

اثر وراثت‌پذیری صفت و اندازه هسته بر اریبی برآورد پیشرفت ژنتیکی ناشی از نادیده گرفتن اثر انتخاب در طرح‌های اصلاح نژاد هسته باز

فاطمه شاهوردی^۱، عبدالاحد شادپرور^{۲*}، محمود وطن خواه^۳

۱- دانش آموخته کارشناسی ارشد، گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان

۲- استاد، گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان

۳- استاد، گروه علوم دامی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی شهرکرد

(تاریخ دریافت: ۹۵/۰۳/۲۰ - تاریخ پذیرش: ۹۵/۱۰/۰۶)

چکیده

یک طرح اصلاح نژاد هسته باز با استفاده از اطلاعات جمعیت گوسفندان نژاد لری بختیاری، مرکب از یک هسته باز با ۵۰۰ رأس و یک پایه با ۴۵۰۰ رأس میش مولد شبیه‌سازی شد، تا اثر وراثت‌پذیری و اندازه هسته بر میزان اریبی برآورد رشد ژنتیکی بررسی شود. تابع هدف وزن ۹ ماهگی و انتخاب بر اساس یک رکورد شخصی بود. مقادیر مختلف وراثت‌پذیری صفت در هسته و پایه و نیز اندازه‌های متفاوت هسته در نظر گرفته شد و پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار یک بار با نادیده گرفتن اثر انتخاب و بار دیگر با دخالت آن برآورد شده و از نسبت اولی به دومی میزان اریبی در برآورد پیشرفت ژنتیکی بدست آمد. نتایج نشان داد در شرایطی که وراثت‌پذیری هسته و پایه برابر باشد، بیشترین اریبی (۱۸ درصد) رخ می‌دهد. افزایش وراثت‌پذیری جمعیت هسته و پایه از ۰/۱ تا ۰/۹، نشان داد میزان اریبی با وراثت‌پذیری رابطه مستقیم دارد و بین ۱۰ تا ۳۶ درصد تغییر می‌کند. هنگامی که وراثت‌پذیری جمعیت هسته ثابت ولی وراثت‌پذیری جمعیت پایه تغییر داده شد، میزان اریبی تغییر کرد؛ اما دامنه آن تنها ۱۰ درصد بود که نشان می‌دهد اریبی به وراثت‌پذیری جمعیت پایه چندان حساس نیست. نتایج مربوط به تغییر اندازه هسته، نشان داد که میزان اریبی بین ۱۰ تا ۲۰ درصد تغییر می‌کند، بنابراین اثر این عامل بر میزان اریبی قابل صرف‌نظر کردن است. بطور کلی مهمترین عامل موثر بر میزان اریبی ناشی از نادیده گرفتن اثر انتخاب در برآورد رشد ژنتیکی، وراثت‌پذیری صفت در هسته است.

واژه‌های کلیدی: اثر انتخاب، پیشرفت ژنتیکی، سیستم اصلاح نژاد هسته باز، گوسفند لری بختیاری، میزان اریبی

مقدمه

در ایران از سه دهه گذشته ۱۰ ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند در سطح کشور احداث شده است. از اهداف اصلی این ایستگاه‌ها شناسایی ظرفیت تولیدی و حفظ نژاد و بهبود عملکرد صفات تولیدی و انتقال پیشرفت حاصل به گله‌های تجاری است (وطن خواه و همکاران، ۱۳۸۳). ابراهیمیان و همکاران (۱۳۹۱) اثر تغییر نرخ انتقال قوچ از هسته به پایه و نیز میش از پایه به هسته در گوسفند نژاد مغانی را بررسی کردند و دریافتند در صورتی که ۷۵ درصد قوچ‌های پایه از هسته تأمین شوند و نیز ۲۵ درصد میش‌های مورد نیاز برای جایگزینی در هسته، از جمعیت پایه آورده شوند، حداکثر پیشرفت ژنتیکی سالانه حاصل می‌شود. در تحقیق دیگری در ایران، با افزایش اندازه هسته تا ۱۱/۷ درصد از کل جمعیت، رشد ژنتیکی افزایش یافت (عسگری همت و همکاران، ۱۳۹۱). هدف از تحقیق حاضر بررسی میزان اریبی با توجه به تغییر در اندازه هسته و تغییر وراثت‌پذیری در جمعیت هسته و پایه است.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش، با استفاده از اطلاعات مربوط به گوسفندان نژاد لری‌بختیاری ایستگاه شولی واقع در حومه شهرکرد، جمعیتی مرکب از یک هسته با ۵۰۰ رأس میش و یک پایه با ۴۵۰۰ رأس میش مولد با استفاده از نرم‌افزار Matlab شبیه‌سازی شد. در این جمعیت برای نرهای هسته و پایه سه کلاس سنی و برای ماده‌های هسته و پایه نیز شش کلاس سنی در نظر گرفته شد. سن والدین هنگام تولد اولین فرزند، دو سال بود. تعداد بره یک ساله به ازای هر میش ۰/۹۶ رأس و به ازای هر ۳۳ رأس میش یک قوچ در نظر گرفته شد. اندازه هسته ۱۰ درصد و برای باز بودن هسته، فرض شد نیمی از ماده‌های جایگزین گله هسته از پایه تأمین شود. تابع هدف شامل صفت وزن ۹ ماهگی با واریانس ژنتیکی افزایشی ۹/۶۰ و وراثت‌پذیری ۰/۲۴ در نظر گرفته شد (وطن خواه، ۱۳۸۴). انتخاب بر اساس یک رکورد شخصی انجام شد. برای محاسبه پیشرفت ژنتیکی در دو حالت ثابت بودن واریانس و دخالت دادن اثر انتخاب بر واریانس ژنتیکی صفت، از فرمول‌های ارائه شده به وسیله (Muller and James, 1983; 1984) استفاده شد:

