



بررسی تاثیر تعداد سطوح یک صفت آستانه‌ای بر دقت برآورد ارزش‌های ارثی، روندهای ژنتیکی، فنوتیپی و همخوانی یک جمعیت اصلاحی

مهدی خجسته کی^۱، علی اصغر اسلمی نژاد^۲، مختارعلی عباسی^۳ و کریم نویری^۴

۱- بخش تحقیقات علوم دامی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی قم، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، قم، ایران (نویسنده مسول: mahdikhojaste@yahoo.com)

۲- دانشیار، دانشگاه فردوسی مشهد

۳- دانشیار، موسسه تحقیقات علوم دامی کشور

۴- بخش تحقیقات علوم دامی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران
تاریخ دریافت: ۹۲/۱۲/۲۶ تاریخ پذیرش: ۹۳/۱۰/۲۸

چکیده

به منظور بررسی تاثیر تعداد سطوح یک صفت آستانه‌ای بر درجه دقت برآورد ارزش‌های ارثی، روند تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی و ضریب همخوانی، یک جمعیت دامی به تعداد ۴۰۰ راس به روش تصادفی و با استفاده از محیط برنامه نویسی نرم‌افزار R شبیه‌سازی شد. این جمعیت برای ۷ نسل و با اندازه نسل ۲۰۰ راس دام تکثیر شد. نسل‌ها با یکدیگر هم‌پوشانی داشته و در هر نسل ۲۰ درصد از بهترین نرها به همراه تمام دام‌های ماده حداکثر تا ۵ نسل شناس شرکت در برنامه آمیزشی را داشتند. یک صفت با ضریب وراثت‌پذیری ۰/۲۵، میانگین ۵ و انحراف معیار ۲ شبیه‌سازی شد و ۴ نوع سناریوی مختلف درباره رکوردگیری از این صفت طراحی گردید. در سناریوی اول مقادیر صفت به‌صورت اعداد پیوسته رکوردبرداری شد و در سناریوهای دوم تا چهارم با فرض رکوردبرداری به وسیله‌ی ارزیاب و بر اساس میزان توانایی وی در تشخیص حالات مختلف صفت، صفت مذکور در ۳، ۵ و ۹ سطح دسته‌بندی شد. ارزش ارثی دام‌ها از طریق مدل دام ساده و تک صفت برآورد و هر سناریو برای ۱۰ بار تکرار شد. دقت برآورد ارزش‌های ارثی برای سناریوهای اول تا چهارم به ترتیب برابر ۰/۶۲، ۰/۴۹، ۰/۵۹ و ۰/۶۱ برآورد گردید ($P < ۰/۰۱$). طی ۷ نسل روند ژنتیکی صفت مورد نظر برای سناریوهای اول تا چهارم به ترتیب برابر با ۰/۳۱۲، ۰/۱۶۲، ۰/۱۹۵ و ۰/۲۰۵ و روند فنوتیپی به ترتیب ۰/۱۳۷/۱۸۵، ۰/۱۶۳، ۰/۱۷۹ و ۰/۱۷۹ برآورد شد ($P < ۰/۰۱$). میانگین ضریب همخوانی برای سناریوی اول تا چهارم به ترتیب ۰/۰۰۵۳، ۰/۰۰۵۲، ۰/۰۰۵۰ و ۰/۰۰۵۰ برآورد شد ($P > ۰/۰۵$). نتایج نشان داد که با افزایش دقت رکوردبرداری از یک صفت آستانه‌ای دقت برآورد ارزش ارثی و پیشرفت ژنتیکی در گله اصلاحی افزایش می‌یابد. لذا به نظر می‌رسد ابداع روش‌های دقیق‌تر برای اندازه‌گیری صفات آستانه‌ای بتواند موجب بهبود پیشرفت ژنتیکی و افزایش کارایی یک برنامه اصلاح نژاد شود.

