



"مقاله پژوهشی"

اثر خطای شجره بر وراثت‌پذیری و صحت پیش‌بینی ارزش اصلاحی در صفات آستانه‌ای

میثم لطیفی^۱ و یوسف نادری^۲

۱- محقق مستقل، دکترای ژنتیک و اصلاح نژاد دام از دانشگاه کردستان، کردستان، ایران

۲- دانشیار، گروه علوم دامی، واحد آستارا، دانشگاه آزاد اسلامی، آستارا، ایران، (نویسنده مسوول: Yousef.Naderi@iauu.ac.ir)

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۵/۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۰/۱۷

صفحه: ۱۳۹ تا ۱۴۴

چکیده مسبوط

مقدمه و هدف: تشکیل کامل ماتریس روابط خویشاوندی، یک اصل مهم برای دستیابی به نتایج قابل اعتماد در ارزیابی‌های ژنتیکی می‌باشد. دو نوع خطای شجره شامل ثبت اطلاعات ناصحیح و گم شدن اطلاعات ثبتی منجر به کاهش قابلیت مدل دام در روش‌های سنتی می‌شود. هدف از مطالعه حاضر، اثر سطوح مختلف نقص اطلاعات شجره شامل پدری، مادری و هر دو والدین (پدری و مادری به طور همزمان) بر مقدار وراثت‌پذیری، صحت ارزیابی و پیش‌بینی ارزش اصلاحی در صفات آستانه‌ای بود.

مواد و روش‌ها: صفتی محدود به جنس با وراثت‌پذیری ۰/۰۵، ۰/۱ و ۰/۲ ایجاد شد. به منظور ایجاد فنوتیپ‌های آستانه‌ای صفت چندقلوزایی، ۲۰ درصد از فنوتیپ‌های بالا دو و ۸۰ درصد باقی‌مانده یک در نظر گرفته شد. نسبت‌های مختلفی از نقص شجره پدری (صفر، ۵، ۱۰، ۱۵ و ۲۰) نقص شجره مادری (صفر، ۵ و ۱۰) و ترکیبی از هر دو (نقص شجره پدری و مادری به طور همزمان) ایجاد شد. یک مدل آستانه‌ای در نظر گرفته شد. وراثت‌پذیری، ارزش‌های اصلاحی و صحت ارزیابی با روش آماری بیز برآورد شد.

یافته‌ها: با معرفی سطوح مختلف نقص شجره به شجره کامل مقدار وراثت‌پذیری کاهش یافت. برای وراثت‌پذیری ۰/۰۵، ۰/۱ و ۰/۲ کمترین مقدار وراثت‌پذیری به دست آمده به ترتیب ۰/۰۱۸، ۰/۰۸۴ و ۰/۱۶ بود. در شجره کامل، کمترین و بیشترین مقدار صحت ارزیابی به ترتیب ۰/۳۷۵ (h²=۰/۰۵) و ۰/۵۲۱ (h²=۰/۲) بود. کمترین مقدار صحت ارزیابی برای وراثت‌پذیری ۰/۰۵، ۰/۱ و ۰/۲ به ترتیب ۰/۳۰۹ (نقص شجره پدری ۱۰ درصد و مادری ۱۰ درصد)، ۰/۳۵۳ (نقص شجره پدری ۲۰ درصد و مادری ۱۰ درصد) و ۰/۴۵۹ (نقص شجره پدری ۵ درصد و مادری ۱۰ درصد) بود. همچنین معرفی نقص شجره در سطوح مختلف منجر به کاهش میانگین ارزش اصلاحی شد.

نتیجه‌گیری: نتایج نشان داد، در مقایسه با نقص شجره پدری یا مادری به صورت مجزا، نقص شجره پدری و مادری به صورت توأم، برآورد ارزیابی‌های ژنتیکی را بیشتر کاهش می‌دهد.

