



اثر اطلاعات پدری گمشده بر پیشرفت و روند ژنتیکی صفت کمی با استفاده از شبیه‌سازی رایانه‌ای

مختارعلی عباسی^۱

۱- دانشیار پژوهش، موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، (نویسنده مسوول: pmaz_abbasi@yahoo.com)
تاریخ دریافت: ۹۲/۵/۴ تاریخ پذیرش: ۹۳/۴/۱

چکیده

به منظور بررسی اثر نقص شجره پدر بر پیشرفت و روند ژنتیکی یک صفت کمی در جمعیت با وراثت پذیری ۰/۱۵ و ۰/۳ شبیه‌سازی شدند. برای هر جمعیت اطلاعات حاصل از ۱۰ سال انتخاب و آمیزش در فایل‌های جداگانه ذخیره شد. در هر فایل شماره پدرها به میزان ده درصد (از صفر تا صد درصد) با دو روش تصادفی و متوالی از فایل شجره حذف شده و فایل‌های داده مختلف با مدل حیوان تجزیه شدند. روند ژنتیکی در هر دو روش و در هر دو جمعیت با افزایش درصد حذف پدرها بطور معنی‌دار کاهش یافت. در جمعیت ۱، میزان کاهش روند ژنتیکی برآورد شده در شجره فاقد پدر نسبت به شجره کامل و جامعه پایه به ترتیب ۸۶/۱۸٪ و ۸۹/۱٪ بود. در جمعیت ۲ نیز این نسبت‌ها به ترتیب ۸۸/۴۲٪ و ۹۰/۱۶٪ بودند. در روش حذف تصادفی، کاهش مقادیر در درصدهای حذف اولیه شدیدتر بوده و در حذف‌های بالاتر کمتر بود، درحالی‌که در روش حذف متوالی تغییرات یکنواخت‌تر بود. پیشرفت ژنتیکی سالانه نیز در تمام این حالت‌ها با افزایش درصد حذف شجره پدر بطور قابل ملاحظه‌ای کاهش یافت. بنابراین لازم است شجره پدر با دقت بالا در گله‌های اصلاح نژادی ثبت شود.

واژه‌های کلیدی: اطلاعات پدری گمشده، پیشرفت ژنتیکی، روند ژنتیکی، شبیه‌سازی رایانه‌ای

مقدمه

میزان پیشرفت ژنتیکی دقت ثبت شجره می‌باشد (۵). بررسی تاثیر نقصان شجره پدر بر پیش‌بینی ارزش اصلاحی، دقت انتخاب و روند ژنتیکی در داده‌های مزرعه‌ای امکان‌پذیر نیست. زیرا بندرت شجره کامل در گله‌های گوسفند وجود دارد تا با ایجاد نقصان مصنوعی اثرات آن بررسی شود. از طرف دیگر مقادیر ارزش‌های اصلاحی واقعی حیوانات در گله‌های پرورشی موجود نیستند تا بتوان دقت انتخاب را برآورد کرد. بنابراین استفاده از شبیه‌سازی رایانه‌ای برای ایجاد جمعیت واقعی با شجره کامل و تولید فایل‌های مختلف با درجات متفاوت نقصان در شجره پدر، امکان بررسی تاثیر سطوح مختلف نقصان شجره بر پیش‌بینی ارزش اصلاحی و برآورد روند ژنتیکی صفات را فراهم می‌آورد. تحقیقات مختلفی در این زمینه انجام شده‌است، اما با توجه به متفاوت بودن برخی شرایط در شبیه‌سازی و ورودی‌های متفاوت در شبیه‌سازی جامعه واقعی، امکان تعمیم نتایج حاصل از آنها برای کلیه شرایط و مقایسه نتایج آن پژوهش‌ها با یکدیگر وجود ندارد.

در مطالعات شبیه‌سازی از روش تحلیل سیستم استفاده می‌شود. در این روش پدیده‌ها به صورت یک سامانه (سیستم) در نظر گرفته شده و روابط اجزاء، نهاده‌ها و ستاده‌ها، اثرات متقابل آنها و تاثیر عوامل مؤثر بر نتایج و محصولات سامانه مورد بررسی قرار می‌گیرند.

برای پیش‌بینی ارزش اصلاحی صفات کمی از روش‌های مختلف استفاده می‌شود که رایج‌ترین آنها مدل حیوان می‌باشد. در این مدل با وارد کردن ماتریس روابط خویشاوندی از اطلاعات کلیه خویشاوندان برای پیش‌بینی نارایب ارزش‌های اصلاحی دام‌ها استفاده می‌شود. ناقص بودن اطلاعات شجره و به تبع آن ماتریس روابط خویشاوندی سبب اریب شدن پیش‌بینی‌ها شده و دقت انتخاب و میزان پیشرفت و روند ژنتیکی را کاهش می‌دهد (۱۵). آگاهی از تاثیر مقادیر مختلف نقصان شجره بر این پارامترها اهمیت زیادی دارد و میزان اعتماد به برآوردها و پیش‌بینی‌ها در شجره‌های ناقص را تا حدودی مشخص می‌نماید. با توجه به سادگی ثبت اطلاعات زایش گوسفندان، امکان ثبت کامل شماره مادر وجود دارد. اما به علت مشکلات موجود در اجرای برنامه جفتگیری کنترل شده و تلقیح مصنوعی، ثبت شماره پدر در گله‌های گوسفند در برخی مواقع مقدور نبوده و شجره‌های موجود معمولاً ناقص می‌باشند. علی‌رغم مزیت‌های نظری مدل حیوان، برخی داده‌ها و شجره‌های ناقص می‌توانند اعتبار و صحت برآورد مؤلفه‌ها و پارامترها را متاثر سازند (۳). موفقیت برنامه‌های اصلاح نژادی را نیز می‌توان با اندازه‌گیری پیشرفت ژنتیکی صفات مورد مطالعه در طی اجرای برنامه اصلاح نژاد مشخص نمود. یکی از عوامل مؤثر در

پیشرفت ژنتیکی، روند ژنتیکی و دقت پیش‌بینی ارزش اصلاحی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

