



توليدات دامی

دوره ۲۲ ■ شماره ۱ ■ بهار ۱۳۹۹

صفحه‌های ۸-۱

تخمین واریانس غلبه و اثر آن روی تخمین پارامترهای ژنتیکی صفات کیفی لاشه

مسعود علی پناه*

دانشیار، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تربت حیدریه، تربت حیدریه، ایران.

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۳۹۸/۱۰/۱۰

تاریخ دریافت مقاله: ۱۳۹۸/۰۷/۰۲

چکیده

به منظور تعیین تداخل اثرات غلبه در برآورد پارامترهای ژنتیکی، از دو مدل افزایشی و افزایشی-غلبه برای برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مختلف کیفیت ۶۳۱ لاشه گاو گوشتی نر دورگ استفاده شد. داده‌ها با استفاده از نرم‌افزارهای Plink (نسخه ۱/۹) و GVCBLUP (نسخه ۳/۹) تجزیه شدند. نتایج نشان داد که بیش‌تر صفات کیفی لاشه وراثت‌پذیری بالایی داشتند، اما دو صفت ماهیچه چشمی دنده اولتراسوند و وزن لاشه گرم دارای وراثت‌پذیری پایینی (به ترتیب ۰/۱۵ و ۰/۱۱) بودند. واریانس غلبه برای صفات وزن لاشه گرم، ماهیچه چشمی دنده اولتراسوند، چربی پشت اولتراسوند و ماهیچه چشمی دنده (به ترتیب ۰/۱۳، ۰/۴۴، ۰/۸۹ و ۰/۳۳) بالا بود ولی برای سایر صفات (تولید گوشت لخم، درجه ماربلینگ، چربی پشت، ماهیچه چشمی دنده اولتراسوند و درجه لاشه) اثر غلبه مشاهده نشد یا بسیار جزئی برآورد گردید. هنگامی که واریانس غلبه صفات پایین بود، تأثیری بر برآورد GBLUP نداشت. برآورد وراثت‌پذیری صفات موردبررسی به مقدار کم تحت تأثیر افزودن اثر غلبه در مدل قرار گرفت. مهم‌ترین نواحی ژنومی مؤثر بر صفات کیفی لاشه مربوط به ژن‌های *LAP3*، *THBS4* و *PCDH9* بود. پیشنهاد می‌گردد، برای درک بهتر از ساختار ژنتیکی صفات و برنامه‌ریزی بهتر اصلاح نژادی، اثرات غلبه در مدل برآورد پارامترهای ژنتیکی اضافه شود.

کلیدواژه‌ها: انتخاب ژنومی، غلبه، کیفیت گوشت، گاو گوشتی، وراثت‌پذیری.

Estimation of dominance variance and its effects on the evaluation of the genetic parameters for carcass quality traits

Masoud Alipناه*

Associate Professor, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Torbat Heydarieh, Torbat Heydarieh, Iran

Received: September 24, 2019

Accepted: December 31, 2019

Abstract

In order to determine the interference of dominant effects on the estimation of genetic parameters, two models including additive and additive-dominance were used for estimation of genetic parameters of carcass traits in 631 hybrid beef bulls. Data analysis was conducted using Plink (V. 1.9) and GVCBLUP (V. 3.9) softwares. Results of this study showed that most carcass quality traits have high heritability, but two traits namely hot carcass weight and ultrasound ribeye area had low heritability (0.15 and 0.11). Dominance variances have high contribution to the total variation of hot carcass weight, ultrasound ribeye area, ultrasound backfat thickness and ribeye area (0.13, 0.44, 0.89 and 0.33 respectively). However, dominant effect for other traits (lean meat yield, marbling score, backfat thickness, ultrasound ribeye area and grade of carcass) was not observed or was in very low amount. When dominance variance is low, its effect on GBLUP estimates is negligible. The estimates of heritability did not change significantly by the adding dominance effect into the model. The most important genomic regions that affect the carcass quality traits were belong to *LAP3*, *THBS4* and *PCDH9* genes. It is suggested that for the better understanding of the genetic structure of traits and better breeding plan, the dominance effects should be added into the model for genetic parameter estimation.

Keywords: Beef cattle, Dominance, Genomic selection, Heritability, Meat quality.

مقدمه

در صفات پیچیده می‌تواند خیلی مفید باشد. یک مطالعه [۲۲] نشان داد که تفاوت اساسی بین ساختارهای پلی‌ژنیک برای صفات مختلف وجود دارد.