واژه‌های کلیدی: صفت آستانه‌ای، رکورد برداری، پیشرفت ژنتیکی، ضریب همخوانی

مقدمه

در اصلاح نژاد برخی از صفات مهم اقتصادی را در گروه صفات آستانه‌ای دسته‌بندی می‌کنند (۱۲). صفات آستانه‌ای صفاتی هستند که به لحاظ ژنتیکی از راه تعداد زیادی ژن کنترل شده و به ارث می‌رسند و از این بابت همانند صفات کمی هستند، اما بروز و ظهور فنوتیپی آنها همانند صفات کیفی به‌صورت گسسته و در قالب دو یا چند گروه مجزا می‌باشد و به این دلیل برخی آنها را با صفات کیفی اشتباه می‌گیرند (۱۰). در تئوری صفات آستانه‌ای، فنوتیپ برخی از صفات نظیر باروری، تعداد بچه در هر زایش و یا کیفیت پوست در بره‌های نژاد پوستی در مقیاس دسته‌بندی با یک توزیع پیوسته زیرین مربوط به یک متغیر پنهان در ارتباط است که این متغیر پنهان قابل مشاهده نیست. متغیر زیرین معمولاً تحت عنوان استعداد یا توانایی شناخته می‌شود (۱۰). متغیر پنهان در صفات آستانه‌ای از راه ژن‌های متعدد و همچنین محیط تحت تاثیر قرار گرفته و همانند صفات کمی پیوسته فنوتیپ این صفات نیز برآیندی از اثرات ژنتیکی و محیطی در توزیع نرمال است (۳). هرچه تعداد گروه‌بندی برای صفت دسته‌بندی شده بیشتر باشد، ضریب وراثت‌پذیری محاسبه شده برای این صفت نسبت به ضریب وراثت‌پذیری حاصل از آنالیز

اطلاعات کمی پیوسته مربوط به توزیع زیرین این گونه صفات نزدیک‌تر و شبیه‌تر خواهد بود (۵). میزان دقت برآوردها با ساختار اطلاعات و داده‌ها ارتباط دارد. در مورد صفات کمی پیوسته مواردی نظیر افزایش اندازه گروه‌های تحت رکورد و افزایش تعداد رکورد باعث افزایش دقت برآورد ارزش‌های ارثی دام‌ها می‌شود (۱۵). اما در مورد صفات کمی گسسته علاوه بر این موارد تعداد رتبه‌ها یا دسته‌بندی‌های تعریف شده در رکوردگیری از صفت نیز بر درجه دقت برآورد ارزش‌های ارثی موثر است و در صورتی که در یک صفت دسته‌بندی شده تعداد دسته‌بندی در نظر گرفته شده کم باشد معمولاً پارامترهای مربوطه کمتر از مقدار واقعی برآورد خواهد شد (۷). نتایج یک مطالعه نشان داد در صورت استفاده از اطلاعات متعادل، دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی به میزان ۱۵ درصد نسبت به آنالیز اطلاعات نامتعادل افزایش یافت. در این مطالعه با افزایش تعداد دسته‌بندی مربوط به یک صفت آستانه‌ای اطلاعات حاصله به حالت متعادل و نرمال نزدیک‌تر شد و در نتیجه دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی و مقدار پیشرفت ژنتیکی مربوط به آن صفت به‌صورت معنی‌داری افزایش یافت (۱). از آنجا که نحوه رکوردبرداری و تعریف یک صفت دسته‌بندی شده بر دقت برآورد ارزش‌های ارثی دام‌ها

تعریف صفت

در جمعیت پایه یک صفت آستانه‌ای که دارای توزیع زیرین پیوسته با میانگین ۵ و انحراف معیار ۲ بود، با استفاده از توزیع نرمال شبیه‌سازی شد و ۴ نوع سناریوی مختلف بر اساس نحوه اندازه‌گیری سطوح این صفت مورد بررسی قرار گرفت. در سناریوی اول فرض بر آن بود که مقادیر فنوتیپی صفت مورد نظر با استفاده از ابزار اندازه‌گیری مناسب و به‌صورت اعداد کمی پیوسته قابل تشخیص است و لذا مقادیر این صفت به صورت اعداد پیوسته امتیازدهی شد. در سایر سناریوها (مشابه آنچه در مورد بسیاری از صفات آستانه‌ای نظیر صفات کیفیت لاشه دام، اسکور بدنی دام و یا کیفیت پوست‌های زینتی و نظایر آن مصداق دارد) فرض بر آن بود که ابزار دقیقی برای رکوردبرداری از این صفت وجود ندارد و با توجه به توانایی افراد از ارزیابی و رکوردبرداری سطوح مختلفی از توزیع فنوتیپی پیوسته این صفت قابل تشخیص است. لذا در سناریوی دوم تعداد سطوح صفت مورد نظر شامل ۳ سطح (اعداد ۱، ۵ و ۹)، سناریوی سوم شامل ۵ سطح (اعداد ۱، ۳، ۵، ۷ و ۹) و در سناریوی چهارم شامل ۹ سطح (اعداد صحیح ۱ تا ۹) منظور شد. نقاط آستانه در هر سناریو با توجه به تعداد سطوح درجه‌بندی تعیین شد. عدد ۱ و ۹ به ترتیب نماینده پائین‌ترین و بالاترین سطح قابل تشخیص برای صفت آستانه‌ای مورد مطالعه و عدد ۵ بیان‌کننده میانگین فنوتیپی این صفت در سناریوهای دوم تا چهارم بود. تنها عامل متغیر در تمام سناریوها تعداد سطوح رکوردبرداری برای صفت آستانه‌ای بود.

