

تأثیر ناقص بودن شجره پدری بر پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی و برآورد روند ژنتیکی صفات وزن از شیرگیری و افزایش وزن روزانه در گوسفند

مختارعلی عباسی*

۱. دانشیار پژوهش مؤسسه تحقیقات علوم دامی کشور، کرج، ایران.
(تاریخ دریافت: ۹۳/۲/۲۹ - تاریخ تصویب: ۹۳/۵/۱۹)

چکیده

صفت کمی وزن از شیرگیری و افزایش وزن روزانه از تولد تا هنگام از شیرگیری با وراثت پذیری ۰/۱۵ و ۰/۳ و همبستگی‌های فنوتیپی، ژنتیکی، و محیطی بین دو صفت ۰/۵ شبیه‌سازی شدند. فایل‌های داده‌شده و شجره با درصدهای متفاوت شجره پدر گمشده با مدل حیوان دوصفتی تجزیه و تحلیل شدند. با حذف تصادفی ۱۰ درصد شماره پدرها، میانگین ارزش اصلاحی برای صفت وزن از شیرگیری از ۱/۶۱ به ۰/۵۵ کیلوگرم و برای صفت افزایش وزن روزانه از ۶۹/۴۸ به ۲۴/۶۸ گرم تقلیل یافت. این در حالی است که در روش حذف متوالی، میانگین ارزش اصلاحی این دو صفت به ۱/۴۷ و ۶۳/۶۷ تقلیل یافت. کاهش روند ژنتیکی صفت افزایش وزن روزانه در حالت حذف تصادفی و متوالی ۱۰ درصد شماره پدرها، به ترتیب ۶۱/۳۲ و ۰/۶۶ درصد بود. این کاهش برای صفت وزن از شیرگیری به ترتیب ۶۳/۴۳ و صفر درصد به دست آمد. نقصان شجره پدری تأثیر زیادی بر برآورد ارزش اصلاحی و روند ژنتیکی دارد و برحسب میزان نقصان شجره بخشی از دقت در پیش‌بینی ارزش اصلاحی از دست می‌رود. از این رو روندهای ژنتیکی برآوردشده از داده‌های واقعی باید با توجه به میزان کامل بودن شجره پدر تحلیل شود.

کلیدواژگان: پیشرفت ژنتیکی، شبیه‌سازی رایانه‌ای، شجره پدری گمشده.

مقدمه

برنامه اصلاح نژاد گوسفند در ایران از حدود ۲۵ سال پیش آغاز گردید. در سال‌های ابتدایی اجرای این برنامه، ثبت شماره پدر در گله‌های گوسفند به علت مشکلات ناشی از اجرای برنامه آمیزش کنترل‌شده و تلقیح مصنوعی انجام نمی‌شد. از حدود ۴ سال پیش با اجرای برنامه تلقیح مصنوعی در اکثر گله‌ها شماره پدر ثبت گردیده است. با این وجود در کل جمعیت نژادهای گوناگون گوسفند ایران به‌ویژه در گله‌های مردمی، شجره پدر به‌طور کامل ثبت نشده است. ناقص بودن شجره سبب تشکیل ماتریس خویشاوندی ناصحیح شده و بر پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی و برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تأثیر گذاشته است و در نتیجه سبب اریب شدن برآوردها می‌شود (Vatankhah et al., 2004). از طرف دیگر ناقص بودن شجره از قابلیت مدل دام برای

تصحیح اثر جفتگیری غیر تصادفی می‌کاهد. میزان تأثیر اطلاعات شجره‌ای گم‌شده به عواملی مانند میزان اطلاعات گمشده، توزیع شجره گمشده در بین گله‌ها، میزان استفاده از تلقیح مصنوعی، تعداد نسل یا عمق شجره، و محدود به‌جنس بودن صفت بستگی دارد (Nilfroshan et al., 2008). به‌رغم مزایای نظری مدل حیوان، برخی داده‌ها و شجره‌های ناقص می‌توانند اعتبار و صحت برآورد مؤلفه‌ها و پارامترها را متأثر سازند (Clement et al., 2001). مطالعات گوناگونی در زمینه تأثیر خطای شجره و شجره گم‌شده پدری با استفاده از شبیه‌سازی رایانه‌ای در دنیا انجام شده است. براساس شرایط برنامه‌های اصلاح نژاد کشورها و حجم نقصان و خطا در شجره دام‌ها، درصدهای متفاوتی برای حذف و خطای شجره بررسی شده، قرار گرفته است که با شرایط ایران متفاوت است. برای مثال در کشورهای توسعه‌یافته

در پی آن وراثت‌پذیری صفت به‌طور جزئی کاهش یافت. این در حالی است که در حالت وراثت‌پذیری ۰/۳۰ برای صفت کمی، با حذف تصادفی شماره پدرها، واریانس فنوتیپی تقریباً ثابت، واریانس ژنتیکی کاهش، و واریانس محیطی افزایش یافت. این تغییرات به کاهش معنی‌دار وراثت‌پذیری صفت منجر شد (Abbasi *et al.*, 2011).

این محققان چنین نتیجه گرفتند که تأثیر نقصان شجره پدر بر برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی به عواملی چون میزان نقص شجره پدر، مقدار وراثت‌پذیری صفت در جامعه، و روش حذف شجره (تصادفی یا متوالی) بستگی دارد. در پژوهش دیگری تأثیر ساختار شجره بر پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی در حالت شبیه‌سازی یک‌صفتی بررسی شد و نتایج حاصل نشان داد که میانگین ارزش‌های اصلاحی و روند ژنتیکی و پیشرفت ژنتیکی سالیانه در دو حالت حذف تصادفی و متوالی شجره پدر کاهش می‌یابد (Aghaei *et al.*, 2008). در تحقیقات ذکرشده (Abbasi *et al.*, 2011; Aghaei *et al.*, 2008) تأثیر نقصان شجره پدر بر پارامترهای ژنتیکی یک صفت بررسی شده است. اما در عمل چند صفت مهم اقتصادی در اصلاح نژاد گوسفند مد نظر است که این صفات با یکدیگر همبسته‌اند و نقصان شجره پدر بر همبستگی‌های ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی، پارامترهای ژنتیکی، دقت انتخاب، پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی، و روند ژنتیکی آنها تأثیر داشته که ممکن است متفاوت از حالت تک‌صفتی باشد. از این رو هدف از تحقیق حاضر بررسی تأثیر درصدهای گوناگون نقصان شجره و روش ایجاد نقصان (تصادفی و متوالی) بر پیش‌بینی ارزش اصلاحی و برآورد روند ژنتیکی دو صفت وابسته است.