$$G_0 = gC_N + (1 - g)C_B \quad (1)$$

در بسیاری از کشورها، سیستم اصلاح نژاد هسته‌ای را به عنوان یک برنامه مناسب برای پیشرفت ژنتیکی می‌دانند (Kosgey and Okeyo, 2007). این سیستم از یک گله حیوانات ممتاز (هسته) و یک یا چند گله مرتبط (پایه) تشکیل می‌شود (Mueller and James, 1984). هسته می‌تواند به صورت باز و یا بسته باشد. در هسته‌های بسته، تبادلات ژنتیکی تنها در یک جهت انجام می‌گیرد و هیچ جریان ژنی از لایه‌های پایین به هسته وجود ندارد، اما در هسته باز، جریان ژنی دو طرفه است و از حیوانات ممتاز لایه پایه به عنوان بخشی از جایگزین‌های هسته استفاده می‌شود (Kosgey et al., 2006). ویژگی‌های کلی سیستم اصلاح نژاد دارای هسته و فرمول‌های پایه‌ای آن به وسیله James (1977) بیان شد. تئوری اولیه مربوط به طرح‌های اصلاح نژاد هسته‌ای بر پایه ثابت بودن واریانس-های ژنتیکی جامعه استوار بود (Hopkins and James, 1987).

فرآیند انتخاب علاوه بر میانگین جمعیت بر واریانس ژنتیکی نیز مؤثر است. تغییر در واریانس ژنتیکی می‌تواند بر میزان تغییراتی که ممکن است در نسل‌های آینده ایجاد شود، اثر داشته باشد (Dekkers, 2004). انتخاب باعث تغییر فراوانی ژن‌های مطلوب فراتر از حد مقادیر متوسط می‌شود و در نتیجه باعث ناپدید شدن تدریجی واریانس افزایشی می‌شود. از طرفی دیگر، انتخاب باعث کاهش در واریانس افزایشی ناشی از عدم تعادل پیوستگی می‌شود (Muller and James, 1983). اگر یک صفت کمی تحت تأثیر تعداد نامحدودی جایگاه قرار داشته باشد، انتخاب نمی‌تواند سبب کاهش دائمی در واریانس ژنتیکی شود و با توقف انتخاب، مقدار واریانس به وضعیت اولیه بر می‌گردد. این تغییر ناشی از همبستگی بین جفت ژنگاه-هایی که تحت انتخاب قرار دارند، می‌باشد (Bulmer, 1971). تحت فرآیند انتخاب، واریانس ژنتیکی افزایشی به علت عدم تعادل پیوستگی و افزایش همخونی کاهش می‌یابد و پاسخ به انتخاب در خلال چند نسل کمتر از حد مورد انتظار خواهد شد. انتخاب به روش قطع^۱ در میان والدین، سبب کاهش واریانس نسبت به قبل از انتخاب می‌شود (ولی زاده و مقدم، ۱۳۷۷).

$$VA_{BFN_t} = VA_{Bt} [1 - i_{BFN} - x_{BFN}] h^2_{Bt} \quad (۷)$$

در این معادلات، VA به معنی واریانس ژنتیکی افزایشی صفت است. به علاوه VA_{Bt} و VA_{Nt} به ترتیب واریانس افزایشی هسته و پایه در نسل t ، شدت انتخاب، X نقطه قطع^۲ در انتخاب و h^2_{Bt} ، h^2_{Nt} به ترتیب وراثت‌پذیری هسته و پایه در نسل t را نشان می‌دهد که جایگزین مربع صحت ارزیابی ژنتیکی هستند. در این معادلات فرض شد که انتخاب فنوتیپی انجام می‌شود و به همین دلیل صحت انتخاب برابر با وراثت‌پذیری است. برای محاسبه واریانس ژنتیکی ماده‌هایی که از هسته برای جایگزینی در پایه انتخاب می‌شوند از معادله زیر استفاده می‌شود. این معادله بر این نکته استوار است که واریانس ژنتیکی یک جمعیت (حاصل تجمیع دو گروه مختلف)، تحت تأثیر میانگین وزنی واریانس داخلی دو گروه و نیز واریانس بین میانگین حقیقی دو گروه قرار دارد:

$$VA_{NFB} = \frac{q_{NFB} VA_{Nt} [1 - i_{NFB} (i_{NFB} - x_{NFB}) h^2_{Nt}] - \frac{q_{NFB} VA_{NFB} (m_{NFB} - m_{NFB})^2}{q_{NFB}} \quad (۸)$$

در معادله فوق، q و m به ترتیب نسبت انتخاب و میانگین را نشان می‌دهد و سایر علائم قبلاً تعریف شده‌اند. در زیرنویس‌های این معادله، T به معنی کل است. به عنوان مثال، q_{NFB} نشان دهنده نسبت انتخاب کل در میان ماده‌های جمعیت هسته است و از مجموع q_{NFB} و q_{NFB} حاصل می‌شود. به طریق مشابه، واریانس ژنتیکی افزایشی بین افراد ماده جمعیت پایه که برای خود پایه در نسل t انتخاب می‌شوند (VA_{BFBt}) از معادله زیر بدست می‌آید:

$$VA_{BFB} = \frac{q_{BFB} VA_{Bt} [1 - i_{BFB} (i_{BFB} - x_{BFB}) h^2_{Bt}] - \frac{q_{BFB} VA_{BFB} (m_{BFB} - m_{BFB})^2}{q_{BFB}} \quad (۹)$$

در این معادله q_{BFB} و q_{BFB} به ترتیب برابر است با نسبت انتخاب ماده‌های متولد پایه جهت جایگزینی در جمعیت هسته و پایه، q_{BFB} ، i_{BFB} و x_{BFB} به ترتیب برابر است با نسبت انتخاب، شدت انتخاب، نقطه قطع انتخاب کل ماده‌های پایه و m_{BFB} و m_{BFB} به ترتیب برابر با میانگین ماده‌های متولد جمعیت پایه جهت جایگزینی در جمعیت هسته و پایه می‌باشد.

مشابه چنین معادلاتی برای محاسبه واریانس ارزش اصلاحی نرهای انتخاب شده در مسیرهای مختلف استفاده می‌شود. واریانس ژنتیکی افزایشی کل ماده‌های نسل t که

در معادله فوق، G_0 ، پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار با فرض ثابت بودن واریانس، C_N و C_B به ترتیب تفاوت انتخاب ژنتیکی مربوط به جمعیت هسته و پایه و g سهم هسته از کل نقل و انتقالات جمعیت را نشان می‌دهد.

$$g = (w + y) / (w + y + x + v) \quad (۲)$$

w و y به ترتیب نرخ انتقال قوچ و میش از جمعیت هسته به پایه و v و x به ترتیب نرخ انتقال قوچ و میش از پایه به هسته را نشان می‌دهند. برای v مقدار صفر و برای x مقدار $0/5$ در نظر گرفته شد. همچنین، فرض شد مازاد نرها و ماده‌های هسته به منظور جایگزینی به پایه منتقل می‌شوند.

$$C_N = \frac{1}{2} [(1-v)D_{NMN} + vD_{BMN} + (1-x)D_{NFN} + xD_{BFN}] \quad (۳)$$

در این معادله، D نشان دهنده تفاوت انتخاب ژنتیکی و در زیر نویس‌ها، حرف اول نشان‌دهنده گله مبداء انتقال (N) به معنی جمعیت هسته و B به معنی جمعیت پایه)، حرف وسط علامت جنسیت (M به معنی نر و F به معنی ماده) و حرف آخر نیز بیانگر گله مقصد انتقال است. به عنوان مثال D_{BMN} به معنی تفاوت انتخاب ژنتیکی مربوط به مسیر نرهای پایه که به هسته منتقل می‌شوند است. تفاوت انتخاب از حاصل ضرب شدت انتخاب، صحت انتخاب و انحراف معیار ژنتیکی افزایشی تابع هدف انتخاب بدست می‌آید. همچنین برای پایه خواهیم داشت:

$$C_B = \frac{1}{2} (1-w)D_{BMB} + vD_{NMB} + (1-y)D_{BFB} + yD_{NFB} \quad (۴)$$

