

برآورد پارامترها و روند ژنتیکی صفات رشد در گوسفند افشاری، با استفاده از شجره کامل و ناقص در گله

تحقیقاتی دانشگاه زنجان

شماره صفحات

۲۰-۰۵

محمد باقر زندی^{۱*}، مراد پاشا اسکندری نسب^۲، کیوان خانی^۳ و علیرضا رستمی^۴

۱، ۲، ۳ و ۴) گروه علوم دامی، دانشگاه زنجان، ایران.

نویسنده مسئول: mbzandi@znu.ac.ir

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۱/۲۱

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۴/۲۴

چکیده

هدف از پژوهش کنونی برآورد پارامترها و روند ژنتیکی صفات رشد با استفاده از شجره پدری که تنها در برگیرنده اطلاعات شجره پدران در گله تحقیقاتی گوسفندان نژاد افشاری دانشگاه زنجان بود. بدین منظور از رکورد ۷۹۹ میش دارای ۳۳۱۵ بره طی سال‌های ۱۳۷۹ تا ۱۳۹۴ استفاده گردید. رکوردهای مورد استفاده شامل ۲۸۸۱، ۲۰۵۸، ۱۱۰۲، ۹۸۰ و ۶۴۷ رکورد به ترتیب برای صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن شش ماهگی، وزن نه ماهگی و وزن دوازده ماهگی بودند. آنالیز اجزاء واریانس ژنتیکی از طریق مدل حیوان، حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) و معیار اطلاعاتی آکائیک (AIC) انجام شد. نتایج نشان داد که مدل ۶ برای وزن تولد که در آن وراثت پذیری مستقیم، مادری و محیطی مادری به ترتیب برابر با ۰/۲۱۳، ۰/۰۶۷ و ۰/۰۹۲ بود، بهترین بود. برای وزن از شیرگیری بهترین مدل ۲ با مقادیر برآورد شده ۰/۱۴ و ۰/۱۳ به ترتیب برای وراثت پذیری مستقیم و محیطی دائمی مادری بود. برای وزن شش و نه ماهگی و یک سالگی مدل ۳ بهترین مدل که در آن وراثت پذیری مستقیم و مادری برآورده شده به ترتیب برابر بود با ۰/۱۶، ۰/۱۰، ۰/۱۸، ۰/۱۲ و ۰/۳۱۱ و ۰/۰۸۲ بود. روند ژنتیکی صفات رشد با شجره کامل، به ترتیب ۱/۹-، ۲۸/۵، ۱۱۲، ۱۹۶/۹ و ۲۹۸ و با شجره ناقص به ترتیب ۱۰/۳-، ۱۳/۸، ۱۴/۹، ۴۰/۹ و ۳۴ کیلوگرم بر سال برآورد شد. روند ژنتیکی صفات رشد با شجره کامل، به ترتیب ۱/۹-، ۲۸/۵، ۱۱۲، ۱۹۶/۹ و ۲۹۸ و شجره ناقص به ترتیب ۱۰/۳-، ۱۳/۸، ۱۴/۹، ۴۰/۹ و ۳۴ کیلوگرم بر سال برآورد شد.

کلمات کلیدی: شجره، گوسفند افشار، صفات رشد، معیار اطلاعاتی آکائیک

مقدمه

برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی اجزای مختلف صفات وابسته به رشد، برای اجرای یک برنامه‌ی انتخاب مناسب ضروری است و تحقیقات نشان داده است که در نژادهای مختلف، صفات رشد به ویژه در سنین پایین، نه تنها تحت تأثیر اثرات ژنتیکی افزایشی است، بلکه ترکیب اثرات ژنتیکی مادری و محیطی فراهم شده توسط مادر نیز بر این صفات مؤثر است (Gholizadeh *et al.*, 2010). در همین راستا، مطالعات نشان داده است که رشد در سنین اولیه نسبت به صفات رشد در سنین بالاتر، بیشتر تحت تأثیر عوامل ژنتیکی افزایشی مادری و نیز عوامل محیطی دائمی مادری واقع می‌شوند. اگر چه با افزایش سن از نقش این اثرات کاسته شده و در سنین بالاتر عمدتاً اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم اهمیت بیشتری دارد (Bradford, 1972; Eskandarinasab *et al.*, 2010; Gholizadeh *et al.*, 2010). از سوی دیگر، برای پیش‌بینی ارزش اصلاحی صفات کمی و اثرات ژنتیکی از روش‌های مختلف استفاده شده است که رایج‌ترین آن‌ها مدل دام می‌باشد. در این مدل با وارد کردن ماتریس روابط خویشاوندی از اطلاعات کلیه خویشاوندان برای پیش‌بینی ناریب ارزش‌های اصلاحی دام‌ها استفاده می‌شود. ناقص بودن اطلاعات شجره و به تبع آن ماتریس روابط خویشاوندی سبب اریب شدن پیش‌بینی‌ها شده و صحت انتخاب، میزان پیشرفت و روند ژنتیکی را کاهش می‌دهد (Vatankhah *et al.*, 2008). در اینجا باید به دو شجره یعنی، اطلاعات نادرست شجره که شامل عدم شناسایی صحیح آمیزش‌ها، جابجا شدن فرزندان و خطای ثبت و اطلاعات گم شده شجره یا همان والدین نامعلوم اشاره نمود که در سال ۲۰۰۵ گزارش شده است (Harder *et al.*, 2005). Van Vleck (1970a) نشان داد که، شناسایی نادرست پدرها در گله می‌تواند برآورد وراثت‌پذیری، ارزیابی پدرها و برآورد پیشرفت ژنتیکی دقیق نسبت به انتخاب را تحت تأثیر قرار دهد. بطوریکه در تحقیق دیگر جهت پیش‌بینی روند ژنتیکی و صحت ارزش‌های اصلاحی در جمعیت‌های شبیه‌سازی شده، شماره پدرها به میزان ده درصد (از صفر تا صد درصد) با دو روش حذف تصادفی و متوالی تجزیه و تحلیل شدند و روند ژنتیکی در هر دو روش، با افزایش حذف پدرها بطور معنی‌داری کاهش یافت و میزان کاهش روند ژنتیکی برآورد شده در شجره فاقد پدر نسبت به شجره کامل و جامعه مبنا بیشتر بود. هم‌چنین، پیشرفت ژنتیکی سالانه نیز در تمام این حالت‌ها با افزایش درصد حذف شجره پدر، به طور قابل ملاحظه‌ای کاهش یافت (Abbasi *et al.*, 2010). Harder *et al.* (2005) نیز با استفاده از شبیه‌سازی تصادفی برای بررسی اثر اطلاعات پدری گمشده¹ (MSI) بر ارزیابی ژنتیکی گاو شیری نشان دادند که مؤلفه‌های واریانس پدری و باقیمانده با افزایش نسبت (MSI) تحت تأثیر قرار نگرفتند، اما دقت پیش‌بینی ارزش اصلاحی و قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده کاهش یافتند و کاهش پاسخ به انتخاب نیز با افزایش میزان اطلاعات پدری گمشده، مشاهده شد. در تحقیق دیگری نشان داده شده که اطلاعات پدری نادرست و گم شده سبب کاهش پیشرفت ژنتیکی می‌شود که این کاهش در وراثت‌پذیری پایین