مواد و روش‌ها

برای بررسی تأثیر درصدهای گوناگون نقصان شجره پدر بر میزان پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی و روند ژنتیکی صفات کمی وابسته، یک جمعیت حیوانی با روش شبیه‌سازی دوصفتی ایجاد شد. صفت وزن از شیرگیری با میانگین ۲۲/۳۹ کیلوگرم، واریانس ژنتیکی افزایشی ۱/۷۳، واریانس محیطی ۹/۷۸، واریانس فنوتیپی ۱۱/۵۰، وراثت‌پذیری ۰/۱۵، و صفت افزایش وزن روزانه از تولد

میزان خطا و نقص در شجره کم است و محققان دامنه محدودی از خطا و نقصان شجره را مطالعه می‌کنند. اما در ایران برای مدت بیش از ۱۰ سال در گله‌های مردمی اصلاً شجره پدر ثبت نشده است. از این رو دامنه تغییرات در خطا و نقص شجره پدری در ایران بسیار زیاد است و در مطالعه حاضر شرایط طبیعی موجود در گله‌های مردمی پرورش‌دهنده گوسفند از نظر ثبت شجره بررسی شده است.

تحقیقات انجام‌شده در زمینه اثر اطلاعات پدری نادرست و گم‌شده بر میزان پیشرفت ژنتیکی در جامعه گاو شیری آنگلو^۱ با استفاده از شبیه‌سازی قطعی^۲ نشان داد که اطلاعات پدری نادرست و گم‌شده سبب کاهش برآورد پیشرفت ژنتیکی شده و این کاهش در صفاتی با وراثت‌پذیری پایین نسبتاً مشهودتر است. در این تحقیق اثر نامطلوب شجره اشتباه در مقایسه با شجره نامعلوم ۱/۴ برابر بیشتر برآورد شد (Sanders *et al.*, 2006). اطلاعات ناکافی شجره پدری انحراف معیار بین تکرارهای گوناگون برآوردها را افزایش و نارایب‌بودن برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی را تحت تأثیر قرار می‌دهد (Clement *et al.*, 2001). در تحقیق دیگری نشان داده شد که ۱۰ درصد اشتباه در تشخیص هویت پدری، پیشرفت ژنتیکی سالیانه واقعی، برآورد شده و تجمعی را در مدت ۲۰ سال به ترتیب ۴/۳، ۶، و ۳/۵ درصد کاهش داده است (Israel & Weller, 2000). با افزایش حجم میزان اطلاعات پدری گم‌شده، قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی و پاسخ به انتخاب و میانگین ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی‌شده کاهش می‌یابد (Harder *et al.*, 2005).

عباسی و همکاران (2011) به بررسی تأثیرات حذف تصادفی و متوالی شماره پدر بر برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی یک صفت کمی پرداختند و نشان دادند که در حالت حذف تصادفی، واریانس فنوتیپی صفت کمی (h²=۰/۱۵) با افزایش درصد نقصان شجره پدر تقریباً ثابت بود. اما واریانس ژنتیکی افزایشی به‌طور جزئی کاهش و واریانس محیطی افزایش یافت و

1. Angeln
2. Deterministic Simulation

سال‌های اولیه شماره پدراها وجود نداشته و در طی ۴ تا ۵ سال گذشته شماره پدراها ثبت شده است. در روش حذف تصادفی با برنامه‌نویسی در محیط ویژوال بیسیک با استفاده از تابع RND، درصد‌های متفاوتی از شماره پدراها به‌طور تصادفی از کل فایل حذف شد. این حالت شبیه مواقعی است که در گله‌های گوسفند با جفت‌گیری‌های ناخواسته امکان ثبت شماره پدرا بعضی پدراها وجود ندارد. در پایان، فایل داده‌های حاصل با مدل حیوان دوصفتی و نرم‌افزار DFREML نسخه ۳/۱ تجزیه و تحلیل شدند (Meyer, 2001). پیشرفت ژنتیکی صفات از طریق مقایسه میانگین ارزش اصلاحی (R) سال‌های گوناگون و روند ژنتیکی به روش محاسبه رگرسیون ارزش اصلاحی بر سال ($b_{BV,y}$) محاسبه شدند.

نتایج و بحث

ایجاد فایل داده‌ها

با اجرای برنامه شبیه‌سازی فایل داده‌ها با حدود ۲۰۶۲۸ حیوان با ۲۷۵۰ حیوان پایه (دارای شماره پدرا و مادر صفر) ایجاد شد (جدول ۱). این فایل شامل شماره حیوان، شماره پدرا، شماره مادر، ارزش فنوتیپی صفت وزن از شیرگیری، و ارزش فنوتیپی صفت سرعت رشد روزانه بود. با برنامه نگارش شده در محیط ویژوال بیسیک ۶ فایل داده‌شده بررسی شد و در هر بار اجرای برنامه ۱۰، ۲۰، و تا ۱۰۰ درصد شماره‌های پدرا با دو روش تصادفی و متوالی حذف شدند و فایل‌های حاصل به‌طور مجزا ذخیره گردیدند.