علائم مشابه آنچه که برای جمعیت هسته گفته شد، تعریف می‌شوند. برای محاسبه پیشرفت ژنتیکی، در صورت دخالت دادن اثر انتخاب بر واریانس ژنتیکی صفت باید واریانس ژنتیکی را در نسل‌های مختلف تا رسیدن به نسل تعادل که در آن واریانس ثابت می‌ماند، برآورد کرد. میانگین ارزش اصلاحی افراد هر یک از مسیرهای انتخاب برابر است با مجموع میانگین جمعیت مبداء و تفاوت انتخاب مربوطه. به عنوان مثال، میانگین ارزش اصلاحی ماده‌های نسل t هسته که برای جایگزینی در هسته انتخاب شده‌اند، به صورت زیر محاسبه شد:

$$m_{NFB} = m_{Nt} + D_{NFB} \quad (۵)$$

با توجه به (Bulmer (1971)، واریانس ژنتیکی افزایشی در میان افراد ماده انتخاب شده برای جایگزینی در داخل هسته در نسل t برابر است با:

$$VA_{NFB_t} = VA_{Nt} [1 - i_{NFB} - x_{NFB}] h^2_{Nt} \quad (۶)$$

آن در هسته است. با توجه به برابر بودن واریانس ژنتیکی افزایشی جمعیت هسته و پایه، حالت ۲ نشان‌دهنده بالا بودن واریانس محیطی در پایه است. از طرف دیگر حالت ۳ بیانگر کم بودن تنوع ژنتیکی در جمعیت پایه است. همچنین به منظور بررسی تأثیر اندازه هسته بر میزان اریبی در سه حالت بیان شده، اندازه هسته از ۵ تا ۲۰ درصد متغیر در نظر گرفته شد. جهت بررسی اثر تغییر وراثت‌پذیری بر میزان اریبی، دو نوع محاسبه انجام شد: نوع اول، ضمن اینکه وراثت‌پذیری هسته و پایه یکسان گرفته شد، مقدار آن از ۰/۱ تا ۰/۹ تغییر داده شد و در نوع دوم وراثت‌پذیری هسته ثابت و برابر با ۰/۲۴ گرفته شد، ولی وراثت‌پذیری پایه از ۰/۱ تا ۰/۹ تغییر داده شد (جداول ۲ و ۳).

نتایج و بحث

جدول ۱ مقادیر پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار با فرض ثابت بودن واریانس (G_0)، پیشرفت ژنتیکی در نسل تعادل با دخالت دادن اثر انتخاب بر واریانس ژنتیکی صفت (G_{eq}) و میزان اریبی ناشی از نادیده گرفتن اثر انتخاب (G_0/G_{eq}) را در سه حالت مختلف از نظر وراثت‌پذیری و واریانس ژنتیکی افزایشی صفت نشان می‌دهد. نتایج جدول ۱ نشان می‌دهد که نادیده گرفتن اثر انتخاب بر واریانس ژنتیکی صفت، منجر به بیش‌برآورد پیشرفت ژنتیکی می‌شود. تفاوت این نوع برآورد با برآورد واقعی که ناشی از دخالت اثر انتخاب بر واریانس ژنتیکی است نشان‌دهنده اریبی در پیش‌بینی پیشرفت ژنتیکی است. میزان اریبی بین ۱۴ تا ۱۸ درصد متغیر بود. بالاترین میزان اریبی در حالت ۱ که وراثت‌پذیری جمعیت هسته و پایه ۰/۲۴ بود، مشاهده شد. Muller and James (1983) نیز گزارش کردند زمانی که وراثت‌پذیری هسته و پایه برابر باشد، بالاترین میزان اریبی وجود دارد و میزان اریبی را بین ۲۰ تا ۲۵ درصد برآورد کردند، اما در دو حالت دیگر که وراثت‌پذیری پایه کمتر از ۰/۲۴ بود، اریبی کاهش یافت. طبق معادلات ۶ و ۷ ملاحظه می‌شود که اثر انتخاب بر واریانس ژنتیکی افزایشی به دو عامل شدت و صحت انتخاب بستگی دارد. بالا بودن وراثت‌پذیری، به معنی انتخاب فنوتیپی صحیح‌تر است و لذا اثر انتخاب بر کاهش واریانس ژنتیکی شدیدتر است و فاصله بین پیشرفت ژنتیکی حاصل از ثابت فرض کردن واریانس و دخالت انتخاب بر واریانس صفت را

از گله هسته و پایه انتخاب شده‌اند تا نتایج نسل بعد در هسته را به وجود آورند به صورت زیر بدست می‌آید:

$$VA_{NFi} = xVA_{BFNi} + (1-x)VA_{NFNi} + (1-x)(m_{NFNi} - m_{BFNi})^2 \quad (10)$$

همین طور برای پایه:

$$VA_{Bfi} = yVA_{NFBi} + (1-y)VA_{BFBi} + y(1-y)(m_{NFBi} - m_{BFBi})^2 \quad (11)$$