برای بررسی تأثیر درصدهای مختلف نقصان شجره پدر بر پیش‌بینی ارزش اصلاحی، پیشرفت و روند ژنتیکی و همبستگی بین ارزش اصلاحی واقعی و پیش‌بینی شده، دو جمعیت اصلاح نژادی با روش شبیه‌سازی کامپیوتری ایجاد شد. در جمعیت اول میانگین صفت ۲۲/۳۹، واریانس ژنتیکی افزایشی ۱/۷۲۵، واریانس محیطی ۹/۷۷۵ و وراثت‌پذیری ۰/۱۵ و در جمعیت دوم میانگین صفت ۲۲/۳۹، واریانس ژنتیکی افزایشی ۳/۴۵، واریانس محیطی ۸/۰۵ و وراثت‌پذیری ۰/۳ در نظر گرفته شدند. آمیزش قوچ و میش‌های انتخاب شده در هر دو جمعیت تصادفی بوده 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 آنها ۱۰ سال در نظر گرفته شد. در برنامه شبیه‌سازی شده ساختار نسلی متداخل و برنامه اصلاح نژاد نر مرجع برای جمعیت اصلاح نژادی فرضی طراحی شد (۱). برای کدنویسی برنامه شبیه‌سازی از زبان برنامه‌نویسی ویژوال بیسیک استفاده گردید. مبنای ایجاد رکورد برای هر حیوان، نمونه‌گیری تصادفی از توزیع آماری از پیش تعیین شده می‌باشد. ابتدا برای صفت مورد نظر یک جمعیت پایه غیرخویشاوند و غیرهمخون شبیه‌سازی شد. برای ایجاد ارزش فنوتیپی و محیطی حیوانات جمعیت پایه، انحراف معیار ژنتیکی افزایشی و محیطی صفت مورد نظر در عدد تصادفی نرمال استاندارد ضرب شده و ارقام حاصل با یکدیگر جمع می‌شود. این حیوانات بر مبنای بالاترین ارزش اصلاحی انتخاب می‌شوند. از آمیزش حیوانات نر و ماده انتخاب شده، جمعیت نتاج نسل بعد حاصل شده که ارزش‌های اصلاحی آنها از رابطه زیر پیش‌بینی شد:

$$BV_0 = 0.5(BV_s + BV_d) + \{0.5(1 - 0.5(F_s + F_d))\}^{0.5} (g * r)$$

در این رابطه، BV_0 ، BV_s ، BV_d ، F_s ، F_d ، g و r به ترتیب ارزش‌های اصلاحی نتاج، پدر و مادر، ضریب همخونی پدر، ضریب همخونی مادر، انحراف معیار ژنتیکی افزایشی و عدد تصادفی نرمال استاندارد می‌باشند. ارزش محیطی جمعیت نتاج نسل بعد نیز همانند جمعیت پایه شبیه‌سازی می‌گردد. با انجام این عملیات برای مدت ۱۰ سال کلیه مراحل، اطلاعات شجره و عملکرد حیوانات حاصل شده برای هر جمعیت در یک فایل ذخیره شد. این فایل‌ها حاوی مقادیر مربوط به شماره حیوان، شماره پدر، شماره مادر، اثرات ثابت

شبیه‌سازی فرآیندی است که طی آن به کمک یک مدل طراحی شده از روی یک سامانه واقعی آزمایش‌هایی صورت می‌گیرد تا به کمک آنها به رفتار سامانه پی برده شده و راهکارهای گوناگون برای عملیات سامانه، در محدوده‌ای مشخص و معین مورد ارزیابی واقع گردد. گله گوسفند نیز به عنوان یک سامانه محسوب شده که رابطه عوامل بیرونی و درونی آن را می‌توان به کمک انواع مدل‌های ریاضی بیان نمود. در صورت معلوم بودن این مدل‌ها، می‌توان با استفاده از شبیه‌سازی رایانه‌ای با هزینه‌ای کمتر، در زمانی اندک و با دقتی بالا به بررسی تأثیر هر یک از عوامل مؤثر بر عملکرد آن پرداخت (۱۲). در یک پژوهش ساندرز و همکاران (۱۱) اثر اطلاعات پدری نادرست (WSI) و گم شده (MSI) را بر پیشرفت ژنتیکی در جامعه گاو شیری انگلن با استفاده از شبیه‌سازی قطعی مورد بررسی قرار دادند. در شبیه‌سازی مقادیر متفاوتی برای وراثت‌پذیری (۰/۱، ۰/۲۵ و ۰/۵، WSI و MSI) در نظر گرفته شد. نتایج حاصل نشان داد که اطلاعات پدری نادرست و گم شده سبب کاهش پیشرفت ژنتیکی شده و این کاهش در صفات با وراثت‌پذیری پایین نسبتاً زیاد بود. اسرائل و ولر (۶) اثر اشتباهات شجره بر پیشرفت ژنتیکی را برای یک صفت محدود به جنس با وراثت‌پذیری ۰/۲۵ در گاو شیری بررسی کردند. نتایج نشان داد که ۱۰ درصد اشتباه در تشخیص هویت پدری، پیشرفت ژنتیکی سالانه واقعی (رگرسیون ارزش‌های اصلاحی واقعی بر سال تولد) را به اندازه ۴/۳ درصد، پیشرفت ژنتیکی سالانه برآورد شده (رگرسیون ارزش‌های اصلاحی برآورد شده بر سال تولد) را به اندازه ۶ درصد و پیشرفت ژنتیکی تجمعی بعد از ۲۰ سال را به اندازه ۳/۵ درصد در مقایسه با هویت پدری کاملاً درست کاهش داد. هاردر و همکاران (۴) از شبیه‌سازی تصادفی برای بررسی اثر اطلاعات پدری گم شده (MSI) بر ارزیابی ژنتیکی گاو شیری استفاده کردند. مولفه واریانس پدری و باقیمانده با افزایش میزان اطلاعات پدری گم شده تحت تأثیر قرار نگرفتند، اما قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی و پاسخ به انتخاب کاهش یافتند. در پژوهش‌های ذکر شده درصدهای مختلف اطلاعات پدری گم شده بر اساس شرایط آن کشورها کمتر در نظر گرفته شده است. اما در کشور ایران در حدود ۱۰ سال اول اجرای برنامه‌های اصلاح نژاد گوسفند، شماره پدرها ثبت نشده و در سال‌های اخیر نیز علیرغم ثبت شجره پدر میزان نقصان در شجره بسیار زیاد است. لذا تحقیق حاضر با دامنه وسیع در میزان نقص شجره طراحی و اجرا شده و هدف آن بررسی تأثیر درصدهای مختلف نقصان شجره، روش ایجاد نقصان (تصادفی و متوالی) و وراثت‌پذیری‌های متفاوت صفات در جمعیت بر میزان