تا از شیرگیری با میانگین ۱۹۰ گرم، واریانس ژنتیکی افزایشی ۱۰۷۸/۲۰، واریانس محیطی ۲۵۱۵/۸۰، واریانس فنوتیپی ۳۵۹۴ (انحراف معیار حدود ۶۰ گرم)، و وراثت‌پذیری ۰/۳ در نظر گرفته شدند. همبستگی ژنتیکی، محیطی، و فنوتیپی بین دو صفت در حد متوسط گزارش شده توسط تحقیقات گوناگون، معادل ۰/۵ فرض شد. در جمعیت شبیه‌سازی شده قوچ و میش برتر برای تولید نسل بعد، براساس شاخص دوصفتی انتخاب شدند. آمیزش قوچ و میش‌های انتخاب شده تصادفی بود و حداکثر سن نگهداری قوچ و میش در جمعیت به ترتیب ۳ و ۶ سال بود. نسبت حیوانات ماده به نر ۱۵ و طول مدت پرورش ۱۰ سال در نظر گرفته شد. برای مدت ۱۰ سال تمام مراحل، اطلاعات شجره، و عملکرد حیوانات حاصل شده برای جمعیت در یک فایل ذخیره شد. این فایل‌ها حاوی مقادیر مربوط به شماره حیوان، شماره پدرا، شماره مادر، ارزش فنوتیپی، ارزش اصلاحی شبیه‌سازی شده (واقعی)، و ارزش محیطی دوصفت بودند. در هر یک از دو فایل داده‌های شبیه‌سازی شده ۰، ۱۰، ... تا ۱۰۰ درصد شجره پدرا با دو روش تصادفی و متوالی حذف شدند. در روش متوالی در هر بار ۱۰، ۲۰، ... و ۱۰۰ درصد شماره پدرا به ترتیب از ابتدای فایل تا انتها حذف شدند و فایل مربوط به هر سطح حذف شماره پدرا، ذخیره گردید. این حالت شبیه وضعیت فعلی گله‌های گوسفند عضو طرح محوری قوچ در ایران است که از سال مشخصی به‌علت اجرای برنامه تلقیح مصنوعی شماره پدراها ثبت شده است. یعنی در

جدول ۱. میانگین، انحراف معیار و برخی اطلاعات شجره‌ای مربوط به حالت‌های حذف تصادفی و متوالی شماره پدرا

| درصد نقصان شجره پدري | ۰ | ۱۰ | ۲۰ | ۳۰ | ۴۰ | ۵۰ | ۶۰ | ۷۰ | ۸۰ | ۹۰ | ۱۰۰ |
|---|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| تعداد حیوانات پایه | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ |
| تعداد حیوانات دارای رکورد | ۲۰۶۲۸ | ۲۰۶۲۸ | ۲۰۶۲۸ | ۲۰۶۲۸ | ۲۰۶۲۸ | ۲۰۶۲۸ | ۲۰۶۲۸ | ۲۰۶۲۸ | ۲۰۶۲۸ | ۲۰۶۲۸ | ۲۰۶۲۸ |
| تعداد حیوانات دارای پدرا نامعلوم (تصادفی) | ۲۷۵۰ | ۴۴۹۰ | ۶۳۴۸ | ۷۹۴۷ | ۹۹۰۸ | ۱۱۷۹۰ | ۱۳۴۲۴ | ۱۵۲۷۲ | ۱۶۹۷۳ | ۱۸۷۵۹ | ۲۰۶۲۸ |
| تعداد حیوانات دارای پدرا نامعلوم (متوالی) | ۲۷۵۰ | ۴۵۳۷ | ۶۳۲۵ | ۸۱۱۳ | ۹۹۰۱ | ۱۱۶۸۹ | ۱۳۴۷۵ | ۱۵۲۶۴ | ۱۷۰۵۲ | ۱۸۸۴۰ | ۲۰۶۲۸ |
| تعداد حیوانات دارای مادر نامعلوم | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ | ۲۷۵۰ |

در فایل شجره، تعداد پدراهای نامعلوم در دو حالت حذف تصادفی و متوالی تقریباً مشابه بود. در فایل‌های داده شبیه‌سازی شده میانگین صفت وزن از شیرگیری $\pm ۳/۷۸$ و صفت افزایش وزن روزانه از تولد تا هنگام

در روش حذف تصادفی با حذف ۱۰ درصد شماره پدرا، تعداد پدرا نامعلوم از ۲۷۵۰ به ۴۴۹۰ و در حذف مثلاً ۸۰ درصد تعداد پدرا نامعلوم به ۱۶۹۷۳ افزایش یافت. با وجود متفاوت بودن شیوه حذف شماره‌های پدرا

پدرها، میانگین ارزش اصلاحی این دو صفت به $1/471$ و $63/67$ تقلیل یافت. کاهش میانگین ارزش اصلاحی در روش حذف متوالی نیز معنی‌دار بود ($p < 0/001$)، اما در مقایسه با روش حذف تصادفی ملایم‌تر بود. در شجره فاقد شماره پدر میانگین ارزش اصلاحی وزن از شیرگیری $0/22$ و افزایش وزن روزانه $9/53$ برآورد شد که در مقایسه با شجره کامل کاهش شایان توجهی نشان می‌دهد. این روند نزولی در مقایسه با حالت شبیه‌سازی یک‌صفتی با دو وراثت‌پذیری $0/15$ و $0/30$ بیشتر بود (Aghaei et al., 2008). Senneke et al. (2004) نیز کاهش میانگین ارزش‌های اصلاحی در اثر تشخیص هویت نادرست ۱۰ تا ۵۰ درصد شجره پدر را گزارش کرده‌اند. با افزایش میزان نقصان شجره، کاهش میانگین ارزش‌های اصلاحی نیز بیشتر بوده است.

در روش حذف تصادفی، روند ژنتیکی یا رگرسیون ارزش اصلاحی بر سال با افزایش میزان نقصان شجره به‌طور شدیدی کاهش یافت.