با استفاده از معادلات مشابه می‌توان واریانس ارزش اصلاحی نرهای انتخاب شده برای جمعیت هسته و پایه را محاسبه نمود. واریانس ارزش ژنتیکی افزایشی نتایج گله هسته و پایه نسل $t+1$ که از والدین انتخابی نسل t به دست می‌آیند، به ترتیب برابر است با:

$$VA_{Nt+1} = \frac{1}{4}VA_{NMt} + \frac{1}{4}VA_{NFi} + \frac{1}{2}VS_{Nt} \quad (12)$$

$$VA_{Bt+1} = \frac{1}{4}VA_{BMT} + \frac{1}{4}VA_{Bfi} + \frac{1}{2}VS_{Bt} \quad (13)$$

در اینجا، VS_{Nt} و VS_{Bt} به ترتیب واریانس اثر نمونه-گیری مندلی نسل t در گله هسته و پایه است. با توجه به این که مقدار این واریانس ممکن است در گله هسته و پایه مساوی نباشد، به صورت زیر محاسبه می‌شود:

$$VS_{Nt} = \frac{1}{2}(2-x-v)VS_{Nt-1} + \frac{1}{2}(x+v)VS_{Bt-1} \quad (14)$$

$$VS_{Bt} = \frac{1}{2}(2-y-w)VS_{Bt-1} + \frac{1}{2}(y+w)VS_{Nt-1} \quad (15)$$

هنگامی که انتخاب در طی نسل‌های مختلف جریان پیدا می‌کند، مقدار تغییر واریانس ارزش اصلاحی در جامعه کاهش می‌یابد تا به صفر برسد. در این حالت، واریانس ژنتیکی افزایشی ثابت مانده و سیستم به تعادل رسیده است. در نقطه تعادل پیشرفت ژنتیکی در هر نسل برابر است با:

$$G_{eq}^* = gC_N^* + (1-g)C_B^* \quad (16)$$

G_{eq}^* ، پیشرفت ژنتیکی در نسل تعادل با دخالت دادن اثر انتخاب بر واریانس ژنتیکی صفت است. C_N^* و C_B^* تفاوت انتخاب ژنتیکی جمعیت هسته و پایه هستند که از معادلات ۳ و ۴ بدست می‌آیند و علامت * نشان دهنده مقدار مربوط به نسل تعادل است. به منظور برآورد میزان اریبی از پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار ناشی از نادیده گرفتن اثر انتخاب، از نسبت G_0 به G_{eq} استفاده شد.

به منظور بررسی اثر تغییر پارامترها بر میزان اریبی، سه حالت مختلف از نظر وراثت‌پذیری و واریانس ژنتیکی افزایشی در نظر گرفته شد. در حالت ۱، جمعیت هسته و پایه از نظر واریانس ژنتیکی افزایشی و وراثت‌پذیری برابرند. در حالت ۲ و ۳ وراثت‌پذیری در پایه نصف مقدار

۹/۶۰ در نظر گرفته شد. در حقیقت افزایش وراثت‌پذیری در این جدول انعکاسی از کاهش تنوع اثرات محیطی در مشاهدات است که می‌تواند به دلایل مختلف از جمله بهبود مدیریت و یکنواخت‌سازی عوامل محیطی رخ دهد. اولین نکته‌ای که از این جدول می‌توان متوجه شد، افزایش پیشرفت ژنتیکی حاصل از انتخاب در اثر افزایش وراثت‌پذیری است. از طرف دیگر نتایج این جدول نشان دادند که میزان اربیی بین ۱۰ تا ۳۵ درصد متغیر بوده و بالاترین میزان اربیی در حالتی که وراثت‌پذیری هسته و پایه ۰/۹ بود، مشاهده شد. نتایج این جدول تأییدی است بر نتیجه‌ای که پیش از این بیان شد. همان‌طور که در بخش بالا ذکر شد براساس معادلات ۶ و ۷ با افزایش وراثت‌پذیری، اثر انتخاب بر کاهش واریانس ژنتیکی نیز شدیدتر است و فاصله بین مقدار پیشرفت ژنتیکی حاصل از ثابت فرض کردن واریانس و دخالت انتخاب بر واریانس صفت نیز بیشتر می‌شود. (Muller and James 1983, 1984) بیان کردند اگر وراثت‌پذیری در جمعیت هسته و پایه پایین باشد میزان اربیی نیز کوچکتر می‌شود و پیشرفت ژنتیکی را برای صفات با وراثت‌پذیری پایین به میزان ۳ تا ۵ درصد و برای صفات با وراثت‌پذیری بالا ۲۰ تا ۲۵ درصد بیشتر از مقدار واقعی برآورد می‌شود. جدول ۳ مقادیر پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار با فرض ثابت بودن واریانس یا با دخالت دادن اثر انتخاب بر واریانس ژنتیکی صفت و نیز میزان اربیی مربوطه را به ازای مقادیر مختلف وراثت‌پذیری جمعیت پایه نشان می‌دهد. در این جدول فرض شد که وراثت‌پذیری هسته ثابت و برابر ۰/۲۴ بود. همچنین واریانس ژنتیکی افزایشی جمعیت هسته و پایه یکسان در نظر گرفته شد. نتایج نشان می‌دهد میزان اربیی بین ۱۲ تا ۲۲ درصد متغیر بود. همان‌طور که از جدول ۲ مشاهده شد و انتظار هم می‌رفت، با افزایش مقادیر وراثت‌پذیری، میزان اربیی افزایش یافت، اما دامنه تغییرات اربیی بر خلاف حالت ذکر شده در جدول ۲ (که ۲۵ درصد بود) تنها ۱۰ درصد بود یعنی میزان اربیی و نیز پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار چندان تحت تأثیر مقادیر وراثت‌پذیری جمعیت پایه قرار نمی‌گیرد.