کارهای اولیه برای تخمین واریانس غیرافزایشی در احشام با استفاده از روش‌های سنتی انجام شده است [۴ و ۱۷]. برای اولین بار یک روش برای ایجاد ماتریس روابط غلبه با استفاده از مارکرهای SNP پیشنهاد شده است [۱۷]. در گاو گوشتی، در مطالعات کمی از اثرات غلبه و اپیستازی در پارامترهای ژنتیکی استفاده کرده‌اند [۱ و ۵]. در یک پژوهش اثرات غلبه و اپیستازی در گاو گوشتی تخمین زده شد، و بیان گردید که اثرات معنی‌دار غلبه و اپیستاتیک برای صفات رشد، لاشه و باروری در گاو گوشتی وجود دارد، اما تخمین دقیق آن مشکل می‌باشد [۵].

این مطالعه با هدف تخمین پارامترهای ژنتیکی، بررسی اثرات واردکردن واریانس غلبه در مدل برآورد پارامترها و شناسایی نواحی ژنومی مرتبط با این اثرات روی صفات لاشه و صفات کیفی گوشت انجام شد.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه از اطلاعات فنوتیپی و ژنوتیپی مربوط به ۶۳۱ راس گاو گوشتی نر دورگ استفاده شد [۱۲]. اطلاعات فنوتیپی مربوط به نه صفت کیفیت لاشه شامل سطح ماهیچه چشمی دنده، امتیاز ماربلینگ، امتیاز ماربلینگ اولتراسوند، وزن لاشه گرم، سطح ماهیچه چشمی دنده اولتراسوند، گوشت لخم، درجه لاشه تولیدی، ضخامت چربی پشت، ضخامت چربی پشت اولتراسوند بودند که خلاصه اطلاعات نه صفت کیفی لاشه در جدول (۱) آمده است.

داده‌های ژنوتیپی استفاده شده مربوط به تعیین ژنوتیپ حیوانات با استفاده از Illumina 50K بود.

در اصلاح حیوانات، وراثت‌پذیری و سایر پارامترهای ژنتیکی برای بیش‌تر صفات مهم اقتصادی معمولاً براساس مدل‌های ژنتیکی افزایشی تخمین زده می‌شوند. برای بعضی صفات کمی ممکن است علاوه بر اثرات افزایشی، اثرات غلبه و اپیستاتیک نیز روی واریانس کل این صفات دخیل باشند. واریانس ژنتیکی غیرافزایشی که توسط اثرات متقابل بین آلل‌ها در یک جایگاه ایجاد می‌شود را اثر غلبه و بین آلل‌ها با جایگاه‌های متفاوت را اثر اپیستازی نام‌گذاری کرده‌اند [۱۰]. اگرچه اثرات افزایشی و غیرافزایشی مستقل هستند، واریانس اثرات غیرافزایشی می‌تواند به‌عنوان واریانس ژنتیکی افزایشی تخمین زده شود [۱۰]، یکی از مهم‌ترین دلایل برای عدم استفاده از اثرات اپیستاتیک در تجزیه تخمین ژنتیکی مشکل‌بودن و پیچیدگی تخمین اثرات اپیستازی می‌باشد [۹].

نیاز به توجه بیش‌تر در مورد اثرات غیرافزایشی هم‌چون غلبه و اپیستازی و نیز اثرات متقابل ژن‌ها در صفات مختلف وجود دارد، داشتن اطلاعات بیش‌تر از ساختار ژنتیکی هر صفت برای توسعه مطلوب استراتژی‌های اصلاحی بسیار مهم است. هدف اصلی پویش ژنومی (Genome Wide Association Studies; GWAS) می‌تواند استفاده از دانش برای بررسی واریانت‌های مؤثر بر یک صفت باشد، متعاقب این امر، درک بهتر از ساختار زیستی و اثرات تخمین‌زده شده این واریانت در بهبود کارایی پیش‌بینی فنوتیپی می‌تواند مؤثر باشد. از آنجاکه وجود اثر اپیستازی در ساختار ژنتیکی یک صفت امری معمول است، بنابراین شناسایی واریانت‌ها می‌تواند برای هدف کلی پویش‌های ژنومی مفید باشد [۲۰]. هم‌چنین، اثر متقابل میان جایگاه‌ها یا بین ژن‌ها و عوامل محیطی دارای سهم عمده‌ای در ایجاد تنوع در صفات هستند [۸]، بنابراین، روشن کردن نقش اپیستاتیک