از شیرگیری $196/80 \pm 68/40$ برآورد شد که نزدیک به مقادیر $22/39 \pm 3/39$ و $190/00 \pm 59/97$ استفاده‌شده در شبیه‌سازی جمعیت هستند.

میانگین ارزش‌های اصلاحی و روند ژنتیکی

روند ژنتیکی و میانگین ارزش‌های اصلاحی صفات وزن از شیرگیری و افزایش وزن روزانه بعد از ۱۰ سال انتخاب در سطوح گوناگون حذف تصادفی و متوالی شجره پدر در جدول ۲ نشان داده شده است. میانگین ارزش اصلاحی واقعی صفات وزن از شیرگیری و افزایش وزن روزانه در جمعیت شبیه‌سازی‌شده به ترتیب $1/63$ و $72/64$ و میانگین برآوردشده از شجره کامل به ترتیب $1/61$ و $69/48$ بود که مقادیر برآوردشده به مقادیر واقعی نزدیک‌اند. با حذف تصادفی ۱۰ درصد شماره پدرها، میانگین ارزش اصلاحی دو صفت شدیداً کاهش یافت، به طوری که برای صفت وزن از شیرگیری به $0/55$ و برای صفت افزایش وزن روزانه به $24/68$ رسید ($P < 0/001$). در روش حذف متوالی ۱۰ درصد شماره

جدول ۲. میانگین ارزش اصلاحی (BV) و رگرسیون ارزش اصلاحی بر سال ($b_{BV,Y}$) در حالت حذف تصادفی و حذف متوالی شماره پدر

| | حذف تصادفی | | | | حذف متوالی | | | |
|------------|-------------------|-------|--------------------|-------|-------------------|-------|--------------------|-------|
| | وزن از شیرگیری | | افزایش وزن روزانه | | وزن از شیرگیری | | افزایش وزن روزانه | |
| | $b_{BV,Y}$ | BV | $b_{BV,Y}$ | BV | $b_{BV,Y}$ | BV | $b_{BV,Y}$ | BV |
| جامعه پایه | $0/332 \pm 0/003$ | ۱/۶۳۲ | $-0/322 \pm 0/003$ | ۱/۶۳۲ | $0/332 \pm 0/003$ | ۱/۶۳۲ | $-0/322 \pm 0/003$ | ۱/۶۳۲ |
| ۰ | $0/350 \pm 0/002$ | ۱/۶۰۶ | $-0/350 \pm 0/002$ | ۱/۶۰۶ | $0/350 \pm 0/002$ | ۱/۶۰۶ | $-0/350 \pm 0/002$ | ۱/۶۰۶ |
| ۱۰ | $0/128 \pm 0/002$ | ۰/۵۴۸ | $-0/354 \pm 0/002$ | ۱/۴۷۱ | $0/128 \pm 0/002$ | ۰/۵۴۸ | $-0/354 \pm 0/002$ | ۱/۴۷۱ |
| ۲۰ | $0/075 \pm 0/002$ | ۰/۳۶۹ | $-0/321 \pm 0/002$ | ۱/۲۰۹ | $0/075 \pm 0/002$ | ۰/۳۶۹ | $-0/321 \pm 0/002$ | ۱/۲۰۹ |
| ۳۰ | $0/060 \pm 0/002$ | ۰/۲۷۲ | $-0/272 \pm 0/002$ | ۰/۹۴۰ | $0/060 \pm 0/002$ | ۰/۲۷۲ | $-0/272 \pm 0/002$ | ۰/۹۴۰ |
| ۴۰ | $0/048 \pm 0/002$ | ۰/۲۲۸ | $-0/243 \pm 0/002$ | ۰/۷۹۹ | $0/048 \pm 0/002$ | ۰/۲۲۸ | $-0/243 \pm 0/002$ | ۰/۷۹۹ |
| ۵۰ | $0/031 \pm 0/001$ | ۰/۱۷۷ | $-0/229 \pm 0/002$ | ۰/۷۲۶ | $0/031 \pm 0/001$ | ۰/۱۷۷ | $-0/229 \pm 0/002$ | ۰/۷۲۶ |
| ۶۰ | $0/020 \pm 0/001$ | ۰/۱۲۷ | $-0/148 \pm 0/002$ | ۰/۴۵۵ | $0/020 \pm 0/001$ | ۰/۱۲۷ | $-0/148 \pm 0/002$ | ۰/۴۵۵ |
| ۷۰ | $0/033 \pm 0/001$ | ۰/۱۷۵ | $-0/114 \pm 0/002$ | ۰/۳۶۷ | $0/033 \pm 0/001$ | ۰/۱۷۵ | $-0/114 \pm 0/002$ | ۰/۳۶۷ |
| ۸۰ | $0/019 \pm 0/001$ | ۰/۱۱۰ | $-0/071 \pm 0/002$ | ۰/۲۵۴ | $0/019 \pm 0/001$ | ۰/۱۱۰ | $-0/071 \pm 0/002$ | ۰/۲۵۴ |
| ۹۰ | $0/027 \pm 0/001$ | ۰/۱۵۳ | $-0/063 \pm 0/002$ | ۰/۲۵۱ | $0/027 \pm 0/001$ | ۰/۱۵۳ | $-0/063 \pm 0/002$ | ۰/۲۵۱ |
| ۱۰۰ | $0/041 \pm 0/002$ | ۰/۲۱۹ | $-0/041 \pm 0/002$ | ۰/۲۱۹ | $0/041 \pm 0/002$ | ۰/۲۱۹ | $-0/041 \pm 0/002$ | ۰/۲۱۹ |

سرعت کاهش روند ژنتیکی در حالت حذف تصادفی بیشتر از حذف متوالی است. کاهش روند ژنتیکی برای ۱۰ درصد حذف در مقایسه با شجره کامل در روش حذف تصادفی $63/43$ درصد و در روش حذف متوالی $0/69$ درصد بود. مقدار کاهش روند ژنتیکی در حالت حذف متوالی ۱۰ درصد شجره پدر غیر معنی‌دار و پس از آن با افزایش سطح نقصان شجره معنی‌دار بود. مقایسه نتایج تحقیق حاضر با نتایج پژوهش Aghaei et al. (2008) نشان می‌دهد که میزان کاهش روند ژنتیکی