واژه‌های کلیدی: ارزش اصلاحی، روش بیزی، صفت محدود به جنس

مقدمه

برآورد وراثت‌پذیری، اجزاء وارینانس و پارامترهای ژنتیکی برای تعیین پیشرفت ژنتیکی و بهبود صفات کمی حائز اهمیت می‌باشد (۳). این بهبود و پیشرفت ژنتیکی می‌تواند از طریق انتخاب حیوانات برتر به عنوان والدین نسل آینده براساس شایستگی ژنتیکی آنها برای صفات مورد نظر صورت گیرد (۶). به منظور پیش‌بینی ارزش اصلاحی و برآورد پارامترهای ژنتیکی در گیاهان و حیوانات از روش BLUP به وفور استفاده شده است (۱۳). فرض اساسی در این روش، شناخت روابط خویشاوندی افراد یا به زبان ساده، ثبت شجره حیوانات به طور صحیح می‌باشد (۴). تشکیل کامل ماتریس روابط خویشاوندی، یک اصل 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 (۲۳). ثبت ناقص شجره، منجر به کاهش قابلیت مدل دام برای انتخاب غیر تصادفی حیوانات به عنوان والدین برای نسل بعد می‌شود.

در مطالعات متعددی درصد خطای شجره در جمعیت‌های مختلف گاو شیری و گوسفند گزارش شده است. برای نمونه خطای شجره، در گاوهای شیری دانمارک بین ۵ الی ۱۵ درصد، در انگلستان ۱۰ درصد، در اسرائیل حدود ۵ درصد و در آلمان بین ۳ تا ۲۳ درصد گزارش شده است (۷،۹،۱۸،۲۴). خطای شجره نیز در گوسفندان نژاد برولا و اینوردل به ترتیب ۲/۵ و ۵ درصد (۸)، در نژاد مرینو ۸/۷ الی ۱۵/۵ درصد (۵)،

در گوسفند شیری ایتالیا ۲۰ درصد (۱۹) گزارش شده است. به طور کلی دو نوع نقص شجره، شامل ثبت اطلاعات ناصحیح (ثبت شماره اشتباه والدین) و گم شدن اطلاعات ثبتی شجره (نبود اطلاعات والدین)، پیش‌بینی ارزش اصلاحی و پاسخ به انتخاب را تحت تاثیر قرار می‌دهد (۱۲).

بیشتر مطالعات اثر خطای شجره را بر صفات کمی پیوسته مورد بررسی قرار داده‌اند. عباسی (۱) با شبیه‌سازی دو صفت با وراثت‌پذیری ۰/۱۵ و ۰/۳ به بررسی اثر خطای شجره پدری (در سطوح مختلف شامل ۱۰، ۲۰، الی ۱۰۰ درصد) با دو روش تصادفی و متوالی پرداخت. نتیجه مطالعه نامبرده نشان داد، که در روش حذف تصادفی، کاهش روندهای ژنتیکی در درصدهای حذف اولیه شدیدتر بوده و در حذف‌های بالاتر کمتر می‌باشد، در حالی که در روش حذف متوالی تغییرات یکنواخت‌تر بود. پیشرفت ژنتیکی سالانه نیز در تمام این حالت‌ها با افزایش درصد حذف شجره پدری به طور قابل ملاحظه‌ای کاهش نشان داد. در تحقیقی دیگر، اثر سطوح مختلف خطای شجره بر پیشرفت ژنتیکی و صحت ارزیابی در صفات کیفیت لاشه گاوهای کره، مورد بررسی قرار گرفت. نتایج این محققین نشان داد، صحت ارزیابی، پیشرفت ژنتیکی و مقدار وراثت‌پذیری با افزایش میزان خطای شجره، کاهش می‌یابد (۱۵). بسیاری از صفات مهم تولیدی در حیوانات، مانند چند قلوزایی، سخت‌زایی و مقاومت در برابر بیماری، در توزیع گسسته (یا طبقه بندی شده) فنوتیپ‌هایی را ارائه می‌دهند که به آنها صفات آستانه‌ای می‌گویند (۲۵). این صفات

وراثت‌پذیری پایینی دارند و پیشرفت ژنتیکی برای آنها کم است. اثر خطای شجره در صفات آستانه‌ای مورد ارزیابی قرار نگرفته است. بنابراین با توجه به مباحث گفته شده، هدف از مطالعه‌ی حاضر تاثیر سطوح مختلف خطای شجره بر وراثت‌پذیری، برآورد ارزش اصلاحی و ارزیابی صحت پیش‌بینی ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده و حقیقی در صفات آستانه‌ای با کمک شبیه‌سازی بود.