افزایش می‌دهد. از طرفی ملاحظه می‌شود که اربیی در حالت ۳ اندکی بیشتر از حالت ۲ است. دلیل این تفاوت را می‌توان با توجه به فرمول ۸ و ۹ توضیح داد. همان‌طور که در این فرمول مشاهده می‌شود، یکی از عوامل مهم در تعیین واریانس ژنتیکی افزایشی افرادی که به عنوان والدین جایگزین برای پایه انتخاب می‌شوند (اعم از اینکه از هسته آمده باشند یا از خود پایه تأمین می‌شوند) اختلاف بین میانگین ارزش ژنتیکی افراد جمعیت هسته و پایه است. این اختلاف در زمانی که واریانس ژنتیکی جمعیت پایه از جمعیت هسته کمتر است، شدیدتر خواهد بود. همان‌طور که از معادله ۵ مشاهده می‌شود، میانگین ژنتیکی یک گروه تابعی از تفاوت انتخاب مربوط به آن گروه است، که این به نوبه خود به واریانس ژنتیکی افزایشی جامعه‌ای که گروه مورد نظر از آن مشتق می‌شود، بستگی دارد. بنابراین، اثر انتخاب بر واریانس در صورت متفاوت بودن واریانس ژنتیکی بین هسته و پایه، بیشتر فرصت ظهور پیدا می‌کند.

شکل ۱ تغییرات میزان اربیی با اندازه‌های مختلف هسته را تحت سه حالت مختلف از نظر وراثت‌پذیری و واریانس ژنتیکی افزایشی صفت با توجه به جدول ۱ نشان می‌دهد. میزان اربیی بین ۱۰ تا ۲۰ درصد متغیر بود. میزان اربیی در حالت ۱ بیشتر از مقدار مربوطه در دو حالت دیگر بود. در حقیقت، این نتیجه تعمیمی است برای نتیجه مربوط به جدول ۱، مبنی بر اینکه میزان اربیی در صورت بالا بودن صحت انتخاب بیشتر است. با افزایش اندازه هسته، میزان اربیی اندکی افزایش می‌یابد اما قابل صرف‌نظر کردن است. (Muller and James 1983) نیز با شبیه‌سازی یک طرح اصلاح نژاد هسته باز برای گوسفندان استرالیا دریافتند که میزان اربیی برآورد پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار ناشی از نادیده گرفتن اثر انتخاب، به اندازه‌ی هسته حساسیت ندارد.

جدول ۲ مقادیر پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار با دخالت و عدم دخالت انتخاب بر واریانس ژنتیکی افزایشی و میزان اربیی ناشی از نادیده گرفتن اثر انتخاب بر کاهش واریانس ژنتیکی صفت را به ازای مقادیر مختلف وراثت‌پذیری هسته و پایه نشان می‌دهد. در این جدول، وراثت‌پذیری جمعیت هسته و پایه از ۰/۱ تا ۰/۹ تغییر داده شد اما واریانس افزایشی در جمعیت هسته و پایه ثابت و برابر

جدول ۱- پاسخ مورد انتظار به انتخاب در صفت وزن ۹ ماهگی گوسفند لری بختیاری تحت شرایط مختلف از نظر وراثت‌پذیری و واریانس ژنتیکی افزایشی*

Table 1. Expected response to selection for 9 month body weight in Lori Bakhtiari sheep under various conditions regarding heritability and additive genetic variance

	V_{AN}	h^2_N	V_{AB}	h^2_B	G_0	G_{eq}	Bias
Case 1	9.60	0.24	9.60	0.24	2.8037	2.3777	1.1791
Case 2	9.60	0.24	9.60	0.12	2.5578	2.2477	1.1380
Case 3	9.60	0.24	4.70	0.12	2.3751	2.0726	1.1469

* V_{AN} = Additive genetic variance in nucleus, V_{AB} = Additive genetic variance in base, h^2_N = Heritability in nucleus, h^2_B = Heritability in base (commercial herds), G_0 = Genetic gain assuming constant variance, G_{eq} = Genetic gain accounting for selection effect on variance at steady state generation, Bias= G_0/G_{eq} .