¹Missing Sire Information

نسبتاً زیاد است (Nilforooshan *et al.*, 2008). Sanders *et al.* (2006) نیز اثر اطلاعات پدری نادرست و اطلاعات گمشده را بر قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی و پیشرفت ژنتیکی بررسی کردند. نتایج حاصل نشان داد، اطلاعات نادرست و گمشده پدری، قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده و پیشرفت ژنتیکی را کاهش می‌دهند. همچنین Movassaghi (2005) تأثیر سطوح شجره‌های ناقص ۵، ۱۰، ۱۵ و ۲۰ درصد را بررسی و نشان دادند که با افزایش سطح خطای شماره پدر، برآورد وراثت‌پذیری کاهش یافت و به ازای هر یک درصد افزایش خطای شماره پدر، برآورد وراثت‌پذیری به میزان ۰/۰۱ درصد کم شد. در منابع علمی مختلف، برآوردهایی که از وراثت‌پذیری صفات رشد در گوسفند گزارش گردیده بسیار متغیر می‌باشد و دلیل این تغییرات زیاد را می‌توان به تفاوت نژادی، نحوه مدیریت گله‌ها، شدت تأثیر عوامل محیطی، روش‌ها و مدل‌های محاسباتی متفاوت نسبت داد (Maniatis and Pollott, 2002). در مورد برآوردها در زمینه صفات رشد به چند تحقیق ذیل اشاره نمود از جمله: Eskandarinasab *et al.* (2010) وراثت‌پذیری مستقیم برای وزن تولد، وزن از شیرگیری و وزن شش ماهگی را به ترتیب 0.23 ± 0.06 ، 0.27 ± 0.07 و 0.11 ± 0.09 برآورد کردند. همچنین، وراثت‌پذیری صفات وزن تولد، وزن از شیرگیری و یک سالگی گوسفند افشاری را با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده در قالب مدل حیوانی به ترتیب 0.34 ± 0.06 ، 0.27 ± 0.05 و 0.14 ± 0.04 برآورد کردند. روند ژنتیکی برای وزن تولد، وزن از شیرگیری و یک سالگی ماهگی به ترتیب 0.13 ± 0.01 ، 0.119 ± 0.01 و 0.087 ± 0.013 و نیز همبستگی ژنتیکی بین وزن تولد با وزن از شیرگیری، وزن تولد با یک سالگی و وزن از شیرگیری با یک سالگی را به ترتیب 0.46 ، 0.23 و 0.42 و همبستگی فنوتیپی بین صفات فوق را به ترتیب 0.19 ، 0.18 و 0.27 برآورد کردند. Karimian Filli (2013) با استفاده از داده‌های جمع‌آوری شده نژاد افشاری گله تحقیقاتی دانشگاه زنجان طی سال‌های ۱۳۹۱ تا ۱۳۷۹ با استفاده از روش REML با آنالیز تک و دو صفتی مدل دام و با استفاده از نرم افزار ASREML، وراثت‌پذیری مستقیم برای اوزان تولد، از شیرگیری، شش، نه ماهگی و یک سالگی را به ترتیب 0.29 ± 0.05 ، 0.15 ± 0.04 ، 0.15 ± 0.06 ، 0.43 ± 0.07 و 0.49 ± 0.09 برآورد کردند. آگاهی از تأثیر مقادیر مختلف نقصان شجره بر این پارامترها اهمیت زیادی دارد و میزان اعتماد به برآوردها و پیش‌بینی‌ها در شجره‌های ناقص را تا حدودی مشخص می‌نماید. با توجه به مشکلات موجود در اجرای برنامه جفت‌گیری کنترل شده و تلقیح مصنوعی، ثبت شماره پدر در گله‌های گوسفند در برخی مواقع مقدور نبوده و شجره‌های موجود معمولاً ناقص می‌باشند. بنابراین، موفقیت برنامه‌های اصلاح نژادی را نیز می‌توان با اندازه‌گیری پیشرفت ژنتیکی صفات مورد مطالعه در طی اجرای برنامه اصلاح نژاد مشخص نمود که یکی از این عوامل مؤثر در میزان پیشرفت ژنتیکی صحت ثبت شجره می‌باشد (Heidari, 2006). از آنجائیکه یکی از اهداف اصلی برنامه‌های به نژادی دام در گونه‌های اهلی بیشینه کردن سرعت بهبود ژنتیکی صفات مختلف با در دسترس بودن شجره کامل دام‌ها می‌باشد. پس، برآورد پارامترهای ژنتیکی و محیطی اجزای مختلف صفات وابسته به صفات رشد با کامل بودن شجره، برای اجرای یک برنامه‌ی انتخاب مناسب ضروری است. از سوی دیگر، ناقص بودن اطلاعات شجره و به تبع آن ماتریس روابط خویشاوندی سبب اریب شدن

پیش‌بینی‌ها شده و دقت انتخاب و میزان پیشرفت ژنتیکی را کاهش می‌دهد. پس با این وجود، نیازمند این هستیم که صفات مختلف رکوردگیری و مشخصات شجره‌ای حیوانات ثبت گردد تا از این اطلاعات برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مختلف در یک جامعه و همچنین پیش‌بینی نااریب ارزش اصلاحی حیوانات استفاده گردد. بنابراین هدف از این مقاله برآورد پارامترها و روند ژنتیکی صفات رشد با استفاده از شجره کامل و ناقص در گله تحقیقاتی دانشگاه زنجان در گوسفندان نژاد افشاری می‌باشد.

مواد و روش‌ها

ساختار اطلاعات و صفات مورد بررسی

در تحقیق حاضر به منظور برآورد پارامترها و روند ژنتیکی صفات رشد با استفاده از شجره کامل و ناقص در گله تحقیقاتی گوسفند نژاد افشاری از رکورد ۳۳۱۵ بره که طی سال‌های ۱۳۷۹ تا ۱۳۹۴ توسط ایستگاه اصلاح نژاد دام گوسفند افشاری واقع در دانشگاه زنجان جمع‌آوری شده بود استفاده گردید. رکوردهای مورد استفاده شامل ۲۸۸۱، ۲۰۵۸، ۱۱۰۲، ۹۸۰ و ۶۴۷ به ترتیب برای صفات وزن تولد، وزن شیرگیری، وزن شش ماهگی، وزن نه ماهگی و وزن یک سالگی ماهگی بود. در ضمن تعدادی از میش‌ها در طی سال‌های مختلف حذف شده‌اند (طبق جدول ۱). از سوی دیگر، باید این را یادآور شد که، بعد از سال ۸۵ با وارد کردن ژن چند قلوژی به گله شاهد افزایش ناخالصی در نژاد افشاری طی سال‌های بعدی بودیم.

ویرایش شجره

فایل شجره پس از مرتب کردن داده‌ها در Excel 2010، ویرایش آن‌ها با استفاده از نرم افزار CFC 1.0 انجام شد (Sargolzaei et al., 2006). جهت تشکیل فایل شجره با استفاده از این نرم افزار پس از رفع خطاهای موجود شامل: شماره‌های تکراری حیوانات و شماره‌هایی که هم به عنوان شماره پدر و هم به عنوان شماره مادر ثبت شده، دام‌ها مجدداً کد گذاری می‌شوند و فایل شجره با ستون‌های کد گذاری شده تشکیل شد. لذا شجره کامل شامل اطلاعات پدران و مادران و تمام نتاج ثبت شده موجود در گله طبق جدول شماره یک می‌باشد و شجره ناقص، شجره حاوی تنها اطلاعات پدران می‌باشد.

آماده سازی فایل داده نهایی برای تجزیه و تحلیل با نرم افزار

از رویه GLM نرم افزار SAS 9.4 (SAS Institute, Inc., Cary, NC, USA) (Version 9.4) به منظور آزمون معنی‌داری اثرات ثابتی که باید در مدل نهایی مربوط به هر صفت برازش شوند، استفاده گردید ابتدا تمامی اثرات ثابت شامل: اثر جنس در دو سطح (نر و ماده)، اثر سال تولد در ۱۶ سطح (۹۴-۷۹)، اثر سن مادر در پنج سطح (۵، ۴، ۳، ۲ و بیشتر از ۶ سال)، اثر تیپ تولد در چهار سطح (۴، ۳، ۲، ۱) و اثر گروه ژنتیکی در هشت سطح (۸-۰) در مدل قرار داده شده و آنالیز انجام شد. سپس اثراتی که در سطح ($P > 0.05$) معنی‌دار نبودند (ماه تولد و گروه ژنتیکی) حذف شد و سایر اثرات به عنوان عوامل ثابت در فایل داده وارد شدند. همچنین برای مقایسه میانگین حداقل مربعات صفات رشد از آزمون دانکن استفاده شد (Duncan., 1955). علاوه براین، برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات رشد با دو روش گروه والدین فرضی (والدین فرضی بر اساس سال

تولد و نوع جنسیت تشکیل شدند) و روش نقص کامل شجره پدرها جهت بررسی اثر نقص شجره بر برآورد پارامترهای ژنتیکی انجام شد. هم‌چنین، با استفاده از روش والدین فرضی با کامل شدن ماتریس روابط خویشاوندی، وراثت‌پذیری برآورد شده نسبت به شجره پایه بیشتر است و با استفاده از شجره کامل پدرها روند ژنتیکی نیز در همه صفات رشد نسبت به شجره پایه و شجره ناقص، بیشتر و روندی صعودی دارد. روند ژنتیکی صفات رشد با استفاده از شجره کامل در سال برآورد گردید و تابعیت میانگین ارزش‌های اصلاح نسبت به سال تولد را مبنای برآورد روند ژنتیکی در نظر گرفته شد (شجره پایه (BV1) و شجره ناقص (BV2)). برآورد مؤلفه‌ها و پارامترهای ژنتیکی با تجزیه و تحلیل تک متغیره با روش گروه والدین فرضی و Sire یکبار با والدین فرضی و یکبار بدون والدین فرضی انجام شد.