روند ژنتیکی واقعی در جمعیت شبیه‌سازی‌شده برای وزن از شیرگیری $0/332$ و برای افزایش وزن روزانه $15/18$ و مقدار برآوردشده در شجره کامل برای این دو صفت به ترتیب $0/35$ و $15/19$ و در شجره با ۱۰ درصد حذف تصادفی $0/13$ و $6/15$ و در شجره با ۱۰ درصد حذف متوالی $0/35$ و $15/09$ و در شجره فاقد شماره پدر به ترتیب $0/04$ و $2/04$ بود. این نتایج نشان می‌دهد که هرچند دامنه تغییرات روند ژنتیکی در هر دو روش حذف شماره پدر و برای هر دو صفت یکسان است، اما

متفاوت حذف یکنواخت نبود. در طول سال ها نیز میزان پیشرفت ژنتیکی با افزایش درصد حذف شجره کاهش یافت.

میزان کاهش در درصدهای گوناگون حذف اولیه زیاد و سپس تدریجی تر شده است. میانگین پیشرفت ژنتیکی سالیانه درصدهای متفاوت حذف، مشابه مقادیر روند ژنتیکی (رگرسیون ارزش های اصلاحی بر سال) بود. روند تغییرات میزان پیشرفت ژنتیکی در روش حذف متوالی ملایم تر از روش حذف تصادفی بود (جدول ۴). مقادیر این پارامتر برای درصدهای گوناگون حذف شجره پدر نیز مشابه روند ژنتیکی برآورد شده با روش رگرسیون ارزش اصلاحی بر سال بود. مقادیر میانگین ارزش اصلاحی و پیشرفت ژنتیکی سالیانه در هر دو روش بیشتر از مقادیر متناظر خود در حالت شبیه سازی یک صفتی با وراثت پذیری ۰/۱۵ در تحقیق Aghaei et al. (2008) بود.

در حالت شبیه سازی دوصفتی تحقیق حاضر بیشتر از کاهش مشاهده شده در شبیه سازی یک صفتی با دو وراثت پذیری ۰/۱۵ و ۰/۳۰ در تحقیق مذکور بود. علت این امر می تواند متأثر بودن تغییرات یک صفت از صفت دیگر به واسطه وجود همبستگی ژنتیکی مثبت بین دو صفت باشد. چون همبستگی ژنتیکی بین دو صفت مثبت فرض شده است، برای هر دو صفت پیشرفت ژنتیکی مستقیم و غیر مستقیم وجود دارد. در حالی که در حالت یک صفتی فقط پیشرفت ژنتیکی مستقیم حاصل می شود.

پیشرفت ژنتیکی سالیانه

میزان پیشرفت ژنتیکی سالیانه صفات وزن از شیرگیری و افزایش وزن روزانه براساس درصدهای گوناگون حذف تصادفی و متوالی شجره پدر به ترتیب در جداول ۳ و ۴ نشان داده شده است. برای هر دو صفت میزان تغییرات پیشرفت ژنتیکی سالیانه با افزایش سال در درصدهای

جدول ۳. پیشرفت ژنتیکی سالیانه صفات وزن از شیرگیری و افزایش وزن روزانه براساس درصدهای گوناگون حذف تصادفی شماره پدر