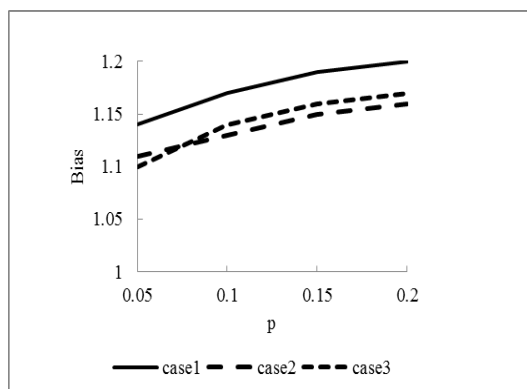


Fig. 1. Change in bias of estimation of genetic gain by changing the size of the nucleus under various cases regarding heritability and additive genetic variance. *p=Fraction of total population in nucleus
شکل ۱- تغییر میزان اریبی برآورد پیشرفت ژنتیکی به ازای تغییر در اندازه‌ی هسته تحت شرایط مختلف از نظر وراثت‌پذیری و واریانس ژنتیکی افزایشی*

جدول ۲- پاسخ مورد انتظار به انتخاب در صفت وزن ۹ ماهگی گوسفند لری بختیاری در ازای افزایش وراثت‌پذیری در جمعیت هسته و پایه*

Table 2. Expected response to selection for 9 month body weight in Lori Bakhtiari sheep by increasing heritability in nucleus and base (commercial herds)

h^2_N	h^2_B	G_0	G_{eq}	Bias
0.1	0.1	1.8098	1.6400	1.1036
0.2	0.2	2.5594	2.2077	1.1593
0.3	0.3	3.1346	2.5980	1.2066
0.4	0.4	3.6196	2.9033	1.2467
0.5	0.5	4.0468	3.1599	1.2807
0.6	0.6	4.4330	3.3975	1.3048
0.7	0.7	4.7882	3.6054	1.3281
0.8	0.8	5.1188	3.8044	1.3455
0.9	0.9	5.4293	4.0025	1.3565

* h^2_N = Heritability in nucleus, h^2_B = Heritability in base, G_0 = Genetic gain assuming constant variance, G_{eq} = Genetic gain accounting for selection effect on variance at steady state generation, Bias= G_0/G_{eq}

با توجه به اینکه در شرایط واقعی برآورد قابل اعتمادی از وراثت‌پذیری جمعیت پایه وجود ندارد، می‌توان در طراحی برنامه‌های اصلاحی و مقایسه آن‌ها از نظر پیشرفت ژنتیکی مورد انتظار، وراثت‌پذیری جمعیت پایه را برابر با مقدار آن در جمعیت هسته در نظر گرفت. بر اساس شکل ۱ و نیز نتایج (Muller and James (1983) میزان آریبی ناشی از نادیده گرفتن اثر انتخاب بر واریانس ژنتیکی افزایشی صفت تحت مطالعه به اندازه هسته (به ویژه وقتی که اندازه هسته از ۵ درصد بیشتر باشد) چندان حساس نیست.

جدول ۳- پاسخ مورد انتظار به انتخاب در وزن ۹ ماهگی گوسفند لری بختیاری به ازای افزایش وراثت‌پذیری در پایه*
Table 3. Expected response to selection for 9 month body weight in Lori Bakhtiari sheep by increasing heritability in base

h^2_N	h^2_B	G_0	G_{eq}	Bias
0.24	0.1	2.5061	2.2193	1.1292
0.24	0.2	2.7306	2.3353	1.1693
0.24	0.3	2.9028	2.4373	1.1910
0.24	0.4	3.0480	2.5291	1.2052
0.24	0.5	3.1759	2.6150	1.2145
0.24	0.6	3.1916	2.6975	1.2205
0.24	0.7	3.4969	2.7783	1.2230
0.24	0.8	3.4969	2.8590	1.2231
0.24	0.9	3.5849	2.9408	1.2207

* h^2_N = Heritability in nucleus, h^2_B = Heritability in base, G_0 = Genetic gain assuming constant variance, G_{eq} = Genetic gain accounting for selection effect on variance at steady state generation, Bias= G_0 / G_{eq} .

نتیجه‌گیری کلی

نتایج این تحقیق نشان داد که میزان آریبی ناشی از نادیده گرفتن انتخاب حداقل ۱۰ و حداکثر ۳۶ درصد بود و با افزایش وراثت‌پذیری جمعیت هسته و پایه، میزان آن نیز افزایش می‌یابد و با تغییر وراثت‌پذیری جمعیت پایه

حساسیت کمتری نشان داد. در صورت فقدان برآورد وراثت‌پذیری پایه، می‌توان از مقدار برآورد آن برای برآورد پیشرفت ژنتیکی در جمعیت هسته استفاده نمود.