مواد و روش‌ها ایجاد جمعیت

به منظور شبیه‌سازی یک جمعیت گوسفند از نرم‌افزار QMSim استفاده شد (۲۱). صفتی محدود به جنس با وراثت‌پذیری ۰/۰۵، ۰/۱ و ۰/۲ ایجاد شد. در گام اول، ابتدا ۲۰۰ حیوان نر و ۳۰۰۰ حیوان ماده شبیه‌سازی شد و این افراد به مدت بیست نسل به صورت تصادفی انتخاب و آمیزش داده شدند. در گام دوم، از نسل بیستم جمعیت نخست، ۳۰ حیوان نر و ۴۵۰ حیوان ماده (به نسبت یک به پانزده) بر اساس بیشترین مقدار ارزش اصلاحی به عنوان افراد پایه انتخاب شدند و به مدت ده نسل به صورت تصادفی انتخاب و با یکدیگر آمیزش داده شدند. نسبت جایگزینی برای حیوانات نر و ماده به ترتیب ۰/۴ و ۰/۲ در نظر گرفته شد. همچنین نرخ دوقلو‌زایی برای حیوانات ماده در هر نسل ۰/۲ بود. این مقدار از نرخ دوقلو‌زایی به تقلید از جمعیت گوسفند در نظر گرفته شد. همچنین نسبت جنسیت نر و ماده برای فرزندان یکسان در نظر گرفته شد. به منظور ایجاد فنوتیپ‌های آستانه‌ای صفت چند قلو‌زایی، ۲۰ درصد از فنوتیپ‌های بالا دو و ۸۰ درصد باقی‌مانده یک در نظر گرفته شد. در این مطالعه تمرکز اصلی بر گم شدن اطلاعات ثبتی شجره بود. بدین منظور به صورت تصادفی نسبت‌های مختلفی از نقص شجره پدیری (صفر، ۵، ۱۰، ۱۵ و ۲۰)، نقص شجره مادری (صفر، ۵ و ۱۰) و ترکیبی از هر دو (نقص شجره پدیری و مادری به طور همزمان) ایجاد شد.

مدل آماری

به منظور برآورد پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی از روش آماری بی‌زی، بسته MCMCglimm (۱۱) نرم‌افزار R و معادله زیر استفاده شد:

$$l = 1_n \mu + Za + e \quad (1)$$

در این مدل l بردار متغیر پنهان برای صفت چندقلو‌زایی (یک آستانه و دو دسته)، μ میانگین کل، 1_n بردار یکه، a بردار تصادفی اثرات ژنتیکی افزایشی، Z ماتریس طرح که اثرات ژنتیکی افزایشی حیوانات را به مشاهدات ارتباط می‌دهد و e بردار اثرات تصادفی باقیمانده می‌باشد. همچنین ساختار ماتریس کو(واریانس) به شرح زیر بود:

$$= \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix} [e]$$

در این معادله A ، ماتریس روابط خویشاوندی، I ، ماتریس همانی، σ_a^2 ، واریانس ژنتیکی افزایشی و σ_e^2 ، واریانس باقیمانده بود. در ادامه، یک زنجیره‌ی نمونه برداری گیبس با ۲۵۰۰۰۰ دور تشکیل شد. ۲۵۰۰۰ دوره‌ی اول به عنوان دوره‌ی سوخته و فاصله‌ی نمونه‌برداری نیز ۱۰۰ در نظر گرفته شد.

نتایج و بحث

برآورد وراثت‌پذیری در شجره کامل و سطوح مختلف نقص شجره در جدول (۱) گزارش شده است. بیشترین مقدار وراثت‌پذیری در شجره کامل به ترتیب برابر ۰/۴۵، ۰/۱ و ۰/۱۹ بود. با معرفی سطوح مختلف نقص شجره، مقدار وراثت‌پذیری در مقایسه با شجره‌ی کامل کاهش یافت. کاهش در برآورد مقادیر وراثت‌پذیری با معرفی سطوح مختلف نقص شجره در مطالعه حاضر با نتایج سایر مطالعات همخوانی داشت (۱۶، ۱۵). در مطالعه رزم کبیر و همکاران (۱۶) برای صفت تولید شیر در دوره اول شیردهی مقدار وراثت‌پذیری در شجره کامل ۰/۲۹ بود. در مطالعه‌ی نامبرده با معرفی درصد‌های مختلف نقص شجره مقادیر وراثت‌پذیری نسبت به شجره کامل کاهش یافت. مقادیر وراثت‌پذیری برای سطوح مختلف نقص شجره شامل ۴، ۸، ۱۲، ۱۶، ۲۰ و ۲۴ درصد به ترتیب ۰/۲۸، ۰/۲۸، ۰/۲۷، ۰/۲۷ و ۰/۲۶ بود.

