

اثرات خطا و نقص شجره بر پیش بینی ارزش اصلاحی و رتبه بندی حیوانات در گاوهای شیری

محمد رزم کبیر^{۱*}، فرید فتحی^۲ و رستم عبدالهی آرپناهی^۳

۱ و ۲. استادیار و دانشجوی سابق کارشناسی ارشد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان

۳. استادیار، گروه علوم دام و طیور، پردیس ابوریحان دانشگاه تهران

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۹/۷ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۱۲/۱۸)

چکیده

وجود شجره کامل به عنوان یکی از فرضیات ارزیابی ژنتیکی حیوانات با معادلات مختلط است. در این پژوهش، با هدف تأثیر روابط خویشاوندی بر ارزیابی ژنتیکی، از اطلاعات شجره و تولید ۱۰۰ گله بزرگ گاو شیری تحت پوشش مرکز اصلاح نژاد دام ایران استفاده شد. داده ها مربوط به ۳۰۲۸۶۰ رأس گاو در دوره اول شیردهی بودند که شجره کامل این حیوانات توسط نرم افزار DMUTrace ردیابی و استخراج شد. به منظور اعمال خطا و نقص در شجره، به کمک برنامه R و به طور تصادفی سطوح ۴، ۸، ۱۲، ۱۶، ۲۰، ۲۴ درصد از مشخصات ثبت شده پدران حذف و یا با اطلاعات سایر پدرها جابجا شد. هر کدام از سناریوها پنج مرتبه تکرار و با نرم افزار DMU آنالیز شدند. تأثیر میزان کامل بودن شجره بر رتبه بندی حیوانات بر اساس معیار همبستگی رتبه ای و در چهار سطح ۱٪، ۵٪، ۱۰٪ و ۲۰٪ از نرهای برتر، با استفاده از نرم افزار SAS برآورد شد. وراثت پذیری با شجره کامل ۰/۲۹ و در شجره های دارای نقص و خطا به ترتیب به ۰/۲۶ و ۰/۲۷ برآورد شد. در سطح ۱۲ درصد و برای ۱۰۰۰ دام برتر، همبستگی رتبه ای شجره کامل با شجره دارای خطا ۰/۶۰ و با شجره ناقص ۰/۶۵ بود ($P < 0.01$). با افزایش خطا و نقص، اثربخشی انتخاب به عنوان معیار نرخ اشتراک حیوانات برتر در سناریوهای مختلف، روند نزولی داشت. نتایج نشان دهنده اثرات نامطلوب شجره ناکامل و دارای خطا بر ارزیابی ژنتیکی و پیامد آن ایجاد آریبی در رتبه بندی حیوانات است.

واژه های کلیدی: اثربخشی انتخاب، خطا در شجره، شجره ناکامل، ماتریس روابط خویشاوندی، همبستگی رتبه ای.

Effects of misidentification and paternity errors on prediction of breeding values and ranking of animals in dairy cattle

Mohammad Razmkabir^{1*}, Farid Fathi² and Rostam Abdollahi-Arpanahi³

1, 2. Assistant Professor and Former M. Sc. Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

3. Assistant Professor, Department of Animal and Poultry Science, Campus of Aburaihan, University of Tehran, Tehran, Iran
(Received: Nov. 28, 2017 - Accepted: Mar. 9, 2019)

ABSTRACT

Genetic evaluations are computed to assess the genetic merit of animals based on mixed model equations. An important assumption for setting up these equations is that all genetic relationships among animals are available and correct. The objectives of the present study were to estimate the effects of incomplete pedigree and paternity errors on genetic evaluation. Data and pedigree of 100 dairy herds were obtained from Animal Breeding Center of Iran. Final data edited included milk yield records from 302860 first lactation Holstein cows. DMU Trace program was used for tracing ancestors and creating the full pedigree of animals. To simulate incomplete and wrong pedigrees, different scenarios including 8, 12, 16, 20, 24 percent of paternal identification numbers were removed or replaced using R program. Breeding values for milk yield was predicted by animal model using DMU program. Spearman's rank correlation was estimated for superior animals in different scenarios using SAS software. Estimates of heritability for full, incomplete and wrong pedigrees were 0.29, 0.26 and 0.27, respectively. The results showed a high variation in ranking of animals and determination of superior animals ($P < 0.01$). As an example, at 12% level scenario, Spearman's rank correlation of BVs predicted from full pedigree with incomplete and wrong pedigrees were 0.65 and 0.60, respectively. Selection effectiveness, defined as the ratio of common superior animals in alternative scenarios, was decreased by increasing the rate of misidentification and errors ($P < 0.01$). Incorrect pedigree and misidentification of animals could reduce accuracy of breeding values and consequently bias in animals ranking.

Keywords: Parentage misidentification, pedigree errors, rank correlation, relationship matrix, selection effectiveness.

* Corresponding author E-mail:

مقدمه

انتخاب بهترین حیوان مشروط به این که این انتخاب با صحت بالایی همراه باشد، جزو مراحل بنیادین اصلاح نژاد دام و طیور است. در واقع برای دستیابی به پیشرفت ژنتیکی، والدینی که شایستگی ژنتیکی بالاتری دارند انتخاب می‌شوند تا در نهایت میانگین ارزش اصلاحی افراد در طی نسل‌های متوالی تغییر مطلوب داشته باشد. صحیح ترین مبنای تعیین والدین برتر و رتبه بندی حیوانات، ارزش اصلاحی است. ارزش اصلاحی محصول ارزیابی ژنتیکی با بهره‌گیری از مدل آماری مناسب و استفاده از رکوردهای فنوتیپی و اطلاعات شجره‌ای است (Henderson, 1975).

استفاده از معادلات مختلط روشی کارآمد و مؤثر برای ارزیابی ژنتیکی حیوانات مزرعه‌ای، است که منجر به بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (Best Linear Unbiased Prediction) ارزش‌های اصلاحی حیوانات می‌شود. در معادلات مختلط به‌طور گسترده‌ای از همه اطلاعات شامل اطلاعات و رکوردهای دام و خویشاوندان آن برای بهبود صحت ارزیابی استفاده می‌شود (Henderson, 1975). یک فرض مهم برای این مدل این است که روابط خویشاوندی افراد یا به زبان ساده شجره حیوانات به‌طور کامل شناخته شده باشند، در حالی که در اغلب موارد این فرض صحیح نیست (Banos *et al.*, 2001). در واقع ماتریس کامل روابط خویشاوندی، یک پیش‌نیاز مهم برای دستیابی به نتایج قابل اعتماد در ارزیابی‌های ژنتیکی حیوانات مزرعه‌ای تحت روشهای متداول و به تبع آن موفقیت در برنامه‌های اصلاح نژادی است (Vierhout, 2008). به عبارت دیگر برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش‌بینی ارزش اصلاحی حیوانات فقط در شرایطی با صحت کافی همراه خواهد بود که شجره کامل دام‌ها در دسترس باشد و به درستی مورد استفاده قرار بگیرد. (Parlato & Van Vleck, 2012).

