@hormozgan.ac.ir

Article Info

Article type:
Research Full Paper

Article history:
Received: 05/26/2023
Revised: 09/08/2023
Accepted: 09/09/2023

Keywords:
Body weight
Genetic variation
Residual variance
Sangsari sheep
Uniformity

ABSTRACT

Background and Objectives: The majority of selection and breeding programs for sheep focus on improving weight and growth traits. Body weight uniformity is a crucial economic characteristic within the industry of sheep breeding. Birth weight is an important trait that has an optimal limit, and extremely high or extremely low birth weight can cause difficulties during birth, including dystocia and stillbirths, as well as hindered lamb growth. The existence of genetic variability for the residual variance is a necessary condition for improving this trait through breeding. Recent studies have demonstrated that the residual variance is governed by additive genetic influences. The enhancement of uniformity in body weight traits can be achieved as an economic advantage by employing selection strategies that take into account the genetic variability of the residual variance. The present study was undertaken to ascertain variance components and genetic parameters pertaining to the residual variance of birth weight and weaning weight traits in Sangsari sheep. Also, the genetic correlation between these traits and their residual variance was calculated.

Materials and Methods: To carry out this study, the phenotypic data of 5986 lambs between 1986 and 2016 from the Sangsari sheep breeding station were utilized. The traits examined comprised birth weight, weaning weight, and the residual variance associated with them. To incorporate fixed factors into the model and assess their impact on the examined traits, a least-squares analysis was conducted utilizing the GLM procedure of SAS software. The estimation of variance components and genetic parameters was conducted using the average information restricted maximum likelihood (AI-REML) algorithm implemented in the DMU software, employing the DHGLM method. Firstly, an animal model was applied to estimate the residual variance of birth weight and weaning weight traits. Following that, a bivariate model was employed to examine the influence of additive genetic effects on the residual variance.

Results: The additive genetic standard deviations for the residual variance of birth weight and weaning weight were determined to be 7.74 and 17.90, respectively. Consequently, a decrease of one

standard deviation in the breeding value of residual variance resulted in a reduction of 7.74 and 17.90% in the uniformity of the respective traits. The heritability estimates for the mean and residual variance of birth weight and weaning weight were found to be 0.26 ± 0.09 , 0.059 ± 0.003 , 0.23 ± 0.06 , and 0.037 ± 0.001 , respectively. The genetic coefficient of variation was determined to be 0.58 for birth weight and 0.48 for weaning weight. The genetic correlation ranged from -0.16 for birth weight and residual variance to 0.11 for weaning weight and residual variance.

Conclusion: The results of the current study offer crucial information regarding the presence of additive genetic variation for the residual variance of birth weight and weaning weight within Sangsari sheep herds, which can be utilized to enhance uniformity by selecting for reduced residual variance. The selection for increasing birth weight resulted in a reduction of the breeding value of residual variance and an enhancement of herd uniformity, owing to the favorable genetic correlation observed between birth weight and its residual variance. The genetic correlation for weaning weight was found to be unfavorable, indicating that selecting for higher weaning weights led to increased heterogeneity within the herd.

Cite this article: Ehsaninia, J. (2023). Genetic parameters for the residual variance of some body weight traits in Sangsari lambs. *Journal of Ruminant Research*, 11(4), 93-108.



© The Author(s).

DOI: 10.22069/ejrr.2023.21398.1898

Publisher: Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

پارامترهای ژنتیکی واریانس باقی مانده برخی صفات وزن بدن در بره‌های سنگسری

جمشید احسانی نیا

^۱ استادیار گروه کشاورزی، مجتمع آموزش عالی میناب، دانشگاه هرمزگان، رایانامه: ehsaninia@hormozgan.ac.ir

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله کامل علمی - پژوهشی	<p>سابقه و هدف: بیشتر برنامه‌های انتخاب و اصلاح نژاد در گوسفند بر بهبود صفات وزن و رشد تمرکز دارند. یکنواختی وزن بدن یکی از صفات مهم اقتصادی در صنعت پرورش گوسفند است. وزن تولد صفتی است که حد بهینه آن مناسب بوده و وزن تولد بسیار بالا و یا بسیار کم نامطلوب است زیرا ممکن است باعث مشکلاتی مانند سخت‌زایی، مرده‌زایی و کاهش قدرت رشد بره‌ها شود. شرط لازم برای بهبود این صفت از طریق اصلاح نژاد وجود تنوع ژنتیکی برای واریانس باقی مانده است. مطالعات اخیر نشان داده‌اند که واریانس باقی مانده تحت کنترل اثرات ژنتیکی افزایشی است. از تنوع ژنتیکی واریانس باقی مانده می‌توان برای افزایش یکنواختی صفات وزن بدن به‌عنوان یک مزیت اقتصادی از طریق انتخاب بهره برد. تحقیق حاضر به‌منظور برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای واریانس باقی مانده صفات وزن تولد و وزن شیرگیری در گوسفند نژاد سنگسری انجام شد. همچنین همبستگی ژنتیکی بین این صفات و واریانس باقی مانده آن‌ها محاسبه شد.</p>
تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۳/۵ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۲/۶/۱۷ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۶/۱۸	
واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی گوسفند سنگسری واریانس باقیمانده وزن بدن یکنواختی	<p>مواد و روش‌ها: برای انجام این تحقیق از رکوردهای فنوتیپی ۵۹۸۶ رأس بره که طی سال‌های ۱۳۶۵ تا ۱۳۹۵ در ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند سنگسری جمع‌آوری شده بودند، استفاده شد. صفات موردبررسی شامل وزن تولد و وزن شیرگیری و واریانس باقی مانده آن‌ها بود. به‌منظور شناسایی اثر عوامل ثابت مؤثر بر صفات موردبررسی و منظور کردن آن‌ها در مدل، آنالیز حداقل مربعات با استفاده از رویه GLM نرم‌افزار SAS انجام شد. برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی با استفاده از الگوریتم میانگین اطلاعات حداکثر در دستنمایی محدودشده در نرم‌افزار DMU و با به‌کارگیری روش مدل‌های خطی تعمیم‌یافته دو مرحله‌ای انجام شد. ابتدا یک مدل حیوان برازش شد تا واریانس باقی مانده صفات وزن تولد و وزن شیرگیری برآورد شود و سپس تأثیر اثرات ژنتیکی افزایشی بر روی واریانس باقی مانده صفات مورد مطالعه با استفاده از یک مدل دو صفتی بررسی شد.</p>
	<p>یافته‌ها: انحراف معیار ژنتیکی افزایشی برای واریانس باقی مانده وزن تولد و وزن شیرگیری به ترتیب ۷/۷۴ و ۱۷/۹۰ بود، به طوری که کاهش ارزش اصلاحی واریانس باقی مانده به میزان یک انحراف معیار به ترتیب باعث ۷/۷۴ و ۱۷/۹۰ درصد افزایش در میزان یکنواختی صفات مذکور شد. برآوردهای وراثت‌پذیری برای بخش میانگین و واریانس باقی مانده وزن تولد و وزن</p>

شیرگیری به ترتیب $0/09 \pm 0/26$ و $0/03 \pm 0/059$ و $0/06 \pm 0/23$ و $0/01 \pm 0/37$ بودند. ضریب تنوع ژنتیکی برای واریانس باقی مانده وزن تولد و وزن شیرگیری به ترتیب $0/56$ و $0/48$ برآورد شد. همبستگی ژنتیکی از $0/16$ - برای وزن تولد و واریانس باقی مانده تا $0/11$ برای وزن شیرگیری و واریانس باقی مانده تغییر کرد.