برآورد ارزش‌های ارثی و انتخاب دام‌ها

در هر سناریو پس از شبیه‌سازی جمعیت در هر نسل، ارزش اصلاحی دام‌ها برای صفت مورد نظر بر اساس رکوردهای فنوتیپی با استفاده از روش BLUP و در مدل دام ساده تک صفت برآورد شد. بر اساس مطالعات متعدد می‌توان از روش BLUP برای آنالیز صفات دسته‌بندی شده استفاده نمود (۱۶، ۱۷، ۱۸).

موثر است، لذا این موضوع می‌تواند به هنگام انتخاب دام‌ها برای تولید نسل بعد، بر رتبه و جایگاه حیوانات مورد ارزیابی نیز موثر بوده و به نحو موثرتری تفاوت‌های ژنتیکی بین حیوانات را مشخص نماید. بر این اساس به نظر می‌رسد نحوه اندازه‌گیری یک صفت دسته‌بندی شده می‌تواند در نهایت، بر گزینش کردن یا نکردن برخی از حیوانات به منظور تولید نسل بعد موثر باشد و این موضوعی است که شاید به‌صورت غیرمستقیم بر میزان همخوانی حاصل از آمیزش دام‌های برتر در نسل‌های آتی موثر باشد.

بر اساس آنچه ذکر شد ابتدا در مطالعه حاضر بررسی تاثیر تعداد سطوح یک صفت آستانه‌ای بر درجه دقت برآورد ارزش‌های ارثی، روند تغییرات ژنتیکی، فنوتیپی و نیز ضریب همخوانی دام‌های تحت رکورد در دستور قرار گرفت، تا با تکیه بر نتایج این مطالعه امکان‌یابی حصول پیشرفت ژنتیکی بالاتر با به‌کارگیری روش‌های دقیق‌تری برای اندازه‌گیری صفات آستانه‌ای نظیر روش‌های پردازش تصویر در مطالعات بعدی مد نظر قرار گیرد.

مواد و روش‌ها

شبیه‌سازی جمعیت

در این مطالعه یک جمعیت پایه شامل ۴۰۰ راس دام (۲۰۰ راس نر و ۲۰۰ راس ماده) در محیط برنامه نویسی R2.15.2 (۱۱) به روش تصادفی شبیه‌سازی شد. تکثیر این جمعیت برای ۷ نسل شبیه‌سازی شد و اندازه هر نسل ۲۰۰ راس در نظر گرفته شد (با توجه به تعداد ۲۰۰ راس دام ماده در جمعیت پایه و با در نظر گرفتن اینکه در هر زایش از هر دام ماده یک نوزاد متولد شود). نسل‌ها با یکدیگر هم‌پوشانی داشته و به هر یک از دام‌ها اعم از نر و ماده تا ۵ نسل اجازه شرکت در برنامه آمیزشی داده شد. طراحی آمیزش در همه سناریوها به نحوی بود که در هر نسل ۲۰ درصد از بهترین نرها به همراه تمام دام‌های ماده در برنامه آمیزشی شرکت می‌کردند و هر دام ماده در هر نسل فقط یک نتاج تولید می‌کرد.

جدول ۱- اطلاعات توصیفی مربوط به سناریوهای مختلف مورد بررسی

Table 1. Descriptive information about the various studied scenarios

سناریوی اول	سناریوی دوم	سناریوی سوم	سناریوی چهارم
۰/۲۵	۰/۲۵	۰/۲۵	۰/۲۵
۵	۵	۵	۵
۲	۲	۲	۲
پیوسته	۳	۵	۹
تعداد سطوح قابل تشخیص	۴۰۰	۴۰۰	۴۰۰
تعداد دام‌ها در جمعیت مینا	۲۰۰	۲۰۰	۲۰۰
اندازه هر نسل	۷	۷	۷
تعداد نسل	۱۰	۱۰	۱۰
تعداد تکرار هر سناریو			

مدل آماری مورد استفاده برای برآورد ارزش‌های ارثی به شرح زیر بود:

$$Y = m + a_i + e_{ij}$$

در رابطه فوق Y عبارت است از هر یک از مشاهدات، m میانگین صفت، a_i اثر تصادفی دام و e_{ij} اثرات باقیمانده مدل می‌باشند.