نقص شجره (Misidentification) که با ناکامل بودن شجره همراه است از مواردی است که با فراوانی بالایی در جمعیت‌های حیوانی مشاهده می‌شود (Christensen *et al.*, 1982). تحت پوشش نبودن تعداد زیادی از گله‌ها برای رکوردبرداری و ثبت

مشخصات توسط مراکز اصلاحی و تعاونی‌ها، عدم توجه به مشخصات شجره‌ای مربوط به اسپرم در تلقیح مصنوعی و استفاده از جفت‌گیری طبیعی در گله از عواملی هستند که منجر به ایجاد نقص در شجره می‌شوند. خطا در شجره (Pedigree Error) به سبب ثبت اشتباه مشخصات حیوانات به ویژه در زمان صدور شناسنامه ایجاد می‌شود. برای مثال ثبت کردن اشتباه اطلاعات مایع منی مربوط به یک گاو نر در مراکز تلقیح مصنوعی توسط تکنسین‌ها، افزایش دفعات تلقیح در صورتی که تلقیح یکی مانده به آخر موجب آبستنی شده اما مشخصات مربوط به آخرین تلقیح ثبت شود و نهایتاً مبادلات گوساله و تلیسه‌های بین گله‌ای از عواملی هستند که ممکن است در ایجاد خطاهای شجره‌ای مؤثر باشند (Christensen *et al.*, 1982; Israel & Weller, 2000).

مطالعات پیشین نشان می‌دهد شجره ناکامل و دارای خطا می‌تواند منجر به برآورد اریب پارامترهای ژنتیکی و به تبع آن کاهش صحت ارزش اصلاحی شود. تغییرات رتبه‌بندی حیوانات و نهایتاً پیشرفت ژنتیکی کمتر از حد انتظار از سایر پیامدهای گزارش شده است (Visscher *et al.*, 2002; Lee & Pollak, 1997). طبق تحقیقات، سطوح متفاوت نقص و خطا در مشخصات شجره سبب برآورد ناصحیح پارامترهای ژنتیکی و کاهش صحت انتخاب (Geldermann *et al.*, 2004; Senneke *et al.*, 1986)، افزایش خطا در پیش‌بینی ارزش اصلاحی (Israel & Weller, 2000)، کاهش پیشرفت ژنتیکی (Van Vleck, 1970) و تغییر در رتبه‌بندی حیوانات (Banos *et al.*, 2001) می‌شود. به دنبال افزایش نقص و اشتباه در شجره، قابلیت اطمینان (Sanders *et al.*, 2006)، پاسخ به انتخاب و میانگین ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده (Harder *et al.*, 2005) کاهش پیدا می‌کند. گزارش‌های متعددی در ارتباط با نرخ خطا و نقص شجره در جمعیت‌های مختلف گاو شیری دنیا موجود است و این عدد گاهی به ۲۵ درصد می‌رسد (Banos *et al.*, 2001)، برای نمونه در دانمارک از ۵ تا ۱۵ درصد (Christensen *et al.*, 1982)، در انگلستان ۱۰ درصد (Visscher *et al.*, 2002)، در اسرائیل حدود ۵ درصد

اصلاح نژاد دام ردیابی و استخراج شدند و در نهایت جمعیت شجره کامل به ۳۸۲۵۵۷ رأس رسید. برای این اطلاعات، معیار کامل بودن شجره (Pedigree Completeness Index) برای تمام حیوانات و برای ۵ نسل قبل به کمک برنامه EVA-INBRED (Berg, 2010) بر اساس رابطه زیر محاسبه شد (MacCluer et al., 1983; Rokouei et al., 2011).

$$PCI = \frac{2C_{sire}C_{dam}}{C_{sire} + C_{dam}}$$

در این رابطه، C_{sire} و C_{dam} به ترتیب بیانگر مشارکت خطوط پدری و مادری (Paternal and Maternal Contribution) در شجره می‌باشد. مقدار C نیز از رابطه زیر محاسبه می‌شود.

$$C = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i$$

که a_i نشان‌دهنده نسبت اجداد شناخته شده در نسل i و d نیز معرف تعداد نسلی است که شجره ردیابی (Traced Back) می‌شود. برای تهیه آمار توصیفی و اطلاعات مربوط به ساختار شجره و نرخ همخوانی حیوانات، از نرم افزار (Sargolzaei et al., 2006) استفاده شد.

در صنعت گاو شیری به سبب تلقیح مصنوعی، شمار گاوهای نر نسبت به شمار گاوهای ماده کمتر است. این مساله سبب می‌شود تعداد فرزندان به‌ازای هر پدر نسبت به تعداد فرزندان به‌ازای هر مادر عدد بزرگتری را به خود اختصاص دهد و به نوعی پدران در شجره و ماتریس روابط خویشاوندی نقش پررنگ‌تری داشته باشند. همچنین بر اساس آنچه که پیشتر اشاره شد، احتمال خطا و نقص در ثبت شماره پدران بسیار بیشتر از احتمال بروز خطا و نقص در ثبت مشخصات مادران است. بر این اساس در پژوهش حاضر، گاوهای نر مبنای اعمال خطا و نقص قرار گرفتند.

برای تولید شجره ناقص، با استفاده از نرم‌افزار R (R Version 3.2.2, 2015) و به صورت تصادفی، سطوح ۴، ۸، ۱۲، ۱۶، ۲۰، ۲۴ درصد از شماره‌های ثبت شده پدران در فایل شجره حذف شدند. فایل شجره حاصل از این تغییرات به عنوان شجره ناقص در مراحل بعدی برای ارزیابی ژنتیکی استفاده شد.