جدول ۱. میانگین و انحراف معیار صفات کیفیت لاشه گاو گوشتی

صفت	تعداد	متوسط	انحراف معیار
درجه لاشه تولیدی	۵۴۰	۲/۵۰	۰/۶۹
ضخامت چربی پشت اولتراسوند (میلی متر)	۵۲۷	۷/۲۷	۲/۵۱
امتیاز ماربلینگ	۵۴۰	۳۴۷/۰۶	۴۸/۲۲
گوشت لخم (درصد)	۵۴۰	۵۹/۷۳	۳/۷۸
وزن لاشه گرم (کیلوگرم)	۵۴۰	۳۵۶/۱۸	۳۲/۶۷
سطح ماهیچه چشمی دنده اولتراسوند (سانتی مترمربع)	۵۲۷	۸۱/۲۴	۱۱/۰۹
امتیاز ماربلینگ اولتراسوند	۵۲۷	۴۶۴/۶۸	۳۵/۱۷
ضخامت چربی پشت (میلی متر)	۵۴۰	۹/۳۰	۳/۹۱
سطح ماهیچه چشمی دنده (سانتی مترمربع)	۵۴۰	۸۸/۷۱	۱۰/۳۷

لاشه در جدول ۲ نشان داده شده است. دو صفت ماهیچه چشمی دنده اولتراسوند و وزن لاشه گرم وراثت پذیری پایینی (۰/۱۵ و ۰/۱۱ به ترتیب) داشتند، درحالی که سایر صفات کیفی لاشه دارای وراثت پذیری بالایی بودند. مطالعات مختلف دامنه گسترده‌ای برای وراثت پذیری صفات کیفی لاشه گاو گوشتی ارائه داده‌اند. به عنوان مثال در گاو نژاد نلور نیز مقادیر وراثت پذیری برای صفات لاشه، وزن لاشه گرم، ماهیچه چشمی دنده به ترتیب ۰/۱۱ و ۰/۱۸ گزارش گردید [۶]. هم‌چنین وراثت پذیری برای صفات ضخامت چربی پشت ۰/۱۲ و ماربلینگ ۰/۳۴ گزارش شد [۶]. وراثت پذیری صفات در نژادهای دورگ نسبت به نژادهای خالص، بیش‌تر گزارش شده است [۲].

نتایج سهم واریانس ژنتیکی براساس مدل افزایشی و غلبه نرم‌افزار GVCBLUP (نسخه ۳/۹) در جدول ۳ نشان داده شده است. اثر واریانس غلبه بر صفات ضخامت چربی پشت، امتیاز ماربلینگ، گوشت لخم و درجه لاشه تولیدی مشاهده شد. گزارش شده است که برخی از SNPها علاوه بر اثرات افزایشی دارای اثرات غلبه نیز روی صفات لاشه گاو می‌باشند [۲].

محاسبه واریانس غلبه اثری بر دقت تخمین وراثت‌پذیری نداشت. صفات وزن لاشه گرم و ماهیچه

کنترل کیفی داده‌های ژنوتیپی با استفاده از نرم‌افزار PLINK (نسخه ۱/۹) [۱۵] انجام شد و SNPهایی که حداقل معیار را نداشتند حذف شدند. معیارهای در نظر گرفته شده عبارت بودند از میزان پایین وقوع ($<0/09$)، فراوانی پایین ($<0/09$) و فراوانی پایین آلل مینور ($<0/05$). در نتیجه این فرایند ۵۴۰ حیوان و ۴۱۵۰۵ SNP برای ادامه تجزیه باقی ماندند.

مؤلفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری با استفاده از نرم‌افزار GVCBLUP (نسخه ۳/۹) [۱۲] برآورد شد. مدل ۱ (مدل مختلط و ماتریس واریانس- کوواریانس) برای تخمین اثرات ژنتیکی افزایشی و غلبه استفاده شد [۱۹].

$$y = Xb + Za + Zd + e \quad \text{رابطه (۱)}$$

که در این رابطه، y بردار فنوتیپ‌ها؛ x ماتریس عوامل ثابت؛ b بردار اثرات ثابت؛ Z ماتریس اثرات افزایشی و غلبه؛ a بردار اثرات افزایشی؛ d بردار اثرات ژنتیکی غلبه حیوانات و e بردار عوامل باقیمانده است. مؤلفه‌های واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) برآورد شد.

نتایج و بحث

وراثت‌پذیری و مؤلفه‌های واریانس برای صفات کیفی

که دارای واریانس غلبه بزرگتری هستند تغییراتی در رتبه‌بندی براساس GBLUP ایجاد می‌کند. نشان داده شده است که رتبه‌بندی حیوانات براساس پیش‌بینی GBLUP با دو مدل افزایشی و افزایشی-غلبه برای صفات مختلف همبستگی (اسپیرمن) بین ۰/۹۷ تا ۰/۹۸ دارد [۱۳] و افزودن اثرات غلبه نقشی در دقت پیش‌بینی ارزش‌های ارثی ندارد [۹]. SNP‌هایی که بیشترین سطح معنی‌داری بر صفات مورد مطالعه داشته‌اند، در جدول (۴) آورده شده است. مقدار واریانس غلبه برای ضخامت چربی پشت اولتراسوند ۰/۱۳ بود ولی اثری روی محاسبه وارث‌پذیری و GBLUP نداشت. SNP‌هایی که اثر معنی‌داری بر این صفت داشتند عبارت بودند از Hapmap31504-BTA-159055 (کروموزوم ۶)، Hapmap58177-rs29027340 (کروموزوم ۱۴) و Hapmap42918-BTA-35350 (کروموزوم ۱۴) که دو SNP اخیر متعلق به ژن LOC104972815 و OSR2 می‌باشند.