در مطالعه حاضر، کاهش مقدار وراثت‌پذیری با افزایش سطوح نقص شجره از الگوی خاصی تبعیت نکرد. برای وراثت‌پذیری ۰/۰۵ کمترین مقدار وراثت‌پذیری ۰/۰۱۸ (در نقص شجره‌ی پدیری ۱۵ درصد)، برای وراثت‌پذیری ۰/۱۰ کمترین مقدار وراثت‌پذیری ۰/۰۸۴ (در نقص شجره‌ی پدیری ۵ درصد و مادری ۱۰ درصد) و برای وراثت‌پذیری ۰/۲۰ کمترین مقدار وراثت‌پذیری ۰/۱۶۸ (در نقص پدیری ۱۰ درصد) بود. عدم تبعیت کاهش وراثت‌پذیری با افزایش درصد مقادیر نقص شجره در مطالعه حاضر با نتایج مطالعات انجام شده بر روی صفت کیفیت پوست در نژاد قره گل مطابقت دارد (۲۲). این محققین مقدار وراثت‌پذیری را در سطوح مختلف نقص شجره پدیری شامل صفر (شجره کامل)، ۲۵، ۵۰، ۷۵ و ۱۰۰ درصد به ترتیب ۰/۲۸، ۰/۲۳، ۰/۲۴ و ۰/۱۶ و ۰/۴۲ برآورد کردند. مقدار وراثت‌پذیری برای انتخاب، در صفات چند ژنی بسیار مهم می‌باشد، زیرا انتخاب سبب می‌شود حیواناتی که بیشترین ارزش اصلاحی را دارند به عنوان والدین برای نسل بعد انتخاب شوند. زمانی که وراثت‌پذیری صفات کم باشد، مقادیر فنوتیپی عمدتاً مقدار کمی از ارزش‌های اصلاحی را نشان می‌دهند، در نتیجه انتخاب بهترین حیوان به عنوان والد برای نسل بعد دشوار می‌باشد (۱۷). بنابراین برای افزایش دقت انتخاب، به اطلاعات کامل در مورد حیوانات انتخاب شده نیاز می‌باشد (فنوتیپ و شجره)، چرا که فنوتیپ افراد ارتباط بالایی با ارزش اصلاحی دارد (۱۵).

جدول ۱- مقادیر وراثت‌پذیری در شجره کامل و درصد مقادیر مختلف نقص خطای شجره

Table 1. The values of heritability in the complete pedigree and the percentage of different levels of incomplete pedigree

نوع و درصد نقص شجره The type and percentage of pedigree error		وراثت‌پذیری Heritability		
Sire پدر	Dam مادر	0.05	0.1	0.2
0	0	0.045 ± 0.009	0.10 ± 0.032	0.191 ± 0.025
5	0	0.032 ± 0.009	0.093 ± 0.029	0.172 ± 0.021
10	0	0.023 ± 0.005	0.091 ± 0.022	0.168 ± 0.024
15	0	0.018 ± 0.006	0.10 ± 0.035	0.173 ± 0.025
20	0	0.031 ± 0.014	0.091 ± 0.022	0.185 ± 0.032
0	5	0.031 ± 0.008	0.10 ± 0.028	0.183 ± 0.028
0	10	0.032 ± 0.009	0.102 ± 0.033	0.184 ± 0.030
5	5	0.036 ± 0.010	0.096 ± 0.026	0.181 ± 0.023
10	5	0.028 ± 0.009	0.105 ± 0.032	0.182 ± 0.032
15	5	0.036 ± 0.012	0.099 ± 0.028	0.185 ± 0.026
20	5	0.027 ± 0.007	0.105 ± 0.021	0.179 ± 0.028
5	10	0.026 ± 0.008	0.084 ± 0.021	0.185 ± 0.032
10	10	0.032 ± 0.013	0.095 ± 0.021	0.170 ± 0.020
15	10	0.032 ± 0.010	0.103 ± 0.027	0.176 ± 0.017
20	10	0.035 ± 0.015	0.098 ± 0.028	0.171 ± 0.027