(Ron et al., 1996) و در آلمان ۴ تا ۲۳ درصد به صورت متغیر (Geldermann et al., 1986) گزارش شده است. در پژوهش دیگری، نرخ خطای انساب در گاو هلشتاین توسط نشانگرهای ریزماهواره، ۱۱/۷ درصد گزارش شده است (Weller et al., 2004).

در ایران، متفاوت بودن شرایط مدیریتی در گله‌های مختلف، عدم توجه به اطلاعات شجره‌ای هنگام استفاده از اسپرم‌های وارداتی توسط اغلب دامداران، تعداد بیشتر تلقیح‌ها به‌ازای هر آبستنی نسبت به میانگین جهانی از عواملی هستند که ثبت خطا و نقص اطلاعات شجره‌ای را محتمل‌تر می‌کنند. با توجه به اهمیت ثبت مشخصات و شجره کامل در برنامه‌های اصلاحی و از آنجاکه تاکنون پژوهشی در ارتباط با تأثیر نرخ خطا و نقص شجره در گاوهای شیری ایران صورت نگرفته است، پژوهش کنونی با هدف مطالعه تأثیر نرخ‌های متفاوت خطا و نقص شجره بر ارزیابی ژنتیکی و رتبه بندی حیوانات در گاوهای شیری هلشتاین طراحی و انجام شد.

مواد و روش‌ها

در پژوهش کنونی برای مطالعه تأثیر نقص و سطوح متفاوت خطا در شجره بر برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش‌بینی ارزش اصلاحی حیوانات، از اطلاعات ۱۰۰ گله بزرگ گاوهای شیری تحت پوشش مرکز اصلاح نژاد دام و بهبود تولیدات دامی کشور استفاده شد. این گله‌ها مربوط به مناطق مختلف کشور بودند. داده‌های مربوط به صفت تولید شیر در دوره اول شیردهی، توسط نرم‌افزار FoxPro (Visual FoxPro 9.0, 2006) ویرایش و بر اساس قواعد توزیع نرمال و فرضیات آنالیز واریانس کنترل کیفیت شدند (Razmkabir et al., 2009). به کمک نرم‌افزار SAS فرضیات آنالیز واریانس از جمله نرمال بودن باقی‌مانده‌ها (Residuals) آزمون شد. بر اساس قواعد توزیع نرمال نیز داده‌های پرت و خارج از دامنه (Outliers) حذف شدند. فایل نهایی داده‌ها مربوط به ۳۰۲۸۶۰ رأس گاو هلشتاین در دوره اول شیردهی بود. به‌منظور تهیه فایل شجره کامل، اجداد حیوانات دارای رکورد توسط نرم‌افزار DMUTrace (Madsen, 2010) از فایل کلی مرکز

در این معادله ρ همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن، d تفاوت رتبه در دو سناریو و n اندازه نمونه می‌باشد. در نهایت حیوانات نر موجود در شجره کامل، ناقص و خطا بر اساس ارزش اصلاحی رتبه‌بندی شدند، سپس سطوح ۱، ۵، ۱۰ و ۲۰ درصد از نرهای برتر شجره دارای نقص و خطا انتخاب و نسبت به شجره کامل مقایسه شدند و تحت عنوان اثربخشی انتخاب (Selection Effectiveness) معرفی شد. اثربخشی انتخاب در واقع به عنوان معیاری برای نرخ اشتراک حیوانات برتر در سناریوهای مختلف است که با نسبت $\alpha_{error}/\alpha_{full}$ نشان داده می‌شود. در این رابطه α_{error} گاوهای برتر رتبه‌بندی شده در شجره ناقص و خطا است و α_{full} معرف گاوهای رتبه‌بندی شده در شجره کامل می‌باشد (Jimenez-Montero et al., 2013).

نتایج و بحث

اطلاعات مربوط به شجره

آگاهی از اطلاعات شجره‌ای و نرخ همخوانی میان افراد برای فهم ماتریس روابط خویشاوندی و تأثیر آن بر معادلات مختلط و مدل حیوانی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. اطلاعات مربوط به تعداد کل افراد شجره ردیابی شده، میانگین تعداد افراد هم‌خون و میانگین ضریب همخوانی حیوانات در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱. خلاصه اطلاعات مربوط به فایل شجره کامل

حیوانات

Table 1. Brief structure of the complete pedigree

Total individuals in pedigree	382716
Number of individuals with record	302860
Number of founders	13673
Number of sires in pedigree	5314
Number of inbred animals	275555
Number of animals with known sire and dam	332186
Percentage of inbred animals	72.02
Average inbreeding coefficient	0.011
Average inbreeding coefficients in the inbred animals	0.015
Average Number of discrete generation equivalents	3.734

نسبت افراد هم‌خون به کل افراد شجره، ۷۲/۰۲ درصد است که بیانگر نرخ بالای کوواریانس ژنتیکی میان حیوانات در شجره می‌باشد. نرخ بالای همخوانی

همچنین برای اعمال خطا در شجره سطوح ۴، ۸، ۱۲، ۱۶، ۲۰، ۲۴ درصد از شماره‌های ثبت شده پدران در فایل شجره انتخاب و به صورت تصادفی جایگزین شماره‌های ثبت شده پدری دیگر در شجره شدند. برای بهبود صحت و میزان اعتماد به نتایج، برای هر کدام از سناریوهای سطوح مختلف نقص و خطا در شجره، پنج تکرار در نظر گرفته شد و میانگین تکرارها به عنوان نتیجه گزارش شد. در نظر گرفتن ۵ تکرار به این دلیل بود که در هر مرتبه اعمال نقص یا خطا، حیوانات متفاوتی هدف حذف یا جابجایی قرار می‌گرفتند و اصطلاحاً خروجی هر نوبت اعمال حذف یا خطا متفاوت از سایر تکرارها بود. سطح واقعی خطا و نقص شجره بر اساس مطالعات ژنتیک مولکولی و آزمون انساب (Parentage Testing) مشخص می‌شود و به دلیل عدم دسترسی به این داده‌ها، سطوح مختلفی از خطا و نقص بر اساس مطالعات پیشین در نژادهای مختلف گاو شیری در دنیا گزینش شدند (Harder et al., 2005; Israel & Weller, 2000).