۰/۰۵۵ تنزل پیدا کرد. در روش حذف تصادفی کاهش مقادیر روند ژنتیکی در درصدهای حذف اولیه شدیدتر بوده و در حذف‌های بالاتر کمتر بود. این کاهش در درصد حذف ۱۰ نسبت به درصد حذف صفر برای دو جمعیت ۱ و ۲ به ترتیب ۰/۳۰/۰۸٪ و ۰/۴۹/۲۶٪ و نسبت به جامعه پایه به ترتیب ۰/۴۴/۸۷٪ و ۰/۵۶/۸۹٪ برآورد شد، که بیشتر از ۶ درصد کاهش گزارش شده توسط اسرائیل و ولر (۶) در بررسی اثرات شجره نادرست پدر بود. همچنین، این کاهش برای شجره فاقد شماره پدر (درصد حذف ۱۰۰) نسبت به شجره کامل (درصد حذف صفر) به ترتیب ۰/۸۶/۱۸٪ و ۰/۸۸/۴۲٪ و نسبت به جامعه پایه به ترتیب ۰/۸۹/۱٪ و ۰/۹۰/۱۶٪ بود.

در روش حذف متوالی شماره پدر روند ژنتیکی در هر دو جمعیت با افزایش میزان حذف شجره پدر بطور معنی‌دار کاهش یافت ($P < 0.01$). برخلاف روش حذف تصادفی در هر دو جمعیت کاهش مقادیر با افزایش درصد حذف شجره تدریجی‌تر بود. میزان کاهش روند ژنتیکی در درصد حذف ۱۰ نسبت به درصد حذف صفر برآیدو جمعیت ۱ و ۲ به ترتیب ۰/۱۶/۴۳٪ و ۰/۱۱/۴۷٪ و نسبت به جامعه پایه به ترتیب ۰/۱۹/۲۳٪ و ۰/۱۶/۲۸٪ بود که کمتر از مقادیر متناظر در روش حذف تصادفی می‌باشند. این نسبت‌ها در درصد حذف ۱۰۰ مشابه روش حذف تصادفی بودند، زیرا با حذف کامل شماره پدر فایل داده حاصل از هر دو روش یکسان می‌شد و طبیعتاً مقادیر روند ژنتیکی برآورد شده نیز مشابه خواهد بود.

مقادیر روند ژنتیکی متناظر با روش حذف در جمعیت ۲ بیشتر از جمعیت ۱ بود که این نتیجه تاثیر مستقیم وراثت‌پذیری صفت در میزان پاسخ به انتخاب و پیشرفت ژنتیکی را نشان می‌دهد. در حالت حذف تصادفی و متوالی دقت پیش‌بینی ارزش اصلاحی از ۰/۶۷ به ۰/۴۸ در جمعیت ۱ و از ۰/۸۵ به ۰/۵۷ در جمعیت ۲ کاهش یافت. نحوه کاهش این پارامتر بسته به روش حذف شماره پدر اندکی متفاوت بود، به طوری که در روش حذف تصادفی کاهش دقت پیش‌بینی ارزش اصلاحی با سرعت بیشتر اتفاق افتاد. این نتیجه در تحقیقات دیگر نیز تایید شده است. برای مثال، هاردر و همکاران (۴) با استفاده از شبیه‌سازی تصادفی برای بررسی اثر اطلاعات پدری گم شده (MSI) بر ارزیابی ژنتیکی گاو شیری نشان دادند که، مولفه واریانس پدری و باقیمانده با افزایش نسبت MSI تحت تأثیر قرار نگرفتند، اما دقت پیش‌بینی ارزش اصلاحی و قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده کاهش یافتند. کاهش پاسخ به انتخاب نیز با افزایش میزان اطلاعات پدری گمشده مشاهده شد. در تحقیق دیگری نشان داده شد که اطلاعات پدری نادرست و گم شده سبب

دوقلوژیایی و گله، ارزش فنوتیپی، ارزش اصلاحی شبیه‌سازی شده (واقعی) و ارزش محیطی بودند. فایل‌های داده مربوط به دو جمعیت ۱ و ۲ به ترتیب حاوی ۲۰۶۱۰ و ۲۰۳۴۹ رکورد بودند. در هر یک از دو فایل داده شبیه‌سازی شده صفر تا صد درصد شجره پدر با دو روش تصادفی و متوالی حذف شدند. در روش متوالی در هر بار ده درصد شماره پدرها به ترتیب از ابتدای فایل تا انتها حذف شده و فایل مربوط به هر سطح حذف شماره پدر، ذخیره گردید. در روش تصادفی با برنامه نویسی در محیط ویژوال بیسیک با استفاده از تابع RND، درصد های مختلف از شماره پدر بطور تصادفی از کل فایل حذف شد. این حالت شبیه مواقعی است که در گله‌های گوسفند با جفت‌گیری‌های ناخواسته امکان ثبت شماره پدر وجود ندارد. نهایتاً فایل‌های داده حاصل با مدل حیوان و توسط نرم‌افزار DFREML نسخه ۳/۱ تجزیه و تحلیل شدند (۹). مدل آماری مورد استفاده در فرم ماتریس بصورت زیر می‌باشد:

$$Y = Xb + Zr + e$$

در این مدل، Y بردار مشاهدات هر صفت، b بردار مجهول اثرات ثابت دوقلوژیایی و گله، r بردار مجهول اثرات ژنتیکی افزایشی (مستقیم)، e بردار مجهول اثرات محیطی (باقیمانده)، X و Z ماتریس‌های طرح هستند که داده را به ترتیب به اثرات ثابت و ژنتیکی افزایشی مستقیم مربوط می‌کنند.

همچنین، دقت انتخاب از طریق همبستگی بین ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده و واقعی ($r_{A,\hat{A}}$)، پیشرفت ژنتیکی و روند ژنتیکی صفات از دو طریق مقایسه میانگین ارزش اصلاحی سال‌های مختلف و محاسبه رگرسیون ارزش اصلاحی بر سال با استفاده از نرم‌افزار SPSS برآورد شد.