نتیجه گیری: نتایج پژوهش حاضر اطلاعات مهمی در خصوص تنوع ژنتیکی افزایشی برای واریانس باقی مانده وزن تولد و وزن شیرگیری در گله های گوسفند سنگسری ارائه می دهد که می تواند برای بهبود یکنواختی از طریق انتخاب برای واریانس باقی مانده کمتر استفاده شود. با توجه به همبستگی ژنتیکی مطلوب بین وزن تولد و واریانس باقی مانده، انتخاب برای افزایش بهینه وزن تولد باعث کاهش ارزش اصلاحی واریانس باقی مانده و بهبود یکنواختی گله شد. برای وزن شیرگیری همبستگی ژنتیکی از نوع نامطلوب بود و انتخاب برای بهبود وزن شیرگیری غیریکنواختی در گله را افزایش داد.

استاد: احسانی نیا، ج. (۱۴۰۲). پارامترهای ژنتیکی واریانس باقیمانده برخی صفات وزن بدن در بره های سنگسری. پژوهش در نشخوارکنندگان، ۱۱(۴)، ۹۳-۱۰۸.

DOI: 10.22069/ejrr.2023.21398.1898



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

مقدمه

گوسفند سنگسری یکی از نژادهای بومی ایران بوده که دنبه آن کوچک و اغلب بدون دنبالچه است. محل اصلی پرورش آن مناطق خشک و نیمه خشک استان سمنان می باشد. گوسفندان این نژاد کوچک جثه بوده و هدف اصلی نگهداری آن تولید گوشت است (Kasiriyani و همکاران، ۲۰۱۱). از این رو، اکثر برنامه های انتخاب و اصلاح نژاد در گوسفند سنگسری بر بهبود صفات وزن و رشد تمرکز دارند. برای این گونه صفات که از جمله صفات اقتصادی مهم در گوسفند محسوب می شوند، نه تنها افزایش میانگین بلکه افزایش یکنواختی آن ها نیز اهمیت دارد. بنابراین بهبود یکنواختی صفات وزن بدن در گوسفند اهمیت فراوانی دارد. به عنوان مثال بازدهی سیستم های پرورش گوسفند می تواند با فروش بره های بیشتر به ازای هر میش بهبود یابد که ممکن است از طریق افزایش نسبت زنده ماننی بره ها قبل و بعد از تولد محقق شود (Sae-Lim و همکاران، ۲۰۱۸). وزن بدن خصوصاً وزن تولد صفتی است که حد بهینه آن از لحاظ اقتصادی در صنعت پرورش گوسفند اهمیت بالایی دارد. وزن تولد در گوسفند یک صفت بهینه است و وزن تولد بسیار بالا و یا بسیار کم نامطلوب است، زیرا ممکن است باعث مشکلاتی مانند سخت زایی، مرده زایی و کاهش قدرت رشد بره شود. از سوی دیگر، مدیریت، فروش و کشتار بره های با وزن و لاشه همگن مشکلات کمتری را به همراه خواهد داشت. بنابراین، اگر یکنواختی وزن تولد توارث پذیر باشد، انتخاب در مقابل وزن بسیار بالا یا بسیار کم امکان پذیر خواهد بود. (Mulder و همکاران، ۲۰۰۹).

تفاوت بین حیوانات از نظر یکنواختی برای یک صفت به دلیل ناهمگنی واریانس باقی مانده آن است و این فرض که واریانس باقی مانده یک صفت توسط اثرات ژنتیکی افزایشی کنترل می شود، توسط محققین

مختلفی گزارش شده است (Sell-Kubiak و همکاران، ۲۰۱۵؛ García-Ballesteros و همکاران، ۲۰۲۱). مطالعات اخیر روی وزن بدن در گاوهای گوشتی برزیل (Neves و همکاران، ۲۰۱۱؛ Jung و همکاران، ۲۰۱۷) و گوسفندان نروژی (Sae-Lim و همکاران، ۲۰۱۸) تأیید کرد که واریانس باقی مانده تحت کنترل ژنتیکی است. علاوه بر ژنتیک کمی در مطالعات و آزمایشات مولکولی انجام گرفته بر روی گونه های مختلف دامی و آبری نیز نشان داده شده است که برای واریانس باقیمانده تنوع ژنتیکی وجود دارد (Mulder و همکاران، ۲۰۱۳؛ Jung و همکاران، ۲۰۱۸). لذا از تنوع ژنتیکی واریانس باقی مانده می توان برای افزایش یکنواختی حیوانات و تولیدات دامی به عنوان یک مزیت اقتصادی از طریق انتخاب بهره برد. برای مثال انتخاب در جهت کاهش واریانس باقی مانده برای صفت وزن بدن در گاو گوشتی و ماهی باعث پاسخ ژنتیکی مناسبی برای بهبود یکنواختی شده است (Neves و همکاران، ۲۰۱۲؛ Marjanovic و همکاران، ۲۰۱۶؛ Sae-Lim و همکاران، ۲۰۱۶). از پارامترهای ژنتیکی وراثت پذیری واریانس باقی مانده، ضریب تغییرات ژنتیکی واریانس باقی مانده^۱ و همبستگی بین اثرات ژنتیکی افزایشی و واریانس باقی مانده برای بررسی تنوع ژنتیکی واریانس باقی مانده استفاده شده است (Raffo و همکاران، ۲۰۲۳). در یک تحقیق بر روی گوسفندان سفید نروژی مقدار وراثت پذیری، ضریب تنوع ژنتیکی و همبستگی ژنتیکی بین وزن تولد و واریانس باقی مانده به ترتیب ۰/۷۷، ۰/۵۸ و ۰/۳۹ به دست آمد و نشان داده شد که واریانس باقیمانده وزن تولد توارث پذیر بوده و امکان کاهش آن از طریق انتخاب ژنتیکی و بالا بردن یکنواختی وجود دارد (Sae-Lim و همکاران، ۲۰۱۸).

برای بخش میانگین و بخش واریانس باقیمانده صفات وزن تولد و وزن شیرگیری در بره‌های سنگسری و همچنین برآورد همبستگی‌های ژنتیکی بین اثرات ژنتیکی افزایشی برای میانگین و واریانس باقیمانده بود.

مواد و روش‌ها

داده‌ها و صفات مورد مطالعه: در پژوهش حاضر، از رکوردهای مربوط به صفات وزن بدن ۵۹۸۶ حیوان که از ۱۶۹ رأس قوچ و ۱۸۹۵ رأس میش تولد شده بودند، استفاده شد. اطلاعات مذکور طی سال‌های ۱۳۶۵ تا ۱۳۹۵ در ایستگاه اصلاح نژاد گوسفند سنگسری جمع‌آوری شده بودند. ویرایش فایل‌های شجره و داده‌های اولیه با استفاده از نرم‌افزارهای CFC (Sargolzaei و همکاران، ۲۰۰۶) و Foxpro (ورژن ۹) انجام و برای تجزیه و تحلیل آماده شدند. صفات مورد بررسی شامل وزن بدن در زمان تولد و وزن شیرگیری و واریانس باقی‌مانده آن‌ها بود.