چشمی دنده اولتراسوند که نسبت واریانس غلبه به واریانس فنوتیپی بالایی داشتند (به ترتیب ۰/۸۹ و ۰/۴۴) وارث‌پذیری پایینی داشتند. تجزیه همبستگی نشان داد که ضریب همبستگی بین حیوانات رتبه‌بندی شده براساس مدل‌های افزایشی و افزایشی-غلبه برای صفات درجه لاشه تولیدی، امتیاز ماربلینگ، ضخامت چربی پشت و گوشت لخم یک بود، درحالی‌که برای صفات ماهیچه چشمی دنده اولتراسوند، ماربلینگ اولتراسوند، ضخامت چربی پشت اولتراسوند، سطح ماهیچه چشمی دنده و وزن لاشه گرم به ترتیب ۰/۸۵، ۰/۹۹، ۰/۹۸، ۰/۹۶ و ۰/۷۹ بود. براساس این نتایج می‌توان گفت که محاسبه واریانس غلبه علاوه بر محاسبه واریانس ژنتیکی افزایشی برای صفاتی که ضریب همبستگی بالایی دارند تأثیری بر تخمین GBLUP آن‌ها ندارد، اما برای صفاتی مثل وزن لاشه گرم و ماهیچه چشمی دنده اولتراسوند

جدول ۲. محاسبه نسبت‌های مختلف واریانس کل و وارث‌پذیری براساس مدل افزایشی برای هر صفت

واریانس	گوشت لخم	امتیاز ماربلینگ	ماهیچه چشمی دنده	ضخامت چربی پشت	وزن لاشه گرم	ماربلینگ اولتراسوند	ماهیچه چشمی دنده اولتراسوند	ضخامت چربی پشت اولتراسوند
افزایشی	۸/۴۵	۱۱۶۲	۴۶	۶/۲۷	۹۵	۱۸۷۸	۳۳/۹۱	۱/۹۵
محیطی	۵/۰۷	۱۰۰۷	۵۵	۷/۳۴	۷۹۰	۴۲۴۱	۱۹۳/۷۶	۳/۶
فنوتیپی	۱۳/۵۲	۲۱۶۹	۱۰۱	۱۳/۶۱	۸۸۵	۶۱۱۹	۲۷۲/۶۷	۵/۵۶
وارث‌پذیری	۰/۶۲±۰/۱۱	۰/۵۴±۰/۱۰	۰/۴۵±۰/۱۱	۰/۴۶±۰/۰۹	۰/۱۱±۰/۱۰	۰/۳۱±۰/۱۰	۰/۱۵±۰/۱۰	۰/۳۵±۰/۱۱

جدول ۳. محاسبه نسبت‌های مختلف واریانس کل و وارث‌پذیری براساس مدل افزایشی و مدل غلبه برای هر صفت

واریانس	گوشت لخم	امتیاز ماربلینگ	ماهیچه چشمی دنده	ضخامت چربی پشت	وزن لاشه گرم	ماربلینگ اولتراسوند	ماهیچه چشمی دنده اولتراسوند	ضخامت چربی پشت اولتراسوند	درجه لاشه تولیدی
V _A	۸/۴۵	۱۱۶۲	۴۵/۲۵	۶/۲۷	۸۰	۱۸۷۳	۳۰/۵	۱/۹۵	۰/۲۸۵
V _D	۰/۰۰۰۲	۵×۱۰ ^{-۶}	۳۳/۴۵	۰/۰۰۰۰۱	۸۰۷	۲۳۸	۹۹/۶۸	۰/۷۱۱	۱×۱۰ ^{-۵}
V _E	۵/۰۷	۱۰۰۷	۲۲/۳۸	۷/۳۴	۰/۵۸	۴۰۰۹	۹۷/۸۶	۲/۹۸	۰/۱۷۴
V _P	۱۳/۵۲	۲۱۶۹	۱۰۱/۰۸	۱۳/۶۱	۸۸۷/۵۸	۶۱۲۰	۲۲۸/۰۴	۵/۶۴	۰/۴۶
h ² _A	۰/۶۲	۰/۵۴	۰/۴۵	۰/۴۶	۰/۰۹	۰/۳۱	۰/۱۳	۰/۳۵	۰/۶۲
SE	۰/۱۱	۰/۱۱	۰/۱۱	۰/۱۱	۰/۰۹	۰/۱۰	۰/۰۹	۰/۱۱	۰/۱۱
V _D /V _P	۰/۰۰۰۰۱	۲×۱۰ ^{-۱۰}	۰/۳۳	۹×۱۰ ^{-۶}	۰/۸۹	۰/۰۴	۰/۴۴	۰/۱۳	۳×۱۰ ^{-۵}
SE	۰/۳۳	۰/۳۵	۰/۳۶	۰/۳۵	۰/۳۸	۰/۳۹	۰/۳۹	۰/۳۵	۰/۳۳