جدول ۱- ساختار داده‌ها و اطلاعات شجره ای کامل گله گوسفند افشاری
Table 1- Data and complete pedigree structure of Afshari sheep herd

تعداد Number	اطلاعات Information	تعداد Number	اطلاعات Information
2879	حيوانات غير از نسل پایه Non-Founders	3199	کل حیوانات Total Animals
75	پدران غير از نسل پایه Non-Founders Sire	363	حيوانات هم خون Inbreeding Animals
520	مادران غير از نسل پایه Non-Founders Dame	115	کل پدرها Total Sires
445	کل اجداد All ancestors	799	کل مادرها Total Dams
68	پدر بزرگ ها Grand Sires	914	حيوانات دارای نتاج Animals with offspring
377	مادر بزرگ ها Grand Dams	2285	حيوانات بدون نتاج Animals without offspring
250	اجداد والدین Parent ancestors	320	حيوانات نسل پایه Founders
46	اجداد پدرها Sire ancestors	40	پدران نسل پایه Sire Founders
204	اجداد مادرها Dam ancestors	279	مادران نسل پایه Dame Founders

مدل آماری

به منظور یافتن مناسب‌ترین مدل جهت برآورد اجزاء واریانس ژنتیکی صفات رشد از طریق شش مدل حیوانی با استفاده از حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) انجام شد.

مدل‌های آزمون شده به صورت زیر است:

$$y = Xb + Za + e \quad (1)$$

$$y = Xb + Z1a + Z2c + e \quad (2)$$

$$y = Xb + Z1a + Z2m + e \quad \text{Cov}(a,m)=0 \quad (3)$$

$$y = Xb + Z1a + Z2m + e \quad \text{Cov}(a,m)=A\sigma_{am} \quad (4)$$

$$y = Xb + Z1a + Z2m + Z3c + e \quad \text{Cov}(a,m)=0 \quad (5)$$

$$y = Xb + Z1a + Z2m + Z3c + e \quad \text{Cov}(a,m)=A\sigma_{am} \quad (6)$$

y = بردار رکوردها برای صفات مورد مطالعه

b = بردار اثرات ثابت (جنس حیوان، سال تولد، ماه تولد، سن مادر و تیپ تولد)

a = بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم

m = بردار اثرات ژنتیکی افزایشی مادری

c = بردار اثرات محیطی دائمی مادری

e = بردار اثرات باقیمانده

X = ماتریس طرح که اثرات ثابت را به رکوردها ربط می‌دهد

$Z1$ = ماتریس طرح که اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم را به رکوردها ربط می‌دهد

$Z2$ = ماتریس طرح که اثرات ژنتیکی افزایشی مادری را به رکوردها ربط می‌دهد

$Z3$ = ماتریس طرح که اثرات محیطی دائمی مادری را به رکوردها ربط می‌دهد

A = ماتریس روابط خویشاوندی

$\text{Cov}(a, m)$ = کواریانس اثرات ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری

از شاخص معیار اطلاعاتی آکائیک (AIC)^۲ برای مدل‌های فوق با استفاده از رابطه ۱ محاسبه گردید (Akaike, 2011).

رابطه ۱: $\text{AIC} = -2 \log L + 2P$

در این رابطه $\log L$ و P به ترتیب میزان لگاریتم تابع درست‌نمایی هر مدل و تعداد پارامترهای موجود در هر مدل می‌باشد. پارامترهای مورد نظر برای تجزیه و تحلیل نیز با معیار همگرایی 10^{-8} برآورد شدند. همچنین، پارامترهای ژنتیکی و ارزش‌های اصلاحی، جهت محاسبه روند ژنتیکی هر صفت، با روش معادلات مختلط و بر اساس مدل دام تک صفتی بوسیله نرم افزار ASReml برآورد شدند (Gilmour *et al.*, 2015). پس از تجزیه و تحلیل داده‌ها و پیش‌بینی ارزش اصلاحی حیوانات، روند ژنتیکی صفات مورد نظر با استفاده از تابعیت میانگین ارزش‌های اصلاحی بر سال تولد برآورد شد. همچنین برای برآورد روند فنوتیپی از تابعیت میانگین عملکرد صفات مختلف بر سال تولد استفاده شد. جهت تعیین روند ژنتیکی در هر سال از تابعیت ارزش اصلاحی بر سال استفاده گردید.

نتایج و بحث

آمار توصیفی صفات مورد بررسی

خصوصیات مربوط به وزن‌های تولد، وزن شیرگیری، شش ماهگی، نه ماهگی و یک سالگی ماهگی گوسفند نژاد افشاری در

جدول ۲ نشان داده شده است.

جدول ۲- میانگین، انحراف معیار و ضریب تغییرات محاسبه شده صفات وزن بدن در گوسفند افشاری

Table 2- Mean, standard deviation and calculated coefficient of variation of body weight traits in Afshari sheep

ضریب تغییرات (درصد) Coefficient of variation (CV%)	دامنه Range	انحراف معیار Standard deviation	میانگین (کیلوگرم) Mean(kg)	تعداد رکورد Number of records	صفت Trait
15.35	3-7.03	0.74	4.818	2881	وزن تولد Birth weight
24.02	7-51.99	7.26	30.216	2058	وزن از شیرگیری Weaning weight
17.47	16.5-48.7	5.51	31.539	1102	وزن شش ماهگی Six-month weight
16.67	23-56.7	6.29	37.22	980	وزن نه ماهگی Nine-month weight
14.84	30-66.5	6.78	45.708	647	وزن یک سالگی One-year weight

Birth weight (BW), Weaning weight (WW), (WW), six-month weight (W6), nine-month weight (W9), and one-year weight (W12)

ضریب تغییرات مشاهده شده در داده‌های مطالعه حاضر برای صفات وزن بدن، دامنه‌ای بین ۱۴/۸۴ تا ۲۴/۰۲ می‌باشد که نشان می‌دهد، وزن شیرگیری در مقایسه با صفات دیگر دارای تنوع بیشتری است که تأثیر عوامل محیطی، وضعیت فیزیولوژیکی حیوان و تغذیه‌ای و حتی شیر مادر بر این صفت را نشان می‌دهد. کمترین ضریب تنوع مربوط به وزن ۱۲ ماهگی می‌باشد که احتمالاً به خاطر تأثیرپذیری کم این صفت از محیط خارج باشد. به طور معمول بره‌های نر در همه وزن‌ها سنگین‌تر از ماده‌ها هستند. دلیل معنی‌دار بودن این صفات در دو جنس را می‌توان در بالاتر بودن وزن تولد نرها و میزان رشد روزانه بیشتر در نرها در اثر عوامل فیزیولوژیکی دو جنس مانند ترشح هورمون‌های مسئول رشد حیوانات دانست (Ziadi *et al.*, 2024). مدل‌های بررسی شده برای صفات مورد بررسی با استفاده از معیار اطلاع آکائیک (AIC) با یکدیگر مقایسه شدند. براساس این معیار مدلی که کمترین مقدار را در میان شش مدل داشت به عنوان مناسب‌ترین مدل انتخاب شد. در ضمن، این معیار تعادلی میان صحت مدل و پیچیدگی آن را برقرار می‌کند. بطوریکه، میزان اطلاعاتی که توسط مدل از دست می‌رود را اندازه‌گیری می‌کند. به این ترتیب معیار اطلاع آکائیک یک تعادل بین تعداد پارامترهای مدل (پیچیدگی مدل) و میزان برازش مدل روی داده‌ها ارائه می‌کند (Liu *et al.*, 2023). براساس نتایج بدست آمده از معیار آکائیک در جدول شماره ۳ مدل ۶ برای وزن تولد، مدل ۲ برای وزن از شیرگیری و مدل ۳ برای وزن شش، نه ماهگی و یک سالگی به ترتیب بهترین مدل‌ها بودند.