آنالیز آماری و برآورد اجزای واریانس: به منظور شناسایی اثر عوامل ثابت مؤثر بر صفات مورد بررسی و منظور کردن آن‌ها در مدل، آنالیز حداقل مربعات با استفاده از رویه GLM نرم‌افزار SAS (ورژن ۹/۲) انجام شد. در نهایت پس از آزمون معنی‌داری اثرات ثابت، مدل آماری مورد استفاده شامل اثرات ثابت نوع تولد (تک قلو یا دو قلو)، جنس بره (نر یا ماده)، سال تولد بره (۱۳۹۵-۱۳۶۵) و سن مادر در هنگام زایش (۷-۲) بود. تنوع ژنتیکی در واریانس باقی‌مانده با استفاده از روش مدل‌های خطی تعمیم‌یافته دومرحله‌ای مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. با توجه به روش دومرحله‌ای برای بررسی یکنواختی، ابتدا برای هرکدام از صفات مدل‌های حیوانی زیر برازش و مورد مقایسه قرار گرفتند:

استراتژی‌های مختلفی مانند مدیریت، جفت‌گیری و انتخاب برای کاهش تغییرپذیری صفات و در نتیجه افزایش همگنی آن‌ها پیشنهاد شده‌اند. طرح‌های جفت‌گیری مانند جفت‌گیری جور شده به‌طور بالقوه می‌تواند تنوع را کاهش دهد، اما انتخاب راهی دائمی برای دستیابی به یکنواختی می‌باشد (Kause و همکاران، ۲۰۱۴؛ Yoshida و همکاران، ۲۰۱۸). بنابراین، شرط لازم برای تغییرات دائمی در واریانس باقی‌مانده، وجود تنوع ژنتیکی و گنجاندن آن به‌عنوان یک صفت توارث‌پذیر در برنامه‌های اصلاح نژادی است. روش‌های آماری مختلفی برای برآورد اجزای واریانس و ارزش‌های اصلاحی واریانس باقیمانده در گونه‌های مختلف دامی پیشنهاد شده است (Ibanez- Escriche و همکاران، ۲۰۰۸؛ Mulder و همکاران، ۲۰۰۹؛ Jung و همکاران، ۲۰۱۷). اخیراً روش مدل‌های خطی تعمیم‌یافته دومرحله‌ای^۱ توسط Rönnegård و همکاران (۲۰۱۰) ارائه شده است که طی آن معادلات مدل مختلط به‌طور هم‌زمان در سطح میانگین و واریانس باقی‌مانده برای برآورد اجزای واریانس برازش می‌شوند. Felleki و همکاران (۲۰۱۲) روش مدل‌های خطی تعمیم‌یافته دومرحله‌ای را گسترش دادند تا علاوه بر تخمین اجزای واریانس، برآورد همبستگی ژنتیکی بین بخش میانگین و بخش واریانس باقی‌مانده نیز امکان‌پذیر باشد.

علی‌رغم اهمیت زیاد یکنواختی صفات وزن بدن در دام و طیور، مطالعات در مورد یکنواختی صفات وزن بدن در گونه‌های مختلف دامی بسیار کم است، و طبق دانش ما، هیچ‌گونه اطلاعاتی در مورد یکنواختی وزن تولد و وزن شیرگیری در گوسفندان ایران از جمله نژاد سنگسری وجود ندارد. بنابراین، هدف پژوهش حاضر برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی

1- Double Hierarchical Generalized Linear Model (DHGLM)

بخش میانگین و بخش واریانس باقی مانده صفات مورد مطالعه با استفاده از الگوریتم میانگین اطلاعات حداکثر درست‌نمایی محدود شده^۲ در نرم افزار DMU (Madsen and Jensen, ۲۰۱۳) با به کارگیری روش مدل‌های خطی تعمیم یافته دو مرحله‌ای به صورت زیر انجام شد: در مرحله اول، صفات وزن تولد و وزن شیرگیری با استفاده از بهترین مدل به صورت تک صفته مورد تجزیه و تحلیل ژنتیکی قرار گرفتند و واریانس باقی مانده برای هر مشاهده برآورد شد.

در مرحله دوم، مقادیر باقی مانده حاصل از برازش بهترین مدل حیوانی برای صفات وزن تولد و وزن شیرگیری استخراج و لگاریتم طبیعی آن‌ها طبق معادله ۲ محاسبه شد (Raffo و همکاران، ۲۰۲۳):

معادله ۲

$$y_d = \log(\hat{\sigma}_{e_i}^2) + \left(\frac{\hat{h}_i^2 - \hat{\sigma}_{e_i}^2}{\hat{\sigma}_{e_i}^2} \right)$$

در رابطه بالا، $\hat{\sigma}_{e_i}^2$ واریانس باقی مانده برآورد شده برای i امین مشاهده، \hat{h}_i^2 مربع باقی مانده حاصل از مدل میانگین برای i امین رکورد، h_i عناصر قطری ماتریس \hat{h} می باشد.

در مرحله آخر، صفات وزن تولد و وزن شیرگیری همراه با لگاریتم طبیعی واریانس باقی مانده مربوطه با استفاده از معادله ۳ به صورت دو صفته آنالیز ژنتیکی شدند. برای بهبود همگرایی در این مرحله، اثرات ژنتیکی افزایشی مادری و اثرات محیطی دائمی برای واریانس باقی مانده، برخلاف مدل به کار گرفته شده در مرحله اول، لحاظ نشد (Neves و همکاران،

(۲۰۱۱)

معادله ۳

$$\begin{pmatrix} y \\ y_d \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X & 0 \\ 0 & X_d \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b \\ b_d \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} Z & 0 \\ 0 & Z_d \end{pmatrix} \begin{pmatrix} a \\ a_d \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} e \\ e_d \end{pmatrix}$$

مدل ۱ $y = X\beta + Z_a a + e$

مدل ۲ $y = X\beta + Z_a a + Z_{pe} pe + e$

مدل ۳

مدل ۴ $y = X\beta + Z_a a + Z_m m + e \quad \text{Cov}(a, m) = 0$

مدل ۵

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

$y = X\beta + Z_a a + Z_m m + Z_{pe} pe + e$

$\text{Cov}(a, m) = 0$

مدل ۶

$y = X\beta + Z_a a + Z_m m + Z_{pe} pe + e$

$\text{Cov}(a, m) = A\sigma_{am}$

در این مدل‌ها، y بردار مشاهدات برای صفات مربوطه، β بردار اثرات ثابت، a بردار اثرات ژنتیکی افزایشی، m بردار اثرات ژنتیک مادری، pe بردار اثرات محیطی دائمی مادری، X ، Z_a ، Z_m و Z_{pe} ماتریس‌های ضرایب که به ترتیب مشاهدات را به اثرات ثابت، اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، اثرات ژنتیکی افزایشی مادری و اثرات محیطی دائمی مادری مربوط می‌کنند و e بردار اثرات باقی مانده می‌باشد با این فرض که:

$a \sim N(0, A\sigma_a^2), \quad e \sim N(0, I_n\sigma_e^2)$

A ماتریس روابط خویشاوندی افزایشی بین حیوانات موجود در شجره، σ_a^2 واریانس ژنتیکی افزایشی، σ_e^2 واریانس باقی مانده و I_n ماتریس واحد می‌باشد. برای انتخاب بهترین مدل از شاخص اطلاعات آکایک^۱ استفاده شد:

معادله ۱ $AIC = -2\log L_i + 2p_i$

که $\log L_i$ لگاریتم حداکثر درست‌نمایی مدل i و p_i تعداد پارامترهای هر مدل است. در نهایت مدلی که دارای کمترین شاخص آکایک بود، به عنوان بهترین مدل در نظر گرفته شد. برآورد اجزای واریانس برای

2- Average Information Restricted Maximum Likelihood (AI-REML)

1- Akaike Information Criterion (AIC)

۱- برازش مدل خطی عمومی تک‌صفتی با فرض واریانس باقی‌مانده همگن برای y

۲- محاسبه W_d و y_d و مقدار $W = \text{diag}(\hat{y}_d)^{-1}$

۳- برازش مدل خطی تعمیم‌یافته دو صفتی برای y_d و W_d

۴- محاسبه $W = \text{diag}(\hat{y}_d)^{-1}$

۵- اجرای دوباره مدل دو صفتی

۶- به‌روزرسانی W_d و y_d

۷- تکرار مراحل ۳ تا ۶ تا زمان رسیدن به همگرایی.