در مرحله بعد رکوردهای ویرایش شده به همراه سه نوع فایل شجره کامل، ناقص و خطا، برای تخمین پارامترهای ژنتیکی و ارزیابی ژنتیکی حیوانات به کار گرفته شدند. ارزیابی ژنتیکی و پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی بر اساس مدل حیوانی زیر و با کمک نرم‌افزار DMU (Madsen & Jensen, 2013) انجام شد:

$$y_{ijk} = \mu + HYS_i + Age_j + a_k + e_{ijk} \quad (1)$$

در این مدل؛ y_{ijk} مشاهده مربوط به i امین حیوان و i امین گله - سال - فصل، μ میانگین جمعیت، a_k اثر تصادفی k امین حیوان، HYS_i اثر ثابت i امین گله - سال - فصل، Age_j اثر j امین سن در زمان زایش بر حسب ماه و e_{ijk} اثر تصادفی باقی‌مانده است. در پایان با هدف تعیین اثر نرخ کامل بودن شجره بر رتبه‌بندی حیوانات، همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن (Spearman Rank Correlation) در چهار سطح ۱۰، ۱۰۰، ۱۰۰۰ و ۱۰۰۰۰ حیوان برتر با نرم‌افزار SAS (SAS Version 9.4, 2013) و طبق رابطه زیر برآورد و نتایج تجزیه و تحلیل شدند.

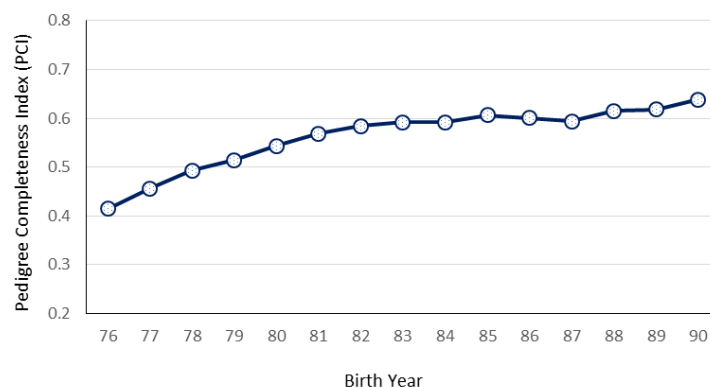
$$\rho = 1 - \frac{6 \sum d_i^2}{n(n^2-1)} \quad (2)$$

معماری ژنتیکی صفات، بررسی میزان تنوع ژنتیکی داخل یک جامعه و سنجش نرخ کارایی انتخاب در جهت بهبود، طراحی برنامه مناسب اصلاح نژادی، پیش‌بینی ارزش اصلاحی توسط بهترین پیش‌بینی ناریب خطی و برآورد پیشرفت ژنتیکی را نام برد (Thompson, 2008; Parlato & Van Vleck, 2012). در مطالعات پیشین تأثیر منفی شجره ناصحیح بر پارامترهای ژنتیکی، به‌ویژه کاهش وراثت‌پذیری برآورد شده نسبت به وراثت‌پذیری واقعی، گزارش شده بود (Geldermann *et al.*, 1986). بر این اساس در پژوهش کنونی نیز ابتدا پارامترهای ژنتیکی برآورد شده در جوامع با شجره کامل، سطوح متفاوت نقص و سطوح متفاوت خطا، برآورد شد که نتایج آن در جدول ۲ ارائه شده است. نتایج حاصل از بررسی تأثیر شجره‌های کامل، ناقص و دارای خطا بر برآورد مؤلفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی بر صفت تولید شیر نشان دادند در شجره ناقص واریانس محیطی با افزایش درصد نقص در شجره، افزایش و واریانس ژنتیکی افزایشی، کاهش می‌یابد. روند تغییرات واریانس ژنتیکی و وراثت‌پذیری در شجره دارای نقص، الگوی ثابتی داشت به این معنی که با افزایش درصد نقص در شجره، روند کاهش در هر دو پارامتر تداوم داشت اما تأثیرات خطا در شجره، غیرقابل پیش‌بینی بود و پارامترهای برآورد شده اغلب نوسان داشتند. میزان اریبی وراثت‌پذیری برآوردشده با شجره ناقص بیشتر از شجره دارای خطا بود، به‌طوری‌که با افزایش نقص شجره برآوردهای وراثت‌پذیری تولید شیر حدود ۳/۵ درصد و با افزایش خطا حدود ۱ درصد کاهش یافتند.

در شجره به سبب تکمیل اجداد و ردیابی شجره و همچنین به دلیل استفاده از تعداد نسبتاً محدودی از گاوهای نر برای تلقیح مصنوعی در صنعت گاو شیری است. به عبارت دیگر از عوامل مهم تأثیرگذار در تغییر نسبت همخونی، کاهش اندازه جمعیت پایه یا حیوانات بنیان‌گذار است که نقش قابل‌ملاحظه‌ای بر تغییر نرخ همخونی دارد. در این پژوهش حدود ۳/۵ درصد از جمعیت کلی را حیوانات بنیان‌گذار تشکیل می‌دادند. جمعیت پایه شامل حیواناتی است که والدین نامعلومی دارند و فرض بر این است این حیوانات هیچ‌گونه رابطه خویشاوندی نسبت به یکدیگر ندارند. در هر صورت، وجود نقص و خطا در شجره، با رفتارهای جداگانه، موجب برهم زدن ساختار ماتریس روابط خویشاوندی و ایجاد اریب در برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش‌بینی ارزش اصلاحی توسط مدل حیوانی خواهند شد. متوسط شاخص کامل بودن شجره حیوانات (PCI) بر اساس سال تولد طی ۱۵ سال در شکل ۱ نشان داده شده است. بخش زیادی از گاوهای نر مورد استفاده در صنعت گاو شیری منشأ خارجی دارند و در بسیاری از موارد شماره این حیوانات در داخل کشور کدگذاری مجدد (Recode) می‌شوند. این مسأله سبب می‌شود در موارد متعددی شماره پدران در شجره به صورت ناشناخته باقی بماند و به تبع آن شاخص کامل بودن شجره تا حدودی کمتر از حد انتظار برآورد شود.

پارامترهای ژنتیکی

از ضرورت برآورد پارامترهای ژنتیکی می‌توان شناخت



شکل ۱. متوسط شاخص کامل بودن شجره حیوانات بر اساس سال تولد طی ۱۵ سال

Figure 1. Average pedigree completeness indices (PCI) based on birth year during last 15 years

پیشرفت ژنتیکی حاصل از نقص و خطا در شجره برای صفات با وراثت پذیری پایین، مشهودتر است (Sanders *et al.*, 2006). به طور کلی در پژوهش حاضر، تأثیرپذیری پارامترهای ژنتیکی از شجره های دارای نقص و خطا، جزئی و غیرمعنی دار بود.