جدول ۳- انتخاب بهترین مدل با استفاده از معیار اطلاع آکائیک (Akaike)

Table 3- Choosing the best model using the lowest Akaike Information Criterion (Akaike)

مدل Model	وزن تولد birth weight	وزن از شیرگیری weaning weight	وزن شش ماهگی six-month weight	وزن نه ماهگی nine-month weight	وزن یک سالگی one-year
1	-365.366*	10891.44	3966.24	3889.18	2622.06
2	-443.458	10843*	3964.48	3889.14	2623.32
3	-445.368	10862.24	3962.08*	3882.16*	2621.34*
4	-443.696	10864.2	3963.10	3883.76	2624.60
5	-402.499	10844.66	3964.08	3884.16	2623.34
6	-468.974	10846.64	3965.10	3885.76	2623.60

birth weight (BW), weaning weight (WW), six-month weight (W6), nine-month weight (W9), and one-year weight

جدول شماره ۴ نتایج برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات رشد با استفاده از تجزیه و تحلیل تک متغیره مرتبط با هر یک از صفات رشد را نشان می‌دهد.

جدول ۴- برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات رشد با استفاده از تجزیه و تحلیل تک متغیره

Table 4- Estimation of variance components and genetic parameters of growth traits using univariate analysis

صفات Trait					پارامترها Parameters
وزن یک سالگی one-year weight	وزن نه ماهگی nine-month weight	وزن شش ماهگی six-month weight	وزن از شیرگیری weaning weight	وزن تولد birth weight	
3	3	3	2	6	model
7.11	3.84	2.21	3.39	0.074	σ_a^2
-	-	-	3.32	0.032	σ_{pe}^2
1.89	2.59	1.41	-	0.023	σ_m^2
-	-	-	-	0.016	σ_{am}
13.89	14.45	10.44	17.82	0.20	σ_e^2
22.89	20.89	14.06	24.53	0.35	σ_p^2
0.31±0.10	0.18±0.08	0.16±0.08	0.14±0.04	0.21±0.05	$h^2 \pm SE$
-	-	-	0.14±0.02	0.09±0.03	$c^2 \pm SE$
0.08±0.05	0.12±0.04	0.10±0.04	-	0.07±0.04	$m^2 \pm SE$
-	-	-	-	0.39±0.33	r_{am}

واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم (σ_a^2)، واریانس محیطی دائمی مادری (σ_{pe}^2)، واریانس ژنتیکی افزایشی مادری (σ_m^2)، کوواریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری (σ_{am})، واریانس باقیمانده (σ_e^2)، واریانس فنوتیپی (σ_p^2)، وراثت‌پذیری مستقیم (h^2) نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی (C^2)، وراثت‌پذیری مادری (m^2) و همبستگی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری (r_{am}) هر یک از صفات رشد در جدول ۴ نشان داده شده است.

بر اساس نتایج حاصل از مدل شماره ۲، مقدار وراثت‌پذیری مستقیم و مادری به ترتیب برابر با ۰/۲۱۳ و ۰/۰۶۷ می‌باشند که، با نتایج Karimian Filli (2013) در گوسفند افشاری (۰/۲۹ و ۰/۰۹)، *et al* Snyman (1997) در نژاد آفرینو (۰/۲۲) و ۰/۰۹ مطابقت دارد. برای وزن از شیرگیری، مدل ۲ به عنوان بهترین مدل برای برآورد وراثت‌پذیری مستقیم و محیطی دائمی مادری بود که، مقدار برآورده شده به ترتیب برابر با ۰/۱۴ و ۰/۱۳ بود. در ضمن، با افزودن اثر محیطی دائمی مادری میزان لگاریتم درست‌نمایی از ۱۸۳/۲۰۵ در وزن تولد، به ۵۴۱۸/۵۰ در وزن از شیرگیری، روند افزایشی را داشت. وراثت‌پذیری مستقیم و نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی به دست آمده در این تحقیق با نتایج Khojastehkey *et al* (2016) بر روی نژاد زندی (۰/۱۸ و ۰/۱۶) و نژاد ایران- بلک (۰/۱۴ و ۰/۱۳) مطابقت داشت (Rashidi, 2013). در ارتباط با وزن شش ماهگی، مدل ۳ که بهترین مدل را داشت، که مقدار وراثت‌پذیری به دست آمده با نتایج Eskandarinasab *et al* (2010) در نژاد افشاری و نتایج Mohammadi *et al* (2013) در گوسفند شال مطابقت داشت. اما نسبت به نتایج (Mohammadi, H and Sadeghi) (2010) در نژاد زل و نتایج Baneh *et al* (2013) در نژاد قزل کمتر بود. بهترین مدل برای وزن نه ماهگی، مدل ۳ بود که، وراثت‌پذیری مستقیم و مادری برآورد شده در آن به ترتیب ۰/۱۸ و ۰/۱۲ بود. که با نتایج Behzadi *et al* (2005) در گوسفند کرمانی (۰/۱۳ و ۰/۱۸) Mohammadi *et al* (2013) در گوسفند شال (۰/۱۸) مطابقت داشت. اما، نسبت به نتایج Shahdadi and Saghi (2016) در نژاد کردی (۰/۲۲) پایین‌تر بود. از سوی دیگر مقدار وراثت‌پذیری بدست آمده نزدیک به نتایج Alemayehu *et al* (2020) و Wang *et al* (2024) بود. وراثت‌پذیری مستقیم و مادری به ترتیب

۰/۳۱ و ۰/۰۸ برای وزن یک سالگی با انتخاب مدل ۳ برآورد شد که این مقادیر نسبت به صفات شش و نه ماهگی بیشتر بود. بنابراین انتظار می‌رود پیشرفت ژنتیکی بیشتری در اثر انتخاب مستقیم برای صفت وزن یک سالگی ایجاد شود هر چند که، در سن یک سالگی تنها اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم خود حیوان تأثیرگذار است. حال مقایسه تحقیق حاضر با نتایج دیگر محققین در مطالعات مختلف نشان می‌دهد که، با افزایش سن، به مرور وراثت‌پذیری مستقیم روندی صعودی پیدا می‌کند و این به دلیل افزایش بروز تأثیر ژن‌هایی با منشاء ژنتیکی افزایشی مستقیم بر رشد دام و کاهش اثرات مادری می‌باشد (Mohammadi *et al.*, 2010). از سوی دیگر، وجود وراثت‌پذیری ژنتیکی افزایشی مادری در تحقیق حاضر احتمالاً باعث کاهش اندک مقدار وراثت‌پذیری مستقیم می‌گردد. اما، باعث برآورد دقیق‌تری از وراثت‌پذیری مستقیم در سنین بالا می‌شود. استفاده از شجره ناقص پدرها، گاهی منجر به برآورد و گاهی نیز زیر برآورد وراثت‌پذیری جامعه می‌شود (مطابق با نتایج جداول (۵،۶ و ۷). در حالت استفاده از شجره ناقص پدرها، واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم، افزایش و واریانس باقیمانده کاهش می‌یابد و در تحقیق حاضر با استفاده از شجره ناقص واریانس ژنتیکی افزایشی، افزایش و واریانس خطا نسبت به شجره پایه و کامل کاهش یافت. مقدار وراثت‌پذیری مستقیم نیز بیش از مقدار حقیقی برآورد شد که با نتایج Sanders *et al.* (2006) و Nilforooshan *et al.* (2008) مطابقت دارد اما با نتیجه تحقیق Movassaghi (2005) مطابقت ندارد. همچنین، با استفاده از روش والدین فرضی با کامل شدن ماتریس روابط خویشاوندی، وراثت‌پذیری برآورد شده نسبت به شجره پایه بیشتر است و با استفاده از شجره کامل پدرها روند ژنتیکی نیز در همه صفات رشد نسبت به شجره پایه و شجره ناقص، بیشتر و روندی صعودی دارد. روند ژنتیکی صفات رشد با استفاده از شجره کامل، به ترتیب $1/9 -$ ، $28/5$ ، 112 ، $196/9$ و 298 گرم در سال برآورد گردید. همچنین، روند ژنتیکی برای صفات رشد با استفاده از روش شجره ناقص به ترتیب $10/3 -$ ، $13/8$ ، $14/9$ ، $40/9$ و 34 گرم بر سال برآورد شد. Shiri *et al.* (2015) با استفاده از اطلاعات مربوط به بره‌های قره‌گل، روند ژنتیکی وزن تولد و وزن از شیرگیری را به ترتیب $0/125$ و $0/125$ کیلوگرم در سال برآورد کردند. همچنین، Eskandarinasab *et al.* (2010) با استفاده از اطلاعات مربوط به گوسفند افشاری دانشگاه زنجان، روند ژنتیکی برای اوزان تولد، سه ماهگی، وزن از شیرگیری، نه ماهگی و یک سالگی را به ترتیب $0/119$ ، $0/087$ ، $0/127$ و $0/119$ کیلوگرم در سال برآورد کردند. روند ژنتیکی برای وزن تولد، وزن از شیرگیری، وزن شش و نه ماهگی و یک سالگی مشاهده شده از سال ۷۹ تا ۸۵ روندی مثبت و صعودی را داشت. دلیل این روند مثبت را می‌توان انتخاب حیوانات برتر بر اساس ارزش اصلاحی و نیز مشخص بودن اهداف و معیار طرح اجرا شده در گله مورد بررسی عنوان کرد. علاوه بر این، روند پیشرفت ژنتیکی نشان می‌دهد که در طول سال‌های قبل، معیار انتخاب بیشتر بر روی صفات رشد مربوط به سنین بالا بوده و بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی برای وزن یک سالگی و نه ماهگی مشاهده شد. از آنجایی که پارامترهای ژنتیکی و ارزش‌های اصلاحی بر اساس مدل دام تک صفتی برآورد شدند تا حدودی ممکن است این بهیود ناشی از پاسخ همبسته به انتخاب باشد.