پارامترهای ژنتیکی مرتبط با میانگین و واریانس باقی‌مانده: به‌منظور اندازه‌گیری میزان تنوع ژنتیکی برای بخش میانگین صفت و بخش باقی‌مانده سه پارامتر ژنتیکی با استفاده از خروجی‌های روش مدل‌های خطی تعمیم‌یافته دو مرحله‌ای محاسبه شد: وراثت‌پذیری واریانس باقی‌مانده، ضریب تنوع ژنتیکی واریانس باقی‌مانده و همبستگی ژنتیکی بین اثرات ژنتیکی افزایشی بخش میانگین و بخش واریانس باقی‌مانده.

وراثت‌پذیری برای بخش میانگین (صفت): وراثت‌پذیری بخش میانگین با استفاده از رابطه زیر محاسبه شد:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2} \quad \text{معادله ۶}$$

$$\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_e^2 \quad \text{معادله ۷}$$

که σ_a^2 واریانس ژنتیکی افزایشی، σ_m^2 واریانس ژنتیکی مادری و σ_e^2 واریانس فنوتیپی می‌باشد. برای صفت وزن تولد از معادله ۷ برای محاسبه واریانس فنوتیپی استفاده شد و برای وزن شیرگیری واریانس محیطی دائمی مادری نیز به این معادله اضافه شد.

وراثت‌پذیری برای واریانس باقی‌مانده: وراثت‌پذیری بخش باقی‌مانده طبق روش Mulder و همکاران (۲۰۰۷) به‌صورت زیر محاسبه شد:

معادله ۸

$$h_d^2 = \frac{\sigma_{a_d}^2}{(2\sigma_p^2 + 3\sigma_{a_d}^2)}$$

در معادله فوق y بردار رکوردهای مربوط به صفات وزن تولد و وزن شیرگیری و y_d بردار رکوردهای مربوط به لگاریتم طبیعی واریانس باقی‌مانده، X (X_d) و Z (Z_d) به ترتیب ماتریس‌های وقوع اثرات ثابت و تصادفی برای صفت و واریانس باقی‌مانده، b (b_d) بردار اثرات ثابت برای صفت و واریانس باقی‌مانده بودند و a و a_d به ترتیب بردار اثرات ژنتیکی افزایشی برای صفت و واریانس باقی‌مانده با فرض زیر:

معادله ۴

$$\begin{bmatrix} a \\ a_d \end{bmatrix} \sim N \left(0, \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{a,a_d} \\ \sigma_{a,a_d} & \sigma_{a_d}^2 \end{bmatrix} \otimes A \right)$$

که σ_a^2 و $\sigma_{a_d}^2$ به ترتیب واریانس ژنتیکی افزایشی برای صفت و واریانس باقی‌مانده، σ_{a,a_d} کواریانس ژنتیکی بین صفات و A ماتریس خویشاوندی بین حیوانات است. e و e_d به ترتیب بردارهای باقی‌مانده برای y و y_d با فرض زیر:

معادله ۵

$$\begin{bmatrix} e \\ e_d \end{bmatrix} \sim N \left(0, \begin{bmatrix} W^{-1}\sigma_e^2 & 0 \\ 0 & W_d^{-1}\sigma_{e_d}^2 \end{bmatrix} \otimes I \right)$$

که I ماتریس واحد، $W = \text{diag}(\hat{y}_d)^{-1}$ و $W_d = \text{diag}\left(\frac{1-h}{2}\right)$ و $\sigma_{e_d}^2$ مقیاس واریانس‌های باقیمانده با میانگین یک می‌باشد. با توجه به اینکه در مدل دو متغیره نتایج حاصل از آنالیز ژنتیکی به هر دو صفت بستگی دارد، یک روش تکراری برای به‌روزرسانی W و W_d تا زمان رسیدن به همگرایی مورد استفاده قرار گرفت. همگرایی زمانی فرض شد که واریانس باقی‌مانده برآورد شده برای بخش میانگین صفت برابر با ۱ باشد (Sae-Lim و همکاران، ۲۰۱۸). مدل دو صفتی با استفاده از الگوریتم حداقل مربعات وزنی تکراری^۱ که شکل گسترش‌یافته روش مدل‌های خطی تعمیم‌یافته دو مرحله‌ای می‌باشد، به‌صورت زیر برازش شد (Felleki و همکاران، ۲۰۱۲):

1- Iterative Reweighted Least Square (IRLS)

بخش میانگین و واریانس باقی مانده براساس معادله ۱۱ به دست آمد:

$$r_g = \frac{\sigma_{a,ad}}{\sqrt{\sigma_a^2 \sigma_{ad}^2}} \quad \text{معادله ۱۱}$$

که $\sigma_{a,ad}$ ، σ_a^2 و σ_{ad}^2 قبلاً تعریف شده‌اند.

نتایج و بحث

آماره‌های توصیفی صفات مورد بررسی در جدول ۱ ارائه شده است. همان‌طور که ملاحظه می‌شود با افزایش سن حیوان تعداد رکوردها کاهش یافته است که می‌تواند به دلایل مختلف مدیریتی از جمله حذف حیوانات بیمار، حذف حیوانات به دلیل کمبود وزن و یا فروش بره‌ها و گوسفندان مازاد و همچنین مرگ‌ومیر باشد. تغییرات برای وزن تولد بیشتر از وزن شیرگیری بود. نتایج مشابهی در خصوص بیشتر بودن ضریب تغییرات وزن تولد نسبت به وزن شیرگیری توسط سایر محققین گزارش شده است (Latifi and Mohammad، ۲۰۱۹). از سوی دیگر وزن خیلی زیاد یا خیلی کم بره‌ها در زمان تولد نیز می‌تواند سبب بروز مشکلاتی مانند سخت‌زایی، مرده‌زایی و حتی کاهش قدرت رشد بره‌ها شود. بنابراین، برای این صفت همگنی از اهمیت بیشتری برخوردار است.

که σ_p^4 مربع واریانس فنوتیپی و σ_{ad}^2 واریانس ژنتیکی افزایشی برای بخش باقی مانده است. برای محاسبه وراثت‌پذیری واریانس باقی مانده لازم است واریانس ژنتیکی افزایشی از مقیاس نمایی ($\sigma_{ad,exp}^2$) به مقیاس افزایشی (σ_{ad}^2) تبدیل شود. این تبدیل با استفاده از معادلات ارائه شده توسط Mulder و همکاران (۲۰۰۷) به صورت زیر انجام شد:

$$\sigma_{ad}^2 = \sigma_{e,exp}^4 \exp(\sigma_{ad,exp}^2) - \sigma_e^4 \quad \text{معادله ۹}$$

که σ_e^4 واریانس باقی مانده به توان دو و $\sigma_{e,exp}^2 = \sigma_e^2 / (\exp(0.5\sigma_{ad,exp}^2))$ است.