نتایج و بحث

روند ژنتیکی و صحت انتخاب

روند ژنتیکی و دقت پیش‌بینی ارزش اصلاحی در هر دو جمعیت به تفکیک روش‌های حذف شماره پدر در شجره، درصدهای مختلف حذف و مقادیر جامعه پایه (شبیه‌سازی شده) در جدول ۱ ارائه شده است. روند ژنتیکی در حالت حذف تصادفی شماره پدر در هر دو جمعیت با افزایش میزان حذف مقایسه با جمعیت پایه (رگرسیون ارزش اصلاحی واقعی شبیه‌سازی شده بر سال) و شجره کامل پدر (رگرسیون ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده بر سال) بطور قابل ملاحظه‌ای کاهش یافت ($P < 0.01$). در جمعیت‌های ۱ و ۲ روند ژنتیکی برآورد شده به ترتیب از ۰/۱۲۳ به ۰/۰۱۷ و ۰/۴۷۵ به

ساندرز و همکاران (۱۳) اثر اطلاعات پدری نادرست (WSI) و گم شده (MSI) را بر قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی و پیشرفت ژنتیکی مورد بررسی قرار دادند. نتایج حاصل نشان داد که WSI و MSI قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده و پیشرفت ژنتیکی را کاهش می‌دهند. اثر توأم آنها بر پیشرفت ژنتیکی، بخصوص در مورد تعداد نتاج کم به ازاء هر پدر و وراثت‌پذیری پایین، نسبتاً بزرگ بود. اثر WSI بر پاسخ به انتخاب بیشتر از MSI بود (۱۱).

کاهش پیشرفت ژنتیکی می‌شود که این کاهش در وراثت‌پذیری پایین نسبتاً زیاد است (۱۱). موثقی (۱۰) تاثیر سطوح شجره‌های ناقص ۵، ۱۰، ۱۵ و ۲۰ درصد را بررسی و نشان دادند که با افزایش سطح خطای شماره پدر برآورد وراثت‌پذیری کاهش یافت و به ازای هر یک درصد افزایش خطای شماره پدر، برآورد وراثت‌پذیری به میزان ۰/۰۱ درصد کم شد. خطا و نامعلوم بودن شماره پدر در پیش‌بینی ارزش اصلاحی نیز ایجاد آریبی می‌کنند و اثر خطای شجره شدیدتر است (۱۰).

جدول ۱- روند ژنتیکی و دقت پیش‌بینی ارزش اصلاحی در دو جمعیت شبیه‌سازی شده به تفکیک روش‌های حذف تصادفی و متوالی براساس درصد‌های مختلف حذف شماره پدر

درصد حذف پایه	جمعیت ۱ (h ² =۰/۱۵)		جمعیت ۲ (h ² =۰/۳۰)	
	روش تصادفی	روش متوالی	روش تصادفی	روش متوالی
۰	روند ژنتیکی	دقت	روند ژنتیکی	دقت
۰	۰/۱۵۶±۰/۰۰۳	-	۰/۱۵۵۹±۰/۰۰۴	-
۱۰	۰/۱۲۳±۰/۰۰۲	۰/۶۷	۰/۴۷۵±۰/۰۰۳	۰/۸۵
۲۰	۰/۰۸۶±۰/۰۰۲	۰/۶۴	۰/۴۶۸±۰/۰۰۲	۰/۸۵
۳۰	۰/۰۶۴±۰/۰۰۲	۰/۶۱	۰/۴۵۱±۰/۰۰۲	۰/۸۴
۴۰	۰/۰۵۱±۰/۰۰۲	۰/۶۰	۰/۴۳۵±۰/۰۰۲	۰/۸۳
۵۰	۰/۰۴۵±۰/۰۰۲	۰/۵۸	۰/۳۷۱±۰/۰۰۲	۰/۸۱
۶۰	۰/۰۴۲±۰/۰۰۲	۰/۵۶	۰/۲۸۶±۰/۰۰۲	۰/۷۸
۷۰	۰/۰۳۲±۰/۰۰۱	۰/۵۴	۰/۲۲۶±۰/۰۰۲	۰/۷۵
۸۰	۰/۰۳۲±۰/۰۰۱	۰/۵۳	۰/۱۷۲±۰/۰۰۲	۰/۷۰
۹۰	۰/۰۲۳±۰/۰۰۱	۰/۵۱	۰/۱۱۵±۰/۰۰۲	۰/۶۵
۱۰۰	۰/۰۲۱±۰/۰۰۲	۰/۵۰	۰/۰۸۸±۰/۰۰۲	۰/۶۱
	۰/۰۱۷±۰/۰۰۲	۰/۴۸	۰/۰۵۵±۰/۰۰۲	۰/۵۷

میانگین پیشرفت ژنتیکی سالانه

علاوه بر روش رگرسیون ارزش اصلاحی بر سال که متوسط پیشرفت ژنتیکی سالانه در جمعیت را نشان می‌دهد، میزان پیشرفت ژنتیکی سالانه از طریق مقایسه میانگین ارزش اصلاحی پیش‌بینی شده سال‌های مختلف با سال پایه نیز برآورد شد. مقادیر این پارامتر براساس وراثت‌پذیری (جمعیت ۱ و ۲) و درصد‌های مختلف حذف تصادفی و متوالی شجره پدر در جداول ۲ و ۳ ارائه شده‌است. برای هر دو جمعیت، تغییرات میزان پیشرفت ژنتیکی سالیانه با افزایش سال در درصد‌های مختلف حذف یکنواخت نبود. اما در مجموع میانگین میزان پیشرفت ژنتیکی سالانه از ۰/۰۱۸ در شجره فاقد شماره پدر تا ۰/۱۲۴ در شجره کامل متغیر بود. این مقادیر با روش رگرسیون ارزش اصلاحی بر سال نیز به ترتیب ۰/۰۱۷ و ۰/۱۲۳ برآورد شد که نتایج حاصل مشابه یکدیگر می‌باشند (جدول ۱).