V_A: واریانس ژنتیکی افزایشی، V_D: واریانس ژنتیکی غلبه، V_E: واریانس محیطی، V_P: واریانس فنوتیپی، h²_A: وارث‌پذیری خاص، SE: انحراف معیار، V_D/V_P: سهم واریانس ژنتیکی غلبه از واریانس فنوتیپی.

تولیدات دامی

تخمین واریانس غلبه و اثر آن روی تخمین پارامترهای ژنتیکی صفات کیفی لاشه

جدول ۴. معنی دارترین SNPها برای صفات کیفی متفاوت لاشه

انحراف معیار	معنی داری	ژن	شماره SNP	صفت	کروموزوم
۳/۰۹	۰/۰۰۰۰۳۱	SYN3	rs42793384	امتیاز ماربلینگ	۵
۴/۶۰	۰/۰۰۰۰۴۸	نزدیک ژن CLIC6	rs458481050	امتیاز ماربلینگ	۱۱
۳/۶۹	۰/۰۰۰۰۷۷	نزدیک ژن KCTD16	rs29019273	امتیاز ماربلینگ	۷
۳/۴۱	۰/۰۰۰۰۸۱	نزدیک ژن RACGAP1	rs43704003	امتیاز ماربلینگ	۵
۴/۷۳	۰/۰۰۰۰۹۴	نزدیک ژن SCN9A	rs43301339	امتیاز ماربلینگ	۲
۴/۶۶	۰/۰۰۰۰۹۵	-	rs29023590	امتیاز ماربلینگ	۳
۰/۰۶	۰/۰۰۰۰۱۵	PCDH9	rs110363086	درجه لاشه	۱۲
۰/۰۵	۰/۰۰۰۰۶۸	LAP3	rs110668055	درجه لاشه	۶
۰/۲۵	۰/۰۰۰۰۴۶	THBS4	rs43616186	ضخامت چربی پشت	۱۰
۰/۳۸	۰/۰۰۰۰۷۰	نزدیک ژن OR2B11	rs43571578	ضخامت چربی پشت	۷
۰/۱۶	۰/۰۰۰۰۴۲	LOC104972815	rs29027340	ضخامت چربی پشت اولتراسوند	۱۴
۰/۱۴	۰/۰۰۰۰۷۶	نزدیک ژن APELA	rs440604454	ضخامت چربی پشت اولتراسوند	۶
۰/۱۶	۰/۰۰۰۰۷۸	OSR2	rs41632846	ضخامت چربی پشت اولتراسوند	۱۴
۰/۲۵	۰/۰۰۰۰۱۴	LAP3	rs110668054	گوشت لخم	۶
۰/۳۳	۰/۰۰۰۰۴۶	PCDH9	rs110363085	گوشت لخم	۱۲
۰/۳۷	۰/۰۰۰۰۵۹	نزدیک ژن OR2B11	rs43571578	گوشت لخم	۷
۰/۲۴	۰/۰۰۰۰۷۶	RPGRIPI1	rs109595623	گوشت لخم	۱۸
۲/۱۱	۰/۰۰۰۰۷۷	نزدیک ژن PGAM2	rs110742193	ماربلینگ اولتراسوند	۲۹
۲/۲۳	۰/۰۰۰۰۱۸	NSMCE3	rs110076087	ماربلینگ اولتراسوند	۱۴
۳/۰۸	۰/۰۰۰۰۲۵	نزدیک ژن WDFY4	rs382133849	ماربلینگ اولتراسوند	۶
۳/۳۸	۰/۰۰۰۰۷۴	-	rs109797077	ماربلینگ اولتراسوند	۱
۰/۲۵	۰/۰۰۰۰۶۵	THBS4	rs43616187	ماهیچه چشمی اولتراسوند	۱۰
۰/۶۲	۰/۰۰۰۰۵۸	نزدیک ژن SEMA3D	rs43115094	ماهیچه چشمی دنده	۴
۲/۱۸	۰/۰۰۰۰۲۳	RBMS3	rs134037613	وزن لاشه گرم	۲۹
۳/۴۳	۰/۰۰۰۰۴۴	نزدیک ژن RGS7BP	rs42343284	وزن لاشه گرم	۲۰
۲/۲۶	۰/۰۰۰۰۴۶	NSMCE2	rs110076086	وزن لاشه گرم	۱۴
۲/۴۴	۰/۰۰۰۰۶۳	GGH	rs 109277445	وزن لاشه گرم	۱۴
۲/۴۴	۰/۰۰۰۰۷۷	نزدیک ژن GGH/N	rs110178816	وزن لاشه گرم	۱۴
۳/۴۵	۰/۰۰۰۰۹۹	-	rs109797076	وزن لاشه گرم	۱