ضریب تغییرات ژنتیکی: ضریب تغییرات ژنتیکی مشخص می‌کند که واریانس باقی مانده چقدر از طریق انتخاب تغییر می‌کند (Mulder و همکاران، ۲۰۱۶) و با استفاده از رابطه زیر محاسبه شد:

$$GCV = \frac{\sigma_{a,ad}}{\sigma_e^2} = \sqrt{\sigma_{ad,exp}^2} \quad \text{معادله ۱۰}$$

در معادله بالا، $\sigma_{a,ad}$ انحراف استاندارد ژنتیکی افزایشی برای بخش باقی مانده و σ_e^2 میانگین واریانس باقی مانده و $\sigma_{ad,exp}^2$ واریانس ژنتیکی افزایشی برای بخش واریانس باقی مانده بر مبنای مقیاس نمایی است. همبستگی ژنتیکی بین اثرات ژنتیکی افزایشی برای

جدول ۱- آماره توصیفی صفات مورد مطالعه در گوسفند سنگسری

Table 1- Descriptive statistics of studied traits in Sangsari sheep

ضریب تغییرات (درصد) Coefficient of variation (%)	انحراف استاندارد Standard deviation	میانگین mean	تعداد رکورد Number of records	صفت traits
19.71	0.68	3.45	6086	وزن تولد (کیلوگرم) Birth weight (kg)
13.44	2.18	16.22	4595	وزن شیرگیری (کیلوگرم) Weaning weight (kg)

برجسته نشان داده شده است. نتایج حاصل از مقایسه مدل‌های مختلف نشان داد مناسب‌ترین مدل برای وزن تولد مدل ۳ (اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری بدون در نظر گرفتن کوواریانس بین آن‌ها) و

مقادیر اطلاعات آکایک حاصل از برآورد پارامترهای ژنتیکی برای هر صفت با ۶ مدل حیوانی در جدول ۳ ارائه شده است که بهترین مدل بر اساس مقادیر اطلاعات آکایک برای هر صفت به صورت

است که اثرات مادری منبع تنوع مهمی برای صفات مربوط به رشد در ابتدای دوره زندگی محسوب. اگر اثرات مادری وجود داشته باشند اما در مدل وارد نشوند این امر منجر به برآورد بیش از حد وراثت پذیری خواهد شد و برآورد بیش از حد وراثت پذیری در ارزیابی های ژنتیکی منجر به کاهش دقت انتخاب و در نتیجه ارزیابی نادرست دام ها خواهد شد (Bangar و همکاران، ۲۰۱۸).

برای صفت وزن از شیرگیری مدل ۵ (اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم، مادری و محیطی دائمی مادری بدون در نظر گرفتن کوواریانس بین اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری) می باشد، بنابراین، برآورد اجزای واریانس با استفاده از بهترین مدل ها انجام شد. این نتایج نشان داد که وزن تولد به طور معنی داری تحت تأثیر اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری می باشد. نتایج سایر تحقیقات انجام شده نیز مؤید این مطلب

جدول ۲- مقادیر شاخص اطلاعات آکایک در مدل های مختلف برای صفات مورد بررسی

Table 2- AIC values in different models for the studied traits

صفات Traits	مدل ۱ Model 1	مدل ۲ Model 2	مدل ۳ Model 3	مدل ۴ Model 4	مدل ۵ Model 5	مدل ۶ Model 6
وزن تولد Birth weight	-689.31	-768.26	-782.48	-759.36	-764.58	-760.30
وزن از شیرگیری Weaning weight	8751.81	8610.58	8621.91	8620.72	8504.60	8585.46

اصلاحی واریانس باقی مانده صفات مذکور به ترتیب باعث ۷/۷۴ و ۱۷/۹ درصد تغییر در واریانس باقی مانده آن ها می شود. مقادیر تخمینی انحراف معیار برای ارزش اصلاحی صفات مورد مطالعه در محدوده پایین تری از برآوردهای گزارش شده توسط Hill and Mulder (۲۰۱۰) در سایر گونه ها بود، با این وجود، بیانگر این است که تنوع ژنتیکی در واریانس باقی مانده نسبتاً بالا است و اثرات ژنتیکی افزایشی تأثیر قابل ملاحظه ای بر واریانس باقی مانده دارند.

برآوردهای اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای صفات وزن تولد و شیرگیری در جدول ۳ و برای واریانس باقی مانده آن ها در جدول ۴ نشان داده شده است. مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی برای بخش های میانگین و واریانس باقی مانده صفات وزن تولد و وزن شیرگیری به ترتیب ۰/۰۸۲ و ۰/۰۰۶ و ۱/۰۸ و ۰/۰۳۲ به دست آمد. مقادیر برآورد شده انحراف معیار ژنتیکی افزایشی برای واریانس باقی مانده وزن تولد و شیرگیری به ترتیب ۷/۷۴ و ۱۷/۱۹ بودند. بنابراین، تغییر یک واحدی در انحراف معیار ارزش

جدول ۳- برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی برای بخش میانگین صفات وزن تولد و وزن از شیرگیری

Table 3- Estimate of variance components and genetic parameters for the mean part of birth weight and weaning weight traits

صفات traits	واریانس ژنتیکی افزایشی σ_a^2	واریانس ژنتیکی مادری σ_m^2	واریانس محیط دائم مادری σ_{pe}^2	واریانس باقیمانده σ_e^2	واریانس فنوتیپی σ_p^2	وراثت پذیری h^2
وزن تولد Birth weight	0.082	0.028	-	0.208	0.318	0.26 ± 0.09
وزن شیرگیری Weaning weight	1.45	0.657	0.504	4.05	6.66	0.22 ± 0.06

جدول ۴- برآورد اجزای واریانس و پارامترهای ژنتیکی واریانس باقی مانده صفات وزن تولد و وزن از شیرگیری

Table 4- Estimate of variance components and genetic parameters for the residual variance of birth weight and weaning weight traits

ضریب تغییرات ژنتیکی GCV	وراثت پذیری h_a^2	واریانس فنوتیپی σ_p^2	واریانس باقی مانده σ_e^2	واریانس ژنتیکی افزایشی σ_{ad}^2	صفت trait
0.56	0.059 ± 0.003	0.204	0.198	0.006	واریانس باقی مانده وزن تولد Birth weight residual
0.48	0.037 ± 0.001	0.624	0.592	0.032	واریانس باقی مانده وزن شیرگیری Weaning weight residual

(Janhunen و همکاران، ۲۰۱۲) و گاو گوشتی (Iung و همکاران، ۲۰۱۷) و در محدوده نتایج به دست آمده برای سایر گونه های دامی و آبی بودند (Sonesson و همکاران، ۲۰۱۳؛ Sae- Lim و همکاران، ۲۰۱۵ و ۲۰۱۷). برخلاف نتایج تحقیق حاضر، مقادیر بالاتری از وراثت پذیری واریانس باقیمانده برای وزن بدن در جوجه های گوشتی (Zonuz و همکاران، ۲۰۱۹) و تعداد نوزاد در هر زایش در گوسفند (Cottle و همکاران، ۲۰۱۶) گزارش شده است. در مطالعه Sae- Lim و همکاران (۲۰۱۸) بر روی گوسفند سفید نروژی مقدار وراثت پذیری واریانس باقی مانده برای وزن تولد ۰/۰۷۷ به دست آمده آمد که نسبت به نتیجه تحقیق حاضر اندکی بالاتر بود.