در جمعیت‌های ۱ و ۲، در هر سال میزان پیشرفت ژنتیکی با افزایش درصد حذف شجره کاهش یافت. میزان کاهش مقادیر با افزایش درصد حذف در درصد‌های حذف اولیه زیاد بوده و با افزایش درصد حذف شجره کمتر شده‌است. در جمعیت ۲ نسبت به

جمعیت ۱ روند تغییرات مقادیر در سال‌های مختلف بیشتر به هم شبیه‌اند، ولی در هر دو حالت کاهش پیشرفت ژنتیکی با افزایش سال در سال‌های جدیدتر واضح‌تر بود. این یافته مطابق با یافته‌های بانوش و همکاران (۲) و اسرائل و ولر (۶) است. بانوش و همکاران (۲) ابراز داشتند علت احتمالی این است که پدران جدیدتر نسبت بیشتری از خویشاوندان با تشخیص هویت نادرست را نسبت به والدین مینا دارند. اسرائل و ولر (۶) نیز بیان داشتند اثرات اشتباهات شجره جمع‌پذیر بوده و اطلاعات کمتری در سال‌های آخر در دسترس می‌باشد. با توجه به اینکه در تحقیقات ذکر شده به‌جای حذف شماره پدر ثبت اشتباه شماره‌ها بررسی شده‌است، لذا نتایج عددی تحقیق حاضر با نتایج تحقیقات ذکر شده قابل مقایسه نخواهد بود. اما روندهای کاهش یا افزایش پارامترهای مورد بررسی می‌تواند مقایسه شود.

به علت انجام انتخاب در جمعیت با افزایش سال، میانگین پیشرفت ژنتیکی در کلیه حالات مورد مطالعه افزایش داشت. اما در هر دو جمعیت تغییرات میزان پیشرفت ژنتیکی سالانه با افزایش سال در درصد‌های مختلف حذف یکنواخت نبود، هر چند که در مجموع در

تجزیه و تحلیل دو نسل آخر داده‌ها برای وراثت‌پذیری ۰/۱ و ۰/۵ به ترتیب ۱۱ و ۲/۴ درصد کاهش یافتند. لی و پولاک (۷) از شبیه‌سازی تصادفی برای بررسی اثرات اشتباه شجره بر برآوردهای پیشرفت‌های ژنتیکی بدست آمده از ۱۰ نسل انتخاب استفاده نمود. یک صفت کمی با وراثت‌پذیری ۰/۱، ۰/۳ و ۰/۶ شبیه‌سازی شد. ۰، ۱۰، ۱۵ و ۲۰ درصد حیوانات به یک پدر یا مادر نادرست اختصاص داده شدند. کاهش پیشرفت ژنتیکی برای وراثت‌پذیری پایین‌تر و سطوح اشتباه بالاتر بیشتر بود (۷).

تاثیر میزان تشخیص هویت نادرست ۵، ۱۰، ۱۵، ... تا ۵۰ درصد بر برآورد پارامترهای ژنتیکی و پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی بررسی شده و نشان داده شد که با افزایش نسبت نتاج نادرست تعیین هویت شده، میانگین برآوردهای وراثت‌پذیری مستقیم و مادری تقریباً بصورت خطی کاهش می‌یابد. تشخیص هویت نادرست پدر سبب کاهش میزان ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده گردید. کاهش واریانس ژنتیکی افزایشی سبب کاهش مقدار ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده شد (۱۳).

در تحقیقات ذکر شده درصدهای نقصان شجره پدر متفاوت از تحقیق حاضر می‌باشد و محققین براساس مشکلات موجود در کشور خود جمعیت‌های متفاوتی را شبیه‌سازی کرده و درصدهای مختلف نقصان شجره را مطالعه کرده‌اند. لذا نتایج این گونه پژوهش‌ها از نظر عددی قابل مقایسه با یکدیگر نیست. اما روند تغییرات در میانگین ارزش‌های اصلاحی، روند ژنتیکی و دقت پیش‌بینی ارزش اصلاحی بر اساس میزان تقص شجره در تحقیقات مختلف مشابه می‌باشد. دامنه حذف شجره پدر در تحقیق حاضر دقیقاً منطبق با برنامه اصلاح نژاد گوسفند در ایران است که توسط امور دام استان‌ها در حال اجرا می‌باشد.

سال‌های بالاتر بیشتر بوده‌است. در حالت حذف متوالی شجره پدر و در جمعیت ۱، میانگین پیشرفت ژنتیکی در شجره فاقد شماره پدر ۰/۱۸ و در شجره کامل ۰/۱۲۴ برآورد شد. این مقادیر در جمعیت ۲ به ترتیب ۰/۰۵۷ و ۰/۴۶۴ بود (جدول ۳). مشابهت این نتایج با حالت حذف تصادفی به این دلیل است که فایل داده شجره کامل و شجره فاقد شماره پدر برای هر دو حالت یکسان بود و فقط در درصدهای حذف مختلف نحوه حذف شماره‌های پدر متفاوت بود.

در داخل سال‌ها نیز میزان پیشرفت ژنتیکی با افزایش درصد حذف شجره در مجموع کاهش یافت. روند تغییر پیشرفت ژنتیکی در جمعیت ۲ نسبت به جمعیت ۱ یکنواخت‌تر بود. برای هر دو جمعیت همانند روش حذف تصادفی کاهش پیشرفت با افزایش سال برای سال‌های جدیدتر واضح‌تر بود. همچنین، میانگین پیشرفت ژنتیکی سالانه درصدهای حذف مختلف تقریباً مشابه مقادیر روند ژنتیکی محاسبه شده با روش رگرسیون ارزش اصلاحی بر سال می‌باشند. پژوهش‌های زیادی در مورد تاثیر ساختار شجره بر برآورد پارامترهای ژنتیکی انجام شده، اما کمتر به مطالعه تاثیر این عامل بر پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی و برآورد روند ژنتیکی توجه شده‌است. مهربانی یگانه و همکاران (۸) با استفاده از شبیه‌سازی تصادفی اثرات ساختار داده و شجره، در مقابل ساختار داده و شجره حاوی نسل‌های جدیدتر، بر ارزیابی ژنتیکی یک لاین مرغ گوشتی با هسته بسته بررسی کردند. نتایج نشان داد که تحت نسل‌های مجزا، پاسخ انتخاب حاصل از تجزیه و تحلیل دو نسل آخر شجره و داده و شجره و داده کامل برای هر دو وراثت‌پذیری ۰/۱ و ۰/۵ مشابه بود. ولی پاسخ انتخاب در نسل دهم در حالت استفاده از شجره و داده نسل آخر در مقایسه با شجره و داده کامل برای دو وراثت‌پذیری ۰/۱ و ۰/۵ به ترتیب ۲۱ و ۳/۸ درصد کاهش یافت. تحت نسل‌های متداخل، پاسخ‌های ژنتیکی حاصل از