همبستگی رتبه ای

ارزش اصلاحی، معتبرترین مبنای رتبه بندی حیوانات و متعاقب آن انتخاب والدین برتر در برنامه های اصلاح نژادی است. معمولاً حیوانات برتر جمعیت ساختار ژنتیکی نسل بعدی را تشکیل می دهند و بیشترین مشارکت را در پیشرفت ژنتیکی جمعیت های حیوانی دارند. همبستگی رتبه ای یکی از معیارهایی است که می تواند تغییرات رتبه ای حیوانات را بر اساس شجره های ناقص و دارای خطا نسبت به شجره کامل به صورت آماری بیان کند. ضریب همبستگی رتبه ای اسپیرمن، آماره ای ناپارامتری برای سنجش ضریب همبستگی بین دو متغیر تصادفی است که به جای استفاده از خود مقادیر متغیرها، از رتبه های آنان استفاده می شود. برای محاسبه همبستگی رتبه ای، ابتدا حیوانات بر اساس ارزش اصلاحی رتبه بندی می شوند و سپس بر اساس اختلاف حاصل از رتبه ها این ضرائب به دست می آید (Harder *et al.*, 2005). نرخ همبستگی رتبه ای به روش اسپیرمن برای جامعه ای با ۱۰، ۱۰۰، ۱۰۰۰، ۱۰۰۰۰ حیوان برتر در جدول ۳ ارائه شده است.

در اغلب مطالعات انجام شده در خصوص تأثیر نقص در شجره بر برآورد پارامترهای ژنتیکی کاهش معنی دار پارامترهای ژنتیکی در اثر نقص شجره مشاهده شده است (Abbasi, 2014; Lee & Pollak, 1997). در یکی از مطالعات پیشین مربوط به تأثیر عدم شناسایی پدران بر تخمین پارامترهای ژنتیکی صفات وزن تولد و وزن از شیرگیری گاوهای هرفورد، گزارش شده است که عدم توجه به ثبت اطلاعات شجره ای پدران تأثیر منفی بر تخمین پارامترهای ژنتیکی دارد به طوری که واریانس افزایشی و واریانس اثرات مادری کاهش چشمگیری داشتند، اما میزان واریانس فنوتیپی تا حدودی افزایش یافته بود، که نهایتاً منجر به کاهش مقدار برآورد شده وراثت پذیری شد (Senneke *et al.*, 2004). در پژوهش مربوط به تأثیر خطاهای شجره پدری بر ارزیابی های بین المللی گزارش شد در صورتی که مشخصات پدران ثبت شده با شایستگی بالا با مشخصات سایر حیوانات برتر جابجا شوند، آنگاه پیامد چنین خطائی بر ارزیابی های ژنتیکی نامحسوس خواهد بود اما اگر جابجائی به صورت تصادفی باشد و یا مشخصات پدران برتر جایگزین مشخصات گاوهای نر با شایستگی پایین شود، منجر به برآورد کمتر از حد واریانس ژنتیکی و پیش بینی روند ژنتیکی خواهد شد و به تبع آن نیز صحت ارزیابی های ژنتیکی کاهش پیدا می کند (Banos *et al.*, 2001). در پژوهش دیگری که بر روی تأثیر نقص و اشتباه در شجره گاوهای شیری صورت گرفت نشان داده شد که کاهش

جدول ۲. مقادیر پارامترهای ژنتیکی در شجره کامل و دارای مقادیر مختلف نقص و خطا

Table 2. Genetic parameters in full, incomplete and wrong pedigrees

		Additive Variance	Residual Variance	Phenotypic Variance	$h^2 \pm SE$
	Full	481496.57	1178836.43	1660333	0.29±0.005
Misidentification Rate	4%	464939.38	1195558.42	1660497.8	0.28±0.005
	8%	464288.02	1193883.48	1658171.5	0.28±0.005
	12%	463759.46	1192524.34	1656283.8	0.28±0.005
	16%	446232	1206479.1	1652711.1	0.27±0.005
	20%	445294.31	1203943.89	1649238.2	0.27±0.005
	24%	428139.95	1218552.15	1646692.1	0.26±0.005
Paternity Error Rate	4%	466893.56	1200583.44	1667477	0.28±0.005
	8%	468729.40	1205304.16	1674033.56	0.28±0.005
	12%	454726.18	1224614.13	1679340.31	0.27±0.005
	16%	454726.18	1229444.87	1684171.05	0.27±0.005
	20%	455801.08	1232351.08	1688152.16	0.27±0.005
	24%	457046.95	1235719.55	1692766.5	0.27±0.005

جدول ۳. همبستگی رتبه‌ای حیوانات براساس ارزش اصلاحی حاصل از شجره کامل با شجره ناقص و دارای خطا

Table 3. Rank correlation of animals based on EBVs from full vs. incomplete and wrong pedigrees

	Number of Individuals	Rate of misidentification					
		4%	8%	12%	16%	20%	24%
Superior animals	10	0.852	0.830	0.783	0.782	0.578	0.493
	100	0.851	0.655	0.651	0.598	0.541	0.498
	1000	0.828	0.730	0.650	0.619	0.583	0.540
	10000	0.859	0.771	0.698	0.660	0.620	0.599
	Number of Individuals	Rate of errors in pedigree					
		4%	8%	12%	16%	20%	24%
Superior animals	10	0.879	0.723	0.716	0.626	0.304	0.473
	100	0.824	0.647	0.643	0.556	0.457	0.480
	1000	0.797	0.668	0.604	0.537	0.489	0.462
	10000	0.839	0.720	0.651	0.596	0.568	0.537