گزینش دام‌های مولد بر اساس برآورد ارزش‌های اصلاحی و آمیزش دام‌ها یا انتخاب شده به‌طور تصادفی در مدت ۷ نسل انجام شد. ارزش ارثی فرزندان با توجه به ارزش ارثی والدین و در نظر گرفتن اثر نمونه‌گیری مندی با استفاده از رابطه زیر محاسبه شد:

$$g_o = \frac{1}{2} g_s + \frac{1}{2} g_d + g_m$$

در رابطه فوق g_0 ارزش ارثی فرزندان، g_s و g_d به ترتیب ارزش‌های پدر و مادر و g_m اثر نمونه‌گیری مندلی است. اثر نمونه‌گیری مندلی با استفاده از رابطه زیر محاسبه و در معادلات وارد شد (۴):

$$2g_m = 1/2 [1 - 1/2(F_s + F_d)] * 2g_0$$

در رابطه فوق F_d و F_s به ترتیب ضریب همخونی پدر و مادر فرد مورد نظر، $2g_m$ واریانس اثر نمونه‌گیری مندلی و $2g_0$ واریانس ارزش ارثی فرزندان می‌باشد.

دقت برآورد ارزش‌های اصلاحی بر اساس همبستگی بین‌ارزش‌های ارثی برآورد شده و ارزش‌های ارثی واقعی هر حیوان برآورد گردید. به منظور برآورد ضریب همخونی دام‌ها با توجه به روابط خویشاوندی بین دام‌ها و اطلاعات شجره با استفاده از بسته نرم‌افزاری pedigree در محیط R2.15.2 استفاده شد (۱۱). هر سناریو در ۱۰ تکرار اجرا شد و خروجی آن با استفاده از روش GLM نرم‌افزار SPSS 16 مورد آنالیز و مقایسه قرار گرفت (۱۳).

نتایج و بحث

نتایج مربوط به مقایسه میانگین پارامترهای برآورد شده در هر یک از سناریوهای مورد بررسی در جدول ۲ و روند ژنتیکی، فنوتیپی و همخونی مربوط به این سناریوها در شکل‌های ۱ تا ۳ ارائه شده است.

میزان دقت برآورد ارزش‌های ارثی در سناریوهای اول، دوم، سوم و چهارم به ترتیب برابر $0.49/62$ ، 0.59 و 0.61 برآورد گردید ($P < 0.01$). در مطالعه حاضر دقت برآورد ارزش‌های ارثی در صورتی که صفت مورد مطالعه در ۹ رتبه دسته‌بندی شد، در مقایسه با حالت ۵ رتبه‌ای و ۳ رتبه‌ای به‌صورت معنی‌داری افزایش یافت و به نتایج حاصل از آنالیز رکوردهای دارای توزیع پیوسته نزدیک شد. استعداد و ظرفیت ژنتیکی دام‌ها در یک مدل خطی می‌تواند برآیندی از میانگین صفت و اثر باقیمانده مدل باشد. در رکوردگیری از صفات آستانه‌ای هرچه رکوردها به توزیع زیرین مربوط به این صفات شبیه‌تر و نزدیک‌تر باشند، سهم خطای مدل کاهش یافته و ارزش‌های ارثی دام‌ها در مدل‌های خطی دقیق‌تر برآورد می‌شود (۱۲). به عبارتی هرچه نسبتی از واریانس ژنتیکی که از طریق رکوردهای فنوتیپی قابل بیان شدن و اندازه‌گیری است بیشتر باشد، ارزش‌های اصلاحی برآورد شده دام‌ها به ارزش اصلاحی واقعی آنها نزدیک‌تر خواهد بود و اعتبار و درجه اطمینان برآوردها بالاتر است (۱۴، ۱). در تایید نتایج بررسی حاضر، نتایج یک مطالعه نشان داد که افزایش نبود تعادل در رکوردهای یک صفت آستانه‌ای باعث افزایش واریانس و افزایش تفاوت بین پارامترهای ژنتیکی واقعی و برآورد شده خواهد شد (۸). نتایج مطالعه دیگری نشان داد که هرچه عوامل ایجادکننده تفاوت‌های محیطی (از جمله اشتباهات رکوردبرداری) کاهش یابد و رکوردهای فنوتیپی نماینده مناسب‌تری برای نمایش تفاوت‌های ژنتیکی دام‌ها باشند، ارزش‌های ارثی برآورد شده به مقادیر ارزش‌های ارثی واقعی نزدیک‌تر و دقت برآورد ارزش‌های ارثی بالاتر خواهد