همچنین طی بررسی های محدود صورت گرفته بر روی گوسفند، مقدار وراثت پذیری واریانس باقی مانده برای صفت تعداد بره در هر زایش گوسفند ۰/۰۸۱ گزارش شد که در مقایسه با وراثت پذیری میانگین صفت (۰/۰۹) مقدار نسبتاً بالایی بود (Cottle و همکاران، ۲۰۱۶). برخی محققین نشان داده اند که مقادیر پایین وراثت پذیری واریانس باقی مانده نشان دهنده نیاز به اطلاعات و رکوردهای بیشتر برای به دست آمده آوردن ارزش های اصلاحی دقیق تر برای واریانس باقیمانده است و با وجود تنوع ژنتیکی در واریانس باقی مانده و در صورت داشتن تعداد رکورد بیشتر، به نظر می رسد که امکان برآورد وراثت پذیری

در یک مطالعه بر روی گاوهای هلشتاین سوئدی مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی برای واریانس باقیمانده تولید شیر ۰/۰۴۹ به دست آمد و بیان شد که کاهش یک واحد انحراف معیار ارزش اصلاحی واریانس باقی مانده، واریانس باقیمانده را تا حدود ۲۰ درصد کاهش می دهد. برآوردهای وراثت پذیری برای وزن تولد و شیرگیری به ترتیب ۰/۲۶ و ۰/۲۲ و برای واریانس باقی مانده به ترتیب ۰/۰۵۹ و ۰/۰۳۷ بودند. برآوردهای وراثت پذیری مربوط به واریانس باقی مانده نسبت به وراثت پذیری صفات پایین تر بودند. چنین مقادیری با توجه به محدوده کمتر از ۰/۱ تا ۰/۱۰ که قبلاً برای گونه های دیگر گزارش شده بود (Wolc و همکاران، ۲۰۰۹؛ Vandenplas و همکاران، ۲۰۱۳) در سطح پایین تا متوسط قرار دارد. نتایج مشابهی در خصوص کمتر بودن وراثت پذیری واریانس باقی مانده نسبت به وراثت پذیری صفات وزن بدن در خرگوش (Garreau و همکاران، ۲۰۰۸)، میزان تولید شیر و تعداد سلول های سوماتیک در گاو شیری (Rönnegård و همکاران، ۲۰۱۳؛ Vandenplas و همکاران، ۲۰۱۳) و وزن بدن در میگو (García-Ballesteros و همکاران، ۲۰۲۱) گزارش شده است. به طور کلی، برآوردهای وراثت پذیری برای واریانس باقی مانده وزن تولد و وزن شیرگیری پایین بودند اما بالاتر از برآوردهای وراثت پذیری واریانس باقی مانده گزارش شده برای وزن بدن در ماهی

برای وزن تولد در گوسفندان نروژی (Sae-Lim و همکاران، ۲۰۱۸) و در محدوده گزارش شده برای حیوانات آبی بود (Jung و همکاران، ۲۰۱۹). Zonuz و همکاران (۲۰۱۹) مقدار ضریب تغییرات ژنتیکی را برای وزن بدن در جوجه‌های گوشتی نر و ماده ۰/۸۵ تا ۰/۸۶ گزارش کردند.

علی‌رغم مقادیر پایین‌تر وراثت‌پذیری واریانس باقی‌مانده نسبت به وراثت‌پذیری صفات مورد مطالعه، برآوردهای ضریب تغییرات ژنتیکی نسبتاً بالا برای واریانس باقی‌مانده بیانگر این است که از طریق انتخاب می‌توان نسبت به کاهش تنوع محیطی و افزایش یکنواختی صفات مذکور اقدام نمود (Mulder و همکاران، ۲۰۰۸). نتیجه مطالعات مختلف نشان داد که یکنواختی صفات را می‌توان از طریق انتخاب برای ارزش اصلاحی واریانس باقی‌مانده بهبود بخشید. در مطالعه Mulder و همکاران (۲۰۰۹) میزان یکنواختی صفات وزن بدن در جوجه‌های گوشتی پس از یک نسل انتخاب برای واریانس باقی‌مانده بین ۲۰ تا ۳۰ درصد افزایش یافت. علاوه بر این، در مطالعات Garreau و همکاران (۲۰۰۸) و Argente و همکاران (۲۰۱۷) بر روی صفات وزن بدن و تعداد نوزاد در خرگوش، کاهش قابل توجهی در واریانس باقی‌مانده در نسل‌های اول انتخاب به‌دست‌آمده آمد. در بررسی یکنواختی وزن تولد و وزن از شیرگیری در جمعیت گاو گوشتی نور در برزیل نتیجه گرفته شد که عوامل ژنتیکی و محیطی بر واریانس باقی‌مانده تأثیر دارند و یکنواختی این صفات می‌تواند از طریق انتخاب برای واریانس باقی‌مانده کمتر بهبود یابد (Neves و همکاران، ۲۰۱۱).

همبستگی‌های ژنتیکی بین وزن تولد و شیرگیری و واریانس باقی‌مانده آن‌ها در جدول ۵ ارائه شده است. یکی دیگر از پارامترهای ژنتیکی مهمی که برای انتخاب واریانس باقی‌مانده در نظر گرفته می‌شود،

بالا تر برای واریانس باقی‌مانده وجود داشته باشد (Mulder و همکاران، ۲۰۰۸؛ Raffo و همکاران، ۲۰۲۳). در پژوهش‌های مختلف صورت گرفته بر روی گونه‌های دامی و آبی علت برآوردهای متفاوت وراثت‌پذیری واریانس باقی‌مانده، مدل ژنتیکی مورد استفاده جهت آنالیز داده‌ها، تعداد رکورد و اثر ژنتیکی و محیطی مؤثر بر صفات ذکر شده است (Rønnegård و همکاران، ۲۰۱۳؛ Madsen و همکاران، ۲۰۲۱؛ Sae-Lim و همکاران، ۲۰۱۵).

ضریب تنوع ژنتیکی یکی دیگر از پارامترهای ژنتیکی است که امکان کاهش واریانس باقی‌مانده را از طریق انتخاب فراهم می‌کند. وجود ضریب تغییرات ژنتیکی برای واریانس محیطی دلالت بر این دارد که حیوانات از لحاظ ژنتیکی در پاسخ به عوامل محیطی باهم متفاوت هستند. در تحقیق حاضر، مقدار ضریب تغییرات ژنتیکی برای واریانس باقیمانده وزن تولد و وزن شیرگیری به ترتیب ۰/۵۶ و ۰/۴۸ برآورد شد، که بیانگر این است که کاهش میانگین ارزش‌های ژنتیکی افزایشی برای واریانس باقی‌مانده به میزان یک واحد، یکنواختی صفات مذکور را به ترتیب ۵۶ و ۴۸ درصد افزایش می‌دهد (Mulder و همکاران، ۲۰۰۹). این مقادیر از ضریب تغییرات ژنتیکی با مقادیر گزارش شده در سایر گونه‌های دامی مطابقت دارد (Hill and Mulder، ۲۰۱۰). بر اساس ۳۲ مطالعه انجام شده بر روی صفات مختلف در گونه‌های مختلف دامی و آبی مقادیری از ۰ تا ۰/۸۶ (متوسط = ۰/۳۲) برای ضریب تغییرات ژنتیکی گزارش شده است (Sae-Lim و همکاران، ۲۰۱۶؛ Jung و همکاران، ۲۰۱۹). برآورد ضریب تغییرات ژنتیکی برای صفات مورد مطالعه کمتر از برآوردهای گزارش شده برای وزن تولد در گاو گوشتی (Neves و همکاران، ۲۰۱۱) اما مشابه با مقدار ضریب تغییرات ژنتیکی گزارش شده

ضروری است. سناریوی ایده آل وجود همبستگی ژنتیکی منفی بین صفات وزن بدن و واریانس باقی مانده است زیرا انتخاب برای وزن بالاتر، به دلیل کاهش واریانس باقی مانده یکنواختی بیشتر را تسهیل می کند.

همبستگی ژنتیکی بین میانگین صفات و واریانس باقیمانده است. به منظور ارزیابی سود بالقوه اقتصادی حاصل از در نظر گرفتن یکنواختی در هدف اصلاحی، اطلاع از میزان همبستگی واریانس باقی مانده با سایر صفاتی که در هدف اصلاحی هستند، مانند وزن بدن،

جدول ۵- همبستگی ژنتیکی بین بخش میانگین صفات وزن تولد و شیرگیری و واریانس باقی مانده آنها

Table 5- Genetic correlation between the mean values of birth and weaning weight traits and their residual variance

وزن شیرگیری Weaning weight	وزن تولد Birth weight	صفات Traits
0.02	-0.16	واریانس باقی مانده وزن تولد Birth weight residual
0.11	0.05	واریانس باقی مانده وزن شیرگیری Weaning weight residual

واریانس باقیمانده باشد، مقادیر منفی همبستگی ژنتیکی مطلوب تر هستند. برخلاف نتایج تحقیق حاضر، همبستگی های ژنتیکی مثبت و نامطلوبی بین وزن تولد و واریانس باقی مانده در گاو گوشتی (Neves و همکاران، ۲۰۱۲) گزارش شده است.