جدول ۵- برآورد مؤلفه‌ها و پارامترهای ژنتیکی با تجزیه و تحلیل تک متغیره با روش گروه والدین فرضی

Table 5- Estimation of genetic components and parameters by univariate analysis with Phantom parent group method

صفات Trait					پارامترها Parameters
وزن یک سالگی one-year weight	وزن نه ماهگی nine-month weight	وزن شش ماهگی six-month weight	وزن از شیر گیری weaning weight	وزن تولد birth weight	
3	3	3	2	6	Model
9.77	5.77	2.87	4.49	0.103	σ^2_a
-	-	-	3.29	0.382	σ^2_{pe}
3.33	4.13	2.43	-	0.033	σ^2_m
-	-	-	-	0.017	σ_{am}
12.92	13.76	10.23	17.56	0.193	σ^2_c
26.02	23.66	15.54	25.35	0.382	σ^2_p
0.38±0.12	0.24±0.09	0.19±0.08	0.18±0.05	0.27±0.05	$h^2 \pm SE$
-	-	-	0.13±0.01	0.095±0.05	$c^2 \pm SE$
0.13±0.07	0.17±0.02	0.16±0.02	-	0.087±0.05	$m^2 \pm SE$
-	-	-	-	0.29±0.32	r_{am}

واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم (σ^2_a)، واریانس محیطی دائمی مادری (σ^2_{pe})، واریانس ژنتیکی افزایشی مادری (σ^2_m)، کوواریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری (σ_{am})، واریانس باقیمانده (σ^2_c)، واریانس فنوتیپی (σ^2_p)، وراثت‌پذیری مستقیم (h^2)، نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی (C^2)، وراثت‌پذیری مادری (m^2) و همبستگی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری (r_{am})

جدول ۶- برآورد مؤلفه‌ها و پارامترهای ژنتیکی با تجزیه و تحلیل تک متغیره در روش Sire=0

Table 6- Estimation of genetic components and parameters by univariate analysis in the Sire=0 method

صفات Trait					پارامترها Parameters
وزن یک سالگی one-year weight	وزن نه ماهگی nine-month weight	وزن شش ماهگی six-month weight	وزن از شیر گیری weaning weight	وزن تولد birth weight	
3	3	3	2	6	Model
11.83	9.25	4.92	6.54	0.313	σ^2_a
-	-	-	2.64	0.014	σ^2_{pe}
0.353	1.054	1.045	-	0.113	σ^2_m
-	-	-	-	0.115	σ_{am}
10.11	10.21	8.10	15.26	0.022	σ^2_c
22.29	20.51	14.06	24.40	0.346	σ^2_p
0.53±0.18	0.45±0.14	0.35±0.13	0.27±0.06	0.9±0.02	$h^2 \pm SE$
-	-	-	0.11±0.02	0.039±0.02	$c^2 \pm SE$
0.016±0.07	0.051±0.05	0.074±0.05	-	0.33±0.06	$m^2 \pm SE$
-	-	-	-	0.61±0.00	r_{am}

واریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم (σ^2_a)، واریانس محیطی دائمی مادری (σ^2_{pe})، واریانس ژنتیکی افزایشی مادری (σ^2_m)، کوواریانس ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری (σ_{am})، واریانس باقیمانده (σ^2_c)، واریانس فنوتیپی (σ^2_p)، وراثت‌پذیری مستقیم (h^2)، نسبت واریانس محیطی دائمی مادری به واریانس فنوتیپی (C^2)، وراثت‌پذیری مادری (m^2) و همبستگی اثر ژنتیکی افزایشی مستقیم و مادری (r_{am})

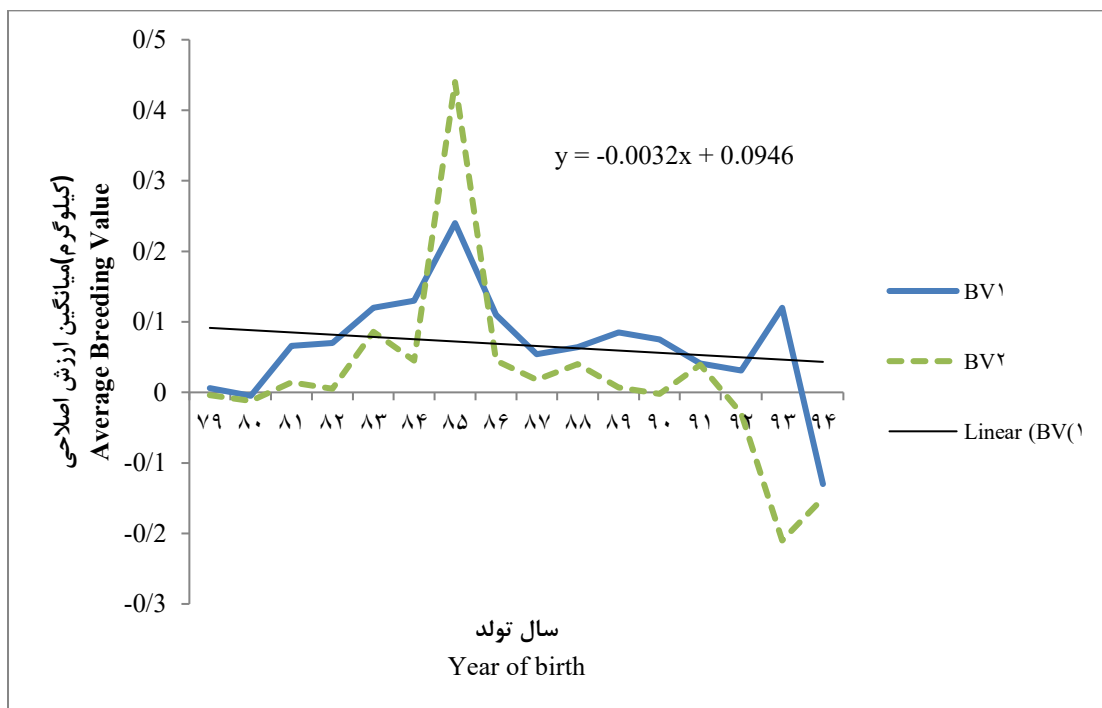
همچنین با توجه به این که میزان وراثت‌پذیری برآورد شده در این تحقیق برای صفات وزن تولد و وزن از شیرگیری نسبت به صفات نه ماهگی و یک سالگی کمتر است، پس پاسخ انتخاب در صفات وزن در سنین بالا بیشتر از صفات وزن در سنین پایین می‌باشد. بعد از سال ۱۳۸۵ با وارد کردن ژن چند قلو زایی به گله و افزایش ناخالصی در نژاد افشاری طی سال‌های بعدی باعث ایجاد روند تناوبی صعودی و نزولی در روند ژنتیکی در صفات رشد گردید. این روند به وضوح در روند ژنتیکی مربوط به وزن تولد مشاهده گردید که بعد از سال ۱۳۸۵ با افزایش تعداد دوقلو زایی در گله روند ژنتیکی کاهش یافت (شکل ۱). از سوی دیگر، روند فنوتیپی اوزان تولد، از شیرگیری، شش، نه ماهگی و یک سالگی با تجزیه و تحلیل تک متغیره به ترتیب ۰/۰۹۴، ۰/۰۸۱، ۳/۱۱ و ۱/۴۵- کیلوگرم در سال برآورد گردید. این نتایج برآورد شده با نتایج روند فنوتیپی Yeganehpour *et al* (2015) در گوسفندان نژاد لری که برای اوزان تولد، سه، شش و نه ماهگی را به ترتیب ۰/۰۰۸، ۰/۰۰۱، ۰/۰۵۵ و ۰/۰۷۶ کیلوگرم در سال