استفاده قرار گرفت، به زبان ساده معرف این است کدام برنامه یا روش می‌تواند بهترین حیوانات را در جایگاه واقعی رتبه بندی کند (Jimenez-Montero *et al.*, 2013). نرخ اثر بخشی انتخاب در پژوهش کنونی، بیانگر نسبت حیوانات برتر حاصل از ارزیابی با شجره کامل است که در ارزیابی با شجره‌های ناقص و دارای خطا نیز به عنوان برتر معرفی شده‌اند. هر میزان این عدد از یک (۱۰۰ درصد) فاصله بگیرد، نشان می‌دهد ارزیابی با شجره‌های متفاوت، نتایج نایکسانی خواهند داشت و فهرست حیوانات برتر در سناریوهای مختلف، تشابه کمتری با هم دارند. اثربخشی انتخاب گاوهای نر، با نسبت‌های متفاوت نقص و خطا در شجره پدران، در مقایسه با شجره کامل، در جدول ۴ ارائه شده است. طبق نتایج به‌دست‌آمده، با افزایش نرخ نقص و خطا، لیست رتبه بندی پدران برتر در شجره‌های ناقص و دارای خطا با شجره کامل به‌طور معنی‌داری متفاوت بودند ($P < 0.01$). برای نمونه در فهرست ۱ درصد حیوانات برتر و ارزیابی با شجره دارای ۱۲ درصد خطا، فقط ۵۰ درصد حیوانات با ارزش اصلاحی بالا شناسایی شدند و در جایگاه واقعی خود قرار گرفتند. به‌طور کلی، روند نزولی در شجره دارای خطا بسیار بیشتر از شجره ناقص بود به‌طوری‌که در فهرست ۱ درصد گاوهای نر برتر بر اساس شجره‌هایی با ۴ الی ۲۴ درصد خطای اعمال‌شده، حدود ۵۱ درصد افت مشاهده شد اما در شجره دارای نقص پدری، همین مقدار حدود ۲۱ درصد بود. همچنین، تأثیرپذیری بیشتر فهرست ۱ درصد حیوانات برتر در مقایسه با فهرست‌های ۵ درصد و ۱۰ درصد است. منبع ژنتیکی (Gene Pool) پدران در صنعت گاو شیری معمولاً

همان‌طورکه در جدول ۳ مشاهده می‌شود همبستگی رتبه‌ای برآوردشده برای همه حالت‌های ثبت مشخصات پدری دارای خطا و مشخصات شجره پدری ناقص، به‌طور معنی‌داری کمتر از یک بود ($P < 0.05$) که نشان می‌دهد رتبه‌بندی حیوانات در دو لیست نایکسان است. طبق نتایج حاصل از این پژوهش با افزایش نرخ خطا میزان همبستگی رتبه‌ای بین شجره کامل و شجره دارای خطا تقریباً با شدت بیشتری کاهش یافت، این در حالی بود که این میزان در شجره ناقص با افزایش نقص در شجره، نسبتاً کمتر بود. به‌طور کلی، اثرات زیان‌بار خطا در شجره بر رتبه بندی حیوانات، حدود ۱/۱ برابر بیشتر از نقص در شجره بود. در تحقیق مشابهی، تأثیر اطلاعات اشتباه پدری در شجره حدود ۱/۴ برابر زیان‌بارتر از اطلاعات ناقص پدری، گزارش شد (Sanders *et al.*, 2006). لازم به ذکر است در سطح ۱۰۰۰۰ حیوان برتر، به سبب بزرگی اندازه نمونه (n)، میزان همبستگی رتبه‌ای تا حدودی بازایی (Recovery) می‌شود زیرا طبق فرمول همبستگی رتبه‌ای هر میزان که n بزرگ‌تر شود، مقدار همبستگی به یک نزدیک‌تر می‌شود. اصطلاح در این سناریو نیز خطا و نقص شجره تأثیر منفی داشته‌اند اما به دلیل بزرگ بودن اندازه نمونه این تأثیر منفی پنهان می‌شود.

اثر بخشی انتخاب

اثر بخشی انتخاب، یکی از مهم‌ترین معیارهایی است که برای ارزیابی و مقایسه دو سناریو در انتخاب حیوانات به‌کار می‌رود. این معیار که اولین بار برای مقایسه روش‌های مختلف پیش‌بینی ژنومیک مورد

توسط تعداد محدودی گاو نر تأمین می‌شود و تغییرات و جابجایی در رتبه بندی گاوهای نر می‌تواند تأثیرات نامطلوبی بر نتایج برنامه‌های اصلاحی و پیشرفت ژنتیکی داشته باشد. به عبارت دیگر در شجره دارای خطا، رتبه بندی تعدادی از پدران که ارزش اصلاحی بالایی داشتند، تغییر کرده و از فهرست نرهای با ارزش اصلاحی برتر حذف شده‌اند و این به نوبه خود منجر به انتخاب اریب حیوانات برتر خواهد شد.

از سایر نکات حائز اهمیت در نتایج این است که در شجره ناقص، پس از یک محدوده خاص نسبت اثربخشی انتخاب ثابت خواهد شد اما در شجره دارای خطا، روند کاهشی با افزایش نرخ خطا، ادامه پیدا می‌کند. می‌توان گفت شجره ناکامل تا حد معینی رتبه بندی حیوانات را اریب خواهد کرد در حالی که هر گونه خطا در مشخصات ثبت شده پدری می‌تواند یک حیوان با پیشینه ضعیف را با بیش برآورد (Overestimation) خوب جلوه دهد و متقابلاً تعدادی از دام‌های برتر را از فهرست کاندیداهای انتخاب خارج کند.

در گزارش مربوط به سنجش اثرات نقص شجره بر رتبه بندی حیوانات، درصد دام‌های برتر مشترک بر مبنای ارزش اصلاحی حاصل از ارزیابی با شجره ناقص و ارزیابی با شجره کامل، به ترتیب در دو سطح ۱۰۰ و ۱۰۰۰ حیوان برتر، ۶۷٪ و ۶۹/۹٪ حیوانات شجره ناقص مشابه با شجره کامل بود (Fathi et al., 2016). به عبارت ساده‌تر، بهترین حیوانات بر اساس شجره کامل الزاماً بهترین حیوانات ارزیابی شده با شجره ناقص یا شجره دارای خطا نخواهند بود.