۱۰ درصد) بود. این نتایج بیانگر این است که نقص شجره پدری و مادری به صورت هم زمان در مقایسه با نقص شجره‌ی پدری یا مادری به صورت مجزا، صحت ارزیابی را بیشتر کاهش می‌دهد. در برنامه‌های اصلاح نژادی، انتخاب حیوانات برتر، به عنوان والد نسل بعد نیازمند صحت ارزیابی بالا می‌باشد. در پرورش گوسفند به صورت سنتی یا نیمه صنعتی به علت: ۱) عدم استفاده متمرکز از تلقیح مصنوعی، ۲) ترکیب کردن گله‌های متفاوت خانوارهای روستایی در هنگام چرا و به تبع آن آمیزش‌های کنترل نشده، ۳) گم شدن پلاک گوش و ۴) عدم شناسایی دقیق مادر بره و بره متولد شده به علت جدا نکردن میش‌هایی که زمان زایمان یکسانی دارند، ثبت یک شجره کامل و بدون نقص یک چالش اساسی می‌باشد. به منظور فائق شدن بر این چالش می‌توان از نشانگرهای مولکولی ریزماهورهای برای تعیین ژنتیکی صحت شجره نامه استفاده کرد. تعیین ژنتیکی صحت شجره نامه منجر به برآورد دقیق وراثت‌پذیری شده که به تبع آن ارزش اصلاحی حیوانات با دقت بیشتری برآورد می‌شود و در نتیجه پیشرفت ژنتیکی بیشتری در صفات کمی مخصوصا صفات آستانه‌ای که وراثت‌پذیری پایینی دارند، حاصل می‌شود.

همبستگی بین ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده و حقیقی در شجره کامل و با سطوح مختلف نقص شجره در جدول (۲) گزارش شده است. در شجره کامل، کمترین و بیشترین مقدار همبستگی بین ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده و حقیقی به ترتیب 0.375 ($h^2=0.05$) و 0.521 ($h^2=0.2$) بود. با افزایش وراثت‌پذیری از 0.05 به 0.2 مقدار همبستگی بین ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده و حقیقی افزایش یافت. افزایش صحت ارزیابی با افزایش مقادیر وراثت‌پذیری توسط سایر محققین نیز گزارش شده است (۲، ۱۰، ۱۴). در صفات با وراثت‌پذیری بالا به علت اینکه بخش زیادی از واریانس فنوتیپی تحت تاثیر واریانس ژنتیکی می‌باشد صحت ارزیابی افزایش می‌یابد. برعکس، در صفات با وراثت‌پذیری پایین همبستگی بین ارزش فنوتیپی و ژنتیکی پایین است و در نتیجه مقدار صحت ارزیابی کاهش می‌یابد.

در سطوح مختلف وراثت‌پذیری با معرفی نقص شجره پدری، مادری و یا هر دو (پدری و مادری به صورت هم زمان) صحت ارزیابی روند کاهشی داشت. کمترین مقدار صحت ارزیابی برای وراثت‌پذیری 0.05 ، 0.1 و 0.2 به ترتیب 0.309 (در نقص شجره‌ی پدری ۱۰ درصد و مادری ۱۰ درصد)، 0.353 (در نقص شجره‌ی پدری ۲۰ درصد و مادری ۱۰ درصد) و 0.459 (در نقص شجره‌ی پدری ۲۰ درصد و مادری

جدول ۲- همبستگی بین ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده و حقیقی در شجره کامل و درصد مقادیر مختلف نقص خطای شجره
Table 2. Correlation between true and predicted breeding values in the complete pedigree and the percentage of different levels of incomplete

نوع و درصد نقص شجره The type and percentage of pedigree error		وراثت‌پذیری Heritability		
Sire پدر	Dam مادر	0.05	0.1	0.2
0	0	0.375 ± 0.010	0.406 ± 0.036	0.521 ± 0.035
5	0	0.358 ± 0.012	0.396 ± 0.036	0.507 ± 0.034
10	0	0.354 ± 0.016	0.389 ± 0.031	0.495 ± 0.030
15	0	0.330 ± 0.015	0.376 ± 0.032	0.482 ± 0.035
20	0	0.313 ± 0.027	0.355 ± 0.036	0.472 ± 0.031
0	5	0.371 ± 0.010	0.401 ± 0.037	0.510 ± 0.037
0	10	0.360 ± 0.008	0.395 ± 0.036	0.506 ± 0.037
5	5	0.353 ± 0.021	0.394 ± 0.032	0.497 ± 0.036
10	5	0.353 ± 0.018	0.392 ± 0.040	0.502 ± 0.033
15	5	0.343 ± 0.007	0.376 ± 0.036	0.489 ± 0.034
20	5	0.326 ± 0.023	0.375 ± 0.030	0.484 ± 0.034
5	10	0.331 ± 0.021	0.371 ± 0.031	0.479 ± 0.033
10	10	0.309 ± 0.015	0.360 ± 0.034	0.478 ± 0.039
15	10	0.314 ± 0.016	0.367 ± 0.022	0.466 ± 0.032
20	10	0.321 ± 0.023	0.353 ± 0.033	0.459 ± 0.036