بود (۲). همچنین نتایج یک بررسی نشان داد که در صورت افزایش تعداد دسته‌بندی یک صفت آستانه‌ای اطلاعات به حالت متعادل و نرمال نزدیک‌تر شده و دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی به‌صورت معنی‌داری افزایش می‌یابد (۱) که این گزارشات با نتایج بررسی حاضر مطابقت دارد. طی ۷ نسل تکثیر جمعیت در مطالعه حاضر، روند ژنتیکی صفت آستانه‌ای در سناریوهای اول، دوم، سوم و چهارم به ترتیب برابر با $0.162/212$ ، 0.195 و 0.205 برآورد شد ($P < 0.01$). همچنین روند فنوتیپی این صفت در سناریوهای مذکور به ترتیب $0.137/185$ ، 0.163 و 0.179 برآورد شد ($P < 0.05$). نتایج نشان داد که با افزایش تعداد سطوح تشخیص داده شده از توزیع فنوتیپی یک صفت آستانه‌ای میزان دقت برآورد ارزش‌های ارثی دام‌ها برای آن صفت افزایش یافته و به تبع آن میزان پیشرفت ژنتیکی و فنوتیپی صفت نیز افزایش می‌یابد. در تایید نتایج مطالعه حاضر گزارش عبدالعظیم و برگر (۱) نشان داد که در صورت افزایش تعداد دسته‌بندی یک صفت آستانه‌ای پیشرفت ژنتیکی و فنوتیپی صفت مورد مطالعه نیز افزایش یافت. همچنین بر اساس نتایج یک مطالعه در این زمینه در صورت افزایش تعداد سطوح دسته‌بندی برای یک صفت دسته‌بندی شده میزان پیشرفت ژنتیکی برای آن صفت تا ۸۴ درصد افزایش یافت. بر اساس گزارش مذکور در صورت افزایش تعداد دسته‌بندی‌ها احتمال انتخاب دام‌های ضعیف کاهش یافته و شانس دام‌هایی که به لحاظ ظرفیت ژنتیکی از وضعیت بهتری برخوردارند، برای شرکت در تولید نسل بعد افزایش خواهد یافت. این موضوع باعث افزایش سرعت پیشرفت ژنتیکی و فنوتیپی گله و افزایش روندهای ژنتیکی و فنوتیپی می‌شود (۹) که این گزارشات با نتایج بررسی حاضر مطابقت دارد.

میانگین ضریب همخونی برای جمعیت اصلاحی در سناریوی اول، دوم، سوم و چهارم به ترتیب 0.053 ، 0.052 ، 0.052 و 0.050 برآورد شد ($P > 0.05$). بر اساس نتایج این مطالعه تعداد سطوح یک صفت آستانه‌ای تأثیری بر میزان همخونی ایجاد شده در گله نداشت.

میزان همخونی در جمعیت‌های جانوری بیش از هرچیز تحت تأثیر الگوی آمیزشی قرار دارد و هرچه شانس ایجاد آمیزش‌های نزدیک در یک جمعیت بیشتر باشد، احتمال افزایش میزان همخونی در آن جمعیت بیشتر است (۱۹). استفاده از برخی روش‌های آماری برای برآورد ارزش اصلاحی دام‌ها و یا استفاده از برخی روش‌های جدید نظیر انتخاب ژنومیک می‌تواند با افزایش دقت برآورد ارزش‌های اصلاحی باعث تغییر رتبه‌بندی دام‌ها و تغییر الگوی آمیزشی آنها برای تولید نسل بعد شده و از این طریق بر میانگین همخونی جمعیت تحت انتخاب موثر باشد (۷). نتایج مطالعات اخیر نشان می‌دهد که استفاده از روش‌های دقیق‌تر برای ارزیابی دام‌ها باعث می‌شود تا ارزش‌های ارثی برآورد شده به مقدار واقعی نزدیک‌تر شده و تفاوت دام‌ها نسبت به خویشاوندان نزدیک‌شان بهتر نمایان شود و در رتبه‌بندی متفاوتی قرار بگیرند. لذا انتظار می‌رود هنگام انتخاب دام‌ها برای تولید نسل بعد شانس انتخاب هم‌زمان افراد خویشاوند نزدیک و

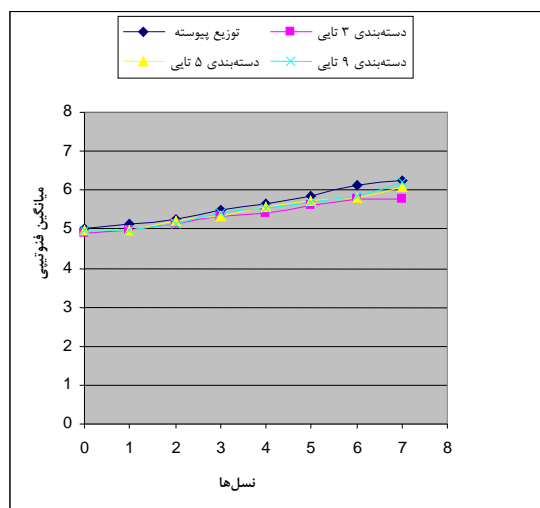
انتخاب فامیلی کاهش یافته و در نتیجه میزان همخونی در جمعیت اصلاحی نیز کاهش یابد (۱۵،۱۲).