مقدار همبستگی ژنتیکی بین صفات وزن شیرگیری و یکنواختی آن نزدیک به صفر (۰/۱۱) و از نوع نامطلوب بود به طوری که انتخاب برای افزایش میانگین وزن شیرگیری سبب افزایش ارزش اصلاحی واریانس باقی مانده و در نتیجه کاهش یکنواختی و برعکس انتخاب در جهت افزایش یکنواختی صفت سبب کاهش میانگین آن می گردد. بنابراین، برای بهبود وزن شیرگیری و کاهش ارزش اصلاحی واریانس باقیمانده باید از شاخص های انتخاب محدود شده استفاده کرد. مطابق با نتایج تحقیق حاضر، همبستگی های ژنتیکی مثبت و نامطلوبی بین وزن تولد و واریانس باقی مانده در گاو گوشتی (Neves و همکاران، ۲۰۱۲) گزارش شده است. به طور کلی، در گونه های مختلف دامی، برآوردهای همبستگی ژنتیکی بین صفات وزن و واریانس باقی مانده از ۰/۶۴- تا ۰/۶۰ و میانگین آنها ۰/۲۳ گزارش است (Jung و

در تحقیق حاضر برآورد همبستگی ژنتیکی بین میانگین صفات مورد بررسی و واریانس باقی مانده آنها منفی و نزدیک به صفر بود. همبستگی ژنتیکی افزایشی بین وزن تولد و واریانس باقی مانده در بره های سنگسری ۰/۱۶- به دست آمده آمد که یک همبستگی ژنتیکی مطلوب است زیرا انتخاب برای افزایش بهینه میانگین وزن تولد سبب کاهش ارزش اصلاحی بخش واریانس باقی مانده و در نتیجه افزایش یکنواختی وزن تولد می شود. لذا می توان از شاخص های انتخاب معمولی برای بهبود هم زمان وزن تولد و یکنواختی استفاده کرد. در مطابقت با نتایج تحقیق حاضر، تعدادی از پژوهشگران مقادیر منفی و مطلوبی از همبستگی ژنتیکی بین صفات وزن و واریانس باقیمانده در سایر گونه های دامی و آبری یافته اند (Jung و همکاران، ۲۰۱۷؛ Agha و همکاران، ۲۰۱۸؛ Zonuz و همکاران، ۲۰۱۹). در تحقیق دیگری که برای صفت وزن تولد در گوسفند صورت گرفت، همبستگی ژنتیکی منفی و مطلوب بین واریانس باقی مانده و وزن تولد گزارش شد که با نتایج این تحقیق مطابقت دارد (Sae-Lim و همکاران، ۲۰۱۸). بنابراین زمانی که هدف افزایش میانگین صفت و کاهش

انتخاب برای واریانس باقی مانده کمتر استفاده شود. وراثت پذیری واریانس باقی مانده این صفات پایین بود که بیانگر این است که امکان بهبود یکنواختی صفات مذکور از طریق انتخاب پایین خواهد بود. ضریب تنوع ژنتیکی برای واریانس باقی مانده وزن تولد و وزن شیرگیری نسبتاً بالا بود که نشان دهنده تنوع ژنتیکی مناسب برای واریانس باقی مانده آن‌ها است. با توجه به همبستگی ژنتیکی منفی و مطلوب بین وزن تولد و واریانس باقی مانده، انتخاب برای افزایش وزن تولد باعث کاهش ارزش اصلاحی واریانس باقی مانده و افزایش یکنواختی گله می شود. روش مدل‌های خطی تعمیم یافته دومرحله‌ای اطلاعات مفید و ارزشمندی را برای دامداران در خصوص مدیریت گله و تولید محصولات دامی یکنواخت از طریق مطالعه تنوع ژنتیکی واریانس باقیمانده ارائه می نماید.

همکاران، ۲۰۱۹). مطالعات اخیر نشان داده‌اند که حیوانات با واریانس باقی مانده کمتر برای وزن تولد، زنده‌مانی بهتری در زمان تولد (Mulder و همکاران، ۲۰۱۶) و گاوهای با واریانس باقی مانده کمتر برای تولید شیر روزانه، پستانی سالم‌تر و طول عمر بیشتری دارند (Elgersma و همکاران، ۲۰۱۸). لذا انتخاب برای کاهش واریانس باقی مانده علاوه بر یکنواختی محصولات دامی، دارای مزایایی از نظر سلامت و زنده‌مانی نیز می باشد. همان‌گونه که ملاحظه شد همبستگی ژنتیکی بین بخش واریانس باقی مانده و میانگین صفات مورد بررسی هم از نوع مطلوب و هم از نوع نامطلوب است.

نتیجه گیری کلی

مطالعه حاضر اطلاعات مهمی در خصوص تنوع ژنتیکی افزایشی برای واریانس باقی مانده وزن تولد و وزن شیرگیری در گله‌های گوسفند سنگسری ارائه می دهد که می تواند برای بهبود یکنواختی از طریق

منابع

- Agha, S., Mekawy, W., Ibanez- Escriche, N., Lind, C.E., Kumar, J., Mandal, A. & Doeschl- Wilson, A. (2018). Breeding for robustness: Investigating the genotype- by- environment interaction and micro- environmental sensitivity of Genetically Improved Farmed Tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Animal Genetics*, 49(5), 421-427.
- Argente, M.J., Calle, E.W., Garcia, M.L. & Blasco, A. (2017). Correlated response in litter size components in rabbits selected for litter size variability. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 134(6), 505-511.
- Bangar, Y.C., Magotra, A. & Yadav A.S. (2020). Estimates of covariance components and genetic parameters for growth, average daily gain and Kleiber ratio in Harnali sheep. *Tropical Animal Health Production*, 52(5), 2291-2296.
- Cottle, D.J., Gilmour, A.R., Pabiou, T., Amer, P.R. & Fahey, A.G. (2016). Genetic selection for increased mean and reduced variance of twinning rate in Belclare ewes. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 133(2), 126-137.
- Elgersma, G. G., de Jong, G., van der Linde, R. & Mulder, H. A. (2018). Fluctuations in milk yield are heritable and can be used as a resilience indicator to breed healthy cows. *Journal of Dairy Science*, 101(2), 1240-1250.
- Felleki, M., Lee, D., Lee, Y., Gilmour, A.R. & Rönnegård, L. (2012). Estimation of breeding values for mean and dispersion, their variance and correlation using double hierarchical generalized linear models. *Genetics Research*, 94(06), 307-317.
- Foxpro, Version 2.6. (1993). Holding, Inc., All right reserved, Patent Pending.
- García- Ballesteros, S., Villanueva, B., Fernández, J., Gutiérrez, J.B. & Cervantes., I. (2021). Genetic parameters for uniformity of harvest weight in Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*). *Genetics Selection Evolution*, 53, 26.