برآورد کرده بودند تفاوت داشت. علاوه براین، Zamani and Mirzaei (2015) روند فنوتیپی در گوسفندان نژاد مهربان را برای وزن تولد، از شیرگیری، شش و نه ماهگی و یک سالگی را به ترتیب $-۴۶/۳۱$ ، $۱۴۹/۶۴$ ، $۴۷۵/۱۶$ ، $۷۱۶/۷۵$ و $۱۰۵۰/۶$ گرم در سال گزارش کردند. روند فنوتیپی نشان می‌دهند که، میانگین فنوتیپی در اوزان تولد، سه، شش و نه ماهگی در سال‌های مختلف دارای نوسانات قابل ملاحظه‌ای بوده و میانگین روند فنوتیپی بخصوص در وزن نه ماهگی مثبت و صعودی است. اما، میانگین روند فنوتیپی برای وزن یک سالگی منفی است و منفی شدن روند فنوتیپی برای صفات رشد ممکن است به دلایل ضعف مدیریتی، نوسانات شرایط محیطی، تغییر در شرایط آب و هوایی نامناسب باشد و در نتیجه فنوتیپ حیوان تحت تأثیر شرایط محیط قرار گرفته موجب عدم ظهور پتانسیل ژنتیکی حیوانات می‌گردد. پس با این وجود، پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی در این شرایط با مشکل روبرو می‌شود که نهایتاً موجب برآورد کمتر از حد واقعی پیشرفت ژنتیکی به ازای هر نسل می‌گردد. بنابراین ضروری است شرایط بهینه و مناسب به منظور بروز هر چه بیشتر پتانسیل ژنتیکی گله فراهم شود تا بدین صورت روند فنوتیپی با روند ژنتیکی همسو گردد (Hanford et al., 2005).

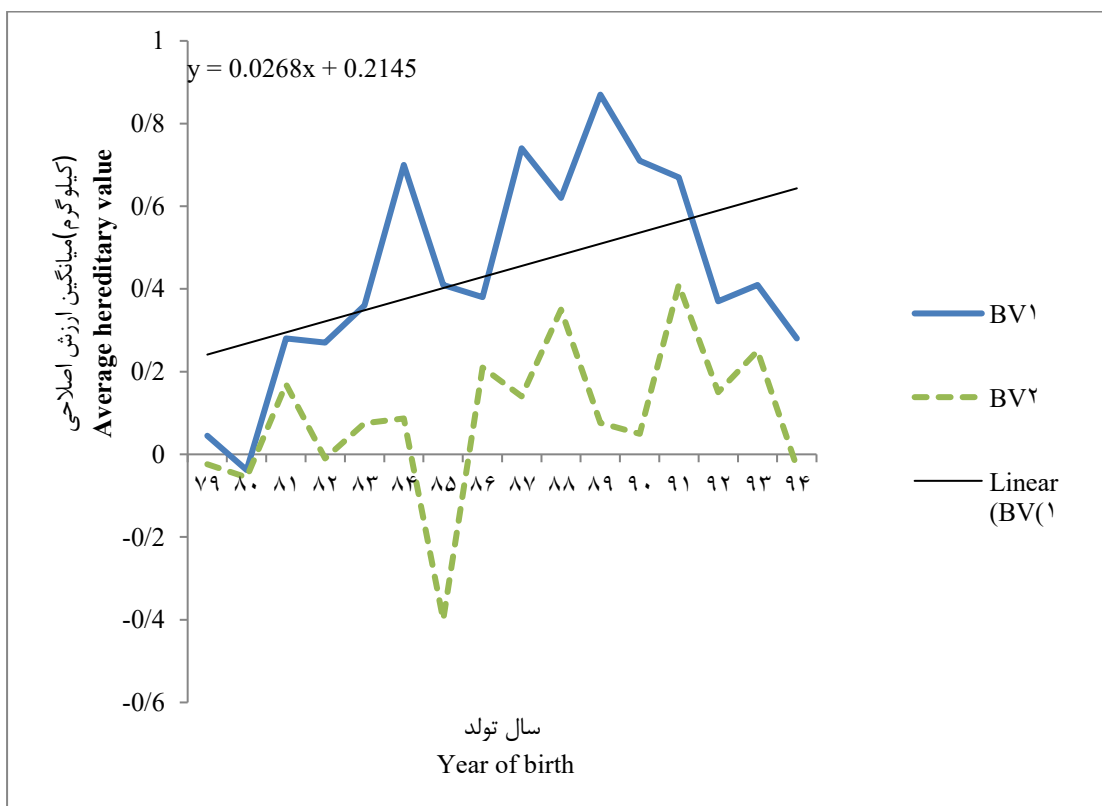
جدول ۷- میانگین ارزش اصلاحی سالانه صفات رشد با استفاده از روش شجره کامل و ناقص پدرها

Table 7- Average annual breeding value of growth traits using complete and incomplete pedigree method of sires

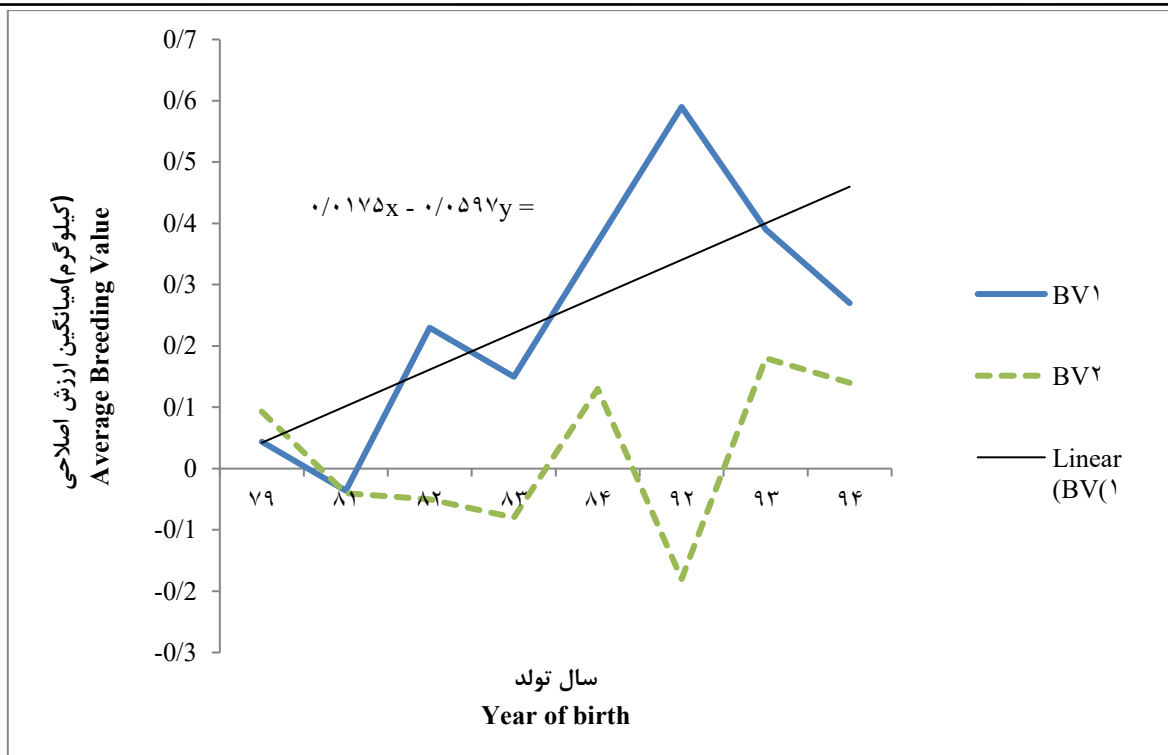
سال Year	شجره ناقص sire=0					شجره کامل phantom				
	وزن تولد birth weight	وزن از شیر weaning weight	وزن شش six-month weight	وزن نه ماهگی nine-month weight	وزن یک سالگی one-year weight	وزن تولد birth weight	وزن از شیر weaning weight	وزن شش ماهگی six-month weight	وزن نه ماهگی nine-month weight	وزن یک سالگی one-year weight
1379	-0.01	-0.02	0.09	0.09	0.14	-0.01	-0.19	-0.21	-0.48	-0.16
1380	-0.02	-0.06	-	-0.08	0.14	-0.03	-0.46	-	-0.61	0.09
1381	0.02	0.17	-0.04	0.17	-0.07	0.05	0.23	-0.32	-0.13	0.32
1382	0.01	-0.01	-0.05	-0.11	0.12	0.06	0.41	-0.15	0.08	0.85
1383	0.09	0.08	-0.08	0.04	0.32	0.12	0.56	0.18	0.31	0.95
1384	0.05	0.09	0.13	0.38	-	0.12	0.59	0.31	0.85	-
1385	0.44	-0.4	-	-	-	0.17	0.85	-	-	-
1386	0.05	0.21	-	-	-	0.11	0.57	-	-	-
1387	0.02	0.14	-	-	-	0.05	0.13	-	-	-
1388	0.04	0.35	-	-	-	0.06	0.43	-	-	-
1389	0.01	0.08	-	-	-	0.07	0.53	-	-	-
1390	-0.01	0.05	-	-	-	0.08	0.99	-	-	-
1391	0.04	0.41	-	-	-	0.06	0.99	-	-	-
1392	-0.03	0.15	-0.18	-	-	0.01	0.18	0.39	-	-
1393	-0.21	0.25	0.18	0.45	-	0.12	0.21	0.15	0.26	-
1394	-0.15	-0.03	0.14	0.12	-	-0.13	0.02	0.55	0.81	-