جدول ۲- میانگین و اشتباه معیار مولفه‌های مورد بررسی برای صفت آستانه‌ای

Table 2. The mean and standard error of studied parameters of threshold trait

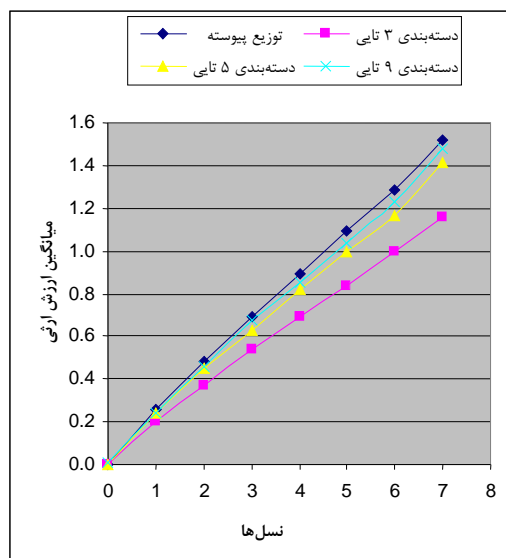
P-value	سناریوی چهارم	سناریوی سوم	سناریوی دوم	سناریوی اول	متغیر مورد بررسی
۰/۰۰	۵/۴۴±۰/۰۱۵ ^b	۵/۴۲±۰/۰۱۶ ^b	۵/۳۱±۰/۰۲۱ ^c	۵/۵۳±۰/۰۱۵ ^d	میانگین فنوتیپی
۰/۰۰	۰/۴۳±۰/۰۰۸ ^b	۰/۴۳±۰/۰۰۸ ^b	۰/۳۹±۰/۰۰۸ ^c	۰/۵۵±۰/۰۰۸ ^d	میانگین ارزش ارثی واقعی
۰/۰۰	۰/۶۷±۰/۰۰۶ ^b	۰/۶۴±۰/۰۰۵ ^c	۰/۵۳±۰/۰۰۵ ^d	۰/۶۹±۰/۰۰۶ ^a	میانگین ارزش ارثی برآورد شده
۰/۰۰	۰/۶۱±۰/۰۰۴ ^b	۰/۵۹±۰/۰۰۴ ^c	۰/۴۹±۰/۰۰۳ ^d	۰/۶۲±۰/۰۰۴ ^a	درجه دقت برآورد ارزش ارثی
۰/۶۲۵	۰/۰۰۵±۰/۰۰۰۳ ^a	۰/۰۰۵±۰/۰۰۰۳ ^a	۰/۰۰۵±۰/۰۰۰۳ ^a	۰/۰۰۵±۰/۰۰۰۳ ^a	میانگین همخونی
۰/۰۰۱	۰/۲۰۵±۰/۰۰۴ ^a	۰/۱۹۵±۰/۰۰۴ ^a	۰/۱۶۳±۰/۰۰۳ ^b	۰/۲۱۲±۰/۰۰۳ ^a	روند ژنتیکی
۰/۰۲۳	۰/۱۷۹±۰/۰۰۴ ^a	۰/۱۶۳±۰/۰۰۴ ^{ab}	۰/۱۳۷±۰/۰۰۶ ^b	۰/۱۸۵±۰/۰۰۴ ^a	روند فنوتیپی
۰/۱۸۵	۰/۰۰۲±۰/۰۰۰۱ ^a	۰/۰۰۲±۰/۰۰۰۱ ^a	۰/۰۰۲±۰/۰۰۰۱ ^a	۰/۰۰۲±۰/۰۰۰۱ ^a	روند همخونی

حروف متفاوت در هر ردیف نشانه وجود تفاوت معنی‌دار بین میانگین‌ها است.