- Garreau, H., Bolet, G., Larzul, C., Robert-Granie, C., Saleil, G., SanCristobal, M. & Bodin, L. (2008). Results of four generations of a canalising selection for rabbit birth weight. *Livestock Science*, 119 (1-3), 55-62.
- Hill, W.G. & Mulder, H.A. (2010). Genetic analysis of environmental variation. *Genetics Research*, 92 (5-6), 381-395.
- Ibanez- Escriche, N., Varona, L., Sorensen, D. & Noguera, J.L. (2008). A study of heterogeneity of environmental variance for slaughter weight in pigs. *Animal*, 2(1), 19-26.
- Iung, L.H.S., Carneiro, R., Neves, H.H.R. & Mulder, H.A. (2019). Genetics and genomics of uniformity and resilience in livestock and aquaculture species: A review. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 137(3), 263-280.
- Iung, L.H.S., Mulder, H.A., Neves, H.H.R. & Carneiro, R. (2018). Genomic regions underlying uniformity of yearling weight in Nellore cattle evaluated under different response variables. *BMC Genomics*, 19, 619.
- Iung, L.H.S., Neves, H.H.R., Mulder, H.A. & Carneiro, R. (2017). Genetic control of residual variance of yearling weight in Nellore beef cattle. *Journal of Animal Science*, 95(4):1425-1433.
- Janhunen, M., Kaune, A., Vehviläinen, H. & Järvisalo, O. (2012). Genetics of microenvironmental sensitivity of body weight in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) selected for improved growth. *PLoS ONE*, 7(6): 1-8.
- Kasiriyani, M.M., Hafezian, S.H. & Hassani, N. (2011). Genetic polymorphism BMP15 and GDF9 genes in Sangsari sheep of Iran. *International Journal of Genetic Molecular Biology*, 3(1): 31-34.
- Kaune, A., Janhunen, M., Vehviläinen, H., Koskinen, H. & Nousiainen, A. (2014). Improving uniformity of growth by mating and selection strategies in rainbow trout. In: Proceedings of 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.
- Latifi, M. & Mohammadi A. (2019). Estimation of genetic parameters of autosomal and sex-linked pre-weaning traits in Makuie sheep using multivariate analysis. *Genetika*, 51(2): 365-375.
- Madsen, M., Van der Werf, J., Börner, V., Mulder, H. & Clark, S. (2021). Estimation of macro- and micro-genetic environmental sensitivity in unbalanced datasets. *Animal*, 15(12): 100411.
- Marjanovic, J., Mulder, H.A., Khaw, H.L. & Bijma, P. (2016). Genetic parameters for uniformity of harvest weight and body size traits in the GIFT strain of Nile tilapia. *Genetics Selection Evolution*, 48(1), 41.
- Mulder, H.A., Bijma, P. & Hill, W.G. (2008). Selection for uniformity in livestock by exploiting genetic heterogeneity of residual variance. *Genetics Selection Evolution*, 40, 37-59.
- Mulder, H.A., Bijma, P. & Hill, W.G. (2007). Prediction of breeding values and selection responses with genetic heterogeneity of environmental variance. *Genetics*, 175(4), 1895-1910.
- Mulder, H.A., Gienapp, P. & Visser, M.E. (2016a). Genetic variation in variability: Phenotypic variability of fledging weight and its evolution in a songbird population. *Evolution*, 70(9): 2004-2016.
- Mulder, H.A., Hill, W.G., Vereijken, A. & Veerkamp, R.F. (2009). Estimation of genetic variation in residual variance in female and male broilers. *Animal*, 3: 1673-1680.
- Mulder, H.A., Rönnegård, L., Fikse, W.F., Veerkamp, R.F. & Strandberg, E. (2013). Estimation of genetic variance for macro- and micro- environmental sensitivity using double hierarchical generalized linear models. *Genetics Selection Evolution*, 45 (1), 23.
- Mulder, H.A., Visscher, J. & Fablet, J. (2016). Estimating the purebred- crossbred genetic correlation for uniformity of eggshell color in laying hens. *Genetics Selection Evolution*, 48(1): 39.

- Neves, H.H.R., Carvalheiro, R. & Queiroz, S.A. (2012). Genetic and environmental heterogeneity of residual variance of weight traits in Nellore beef cattle. *Genetics Selection Evolution*, 44(1): 19.
- Neves, H.H.R., Carvalheiro, R., Roso, V.M. & Queiroz, S.A. (2011). Genetic variability of residual variance of production traits in Nellore beef cattle. *Livestock Science*, 142 (1-3), 164-169.
- Rafo, M.A., Cuyabano, B.C.D., Rincent, R., Sarup, P., Moreau, L., Mary-Huard, T. & Jensen, J. (2023). Genomic prediction for grain yield and micro-environmental sensitivity in winter wheat. *Frontiers in Plant Science*, 13: 1-15.
- Rönnegård, L., Felleki, M., Fikse, F., Mulder, H.A. & Strandberg, E. (2010). Genetic heterogeneity of residual variance - estimation of variance components using double hierarchical generalized linear models. *Genetics Selection Evolution*, 42(1): 8.
- Rönnegård, L., Felleki, M., Fikse, W.F., Mulder, H.A. & Strandberg, E. (2013). Variance component and breeding value estimation for genetic heterogeneity of residual variance in Swedish Holstein dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 96 (4): 2627-2636.
- Sae- Lim, P., Gjerde, B., Nielsen, H.M., Mulder, H. & Kause, A. (2016). A review of genotype- by- environment interaction and micro- environmental sensitivity in aquaculture species. *Reviews in Aquaculture*, 8 (4): 369-393.
- Sae- Lim, P., Jakobsen, J.H. & Mulder, H.A. (2018). Uniformity in birth weight is heritable in Norwegian White Sheep. Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.
- Sae- Lim, P., Kause, A., Janhunnen, M., Vehviläinen, H., Koskinen, H., Gjerde, B. & Mulder, H.A. (2015). Genetic (co) variance of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) body weight and its uniformity across production environments. *Genetics Selection Evolution*, 47 (1): 46.
- Sae- Lim, P., Kause, A., Lillehammer, M. & Mulder, H.A. (2017). Estimation of breeding values for uniformity of growth in Atlantic salmon (*Salmo salar*) using pedigree relationships or single- step genomic evaluation. *Genetics Selection Evolution*, 49(1): 33.
- Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. & Colleau, J.J. (2006). CFC: a tool for monitoring genetic diversity. In Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13-18 August, 27-28: Instituto Prociência.
- SAS. (2008). SAS User's Guide Version. 9.2., SAS Institute, Inc, Cary, NC.
- Sell-Kubiak, E., Bijma, P., Knol, E.F. & Mulder, H.A. (2015). Comparison of methods to study uniformity of traits: Application to birth weight in pigs. *Journal of Animal Science*, 93(3): 900-911.
- Sonesson, A.K., Ødegård, J. & Rönnegård, L. (2013). Genetic heterogeneity of within- family variance of body weight in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Genetics Selection Evolution*, 45(1): 41.
- Vandenplas, J., Bastin, C., Gengler, N. & Mulder, H.A. (2013). Genetic variance in micro- environmental sensitivity for milk and milk quality in Walloon Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, 96(9): 5977-5990.
- Wolc, A., White, I.M.S., Avendano, S. & Hill, W.G. (2009). Genetic variability in residual variation of body weight and conformation scores in broiler chickens. *Poultry Science*, 88: 1156-1161.
- Yoshida, G.M., Yáñez, J.M., de Oliveira, C.A.L., Ribeiro, R.P., Lhorente, J.P., Queiroz, S.A. & Carvalheiro, R. (2018). Mate selection allows changing the genetic variability of the progeny while optimizing genetic response and controlling inbreeding. *Aquaculture*, 495: 409-414.
- Zonuz, A., Alijani, S. & Rafat, S.A. (2019). Genetic heterogeneity of residual variance of hatch weight in Mazandaran native chicken. *British Poultry Science*, 60:366-372.