شکل ۱- روند ژنتیکی صفت وزن تولد
Figure 1- Genetic trend of birth weight trait

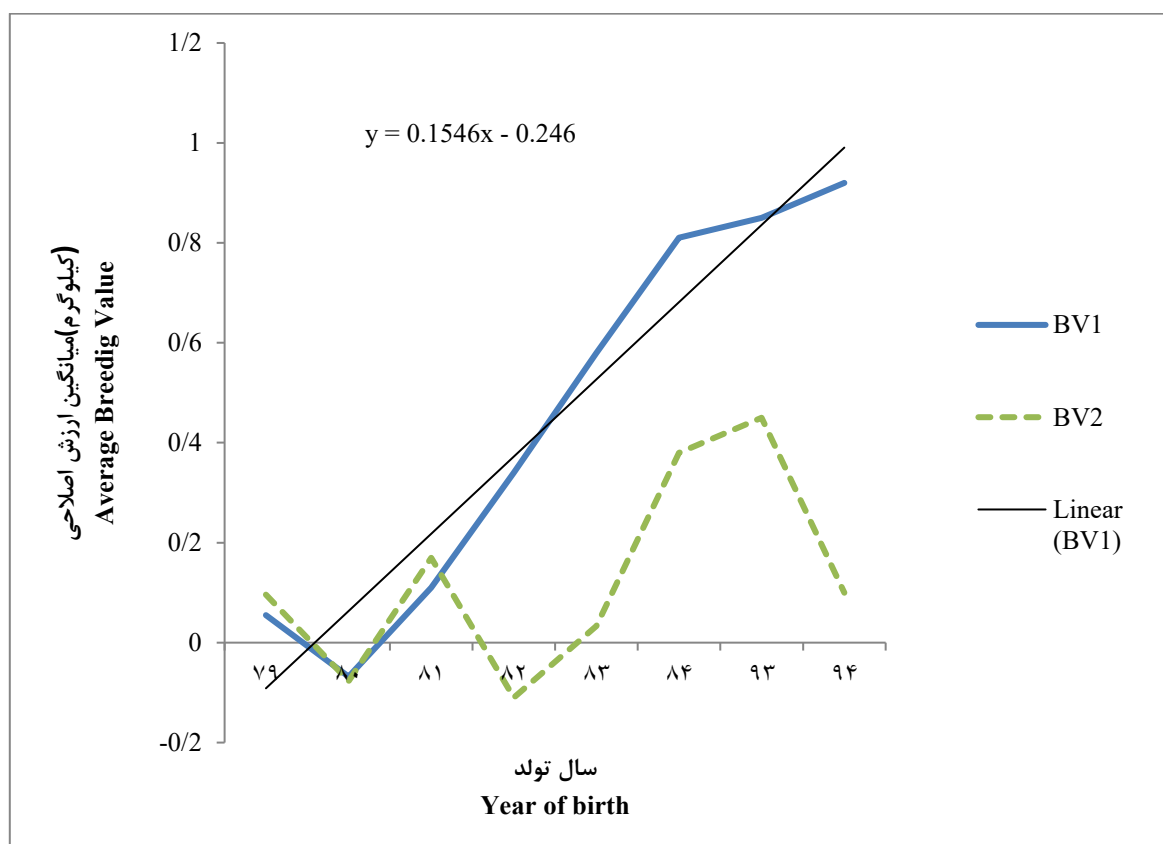


شکل ۲- روند ژنتیکی صفت وزن از شیرگیری
Figure 2- Genetic trend of weaning weight



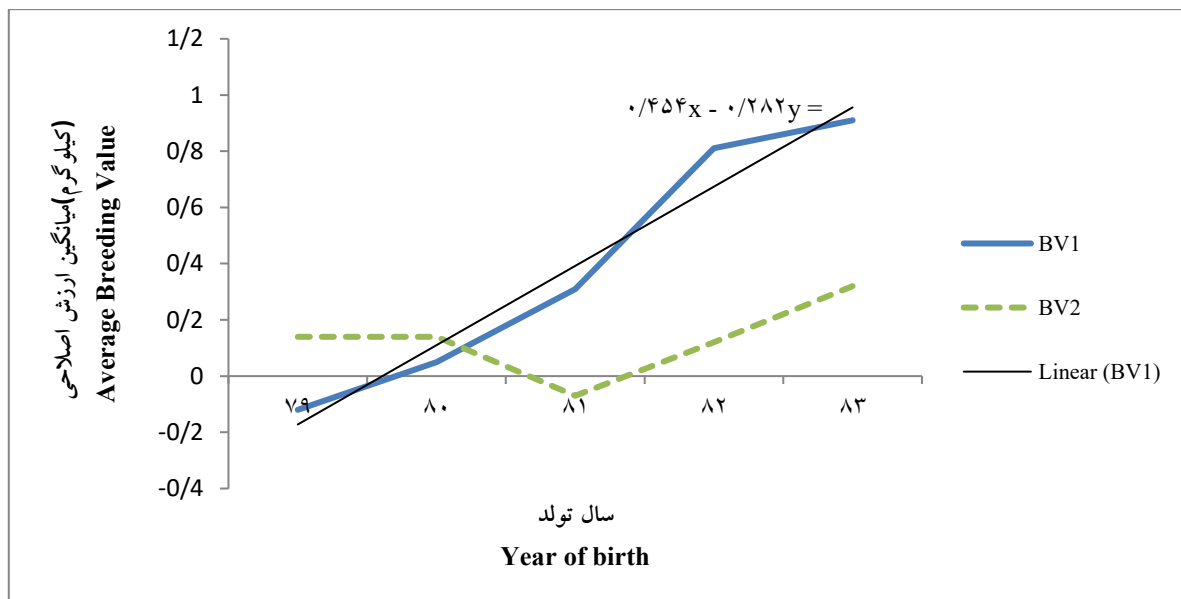
شکل ۳- روند ژنتیکی صفت وزن شش ماهگی

Figure 3- Genetic trend of six-month weight



شکل ۴- روند ژنتیکی صفت وزن نه ماهگی

Figure 4- Genetic trend of nine-month weight



شکل ۵- روند ژنتیکی وزن یکسالگی
Figure 5- Genetic trend of one-year weight

نتیجه گیری

نتایج به دست آمده از این تحقیق حاکی از این است که، مناسبترین مدلها برای برآورد اجزای واریانس - کوواریانس و پارامترهای ژنتیکی صفات وزن تولد، از شیرگیری، شش، نه ماهگی و یک سالگی به ترتیب مدل های ۶ (برای وراثت پذیری مستقیم و مادری)، ۲ (وراثت پذیری مستقیم و محیطی دائمی مادری)، ۳ (وراثت پذیری مستقیم و مادری)، ۳ (وراثت پذیری مستقیم و مادری) و ۳ (وراثت پذیری مستقیم و محیطی دائمی مادری) می باشد. همچنین، در برآوردهای انجام شده، با افزایش سن حیوان، اثر عوامل مادری (ژنتیکی افزایشی و محیطی دائمی مادری) کاهش یافته و در نتیجه مقدار وراثت پذیری مستقیم افزایش یافته است. از سوی دیگر، روند ژنتیکی برای صفات با وراثت پذیری بالا، بیشتر و روند ژنتیکی و صحت پیش بینی ارزش اصلاحی با افزایش میزان نقصان شجره پدر، کاهش یافتند. لذا پیشنهاد می شود موضوع صحت در ثبت شجره در برنامه های اصلاحی به منظور دستیابی به حداکثر پیشرفت ژنتیکی مورد توجه قرار گیرد. در غیر این صورت برای دستیابی به پیشرفت ژنتیکی مورد نظر، باید تعداد سال های زیادی برنامه اصلاح نژادی ادامه یابد که این عمل هزینه بسیار زیادی به دنبال خواهد داشت. پس در نتیجه اهمیت و ضرورت رکوردگیری صحیح و ثبت داده ها دقت بالا می تواند در جمعیت های بزرگتر نقش مهمی را به خود اختصاص