جدول ۲- پیشرفت ژنتیکی سالانه در دو جمعیت شبیه‌سازی شده بر اساس درصدهای مختلف حذف تصادفی شماره پدر در مدت ۱۰ سال انتخاب

جمعیت ۱ ($h^2=0/15$)											سال/ حذف
۱۰۰	۹۰	۸۰	۷۰	۶۰	۵۰	۴۰	۳۰	۲۰	۱۰	۰	
.	۱
۰/۰۲۵	۰/۰۳۱	۰/۰۳۴	۰/۰۴۵	۰/۰۱۶	۰/۰۵	۰/۰۳۴	۰/۰۰۸	۰/۰۱۷	۰/۰۳۲	۰/۰۷۳	۲
۰/۰۳۸	۰/۰۴۲	۰/۰۴۰	۰/۰۵۳	۰/۰۶۱	۰/۰۷۷	۰/۰۵۸	۰/۰۶۴	۰/۰۷۸	۰/۰۹۷	۰/۱۳۷	۳
۰/۰۰۵	۰/۰۰۴	۰/۰۰۲	۰/۰۰۶	۰/۰۱۳	۰/۰۱۲	۰/۰۰۸	۰/۰۴۳	۰/۰۷۹	۰/۰۷۹	۰/۱۱۸	۴
۰/۰۱۷	۰/۰۱۳	۰/۰۲۰	۰/۰۳۴	۰/۰۱۵	۰/۰۳۶	۰/۰۳۳	۰/۰۶۵	۰/۰۷۴	۰/۱۰۵	۰/۱۴۸	۵
۰/۰۲۸	۰/۰۲۱	۰/۰۳۷	۰/۰۶۱	۰/۰۳۴	۰/۰۵۹	۰/۰۵۷	۰/۰۸۹	۰/۱۰۵	۰/۱۳۱	۰/۱۷۷	۶
۰/۰۰۳	۰/۰۱۰	۰/۰۰۶	۰/۰۲۰	۰/۰۴۲	۰/۰۶۷	۰/۰۴۱	۰/۰۵۴	۰/۰۶۷	۰/۰۸۲	۰/۱۳۷	۷
۰/۰۵۰	۰/۰۳۴	۰/۰۴	۰/۰۵۲	۰/۰۴۱	۰/۰۳۴	۰/۰۷۹	۰/۰۷۹	۰/۰۸۰	۰/۱۱۴	۰/۱۵۶	۸
۰/۰۰۳	۰/۰۲۹	۰/۰۴۳	۰/۰۳۲	۰/۰۴۰	۰/۰۴۷	۰/۰۷۱	۰/۰۷۳	۰/۰۸۶	۰/۱۵۲	۰/۱۷۰	۹
۰/۰۰۸	۰/۰۲۱	۰/۰۱۲	۰/۰۲۷	۰/۰۲۷	۰/۰۵۵	۰/۰۶۴	۰/۰۴۸	۰/۰۶۲	۰/۱۰۲	۰/۱۲۴	۱۰
۰/۰۱۸	۰/۰۲۲	۰/۰۲۴	۰/۰۳۳	۰/۰۳۳	۰/۰۴۴	۰/۰۴۷	۰/۰۵۰	۰/۰۶۲	۰/۰۸۸	۰/۱۲۴	میانگین
جمعیت ۲ ($h^2=0/30$)											سال/ حذف
۱۰۰	۹۰	۸۰	۷۰	۶۰	۵۰	۴۰	۳۰	۲۰	۱۰	۰	
.	۱
۰/۱۳۰	۰/۱۲۶	۰/۱۲۲	۰/۱۱۴	۰/۱۳۷	۰/۱۳	۰/۱۳۳	۰/۱۳۴	۰/۱۴۰	۰/۱۷۸	۰/۵۲۰	۲
۰/۱۰۴	۰/۰۹۷	۰/۰۹۸	۰/۰۸۸	۰/۱۰۵	۰/۱۰۶	۰/۱۰۵	۰/۱۱۱	۰/۱۲۲	۰/۱۶۳	۰/۴۱۰	۳
۰/۰۹۳	۰/۰۹۰	۰/۰۷۹	۰/۱۳۱	۰/۱۳۸	۰/۱۳۸	۰/۱۶۶	۰/۱۸۴	۰/۲۵۳	۰/۳۱۲	۰/۵۹۱	۴
۰/۰۶۴	۰/۰۶۷	۰/۰۷۹	۰/۰۹۶	۰/۱۳۴	۰/۱۶۶	۰/۱۵۵	۰/۱۹۵	۰/۲۲۶	۰/۳۲۶	۰/۵۹۱	۵
۰/۰۵۴	۰/۰۵۶	۰/۰۶۵	۰/۰۵۵	۰/۰۵۷	۰/۰۸۸	۰/۱۰۳	۰/۱۰۱	۰/۱۶۷	۰/۲۵۶	۰/۴۴۸	۶
۰/۰۰۷	۰/۰۰۷	۰/۰۰۸	۰/۰۴۱	۰/۰۲۹	۰/۰۲۶	۰/۰۶۱	۰/۱۱۶	۰/۱۰۱	۰/۱۸۵	۰/۴۱۱	۷
۰/۰۲۷	۰/۰۳۸	۰/۰۲۵	۰/۰۱۵	۰/۰۳۷	۰/۰۷۳	۰/۰۸۳	۰/۱۰۶	۰/۱۳۶	۰/۲۴۰	۰/۴۴۳	۸
۰/۰۳۵	۰/۰۳۹	۰/۰۴۴	۰/۰۶۲	۰/۰۷۰	۰/۰۸۵	۰/۱۱۰	۰/۱۵۴	۰/۱۵۷	۰/۲۴۸	۰/۴۴۶	۹
۰/۰۱۶	۰/۰۱۶	۰/۰۱۸	۰/۰۳۴	۰/۰۶۱	۰/۰۳۷	۰/۰۴۶	۰/۰۵۷	۰/۱۱۰	۰/۱۶۱	۰/۳۱۳	۱۰
۰/۰۵۷	۰/۰۶۰	۰/۰۶۳	۰/۰۷۱	۰/۰۸۵	۰/۰۹۴	۰/۱۰۷	۰/۱۲۹	۰/۱۵۷	۰/۲۳۰	۰/۴۶۴	میانگین