صفت BTB-00408453 (کروموزوم ۱۰) بود که متعلق به ژن THBS4 می‌باشد.

وراثت‌پذیری صفت امتیاز ماربلینگ اولتراسوند ۰/۳۱

سهم واریانس افزایشی و واریانس غلبه از واریانس فنوتیپی برای سطح ماهیچه چشمی اولتراسوند به ترتیب

۰/۱۳ (h^2) و ۰/۴۴ بود. معنی دارترین SNP روی این

تولیدات دامی

دوره ۲۲ ■ شماره ۱ ■ بهار ۱۳۹۹

وراثت‌پذیری صفت ماربلینگ مقدار ۰/۵۴ به‌دست آمد، درحالی‌که در گزارش دیگری وراثت‌پذیری ۰/۳۴ برای این صفت گزارش شده است [۶]. مؤثرترین SNPها روی این صفت عبارت بودند از ARS-BFGL-NGS-72090 (کروموزوم ۲)، INRA-170 (کروموزوم ۳)، Hapmap34759-BES10_Contig780_1565 (کروموزوم ۵)، ARS-BFGL-NGS-5802 (کروموزوم ۵) و Hapmap44935-BTA-116656 (کروموزوم ۱۱).

وراثت‌پذیری صفت گوشت لخم ۰/۶۲ به‌دست آمد. واریانس غلبه برای این صفت مشاهده نشد. مؤثرترین SNPها برای این صفت عبارت بودند از Hapmap30134-BTB-00368557 (کروموزوم ۶)، ARS-BFGL-NGS-110832 (کروموزوم ۷)، و ARS-BFGL-NGS-41145 (کروموزوم ۱۸) این SNPها به‌ترتیب روی ژن‌های LAP3، OR2B11T، PCDH9 و RPGRPIL قرار داشتند.

وراثت‌پذیری برای صفت درجه لاشه تولیدی ۰/۶۲ به‌دست آمد. برای این صفت واریانس غلبه مشاهده نشد. دو SNP Hapmap30134-BTB-00368557 (کروموزوم ۶) و ARS-BFGL-NGS-110832 (کروموزوم ۱۲) بیش‌ترین اثر معنی‌دار را روی این صفت داشتند این دو SNP به‌ترتیب متعلق به ژن‌های LAP3 و PCDH9 می‌باشند.

همان‌گونه که در جدول (۴) آمده است ژن‌های LAP3، PCDH9، RPGRPIL، THBS4، SYN3، NSMCE2، NSMCE3، GGH، LOC104972815، OSR2 و RBMS3 بر صفات مختلف لاشه گاو تأثیر دارند. از بین SNPهای مؤثر بر صفات برخی بر بیش از یک صفت تأثیر داشتند (LAP3، NSMCE2، PCDH9 و THBS4). در سایر گزارش‌ها نیز ارتباط برخی از این ژن‌ها با صفات لاشه گزارش شده است [۳، ۲۱ و ۲۳]، که به‌عنوان مثال اثر PCDH9 روی وزن از شیرگیری گاو

به‌دست آمد و سهم واریانس غلبه به واریانس فنوتیپی ۰/۰۴ برآورد شد. بیش‌ترین اثر روی این صفت را SNPهای ARS-BFGL-NGS-76349 (کروموزوم ۱)، Hapmap24125-BTC-045641 (کروموزوم ۶)، ARS-BFGL-NGS-549 (کروموزوم ۱۴) و Hapmap23595 (کروموزوم ۲۹) داشتند. در پژوهش مشابهی روی گاو نلور وراثت‌پذیری براساس داده‌های ژنومی برای این صفت ۰/۱۹ به‌دست آمد [۱۸].