دهد

منابع

- Abbasi, M., Vatankhah, M., & Nemati, M.H. (2010). Estimation of economic coefficients of important productive and reproductive traits of Afshari sheep in rural breeding conditions. The final report of the research project. Iran Animal Science Research Institute: 53.
- Alemayehu, A., Mirkena, T., Melesse, A., Getachew, T., & Haile, A. (2022). Genetic parameters and trends of growth traits in community-based breeding programs of Abera sheep in Ethiopia. Acta Agriculturae Scandinavica, Section A—Animal Science, 71(1-4), 1-11.

Akaike, H. (2011). Akaike's information criterion. International encyclopedia of statistical science, 25-25.

Baneh, H., Rokouei, M., Ghafouri-Kesbi, F., Veysi, A. & Niknafs, S. (2013). Multivariate genetic analysis on body weight traits in Ghezel sheep. Songklanakarin Journal of Science and Technology 35: 131-135.

Behzadi, M. B., Shahroudi, F. E. & Van Vleck, L. D. (2005). The study of maternal effects on estimation of heritabilities and determination of environmental factors on early growth traits in Kermani sheep. JWSS-Isfahan University of Technology 9(1):195-203.

Bradford, G. E. (1972). The role of maternal effects in animal breeding: VII. Maternal effects in sheep. Journal of animal science 35(6): 1324-1334.

Db, D. (1955). Multiple range and multiple F test. Biometrics, 11, 1-42. **Eskandarinasab, M., Ghafouri-Kesbi, F. & Abbasi, M. A. (2010).** Different models for evaluation of growth traits and Kleiber ratio in an experimental flock of Iranian fat-tailed Afshari sheep. Journal of Animal Breeding and Genetics 127(1): 26-33.

Gholizadeh, M., Rahimi Mianji, G., Hashemi, M. & Hafezian, H. (2010). Genetic parameter estimates for birth and weaning weights in Raeini goats. Czech Journal of Animal Science 55: 30-36.

Gilmour, A. R., Gogel, B. J., Cullis, B. R., Welham, S., & Thompson, R. (2015). ASReml user guide release 4.1 structural specification. Hemel hempstead: VSN international ltd.

Hanford, K. J., Van Vleck, L. D. & Snowden, G. D. (2005). Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Rambouillet sheep. Small Ruminant Research 57(2-3): 175-186.

Harder, B. I. R. T. E., Bennewitz, J. Ö. R. N., Reinsch, N. O. R. B. E. R. T., Mayer, M. A. N. F. R. E. D. & Kalm, E. R. N. S. T. (2005). Effect of missing sire information on genetic evaluation. Archives Animal Breeding 48(3): 219-232.

Heidari, M. (2006). Estimation of genetic parameters of growth and carcass traits for Afshari sheep using random regression model. MSc desertation, Zanjan University, Iran.

Karimian Fili, K. (2013) Investigating the genetic trend of growth and reproduction traits of Afshari sheep of Zanjan University. Master's thesis in animal genetics and breeding, Faculty of Agriculture, Zanjan University.

Khojastehkey, M., Yeganehparast, M. & Kalantar Neyestanaki, M. (2016). Investigation the crossbreeding of Zandi ewes with Romanov rams and comparison the performance of crossbred with pure Zandi lambs up to weaning age. Journal of Ruminant Research 4(2): 133-144.

Maniatis, N. & Pollott, G. E. (2002). Maternal effects on weight and ultrasonically measured traits of lambs in a small closed Suffolk flock. Small Ruminant Research 45(3): 235-246.

Mohammadi, H., Moradi ahahrababk, M. & Sadeghi, M (2010). Estimation of genetic, phenotypic and environmental trend of growth traits in live sheep. Modern Genetics Journal 6:49-57.

Mohammadi, H., Shahrehabak, M. M., Shahrehabak, H. M., Bahrami, A. & Dorostkar, M. (2013). Model comparisons and genetic parameter estimates of growth and the Kleiber ratio in Shal sheep. Archives Animal Breeding 56(1): 264-275.

Mohammadi, H. & Sadeghi, M. (2010). Estimation of genetic parameters for growth and reproduction traits and genetic trends of growth traits in Zel sheep breed under rural production system. Iranian Journal of Animal Science 41(3): 231-241.

Molaei Moghbeli, S., Barazandeh, A., Vatankhah, M. & Mohammadabadi, M. (2013). Genetics and non-genetics parameters of body weight for post-weaning traits in Raini Cashmere goats. Tropical animal health and production 45:1519-1524.

Movassaghi, R. (2005) Effect of wrong and miss pedigree information on genetic evaluation. M. Sc. Desertation, Guilan Univercity.

- Nilforooshan, M. A., Khazaeli, A. & Edriss, M. A. (2008).** Effects of missing pedigree information on dairy cattle genetic evaluations. *Archives Animal Breeding* 51(2): 99-110.
- Rashidi, A. (2013).** Genetic parameter estimates of body weight traits in Iran-Black sheep. *Journal of Livestock Science and Technologies* 1(1): 50-56.
- Sanders, K., Bennewitz, J. & Kalm, E. (2006).** Wrong and missing sire information affects genetic gain in the Angeln dairy cattle population. *Journal of dairy science* 89(1): 315-321.
- Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., & Colleau, J. J. (2006).** CFC: a tool for monitoring genetic diversity
- Shahdadi, A. R. & Saghi, D. A. (2016).** Estimating genetic parameters of body weight traits in Kourdi sheep. *Iranian Journal of Applied Animal Science* 6(3): 657-663.
- Shiri S.A., Tahmoorespur M. & Shariati M. (2015).** Estimates of genetic and environmental factors on growth and mortality in Karakul lambs. *Iranian Journal of Animal Science Research* 7(3): 347-355.
- Shiri, S., Tahmoorespur, M., Abbasi, M., Shariati, M. M & Saghi, D.(2016).** Impact of incomplete pedigree on genetic trends and genetic parameters of pre-weaning growth traits in Karakul sheep. *Journal of Ruminant Research* 4 (4): 25-42.
- Snyman, M. A., Olivier, J. J., Erasmus, G. J., & Van Wyk, J. B. (1997).** Genetic parameter estimates for total weight of lamb weaned in Afrino and Merino sheep. *Livestock production science* 48(2): 111-116.
- Van Vleck, L. D. (1970).** Misidentification and sire evaluation. *Journal of Dairy Science* 53(12): 1697-1702.
- Vatankhah, M., Talebi, M. A., & Edriss, M. A. (2008).** Estimation of genetic parameters for reproductive traits in Lori-Bakhtiari sheep. *Small Ruminant Research* 74(1-3): 216-220.
- Yeganehpour, Z., Roshanfekar, H., Fayazi, J., Beiranvand, M. H. & Pasandideh, R. (2015).** Estimation of genetic, phenotypic and environmental trends for body weights at different ages in Lori sheep. *Iranian Journal of Animal Science Research*. 7(3): 364-372.
- Sas, S., & Guide, S. U. S. (2008).** SAS Institute Inc. Cary, NC, USA, 250-263.
- Wang, R., Wang, X., Liu, B., Zhang, L., Li, J., Chen, D., ... & Zhang, Y. (2024).** Estimation of Genetic Parameters of Early Growth Traits in Dumeng Sheep. *Animals*, 14(16), 2298.
- Zamani, P. & Mirzaei Sefidkhani, R. (2015).** Estimation of genetic, phenotypic and environmental trends for growth traits in Mehraban sheep. *Animal Science Research* 24(4):85-95.
- Ziadi, C., Bedhiaf-Romdhani, S., & Molina, A. (2024).** Estimation of Genetic Parameters for Litter Size and Growth Traits in a Prolific Line of Tunisian Barbarine Sheep. *Ruminants*, 4(2), 256-26