است (۱،۱۲،۲۰). ساندرز و همکاران (۲۰) نشان دادند که نقص شجره منجر به کاهش پیشرفت ژنتیکی می‌شود و این کاهش برای صفات با وراثت‌پذیری بالا مشهودتر است. در تحقیقی دیگر با معرفی ۱۵ درصد خطای شجره به دوصفت با وراثت‌پذیری ۰/۵ و ۰/۲ مقدار پیشرفت ژنتیکی به ترتیب ۹ و ۱۷ درصد کاهش یافت (۹). در تحقیق حاضر، تمرکز اصلی بر گم شدن اطلاعات ثبتی شجره بود. ساندرز و همکاران (۲۰) گزارش کردند که اثر ثبت شماره اشتباه والدین بر کاهش سود ژنتیکی تقریباً ۱/۴ برابر بیشتر از گم شدن اطلاعات ثبتی شجره می‌باشد.

میانگین ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده در شجره کامل و سطوح مختلف نقص شجره در جدول (۳) برای سطوح مختلف وراثت‌پذیری گزارش شده است. بیشترین مقدار میانگین ارزش اصلاحی در شجره کامل بدست آمد. مقادیر ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده برای وراثت‌پذیری ۰/۰۵، ۰/۱ و ۰/۲ به ترتیب ۰/۰۰۲، ۰/۰۲۲ و ۰/۰۳۳ بود. با معرفی سطوح مختلف نقص شجره پدری، مادری و یا پدری و مادری به صورت هم زمان میانگین ارزش اصلاحی کاهش یافت. کاهش میانگین ارزش اصلاحی با افزایش سطوح نقص شجره از روند کاهشی منظمی تبعیت نکرد. کاهش پیشرفت ژنتیکی تحت تاثیر خطای شجره در سایر مطالعات نیز گزارش شده

جدول ۳- میانگین ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده در شجره کامل و درصد مقادیر مختلف نقص خطای شجره
Table 3. Mean of predicted breeding values in the complete pedigree and the percentage of different levels of incomplete pedigree

نوع و درصد نقص شجره The type and percentage of pedigree error		وراثت‌پذیری Heritability		
Sire پدر	Dam مادر	0.05	0.1	0.2
0	0	0.00272 ± 0.0067	0.0222 ± 0.0152	0.0333 ± 0.0033
5	0	-0.00137 ± 0.0035	0.0119 ± 0.0130	0.0178 ± 0.0108
10	0	-0.00147 ± 0.0054	0.0090 ± 0.0112	0.0158 ± 0.0073
15	0	0.00087 ± 0.0028	-0.0009 ± 0.0145	0.0251 ± 0.0131
20	0	0.00105 ± 0.0026	0.0121 ± 0.0163	0.0204 ± 0.0196
0	5	-0.00444 ± 0.0055	0.0142 ± 0.0104	0.0261 ± 0.0059
0	10	-0.00148 ± 0.0088	0.0171 ± 0.0109	0.0139 ± 0.0126
5	5	0.00178 ± 0.0058	0.0143 ± 0.0076	0.0131 ± 0.0109
10	5	0.0 ± 0.0052	0.0124 ± 0.0092	0.0246 ± 0.0048
15	5	0.00010 ± 0.0027	0.0113 ± 0.0134	0.0243 ± 0.0099
20	5	-0.00139 ± 0.0055	0.0178 ± 0.0138	0.0234 ± 0.0085
5	10	0.00117 ± 0.0048	0.0098 ± 0.0086	0.0303 ± 0.0092
10	10	0.00156 ± 0.0027	0.0184 ± 0.0132	0.0088 ± 0.0172
15	10	0.00067 ± 0.0045	0.0137 ± 0.0191	0.0184 ± 0.0144
20	10	-0.00027 ± 0.0069	0.0056 ± 0.0148	0.0161 ± 0.0044

وراثت‌پذیری، میانگین ارزش اصلاحی و پیش‌بینی ارزش اصلاحی می‌شود و در نتیجه منجر به ناکارآمدی برنامه‌های اصلاح نژادی می‌شود. بنابراین استفاده از نشانگرهای مولکولی ریزماهواره‌ای برای تعیین ژنتیکی صحت شجره نامه پیشنهاد می‌شود.