این صفت وزن لاشه گرم در مقایسه با سایر صفات وراثت‌پذیری پایینی داشت (۰/۰۹) هر چند واریانس غلبه در این صفت بزرگ بود، سهم واریانس غلبه از واریانس کل ۰/۸۹ بود. مؤثرترین SNPها برای این صفت عبارت بودند از ARS-BFGL-NGS-76349 (کروموزوم ۱)، Hapmap24125-BTC-045641 (کروموزوم ۶)، ARS-BFGL-NGS-549 (کروموزوم ۱۴)، BTB-01187029 (کروموزوم ۲۰) و BTA-92233-no-rs (کروموزوم ۲۹). در یک مطالعه دیگر مشخص شد که بیش‌ترین تأثیر روی این صفت در گاو نلور مربوط به کروموزوم ۳ می‌باشد و چهار ژن مسئول حدود ۱۰ درصد واریانس ژنتیکی افزایشی برای صفت وزن لاشه گرم هستند [۶].

وراثت‌پذیری صفت ضخامت چربی پشت ۰/۴۶ بود. دو SNP BTB-00368557 (کروموزوم ۷) و BTB-00408453 (کروموزوم ۱۰) بیش‌ترین اثر را روی این صفت داشتند.

وراثت‌پذیری صفت سطح ماهیچه چشمی دنده ۰/۴۵ بود و مقدار واریانس مشاهده‌شده برای صفت REA معادل ۰/۳۳ به‌دست‌آمد. معنی‌دارترین SNP مؤثر بر این صفت BTB-02009505 است که نزدیک ژن SEMA3D روی کروموزوم ۴ قرار دارد. در گاو نلور پنج ژن شناسایی شد که مسئول بیش از یک درصد واریانس ژنتیکی افزایشی برای این صفت بودند [۶].

منابع

1. Akanno EC, Abo-Ismael MK, Chen LC, Basarab J and Plastow G (2016) Joint association analysis of additive and non-additive genomic effects for growth and carcass traits of beef cattle. *Journal of Animal Science* 94 (E-suppl. 5/j).
2. Akanno, EC, Chen L, Abo-Ismael MK, Crowley JJ, Wang Z, Li C, Li C, Basarab JA, MacNeil MD and Plastow GS (2018) Genome-wide association scan for heterotic quantitative trait loci in multi-breed and crossbred beef cattle. *Genetics Selection Evolution* 50(1): 48.
3. An B, Xia J, Chang T, Wang X, Xu L, Zhang L, Gao X, Chen Y, Li J and Gao H (2019) Genome-wide association study reveals candidate genes associated with body measurement traits in Chinese Wagyu beef cattle. *Animal genetics* 50(4): 386-390.
4. Barendse W, Harrison BE, Hawken RJ, Ferguson DM, Thompson JM, Thomas MB et al. (2007) Epistasis between calpain 1 and its inhibitor calpastatin within breeds of cattle. *Genetics* 176: 2601-10.
5. Bolormaa S, Pryce JE, Zhang Y, Reverter A, Barendse W, Hayes BJ and Goddard ME (2015) Non-additive genetic variation in growth, carcass and fertility traits of beef cattle. *Genetics Selection Evolution* 47(26).
6. Carvalho ME, Baldi FS, Alexandre PA, Santana MHDA, Ventura RV, Bueno RS, Bonin, MDN, Rezende FMD, Coutinho LL, Eler JP and Ferraz JBS. (2019). Genomic regions and genes associated with carcass quality in Nelore cattle. *Genetics and Molecular Research* 18(1): 1-15.
7. Chen D, Li W, Du M, Wu M and Cao B. (2015). Sequencing and Characterization of Divergent Marbling Levels in the Beef Cattle (*Longissimus dorsi* Muscle) Transcriptome. *Asian-Australasian journal of animal sciences* 28(2): 158-165. doi:10.5713/ajas.14.0394
8. Colborg O and Haley CS (2004) Epistasis: too often neglected in complex trait studies? *Nature Reviews Genetics* 5(8): 618-25.
9. Heidaritabar M, Wolc M, Arango J, Zeng J, Settar P, Fulton JE, O'Sullivan NP, Bastiaansen JWM, Fernando RL, Garrick DJ and Dekkers JCM (2016) Impact of fitting dominance and additive effects on accuracy of genomic prediction of breeding values in layers. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 133: 334-346.
10. Hill WG, Goddard ME, Visscher PM (2008) Data and theory point mainly additive genetic variance for complex traits. *PLoS Genetics*, 4(2): e1000008. doi:10.1371/journal.pgen.1000008.

[۱۱]، LAP3 روی صفات لاشه و نیز تولید شیر [۱۶]، THBS4 روی صفات مختلف لاشه [۱۶] و روی صفت ماربلینگ [۷] می‌توان اشاره کرد.

گزارش شده است که افزودن اثرات غلبه و به‌طورکلی اثرات غیرافزایشی در مدل تخمین وراثت‌پذیری مزیت‌هایی دارد [۱۳]. از آنجایی که واریانس غلبه برای صفاتی که تحت تأثیر هتروزیگوسیت قرار دارند بیشتر است، لذا برای اهداف دورگ‌گیری دانستن مقدار غلبه صفت مفید است. هم‌چنین استفاده از غلبه در تخمین ژنومیکی باعث می‌شود پاسخ به انتخاب بزرگ‌تری در حیوانات خالص هنگام استفاده برای دورگ‌گیری در مقایسه با مدل‌های افزایشی ایجاد شود [۱۳].