جدول ۳- پیشرفت ژنتیکی سالانه در دو جمعیت شبیه‌سازی شده بر اساس درصدهای مختلف حذف متوالی شماره پدر در مدت ۱۰ سال انتخاب

جمعیت ۱ ($h^2=0/15$)											سال/ حذف
۱۰۰	۹۰	۸۰	۷۰	۶۰	۵۰	۴۰	۳۰	۲۰	۱۰	۰	
.	۱
۰/۰۲۵	۰/۰۲۰	۰/۰۲۱	۰/۰۲۱	۰/۰۱۷	۰/۰۲۲	۰/۰۲۳	۰/۰۱۸	۰/۰۱۹	۰/۰۲۶	۰/۰۲۳	۲
۰/۰۳۸	۰/۰۳۶	۰/۰۳۴	۰/۰۳۱	۰/۰۳۴	۰/۰۳۸	۰/۰۴۱	۰/۰۴۶	۰/۰۳۷	۰/۱۵۹	۰/۱۳۷	۳
۰/۰۰۵	۰/۰۰۳	۰/۰۰۲	۰/۰۰۴	۰/۰۰۳	۰/۰۰۴	۰/۰۰۱	۰/۰۵۵	۰/۱۶۹	۰/۱۱۱	۰/۱۱۸	۴
۰/۰۰۲	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۷	۰/۰۱۳	۰/۱۱۲	۰/۰۸۴	۰/۰۰۷	۰/۰۲۱	۰/۰۱۴	۵
۰/۰۳۰	۰/۰۲۶	۰/۰۲۶	۰/۰۱۸	۰/۰۱۵	۰/۱۱۵	۰/۱۵۱	۰/۱۷۵	۰/۱۸۵	۰/۱۷۶	۰/۱۷۷	۶
۰/۰۳۱	۰/۰۲۴	۰/۰۶۳	۰/۰۰۷	۰/۰۵۵	۰/۱۸۴	۰/۱۴۵	۰/۱۴۵	۰/۱۴۵	۰/۱۴۶	۰/۱۳۷	۷
۰/۰۳۳	۰/۰۲۳	۰/۱۰۰	۰/۱۲۸	۰/۲۱۰	۰/۱۳۳	۰/۱۵	۰/۱۵۴	۰/۱۶۶	۰/۱۵۳	۰/۱۵۶	۸
۰/۰۱۸	۰/۰۲۶	۰/۰۷۶	۰/۲۲۳	۰/۱۶۷	۰/۱۵۷	۰/۱۶۱	۰/۱۷۱	۰/۱۶۲	۰/۱۷۱	۰/۱۷۰	۹
۰/۰۱۰	۰/۲۵۰	۰/۱۸۸	۰/۱۲۷	۰/۱۲۹	۰/۱۳۶	۰/۱۳۶	۰/۱۳۱	۰/۱۲۶	۰/۱۲۴	۰/۱۲۴	۱۰
۰/۰۱۸	۰/۰۴۳	۰/۰۴۹	۰/۰۶۲	۰/۰۷۱	۰/۰۸۹	۰/۱۰۲	۰/۱۰۹	۰/۱۱۳	۰/۱۲۱	۰/۱۲۳	میانگین
جمعیت ۲ ($h^2=0/30$)											سال/ حذف
۱۰۰	۹۰	۸۰	۷۰	۶۰	۵۰	۴۰	۳۰	۲۰	۱۰	۰	
.	۱
۰/۱۳۰	۰/۱۳۱	۰/۱۲۵	۰/۱۳۴	۰/۱۳۳	۰/۱۳۶	۰/۱۴۸	۰/۱۵	۰/۱۳۹	۰/۱۹۲	۰/۵۲۰	۲
۰/۱۰۴	۰/۱۰۵	۰/۱۰۱	۰/۱۰۹	۰/۱۰۷	۰/۱۱۰	۰/۱۲۴	۰/۱۴۶	۰/۱۲۲	۰/۵۸۴	۰/۴۱۰	۳
۰/۰۹۳	۰/۰۹۳	۰/۰۸۹	۰/۰۹۲	۰/۰۹۳	۰/۰۹۷	۰/۱۱۱	۰/۳۵۹	۰/۷۸۱	۰/۵۷۹	۰/۵۹۱	۴
۰/۰۶۴	۰/۱۰۵	۰/۰۶۳	۰/۰۷۰	۰/۰۶۷	۰/۰۸۲	۰/۴۶۴	۰/۹۱۳	۰/۵۹۷	۰/۵۹۳	۰/۵۹۱	۵
۰/۰۵۴	۰/۰۱۱	۰/۰۵۰	۰/۰۵۳	۰/۰۶۶	۰/۴۴۱	۰/۷۵۷	۰/۴۳۸	۰/۴۴۵	۰/۴۴۶	۰/۴۴۸	۶
۰/۰۰۷	۰/۰۰۵	۰/۰۱۵	۰/۰۰۵	۰/۳۸۱	۰/۵۱۹	۰/۳۲۹	۰/۳۸	۰/۳۸۹	۰/۴۰۱	۰/۴۱۱	۷
۰/۰۲۷	۰/۰۱۹	۰/۰۳۴	۰/۴۴۵	۰/۵۵۱	۰/۴۰۰	۰/۴۳۴	۰/۴۴۱	۰/۴۳۸	۰/۴۴۵	۰/۴۴۳	۸
۰/۰۳۵	۰/۰۴۹	۰/۵۲۱	۰/۸۵۵	۰/۴۱۷	۰/۴۲۲	۰/۴۲۹	۰/۴۶۱	۰/۴۵۵	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۹
۰/۰۱۶	۰/۶۳۷	۰/۳۵۲	۰/۰۱۵	۰/۲۸۹	۰/۲۸۷	۰/۳۱۸	۰/۳۲۷	۰/۳۱۳	۰/۳۱۳	۰/۳۱۳	۱۰
۰/۰۵۷	۰/۱۲۷	۰/۱۴۷	۰/۱۹۶	۰/۲۳۴	۰/۲۷۷	۰/۳۴۶	۰/۴۰۲	۰/۴۱۹	۰/۴۴۴	۰/۴۶۴	میانگین

می‌گیرند و کاهش قابل ملاحظه ۸۶/۱۸ درصد تا ۸۸/۴۲ درصد بسته به وراثت‌پذیری صفت در جامعه حاصل می‌شود. با توجه به اینکه یکی از معیارهای موفقیت یک برنامه اصلاحی میزان پیشرفت ژنتیکی حاصل از آن است و تعیین روند ژنتیکی مهم‌ترین عامل در ارزیابی بازدهی طرح‌های اصلاح‌نژاد می‌باشد، لذا باید موضوع دقت در ثبت شجره پدر در برنامه‌های اصلاحی به منظور دستیابی به حداکثر پیشرفت ژنتیکی مورد توجه قرار گیرد. به بیان دیگر در صورت فقدان شجره پدر باید برای دستیابی به پیشرفت ژنتیکی مورد نظر، تعداد سال‌های زیادی برنامه اصلاح نژادی ادامه یابد که این عمل هزینه بسیار زیادی در اصلاح دام عملی نیاز دارد.