نتیجه‌گیری کلی
نتایج این مطالعه نشان می‌دهد، نقص شجره پدری و مادری به صورت هم زمان صحت ارزیابی را در مقایسه با نقص شجره‌ی پدری یا مادری به صورت مجزا بیشتر کاهش می‌دهد. نقص شجره باعث ایجاد اریب در برآورد

منابع

- Abbasi, M.A. 2015. Effect of missing sire pedigree information on genetic trend and gain of quantitative trait using computer simulation. *Research on Animal Production*, 6(12): 152-159 (In Persian).
- Abbasi, M.A. 2019. The effect of missed sire pedigree on genetic parameters and accuracy of selection of two related quantitative traits using computer simulation. *Journal of Animal Science Research*, 29(2): 1-13 (In Persian).
- Atefi, A. 2021. Genetic analysis of growth traits and kleiber ratios in Mgohani sheep. *Research on Animal Production*, 12(31): 180-187 (In Persian).
- Banos, G., G.R. Wiggans and R.L. Powell. 2001. Impact of paternity errors in cow identification on genetic evaluation and international comparisons. *Journal of Dairy Science*, 84(11): 2523-2529.
- Barnett, N., I. Purvis, B. Van Hest and I. Franklin. 1999. The accuracy of current dam pedigree recording strategies employed by stud Merino breeders. *Proceedings of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics*, 13: 373-376.
- Bayeriyar, M., S.H. Hafezian, A.H. Khaltabadi-Farahani, A. Farhadi and H. Mohammadi. 2021. Bioinformatics analysis of some genomic regions in sheep population based on Meta-analysis. *Research on Animal Production*, 12(32): 150-159 (In Persian).
- Christensen, L.G., P. Madsen and J. Petersen. 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, 200-208 pp. Madrid, Spain.
- Crawford, A.M. and F. Buchanan. 1993. Ovine microsatellites at the OarFCB11, OarFCB128, OarFCB193, OarFCB266 and OarFCB304 loci. *Animal Genetics*, 24(2): 145-145.
- Geldermann, H., U. Pieper and W.E. Weber. 1986. Effect of misidentification on the estimation of breeding value and heritability in cattle. *Journal of Animal Science*, 63(6): 1759-1768.
- Gowane, G.R., S.H. Lee, S. Clark, N. Moghaddar, H.A. Al-Mamun and J.H.J. van der Werf. 2018. Effect of selection on bias and accuracy in genomic prediction of breeding values. *bioRxiv*, DOI: <http://dx.doi.org/10.1101/298042>.
- Hadfield, J.D. and S. Nakagawa. 2010. General quantitative genetic methods for comparative biology: phylogenies, taxonomies and multi-trait models for continuous and categorical characters. *Journal of Evolutionary Biology*, 23(3): 494-508.
- Harder, B., J. Bennowitz, N. Reinsch, M. Mayer and E. Kalm. 2005. Effect of missing sire information on genetic evaluation. *Archives Animal Breeding*, 48(3): 219-232.
- Henderson, C.R. 1984. *Applications of Linear Models in Animal Breeding*. University of Guelph, Guelph, ON, Canada, 462 pp.
- Karimi, K., M. Sargolzaei, G.S. Plastow, Z. Wang and Y. Miar. 2019. Opportunities for genomic selection in American mink: A simulation study. *PLoS ONE*, 14(3): e0213873.
- Nwogwugwu, C.P., Y. Kim, Y.J. Chung, S.B. Jang, S.H. Roh, S. Kim, J.H. Lee, T.J. Choi and S.H. Lee. 2020. Effect of errors in pedigree on the accuracy of estimated breeding value for carcass traits in Korean Hanwoo cattle. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 33(7): 1057-1067.
- Razmkabir, M., F. Fathi and R. Abdollahi-Arpanahi. 2019. Effects of misidentification and paternity errors on prediction of breeding values and ranking of animals in dairy cattle. *Iranian Journal of Animal Science*, 49(4): 535-544.
- Richard, M.B. 2013. *Understanding animal breeding*. 2nd ed., Pearson New International Edition, London, UK, 518pp.
- Ron, M., Y. Blanc, M. Band, E. Ezra and J.I. Weller. 1996. Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implication for genetic improvement. *Journal of Dairy Science*, 79(4): 676-681.
- Rosa, A.J.M., M.T. Sardinae, S. Mastrangelo, M. Tolone and B. Portolano. 2013. Parentage verification of Valle del Belice dairy sheep using multiplex microsatellite panel. *Small Ruminant Research*, 113(1): 62-65.
- Sanders, K., J. Bennowitz and E. Kalm. 2006. Wrong and missing sire information affects genetic gain in the Angeln dairy cattle population. *Journal of Dairy Science*, 89: 315-321.
- Sargolzaei, M. and F.S. Schenkel. 2009. QMSim: a large scale genome simulator for livestock. *Bioinformatics*, 25(5): 680-681.
- Shiri, S.A., M. Thmoorespur, M.A. Abbasi, M.M. Shariati and D.A. Soghi. 2017. Impact of incomplete pedigree on breeding value estimation, genetic trends and heritability of pelt traits in Karakul sheep. *Animal science journal (Pajoohesh & Sazandegi)*, 116: 139-146 (In Persian).
- Vierhout, C.N. 2008. *Selection of dairy cow families for superior fertility*. Ph.D. Dissertation, North Carolina State University, USA.
- Visscher, P.M., J.A. Woolliams, D. Smith and J.L. Williams. 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.
- Wang, C.L., X.D. Ding, J.Y. Wang, J.F. Fu, W.X. Liu, Z. Zhang, Z.J. Yin and Q. Zhang. 2013. Bayesian methods for estimating GEBVs of threshold traits. *Heredity*, 110(3): 213-219.