| در مدت ۱۰ سال انتخاب | | | | | | | | | | | |
|----------------------|--------|--------|--------|--------|--------|-------|--------|-------|-------|-------|-------|
| وزن از شیرگیری | | | | | | | | | | | |
| سال/حذف | ۰ | ۱۰ | ۲۰ | ۳۰ | ۴۰ | ۵۰ | ۶۰ | ۷۰ | ۸۰ | ۹۰ | ۱۰۰ |
| ۱ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ |
| ۲ | -۰/۴۸۰ | -۰/۱۶۱ | -۰/۱۶۱ | -۰/۱۱۶ | -۰/۱۰۵ | -۰/۹۱ | -۰/۷۲ | -۰/۸۱ | -۰/۶۱ | -۰/۶۷ | -۰/۹۸ |
| ۳ | -۰/۴۰۲ | -۰/۱۴۴ | -۰/۷۹ | -۰/۲۲ | -۰/۲۶ | -۰/۳۵ | -۰/۲۴ | -۰/۴۵ | -۰/۲۷ | -۰/۶۰ | -۰/۹۴ |
| ۴ | -۰/۲۰۹ | -۰/۰۰۶ | -۰/۰۱ | -۰/۰۱ | -۰/۰۱ | -۰/۰۱ | -۰/۰۰۲ | -۰/۱۹ | -۰/۰۶ | -۰/۲۱ | -۰/۳۶ |
| ۵ | -۰/۳۶۱ | -۰/۱۷۵ | -۰/۱۲۲ | -۰/۱۲۱ | -۰/۸۸ | -۰/۷۵ | -۰/۴۱ | -۰/۲۸ | -۰/۲۳ | -۰/۲۹ | -۰/۳۵ |
| ۶ | -۰/۳۳۸ | -۰/۱۲۸ | -۰/۵۹ | -۰/۷۰ | -۰/۵۴ | -۰/۳۸ | -۰/۲۵ | -۰/۵۵ | -۰/۳۶ | -۰/۴۴ | -۰/۶۰ |
| ۷ | -۰/۴۳۲ | -۰/۱۹۸ | -۰/۱۱۱ | -۰/۰۶ | -۰/۷۲ | -۰/۲۵ | -۰/۳۳ | -۰/۳۷ | -۰/۲۷ | -۰/۱۵ | -۰/۱۹ |
| ۸ | -۰/۳۶۱ | -۰/۱۵۵ | -۰/۸۰ | -۰/۶۳ | -۰/۵۴ | -۰/۲۱ | -۰/۰ | -۰/۰۹ | -۰/۰۴ | -۰/۰۱ | -۰/۱۸ |
| ۹ | -۰/۲۸۷ | -۰/۵۶ | -۰/۱۷ | -۰/۲۲ | -۰/۰ | -۰/۰ | -۰/۰۲ | -۰/۰۵ | -۰/۰۴ | -۰/۱۲ | -۰/۱۸ |
| ۱۰ | -۰/۳۰۹ | -۰/۱۰۴ | -۰/۸۴ | -۰/۴۵ | -۰/۵۱ | -۰/۲۱ | -۰/۰۷ | -۰/۲۷ | -۰/۰۴ | -۰/۰۲ | -۰/۰۴ |
| میانگین | -۰/۳۵۳ | -۰/۱۲۵ | -۰/۷۸ | -۰/۵۹ | -۰/۴۹ | -۰/۳۲ | -۰/۲۰ | -۰/۳۳ | -۰/۲۴ | -۰/۲۸ | -۰/۴۲ |
| افزایش وزن روزانه | | | | | | | | | | | |
| سال/حذف | ۰ | ۱۰ | ۲۰ | ۳۰ | ۴۰ | ۵۰ | ۶۰ | ۷۰ | ۸۰ | ۹۰ | ۱۰۰ |
| ۱ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ |
| ۲ | ۱۸/۰۱ | ۴/۶۷ | ۳/۴۵ | ۲/۶۴ | ۲/۵۹ | ۲/۴۴ | ۲/۱۱ | ۲/۵۳ | ۲/۳۰ | ۲/۷۰ | ۳/۷۱ |
| ۳ | ۱۹/۸۰ | ۸/۷۷ | ۶/۵۳ | ۵/۱۸ | ۴/۶۵ | ۳/۷۶ | ۳/۴۲ | ۳/۴۲ | ۲/۹۴ | ۳/۰۱ | ۴/۲۶ |
| ۴ | ۱۲/۸۸ | ۴/۴۶ | ۳/۰۰ | ۲/۷۲ | ۲/۲۹ | ۱/۶۸ | ۱/۶۷ | ۱/۹۲ | ۱/۴۶ | ۱/۶۰ | ۱/۶۸ |
| ۵ | ۱۱/۹۹ | ۴/۶۴ | ۳/۳۴ | ۲/۵۸ | ۲/۲۷ | ۱/۸۵ | ۱/۳۳ | ۱/۱۴ | ۱/۰۵ | ۱/۳۳ | ۱/۸۷ |
| ۶ | ۱۵/۹۵ | ۷/۰۸ | ۴/۸۳ | ۳/۸۶ | ۲/۹۸ | ۲/۸۹ | ۱/۹۲ | ۲/۱۲ | ۱/۷۴ | ۱/۷۲ | ۲/۲۳ |
| ۷ | ۱۶/۶۸ | ۷/۶۸ | ۴/۹۳ | ۴/۰۱ | ۲/۷۸ | ۲/۷۲ | ۲/۳۴ | ۲/۲۸ | ۱/۹۴ | ۱/۷۵ | ۱/۸۷ |
| ۸ | ۱۴/۴۹ | ۶/۱۲ | ۴/۱۹ | ۳/۵۹ | ۲/۶۰ | ۱/۸۰ | ۱/۱۹ | ۱/۱۹ | ۱/۱۵ | ۱/۱۹ | ۱/۷۳ |
| ۹ | ۱۵/۳۵ | ۶/۱۷ | ۳/۹۸ | ۲/۵۷ | ۲/۱۰ | ۱/۰۵ | ۱/۳۳ | ۱/۵۷ | ۱/۰۵ | ۱/۲۰ | -۰/۷۴ |
| ۱۰ | ۱۲/۳۵ | ۴/۴۸ | ۴/۰۳ | ۱/۹۵ | ۱/۶۹ | -۰/۸۹ | -۰/۵۲ | -۰/۶۳ | -۰/۱۱ | -۰/۱۳ | -۰/۱۴ |
| میانگین | ۱۵/۲۸ | ۶/۰۱ | ۴/۲۵ | ۳/۲۳ | ۲/۶۶ | ۲/۱۲ | ۱/۷۵ | ۱/۸۷ | ۱/۵۳ | ۱/۶۳ | ۲/۰۳ |

Banos و Senneke et al., 2004؛ Harder et al., 2005 (et al., 2001). Sanders et al. (2006) نشان دادند که اطلاعات پدری گمشده و نادرست سبب کاهش پیشرفت

کاهش پیشرفت ژنتیکی برآورد شده در اثر نقصان شجره در تحقیقات گوناگونی نشان داده شده است (Israel & Weller, 2000؛ Sanders et al., 2006)

Weller, 2000) Gelderman *et al.* (1986) نشان دادند که شناسایی ناصحیح شجره پدر به میزان ۱۵ درصد، سبب می‌شود پیشرفت ژنتیکی برای صفاتی با وراثت‌پذیری ۰/۵ و ۰/۲ به ترتیب ۹ و ۱۷ درصد کاهش یابد.

ژنتیکی می‌شود که این کاهش برای صفاتی با وراثت‌پذیری بالا مشهودتر است. همچنین گزارش شده است که اشتباه در تشخیص هویت پدر سبب کاهش پیشرفت ژنتیکی واقع‌برآورد، شده است و تجمعی بعد از ۲۰ سال به میزان ۴/۳، ۶، و ۳/۵ درصد می‌شود (Israel