برآورد روند ژنتیکی با هر دو روش رگرسیون ارزش اصلاحی برسال و مقایسه میانگین ارزش اصلاحی سال‌های مختلف با سال پایه نشان داد که در اثر انتخاب در مدت ۱۰ سال میانگین ژنتیکی صفت افزایش یافته و روند ژنتیکی حاصل از هر دو روش محاسبه، مثبت و مشابه بوده‌است. افزایش روند ژنتیکی برای صفت با وراثت‌پذیری بالا بیشتر بود. روند ژنتیکی و دقت پیش‌بینی ارزش اصلاحی با افزایش میزان نقصان شجره پدر کاهش یافتند. با توجه رابطه مثبت دقت انتخاب و میزان پیشرفت ژنتیکی این نتیجه قابل انتظار بود. بنابراین نتایج نشان می‌دهند که پارامترهایی نظیر رگرسیون ارزش اصلاحی بر سال، پیشرفت ژنتیکی سالانه و دقت پیش‌بینی ارزش اصلاحی در تمام حالت‌ها تحت تأثیر درصد حذف شجره پدر قرار

منابع

1. Abbasi, M.A. 2005. Defining breeding strategies for Baluchi sheep under rural rearing condition. PhD. desertation, Tarbiat Modarres University, Iran. (In Persian)
2. Banos G., G.R. Wiggans and R.L. Powell. 2001. Impact of paternity errors in cow identification on genetic evaluations and international comparisons. *Journal of Dairy Science*, 84: 2523-2529.
3. Clement, V., B. Bibe, E. Verrier, Jean-Michel Elsen, E. Manfredi, J. Bouix and E. Hanocq. 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. *Genetic Selection Evolution*, 33: 369-395.
4. Harder, B., J. Bennewitz, N. Reinsch, M. Mayer and E. Kalm. 2005. Effect of missing sire information on genetic evaluation. *Arch. Tierz., Dummerstorf*, 48: 219-232.
5. Heidari, M.R. 2006. Estimation of genetic parameters of growth and carcass traits for Afshari sheep using random regression model. M.Sc. desertation, Zanjan University, Iran. (In Persian)
6. Israel, C. and J.I. Weller. 2000. Effect of misidentification on genetic gain and estimation of breeding value in dairy cattle populations. *Journal of Dairy Science*, 83: 181-187.
7. Lee, C. and E.J. Pollak. 1997. Influence of sire misidentification on sire \times year interaction variance and direct-maternal genetic covariance for weaning weight in beef cattle. *Journal Animal Science*, 75: 2858-2863.
8. Mehrabani-Yeganeh, H., J.P. Gibson and L.R. Schaeffer. 1999. Using recent versus complete pedigree data in genetic evaluation of a Closed Nucleus Broiler Line. *Poultry Science*, 78: 937-941.
9. 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.
10. Movassaghi, R. 2005. Effect of wrong and missed pedigree information on genetic evaluation. M.Sc. desertation, Guilan University, Iran. (In Persian)
11. Nilfrooshan, M.A., A. Khazaeli and M.A. Edris. 2008. Effects of missing pedigree information on dairy cattle genetic evaluations. *Arch Tierz., Dummerstorf*, 51.2, 99-110
12. Rafiei, F., V. Mottaghi Talab and A. Shadparvar. 2002. Effect of some factors on economic performance of Holstein dairy cattle using simulation model. M.Sc. desertation, Guilan University, Iran. (In Persian)
13. Sanders, K., J. Bennewitz 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.
14. Senneke, S.L., M.D. MacNeil and L.D. Van Vleck. 2004. Effects of sire misidentification on estimates of genetic parameters for birth and weaning weights in Hereford cattle. *Journal Animal Science*, 82: 2307-2312.
15. Vatankhah, M., M. Morede Shahr Babak, A. Nejati Javaremi, S.R. Miraei Ashteiiani and R. Vaez Torshizi. 2004. Review on sheep breeding in Iran. First congress on animal science and aquatic, Tehran University, Karaj, Iran. (In Persian)

Effect of Missing Sire Pedigree Information on Genetic Trend and Gain of Quantitative Trait using Computer Simulation

Mokhtar Ali Abbasi¹

1- Research Associate, Institute of Animal Science, (Corresponding author: pmaz_abbasi@yahoo.com)

Received: July 26, 2013 Accepted: June 22, 2014

Abstract

In order to study the effect of incomplete sire's pedigree on genetic trend ($b_{Bv,y}$) and gain (R) of quantitative trait, two population were simulated with the heritability 0.15 and 0.30. For each population, information resulted from ten years of selection were saved in different files. In generated data files, the sire numbers were eliminated from pedigree file with 0, 10, 20, ..., 100 percentage by two randomly and sequentially methods. The data files were analyzed using animal model. In two populations and the sire numbers deletion method, genetic trend were significantly reduced with increasing the sire number deletion proportions. Reduction of estimated genetic trends in no sire numbers data file rather than complete pedigree's and simulated base population, were 86.18% and 89.1% in population 1 and 88.42% and 90.16% in population 2 respectively. Reduction of $b_{Bv,y}$ and R in lower deletion proportions were higher than the later one in random deletion method while were uniformly in the sequential deletion method. Annually genetic gains were significantly decreased based on growing sire missing proportions. Then, it is necessary for breeders to increase accuracy of sire numbers recording in breeding flocks.

Keywords: Missed sire pedigree information, Genetic Gain, Genetic trend, Computer Simulation