The Effect of Pedigree Error on Heritability and Accuracy of Prediction of Breeding Value in Threshold Traits

Meysam Latifi¹ and Yousef Naderi²

1- Independent Researcher, PhD in genetics and Animal Breeding from university of Kurdistan, Kurdistan, Iran

2- Associate Professor, Department of Animal Science, Astara Branch, Islamic Azad University, Astara, Iran,

(Corresponding author: Yousef.Naderi@iau.ac.ir)

Received: 28 July, 2022

Accepted: 7 January, 2023

Extended Abstract

Introduction and Objective: Complete information of relationship matrix is an important principle to achieve reliable results in genetic evaluations. Two kinds of pedigree errors, including incorrect pedigree information and missing pedigree information, reduce the capability of the livestock model in traditional methods. The purpose of this study was to investigate the different levels of missing pedigree information such as sire, dam and both parents (sire and dam together) on heritability, accuracy of prediction and estimation of breeding value in threshold traits.

Material and methods: Sex-limited traits with heritability of 0.05, 0.1, and 0.2, were simulated. In order to create threshold phenotypes of litter size, 20% of the top-phenotypes were considered as two and the rest were considered as one. Different ratios of missing sire information (zero, 5, 10, 15 and 20), missing dam information (zeros, 5 and 10) and a combination of both missing information (sire and dam together) were created. A threshold model was considered. Heritability, breeding values and accuracy of prediction were calculated by Bayesian statistical method.

Results: With the introduction of different levels of missing pedigree information to the complete pedigree, the amount of heritability decreased. The lowest values of heritability were 0.018, 0.084 and 0.16 for heritability of 0.05, 0.1 and 0.2, respectively. In the complete pedigree, the lowest and highest accuracy of prediction were 0.375 ($h^2=0.05$) and 0.521 ($h^2=0.2$), respectively. The lowest values of accuracy of prediction for heritability of 0.05, 0.1, and 0.2 were 0.309 (30% in paternal pedigree defects and 10% in maternal pedigree defects), 0.353 (paternal pedigree defects 20% and maternal pedigree defects 10%), and 0.459 (5% defect in paternal pedigree and 10% defect in maternal pedigree), respectively. Furthermore, missing pedigree information led to a decrease in the average breeding value.

Conclusion: The results showed that, compared to the paternal or maternal missing pedigree information separately, paternal and maternal missing pedigree information together, further reduces the estimation of genetic evaluations.

Keywords: Bayesian method, Breeding Value, Sex-limited trait