میانگین ارزش اصلاحی

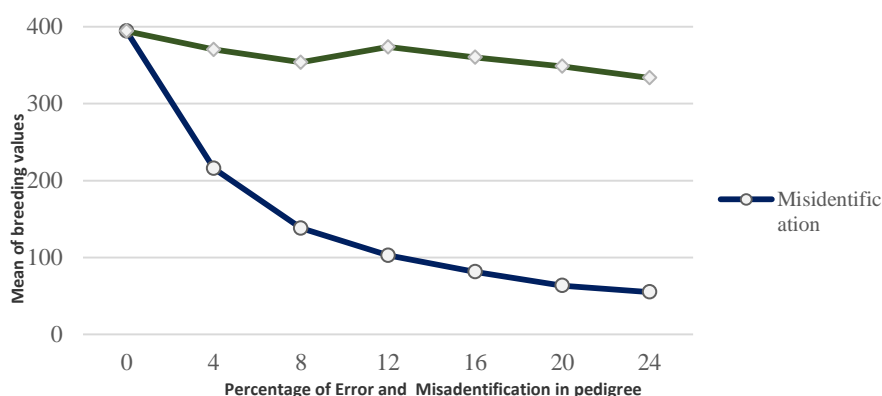
بدون تردید هرگونه نقص در شجره و اشتباه در تعیین و انتخاب حیوانات برتر پیشرفت ژنتیکی را کاهش و سبب ناکارآمدی برنامه‌های اصلاح نژادی می‌شود. نرخ خطاهای شجره‌ای در گاوهای هلشتاین ایالات متحده ۱۱ درصد گزارش شد که پیامد آن پیش‌بینی ارزش اصلاحی و رتبه بندی گاوهای نر به طور نامطلوبی تحت تأثیر قرار گرفت (Banos et al., 2001). میانگین ارزش اصلاحی صفت تولید شیر برای شجره‌های دارای سطوح متفاوت نقص و خطا در شکل ۲ نشان داده شده است. میانگین

ارزش اصلاحی کل برای شجره کامل ۳۹۴/۱۶ به دست آمد. در شجره ناقص با افزایش درصد نقص، میانگین ارزش اصلاحی با شدت بیشتری کاهش یافت، به طوری که با چهار درصد نقص در شجره میانگین ارزش اصلاحی ۲۱۵/۷۸ و در شجره با ۲۴ درصد نقص این مقدار به ۵۵/۲۳ کاهش یافت. این در حالی است که شدت کاهش میانگین ارزش اصلاحی به ازای افزایش درصد خطا در شجره به طور ملایمی کاهش یافت. حذف یا نبود دام‌هایی با ارزش اصلاحی بالا از دلایل افت شدید میانگین ارزش اصلاحی در شجره ناقص بود.

در یکی از پژوهش‌های پیشین مربوط به مطالعه تأثیر ناقص بودن شجره پدری بر پیش‌بینی روند ژنتیکی و ارزش اصلاحی صفات وزن از شیرگیری و افزایش وزن روزانه در گوسفند، گزارش شد در دو حالت حذف متوالی و تصادفی در شجره پدری، ارزش اصلاحی به طور معنی داری کاهش یافت اما این کاهش، در حذف تصادفی شدت کمتری داشت (Abbasi, 2014). در مطالعه دیگری، تأثیر اشتباهات شجره‌ای بر پیشرفت ژنتیکی برای صفات محدود به جنس در جمعیت گاوهای هلشتاین بررسی گردید و نتایج به دست آمده نشان دادند که وجود ۱۰ درصد اشتباه در تشخیص اطلاعات پدری، پیشرفت ژنتیکی سالیانه را ۴/۳ درصد کاهش داده است. در همین پژوهش همچنین گزارش شد خطاهای شجره‌ای باعث ایجاد اریب در انتخاب نسل آینده گاوهای جوان شد (Weller et al., 2004). در یک مطالعه شبیه‌سازی برای برآورد روند ژنتیکی برای جوامع با اطلاعات شجره ناقص گزارش شد که هرچه میزان اطلاعات شجره کامل‌تر باشد روند ژنتیکی برآورد شده به روند ژنتیکی واقعی نزدیک‌تر است و با افزایش حذف اطلاعات شجره روند ژنتیکی کمتر از مقدار واقعی برآورد خواهد شد. همچنین هرچه وراثت‌پذیری صفت بیشتر باشد تأثیر حذف اطلاعات شجره بر برآورد روند ژنتیکی کمتر خواهد بود (Rokouei, 2014). بنابراین، می‌توان استنباط نمود که به دلیل عدم تطابق ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده حیوانات در سناریوهای ارزیابی با شجره کامل و ارزیابی با شجره دارای نقص و خطا، تفاوت پیشرفت ژنتیکی مشاهده شده و میزان مورد انتظار، امری طبیعی خواهد بود.

جدول ۴. نسبت اثربخشی انتخاب برای پدران با شجره ناقص و خطا نسبت به پدران با شجره کامل

		Rate of misidentification					
		4%	8%	12%	16%	20%	24%
Superior Bulls	1%	82.35	76.47	66.66	62.74	64.70	64.70
	5%	85.04	79.53	74.80	65.35	64.56	66.92
	10%	86.39	82.25	72.00	71.21	66.66	67.65
	20%	89.54	84.61	80.96	78.59	72.09	73.66
		Rate of errors in pedigree					
		4%	8%	12%	16%	20%	24%
Superior Bulls	1%	80.39	74.50	50.98	50.98	43.13	39.21
	5%	80.15	71.20	64.20	58.75	57.19	49.02
	10%	81.74	76.11	67.00	64.66	61.74	55.53
	20%	85.82	80.48	74.14	70.38	68.54	63.88



شکل ۲. میانگین ارزش اصلاحی در شجره ناقص و خطا نسبت به شجره کامل
Figure 2. Mean of breeding values in wrong and incomplete pedigrees vs. full pedigree

برآورد پارامترها با اریبی همراه می‌شود، وضعیت رتبه‌بندی حیوانات دچار تغییر و نوسان می‌گردد و به سبب بهره‌گیری از ماتریس روابط خویشاوندی ناکامل، صحت پیش‌بینی ارزش اصلاحی نیز کاهش پیدا می‌کند. از این رو، پیشنهاد می‌شود برای ارزیابی صحیح حیوانات و دستیابی به حداکثر پیشرفت ژنتیکی، مراکز اصلاح نژادی و تعاونی‌های رکورد برداری و ثبت مشخصات گاوهای هلشتاین، دقت بیشتری در تهیه شناسنامه و به ویژه ثبت پدران داشته باشند.