فهرست منابع

- ابراهیمیان ن.، شادپرور ع. ا.، قوی حسین زاده ن. و عسگری همت ح. ۱۳۹۱. تاثیر نرخ انتقال قوچ از هسته به پایه بر روی رشد ژنتیکی در سیستم اصلاح نژاد هسته. مجموعه مقالات پنجمین کنگره علوم دامی ایران. شهر یور، اصفهان. صفحه ۵۲۱-۵۱۷.
- عسگری همت ح. و شادپرور ع. ا. ۱۳۹۱. بررسی تاثیر اندازه هسته بر پیشرفت ژنتیکی و تاخیر ژنتیکی با استفاده از شبیه‌سازی طرح اصلاح نژادی هسته باز. مجموعه مقالات پنجمین کنگره علوم دامی ایران. شهر یور، اصفهان. صفحه ۱۱۹۷-۱۱۹۳.
- وطن خواه م.، مرادی شهر بابک م.، نجاتی جوارمی ا.، میرائی آشتیانی. ر. و واعظ ترشیزی ر. ۱۳۸۳. مروری بر اصلاح نژاد گوسفند در ایران. کرج، ایران. صفحه: ۵۹۶-۵۹۰.
- وطن خواه م. ۱۳۸۴. ارائه‌ی مدل مناسب اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری در سیستم روستایی. رساله‌ی دکتری. دانشگاه تهران. ۲۰۷ ص.
- Bulmer M. G. 1971. The effect of selection on genetic variability. American Society of Naturalists, 195: 201-211.
- Dekkers J. C. M. 2004. Design and optimization of animal breeding programmes. University of Wageningen.
- Hopkins I. R. and James J.W. 1978. Theory of nucleus breeding schemes with overlapping generation. Theoretical and Applied Genetics, 53: 17-24.

- James J. W. 1977. Open nucleus breeding systems. *Animal Production*, 24: 287-305.
- Kosgey I. S., Baker R. L., Udo H. M. J. and Van Arendonk A. M. 2006. Successes and failures of small ruminant breeding programmes in the tropics a review. *Small Ruminant Research*, 61: 13-28.
- Kosgey I. S. and Okeyo A. M. 2007. Genetic improvement of small ruminant in low-input, smallholder production systems: technical and infrastructural issues. *Small Ruminant Research*, 70:76-88.
- Muller J. P. and James J. W. 1983. Effects of reduced variance due to selection in open nucleus breeding system. *Agricultural Research*, 34: 53-62.
- Muller J. P. and James J. W. 1984. Developments in open nucleus breeding system. *INTA Barioloche, Commication Tecnica PA Nro*, 175: 204-213.



Effect of trait heritability and nucleus size on the bias of estimates for genetic gain due to ignoring the selection effect in open nucleus breeding schemes

F. Shahverdi¹, A. A. Shadparvar^{2*}, M. Vatankhah³

1. M.Sc. Graduated student, Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran

2. Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran

3. Professor, Department of Animal Science, Agriculture and Natural Resources Research Center, Shahrekord, Iran

(Received: 09-06-2016 – Accepted: 26-12-2016)

Abstract

An open nucleus breeding scheme consisting a nucleus herd of 500 ewes and a commercial herd of 4500 ewes was simulated deterministically using the information of the population of Lori Bakhtiari sheep to investigate the effect of heritability and nucleus size on the bias of estimates for genetic gain. The objective function was 9 months body weight and the selection was based on own record. Different values for heritability in nucleus and commercial herd and also different nucleus sizes were considered and the expected genetic gain was estimated by ignoring or accounting for the selection effect and from the ratio of these two estimates the amount of bias of estimates for genetic gain was obtained. The results showed that when the heritability of the nucleus and the commercial herd were equal, the highest bias (18%) occurred. Increasing the heritability in nucleus and commercial herd from 0.1 to 0.9 showed the amount of bias was directly related to heritability and ranged from 10 to 36 %. When the heritability in nucleus was fixed at a given value, and the heritability in commercial herd changed, the rate of bias altered, but only by 10 % indicating the amount of bias is not so sensitive to the heritability in the commercial herd. Results related to the changes in nucleus size indicated that the amount of bias changed between 10 to 20 %; therefore, effect of this factor on the bias is negligible. In general, the most important factor on the bias of genetic gain estimates, due to ignoring the effect of selection, is the heritability.

Keywords: Selection effect, Genetic gain, Open nucleus system, Lori Bakhtiari sheep, Rate of bias

*Corresponding author: shad@guilan.ac.ir