جدول ۴. پیشرفت ژنتیکی سالیانه صفات وزن از شیرگیری و افزایش وزن روزانه براساس درصد‌های گوناگون حذف متوالی شماره پدر در مدت ۱۰ سال انتخاب

| سال/حذف | وزن از شیرگیری | | | | | | | | | |
|---------|-------------------|-------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| | ۱۰۰ | ۹۰ | ۸۰ | ۷۰ | ۶۰ | ۵۰ | ۴۰ | ۳۰ | ۲۰ | ۱۰ |
| ۱ | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . |
| ۲ | ۰/۰۹۸ | ۰/۰۹۳ | ۰/۰۸۱ | ۰/۰۸۷ | ۰/۰۸۳ | ۰/۱۰۴ | ۰/۰۹۹ | ۰/۱۰۱ | ۰/۱۱۳ | ۰/۱۶۵ |
| ۳ | ۰/۰۹۴ | ۰/۰۸۶ | ۰/۰۷۵ | ۰/۰۸۴ | ۰/۰۷۸ | ۰/۱۰۰ | ۰/۰۸۹ | ۰/۰۹۷ | ۰/۱۱۵ | ۰/۱۵۳ |
| ۴ | ۰/۰۳۶ | ۰/۰۳۴ | ۰/۰۲۸ | ۰/۰۳۱ | ۰/۰۳۰ | ۰/۰۳۰ | ۰/۰۴۱ | ۰/۰۹۱ | ۰/۴۰۷ | ۰/۲۴۱ |
| ۵ | ۰/۰۳۵ | ۰/۰۳۲ | ۰/۰۲۶ | ۰/۰۳۰ | ۰/۰۲۶ | ۰/۰۴۵ | ۰/۱۶۵ | ۰/۴۳۹ | ۰/۳۴۳ | ۰/۳۶۸ |
| ۶ | ۰/۰۶۰ | ۰/۰۵۸ | ۰/۰۵۱ | ۰/۰۴۸ | ۰/۰۵۱ | ۰/۲۸۴ | ۰/۴۷۲ | ۰/۳۳۵ | ۰/۳۳۶ | ۰/۳۵۱ |
| ۷ | ۰/۰۱۹ | ۰/۰۱۴ | ۰/۰۰۷ | ۰/۰۲۷ | ۰/۲۵۰ | ۰/۵۶۱ | ۰/۳۸۲ | ۰/۳۸۲ | ۰/۴۱۱ | ۰/۴۳۶ |
| ۸ | ۰/۰۱۸ | ۰/۰۱۰ | ۰/۰۰۶ | ۰/۳۰۸ | ۰/۴۱۲ | ۰/۳۲۵ | ۰/۳۱۷ | ۰/۳۲۶ | ۰/۳۵۱ | ۰/۳۷۴ |
| ۹ | ۰/۰۱۸ | ۰/۰۳۰ | ۰/۲۸۱ | ۰/۳۱۹ | ۰/۲۱۳ | ۰/۳۵۳ | ۰/۲۲۹ | ۰/۲۳۸ | ۰/۲۷۷ | ۰/۲۹۷ |
| ۱۰ | -۰/۰۰۴ | ۰/۲۵۵ | ۰/۲۸۱ | ۰/۲۴۵ | ۰/۲۴۱ | ۰/۲۹۲ | ۰/۲۷۷ | ۰/۲۸۴ | ۰/۳۰۶ | ۰/۳۲۲ |
| میانگین | ۰/۰۴۲ | ۰/۰۶۸ | ۰/۰۹۳ | ۰/۱۳۱ | ۰/۱۵۴ | ۰/۲۲۳ | ۰/۲۳۰ | ۰/۲۵۵ | ۰/۳۰۳ | ۰/۳۴۴ |
| سال/حذف | افزایش وزن روزانه | | | | | | | | | |
| | ۱۰۰ | ۹۰ | ۸۰ | ۷۰ | ۶۰ | ۵۰ | ۴۰ | ۳۰ | ۲۰ | ۱۰ |
| ۱ | . | . | . | . | . | . | . | . | . | . |
| ۲ | ۳/۷۱ | ۳/۴۱ | ۳/۱۳ | ۳/۳۱ | ۳/۲۸ | ۳/۷۵ | ۳/۸۳ | ۳/۹۵ | ۴/۴۹ | ۶/۵۱ |
| ۳ | ۴/۲۶ | ۳/۹۱ | ۳/۶۵ | ۳/۹۰ | ۳/۸۰ | ۴/۲۶ | ۴/۱۳ | ۴/۴۶ | ۸/۰۹ | ۲۵/۰۵ |
| ۴ | ۱/۶۸ | ۱/۵۵ | ۱/۴۳ | ۱/۴۷ | ۱/۵۹ | ۱/۷۴ | ۲/۳۰ | ۶/۸۵ | ۲۱/۳۹ | ۱۳/۲۶ |
| ۵ | ۱/۸۷ | ۱/۷۲ | ۱/۶۳ | ۱/۷۷ | ۱/۷۱ | ۲/۲۴ | ۸/۵۱ | ۱۹/۶۰ | ۱۱/۱۷ | ۱۲/۱۴ |
| ۶ | ۲/۲۳ | ۲/۰۷ | ۱/۸۷ | ۱/۷۰ | ۱/۹۱ | ۱/۱۵۲ | ۲/۱۴۳ | ۱۵/۱۸ | ۱۶/۰۵ | ۱۶/۱۶ |
| ۷ | ۱/۸۷ | ۱/۷۳ | ۲/۵۸ | ۲/۵۳ | ۱۲/۵۵ | ۲/۱۲۷ | ۱۴/۹۵ | ۱۴/۹۰ | ۱۵/۷۴ | ۱۶/۵۵ |
| ۸ | ۱/۷۳ | ۱/۳۰ | ۱/۴۱ | ۱/۴۰۳ | ۱/۶۹۳ | ۱/۲۸۳ | ۱/۲/۹۶ | ۱۳/۳۴ | ۱۴/۱۱ | ۱۴/۷۰ |
| ۹ | ۰/۷۴ | ۱/۲۷ | ۱/۲۹۳ | ۱/۶/۵۶ | ۱/۳۰۱ | ۱/۳۸۲ | ۱/۳/۷۷ | ۱/۴/۲۱ | ۱/۵/۰۴ | ۱/۵/۴۲ |
| ۱۰ | -۰/۱۴ | ۹/۰۶ | ۱/۱/۰۶ | ۱/۰/۰۶ | ۱/۰/۰۳ | ۱/۱/۰۸ | ۱/۱/۴۶ | ۱/۱/۷۳ | ۱/۲/۱۰ | ۱/۲/۵۵ |
| میانگین | ۲/۰۳ | ۲/۸۹ | ۴/۳۰ | ۶/۱۵ | ۷/۲۰ | ۹/۱۷ | ۱۰/۳۷ | ۱۱/۵۸ | ۱۳/۱۳ | ۱۳/۵۹ |