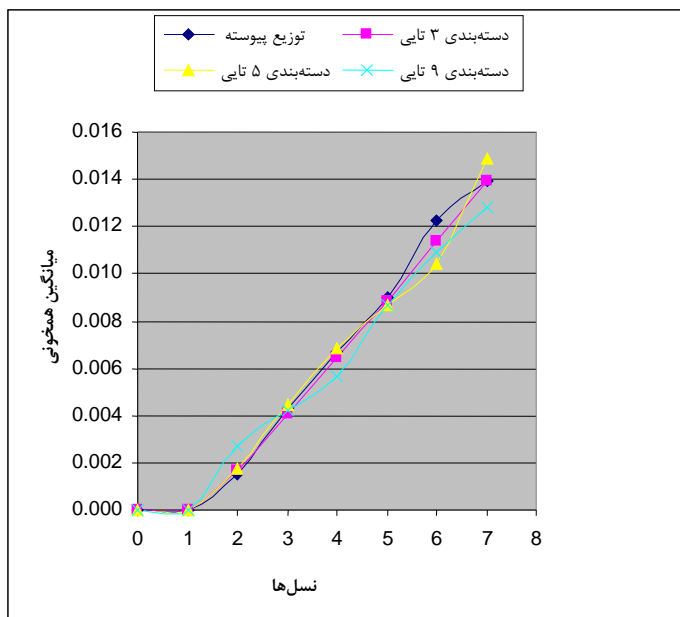
شکل ۱- تاثیر نحوه دسته‌بندی صفت آستانه‌ای بر روند تغییرات فنوتیپی جمعیت

Figure 1. The classification effect of threshold traits on phenotypic trends in population



شکل ۲- تاثیر نحوه دسته‌بندی صفت آستانه‌ای بر روند تغییرات ژنتیکی جمعیت

Figure 2. The classification effect of threshold traits on the genetic changes in population



شکل ۳- تاثیر نحوه دسته بندی صفت آستانه ای بر روند تغییرات ضریب همخونی جمعیت
 Figure 3. The classification effect of threshold traits on the inbreeding coefficient trends in population

بررسی حاضر هر چند در تمام سناریوها تغییرات میانگین ضریب همخونی در جمعیت مورد مطالعه طی نسل های مختلف روند صعودی داشت، اما نتایج نشان داد که استفاده از رتبه بندی بیشتر برای رکورد برداری از صفت آستانه ای هر چند باعث افزایش دقت برآورد ارزش های ارثی دامها می شود اما پس از گذشت ۷ نسل تاثیری بر تغییرات میانگین همخونی گله اصلاحی نداشته است. به نظر می رسد مواردی نظیر استفاده از آمیزش تصادفی، شرکت دادن تمام دام های ماده در آمیزش و اندازه جمعیت ثابت برای تمام نسل ها از مواردی است که در این نتیجه گیری موثر بوده اند. برای بررسی بیشتر این موضوع لازم است تا سناریوهای بیشتری با دخالت الگوهای آمیزشی مختلف، رشد متفاوت اندازه جمعیت و شدت انتخاب متفاوت طراحی و اجرا شود.

بررسی حاضر نشان داد که تعداد رتبه بیشتر صفات دسته بندی شده موجب بهبود دقت برآورد ارزش های ارثی، افزایش پیشرفت ژنتیکی و فنوتیپی شده و نتایج به حالت تجزیه و تحلیل رکوردهای مربوط به توزیع پیوسته صفت آستانه ای نزدیک خواهد شد. از آنجا که رکورد برداری از صفات آستانه ای معمولاً به صورت چشمی و از سوی انسان انجام می شود و ایجاد تمایز بین گروه های مختلف یک صفت با چشم غیر مسلح امر بسیار دشواری است، لذا به نظر می رسد استفاده از روش های کارآمدتر برای رکوردگیری از این گونه صفات (نظیر استفاده از روش های پیشرفته آنالیز تصاویر و طراحی و کمک گرفتن از نرم افزارهای رایانه ای) باعث دستیابی به پیشرفت ژنتیکی و فنوتیپی بیشتری در جمعیت های اصلاحی خواهد شد.