به‌طورکلی نتایج تخمین وراثت‌پذیری صفات کیفی لاشه نشان‌داد که بیش‌تر صفات کیفی لاشه دارای وراثت‌پذیری بالایی هستند. هم‌چنین در بعضی از صفات موردبررسی واریانس غلبه سهم مهمی در ساختار ژنتیکی دارد. با توجه به این‌که تا زمانی‌که واریانس غلبه مقدار جزئی در یک صفت وجود دارد GBLUP تحت‌تأثیر غلبه قرار نمی‌گیرد، لذا پیشنهاد می‌گردد واریانس غلبه در مدل برآورد پارامترهای ژنتیکی و ارزش ارثی اضافه گردد. تا هنگام برنامه‌ریزی اصلاح نژادی علاوه بر شناخت بهتر ساختار ژنتیکی صفات، برآوردها دقیق‌تر در دسترس باشد.

سپاسگزاری

از معاونت پژوهشی دانشگاه تربت حیدریه برای حمایت از انجام این تحقیق و هم‌چنین هم‌چنین از دکتر محمد ابواسماعیل از دانشگاه آلبرتا برای راهنمایی در مورد تجزیه و تحلیل داده‌ها، تشکر و قدردانی می‌گردد.

تعارض منافع

هیچ‌گونه تعارض منافع توسط نویسندگان وجود ندارد.

11. Li Y, Gao Y, Kim YS, Iqbal A and Kim JJ (2017) A whole genome association study to detect additive and dominant single nucleotide polymorphisms for growth and carcass traits in Korean native cattle, Hanwoo. *Asian-Australasian journal of animal sciences* 30(1), 8-19. doi:10.5713/ajas.16.0170
12. Lu D, Akanno EC, Crowley JJ, Schenkel F, Li H, De Pauw M, Moore SS, Wang Z, Li C, Stothard P, Plastow G, Miller SP, Basarab JA (2016) Accuracy of genomic predictions for feed efficiency traits of beef cattle using 50K and imputed HD genotypes. *Journal of Animal Science* 94: 1342-53.
13. Mahdavi M, Dashab GR, Valeh MV, Rokouei M and Sargolzaei M (2018) Genomic evaluation and variance component estimation of additive and dominance effects using single nucleotide polymorphism markers in heterogeneous stock mice. *Czech Journal of Animal Science* 63(12): 492-506.
14. Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MA, Bender D et al (2007) PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American Journal of Human Genetics* 81(3): 559-575.
15. Roberts A. (2018) Genome-wide association study for carcass traits in a composite beef cattle breed. *Livestock Science* 213: 35-43.
16. Su G, Christensen OF, Ostersen T, Henryon M, Lund MS (2012) Estimating additive and non-additive genetic variance and predicting genetic merits using genome-wide dense single nucleotide polymorphism markers. *PLoS ONE*, 7(9): e45293. Doi: 10.1371/journal.pone.0045293.
17. Twomey A J, Berry DP, Evans RD, Doherty ML, Graham DA AND Purfield DC (2019) Genome-wide association study of endo-parasite phenotypes using imputed whole-genome sequence data in dairy and beef cattle. *Genetics Selection Evolution* 51(1): 15.
18. Wang DY, Wang S AND Hu G (2014) Mixed model for genomic prediction and variance component estimation of additive and dominance effects using SNP markers. *PLoS ONE* 9(1): e87666. doi. 10.1371/journal.pone. 0087666.
19. Wei W, Hemani G and Haley CS (2014) Detecting epistasis in human complex traits. *Genetics* 15: 722-733.
20. Xia J, Fan H, Chang T, Xu L, Zhang W, Song Y, ... and Li J. (2017) Searching for new loci and candidate genes for economically important traits through gene-based association analysis of Simmental cattle. *Scientific reports* 7: 42048. doi : 10.1038/srep42048/
21. Zhang W, Dai X, Wang Q, Xu S and Zhao P (2016) PEPIS: A pipeline for estimating epistatic effects in quantitative trait locus mapping and genom-wide association studies. *PLOS Computational Biology* 12(5): doi:10.1371/journal.pcbi.1004925.
22. Zhang W, Xu L, Gao H, Wu Y, Gao X, Zhang L, ... and Chen Y (2018) Detection of candidate genes for growth and carcass traits using genome-wide association strategy in Chinese Simmental beef cattle. *Animal Production Science* 58(2): 224-233.