انتخاب در مدت ۱۰ سال میانگین ژنتیکی صفت افزایش یافته است و روند ژنتیکی حاصل از هر دو روش محاسبه‌شده، مثبت و مشابه بوده است. افزایش روند ژنتیکی برای صفاتی با وراثت‌پذیری بالا بیشتر بود. روند ژنتیکی و دقت پیش‌بینی ارزش اصلاحی با افزایش میزان نقصان شجره پدر کاهش یافت.

با توجه به اینکه یکی از معیارهای موفقیت برنامه اصلاحی میزان پیشرفت ژنتیکی حاصل از آن است و تعیین روند ژنتیکی مهم‌ترین عامل در ارزیابی بازدهی طرح‌های اصلاح‌نژادی است، از این رو باید موضوع دقت در ثبت شجره پدر در برنامه‌های اصلاحی به‌منظور دستیابی به حداکثر پیشرفت ژنتیکی مورد توجه قرار گیرد که یکی از راه‌های دستیابی به شجره دقیق توسعه تلفیح مصنوعی در گله‌های گوسفند است. نقصان شجره پدری تأثیر زیادی در دقت برآورد ارزش اصلاحی و روند

در مطالعه Harder *et al.* (2005) میزان کاهش پاسخ به انتخاب با افزایش نقصان شجره پدر از ۱۰ تا ۴۰ درصد، بسته به وراثت‌پذیری صفت و سناریوهای گوناگون شبیه‌سازی در دامنه ۴ تا ۱۰ درصد گزارش شده است. اگرچه به دلیل متفاوت بودن شرایط مطالعات شبیه‌سازی و اهداف متفاوت آنها، مقدار عددی کاهش پیشرفت ژنتیکی در مطالعات متفاوت قابل مقایسه نیست، اما در تمام تحقیقات ذکر شده کاهش پیشرفت ژنتیکی در اثر نقصان شجره پدر گزارش و تأیید شده است.

نتیجه‌گیری

برآورد روند ژنتیکی با هر دو روش رگرسیون ارزش اصلاحی بر سال و مقایسه میانگین ارزش اصلاحی سال‌های گوناگون با سال پایه نشان داد که در اثر

ژنتیکی دارد و برحسب میزان نقصان شجره بخشی از دقت در پیش‌بینی ارزش اصلاحی از دست می‌رود. روندهای برآوردشده از داده‌های واقعی و نواسات نمودار آنها در گله‌های متفاوت گوسفند تحت تأثیر میزان کامل بودن شجره پدر است که با توجه میزان نقصان شجره پدر باید آن را تحلیل کرد.

REFERENCES

1. Abbasi, M. A. (2005). *Defining breeding strategies for Baluchi sheep under intensive rearing conditions*, Ph.D dissertation, Tarbiat Modarres University, Iran. (In Farsi)
2. Aghaei, I., Abbasi, M.A., Eskandari Nasab, M. P. & Jalai Zenos, M.J. (2007). *Effects of pedigree structure on estimation of genetic parameters and prediction of breeding value in sheep using computer simulation*, MS dissertation, Zanjan University, Iran. (In Farsi)
3. Banos, G., Wiggans, G. R. & Powell, R. L. (2001). Impact of paternity errors in cow identification on genetic evaluations and international comparisons. *J. Dairy Sci*, 84, 2523–2529.
4. Clement, V., Bibe, B., Verrier, E., Jean-Michel Elsen, E., Manfredi, J. & Bouix, E. (2001). Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure on the estimation of genetic parameters for traits with direct and maternal effects. *Genet. Sel. Evol*, 33, 369-395.
5. Gelderman, H., Pieper, U. & Weber, W.E. (1986). Effect of misidentification on the estimation of breeding value and heritability in cattle. *J. Anim. Sci*, 63 (1986), 1759–1768.
6. Harder, B., Bennewitz, J., Reinsch, N., Mayer, M. & Kalm, E. (2005). Effect of missing sire information on genetic evaluation. *Arch. Tierz., Dummerstorf*, 48, 219-232.
7. Israel, C. & Weller, J. I. (2000). Effect of misidentification on genetic gain and estimation of breeding value in dairy cattle populations. *J. Dairy Sci*, 83, 181-187.
8. Meyer, K. (2001). Programs to estimate variance components for individual animal models by restricted maximum likelihood (REML) ver. 3.1.0. User notes. *Institute of Animal Science, Armidale*. Australia.
9. Rafiei, F., Mottaghi Talab, V. & Shadparvar, A. (2002). *Effect of some factors on economic performance of Holstein dairy cattle herds using simulation model*, M.Sc dissertation, Gilan university, Iran. (In Farsi)
10. Sanders, K., Bennewitz, J. & Kalm, E. (2006). Wrong and missing sire information affects genetic gain in the Angeln dairy cattle population. *J. Dairy Sci*, 89, 315–321.
11. Senneke, S. L., MacNeil, M. D. & Van Vleck, L. D. (2004). Effects of sire misidentification on estimates of genetic parameters for birth and weaning weights in Hereford cattle. *J. Anim. Sci*, 82, 2307–2312.
12. Vatankhah, M., Moradi Shahre Babak, M., Nejati Javaremi, A., Miraei Ashtiani, S.R. & Vaez Torshizi, R. (2004). Review of sheep breeding in Iran, First Congress on Animal science and Aquatics, Tehran University, Karaj, Iran. (In Farsi).