منابع

1. Abdelazim, A. and P.J. Berger. 1999. Properties of threshold model predictions. *Journal of Animal Science*, 77: 582-590.
2. Bates, R.O. 1999. Performance records and their use in genetic improvement Purdue Extension. <http://www.ces.purdue.edu/extmedia/NSIF/NSIF-5/NSIF-FS5.pdf> (12. apr. 2012)
3. Dempster, E.R. and I.M. Lerner. 1950. Heritability of threshold characters *Genetics*, 35: 212 pp.
4. Falconer, D.S. and T.F.C. Mackay. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics* Longman, Essex, U.K., 4th edition.
5. Gianola, D. 1979. Analysis of discrete variables in animal breeding contexts *Journal of Dairy Science*, 62: 1471-1478.
6. Gilmour, A.R. 1983. The estimation of genetic parameters for categorical traits Ph.D. Thesis. Massey University New Zealand. 195 pp.
7. Hayes, B. and M. Goddard. 2010. Genome-wide association and genomic selection in animal breeding. *Genome*, 53: 876-883.
8. Hossein-Zadeh, N.Gh. 2007. Effect of the threshold nature of traits on heritability estimates obtained by linear model. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 10: 145-147.
9. Meuwissen, T.H., B. Engel and J.H. Vanderwerf. 1995. Maximizing selection efficiency for categorical traits. *Journal of Animal Science*, 73: 1933-1939.
10. Olausson, A. and K. Ronnigen. 1975. Estimation of genetic parameters for there should characters. *Acta Agriculture Scandinavia*, 25: 1975.
11. R (programming language). 2013. <http://cran.r-project.org/web>.
12. Rao, Sh. 1997. Genetic analysis of sheep discrete reproductive traits using simulation and field data. Ph.D. Thesis. Virginia Polytechnic Institute and State University, 235 pp.
13. SPSS for Window. Release 16.0. 2007.
14. Stalder, K. 1999. Performance records on relatives. Purdue Extension. <http://www.ces.purdue.edu/extmedia/NSIF/NSIF-7/NSIF-FS7.html> (12. apr. 2012).
15. Urankar, J., T. Flisar, M. Kovac and S. Malovrh. 2012. Effect of group size on breeding value accuracy in gilts. *Acta Agriculture Slovenica*, 3: 187-191.
16. Van Vleck, L.D. and K.E. Gregory. 1992. Multiple-trait restricted maximum likelihood for simulated measures of ovulation rate with underlying multivariate normal distributions. *Journal of Animal Science*, 70: 57-65.
17. Weller, J.I. and M. Ron. 1992. Genetic analysis of fertility traits in Israeli Holsteins by linear and threshold models. *Journal of Dairy Science*, 75: 2541-2549.
18. Wierzbicki, H. 2004. Breeding value evaluation in Polish fur animals: Estimates of direct heritability and portion of litter variation of fur coat and reproduction traits. *Czech Journal of Animal Science*, 49: 474-482.
19. Woolliams, J.A., R. Pong-Wong and B. Villanueva. 2002. Strategic optimization of short- and long-term gain and inbreeding in MAS and non-MAS schemes. In Proc. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 33: 155-162.

Investigation the Effect of a Threshold Trait Levels on the Accuracy of Breeding Value Estimations and Genetic, Phenotypic and in Breeding Trends in a Breeding Flock

Mahdi Khojastehkey¹, Ali Asghar Aslaminejad², Mokhtar Ali Abbasi³ and Karim Nobari⁴

1- Animal Science Research Department, Qom Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, (AREEO), Qom, Iran (Corresponding author: mahdikhojaste@yahoo.com)

2- Associate Professor, Ferdowsi University

3- Associate Professor, of Scientific Board of Animal Science Research Institute of Iran

4- Animal Science Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Gorgan, Iran

Received: March 17, 2014

Accepted: January 18, 2015

Abstract

To investigate the effects of categorical trait levels on EBVs accuracies, genetic and phenotypic trends and inbreeding coefficient, a breeding stock contained 400 animals was simulated through stochastic method using R programming package. The population was simulated for 7 generations while each generation contained 200 animals. The generations were overlapped and in each ones 20 percent of the best males and all of the females had a chance to participate in the mating program up to 5 generations. A categorical trait with heritability of 0.25, mean of 5 and standard deviation of 2 was simulated, and on the basis of recording approach, 4 scenarios were designed. In the first scenario a threshold trait was measured as continuous records, while for scenarios 2 to 4, regarding to the appraiser ability a threshold trait were recorded in 3, 5 and 9 categories respectively. Breeding values were estimated by a simple, single trait animal model and all scenarios were replicated for 10 times. The accuracy of breeding value estimations for scenarios 1 to 4 were 0.62, 0.49, 0.59 and 0.61 respectively ($p < 0.01$). Through 7 generations, the genetic trends for scenarios 1 to 4 were 0.212, 0.162, 0.195 and 0.205 and the phenotypic trends were 0.185, 0.137, 0.163 and 0.179 respectively ($p < 0.01$). The mean of inbreeding coefficient for scenarios 1 to 4 were estimated 0.0053, 0.0052, 0.0052 and 0.0050 respectively ($p > 0.05$). Results showed that, the improvement of recording accuracies for threshold traits lead to increasing in the accuracy of breeding value estimations and the genetic gain. So this is concluded that the development of more accurate measurement tools for threshold traits, could improve the genetic gain and breeding program efficiency.

Keywords: Genetic gain, Inbreeding coefficient, Recording, Threshold traits