نتیجه‌گیری کلی

از تلقیح مصنوعی به‌طور وسیعی در انتخاب و اصلاح نژاد گاوهای شیری استفاده می‌شود. بنابراین تعداد کمی از حیوانات نقش عمده‌ای در تغییرات ژنتیکی جمعیت طی نسل‌های آتی ایفا می‌کنند. از این رو هرگونه ثبت اشتباه در شجره و یا عدم بررسی مشخصات شجره‌ای دام می‌تواند رتبه‌بندی را تغییر داده و در نهایت منجر به ناکارآمدی برنامه‌های اصلاح نژادی خواهد شد. نتایج پژوهش کنونی نشان داد با افزایش نقص و خطا در شجره

REFERENCES

- Abbasi, M. (2014). The effect of incomplete sire pedigree on prediction of breeding value and estimation of the genetic trend of weaning weight and average daily gain in sheep. *Iranian journal of Animal Science*, 45, 135-141. (in Farsi)
- Banos, G., Wiggins, G. R & Powell, R. L. (2001). Impact of paternity errors in cow identification on genetic evaluation and international comparisons. *Journal of Dairy Science*, 84(11), 2523-2529.
- Berg, P. (2010). EVA_INBRED version 1.6. A program to calculate inbreeding coefficients, generation coefficients, pedigree completeness indexes and genetic contributions. Department of Animal Breeding and Genetics, University of Aarhus, Research Centre Foulum, Tjele, Denmark.
- Christensen, L. G., Madsen, P. & Petersen, J. (1982). The influence of incorrect sire-identification on the estimates of genetic parameters and breeding values. *2nd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Madrid Spain. Pp: 200-208.

5. Fathi, F., Razmkabir, M. & Abdollahi Arpanahi, R. (2016). Effects of misidentification on genetic parameters and ranking of animals in dairy cattle. In: Proceedings of 2nd International & 14th Iranian Genetics Congress, Iran, Tehran, 599. (in Farsi)
6. Geldermann, H., Pieper, U. & Weber, W. E. (1986). Effect of misidentification on the estimation of breeding value and heritability in cattle. *Journal of Animal Science*, 63(6), 1759-1768.
7. Harder, B., Bennewitz, J., Reinsch, N., Mayer, M. & Kalm, E. (2005). Effect of missing sire information on genetic evaluation. *Archives Animal Breeding*, 48(3), 219-232.
8. Henderson, C. R. (1975). Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, 31(2), 423-447.
9. Israel, C. & Weller, J. I. (2000). Effect of misidentification on genetic gain and estimation of breeding value in dairy cattle populations. *Journal of Dairy Science*, 83(1), 181-187.
10. Jimenez-Montero, J. A., Gianola, D., Weigel, K., Alenda, R. & Gonzalez-Recio, O. (2013) Assets of imputation to ultra-high density for productive and functional traits. *Journal of Dairy Science*, 96, 6047-6058.
11. Lee, C. & Pollak, E. J. (1997). Influence of sire misidentification on sire×year interaction variance and direct-maternal genetic covariance for weaning weight in beef cattle. *Journal of Animal Science*, 75(11), 2858-2863.
12. MacCluer, J. W., Boyce, A. J., Dyke, B., Weitkamp, L. R., Pfennig, D. W. & Parsons, C. J. (1983) Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *Journal of Heredity*, 74(6), 394-399.
13. Madsen, P. & Jensen, J. (2013). *A user's guide to DMU*. University of Aarhus, Research Centre Foulum, DJF, Tjele, Denmark.
14. Madsen, P. (2010). DmuTrace. A program to trace the pedigree for a sub set of animals from a larger pedigree file. *University of Aarhus, Research Centre Foulum, DJF, Tjele, Denmark*.
15. Parlato, E. & Van Vleck, L. D. (2012). Effect of parentage misidentification on estimates of genetic parameters for milk yield in the Mediterranean Italian buffalo population. *Journal of Dairy Science*, 95(7), 4059-4064.
16. R Core Team. (2016). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
17. Razmkabir, M., Nejati-Javaremi, A., Moradi-Shahrbabak, M., Rashidi, A. & Sayadnejad, M. B. (2009) Estimation of genetic trend for production traits of Holstein cattle in Iran. *Iranian Journal of Animal Science*, 40, 7-11. (in Farsi)
18. Rokouei, M., Vaez Torshizi, R., Moradi-Shahrbabak, M., Sargolzaei, M. & Sørensen, A. C. (2011). Effect of inbreeding on genetic parameters and breeding values for production and reproduction traits in Holstein cattle of Iran. *Iranian Journal of Animal Science*, 42, 1-10. (in Farsi)
19. Rokouei, M. (2014). Estimation of genetic trend in populations with incomplete pedigree information. In: Proceedings of 5th Iranian Congress on Animal Science, Iran, Esfahan. Pp: 235-239. (in Farsi)
20. Ron, M., Blanc, Y., Band, M., Ezra, E. & Weller, J. I. (1996). Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implication for genetic improvement. *Journal of Dairy Science*, 79(4), 676-681.
21. Sanders, k., Bennewitz, J. & Kalm, E. (2006). Wrong and missing sire information affect genetic gain in Angeln dairy cattle population. *Journal of Dairy Science*, 89, 315-321.
22. Sargolzaei, M., Iwaisaki, H. & Colleau, J. (2006). CFC. A software package for pedigree analysis and monitoring genetic diversity. Release 1.0.
23. SAS Institute Inc. (2013). *Base SAS® 9.4 Procedures Guide*. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
24. 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. *Journal of Animal Science*, 82(8), 2307-2312.
25. Thompson, R. (2008). Estimation of quantitative genetic parameters. Proceedings of the Royal Society. B: *Biological Sciences*, 275(1635), 679-686.
26. Van Vleck, L. D. (1970). Misidentification and sire evaluation. *Journal of Dairy Science*, 53(12), 1697-1702.
27. Vierhout, C. N. (2008). *Selection of dairy cow families for superior fertility*. North Carolina State University, USA, Ph.D. Dissertation.
28. Visscher, P. M., Woolliams, J. A., Smith, D. & Williams, J. L. (2002). Estimation of pedigree errors in the UK dairy population using microsatellite markers and the impact on selection. *Journal of Dairy Science*, 85(9), 2368-2375.
29. Visual FoxPro version 9.0. (2006). *Microsoft Corporation*, USA.
30. Weller, J. I., Feldmesser, E., Golik, M. & Tager-Cohen, I. (2004). Factors affecting incorrect paternity assignment in the Israeli Holstein population. *Journal of Dairy Science*, 87(8), 2627-2640.