دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

# مقایسه‌ی استراتژی‌های انتقال ژن و سنتز نژاد برای صفت چند قلوزایی در گوسفند با استفاده از شبیه‌سازی رایانه‌ای

میثم لطیفی[۱]، امیر رشیدی[۲]، رستم عبدالهی آرپناهی[۳] و محمد رزم کبیر[۴]

۱ و ۴- دانشجوی دکتری و استادیار، گروه علوم دامی، دانشگاه کردستان
۲- استاد، گروه علوم دامی، دانشگاه کردستان، (نویسنده مسوول: arashidi@uok.ac.ir)
۳- استادیار، گروه علوم دام و طیور، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران
تاریخ دریافت: ۹۸/۱/۲۲ تاریخ پذیرش: ۹۸/۵/۶
صفحه: ۱۱۲ تا ۱۱۹

**چکیده**

**هدف از این مطالعه مقایسه استراتژی‌های انتقال ژن و سنتز نژاد در بهبود صفت چندقلوزایی با استفاده از شبیه‌سازی در گوسفند بود. برای این منظور صفتی با وراثت‌پذیری ۰/۱، متشکل از دوکروموزوم شبیه‌سازی شد. در کروموزوم اول، یک QTL به عنوان ژن عمده شبیه‌سازی شد که ٤٠ درصد از واریانس ژنتیکی افزایشی کل را به خود اختصاص داد. اثرات آلل‌های مطلوب و نامطلوب برای QTL مورد نظر پس از هفت نسل به‌ترتیب در دو نژاد A و B تثبیت شد. در ادامه با دو روش سنتی (Classical) و انتخاب به کمک ژن با روش سنتی (GasClassical) استراتژی انتقال ژن و سنتز نژاد مورد مقایسه قرار گرفت. پیشرفت ژنتیکی در دو استراتژی انتقال ژن و سنتز نژاد با روش GasClassical در مقایسه با روش Classical به ترتیب ۳۹ و ١٦ درصد بیشتر بود. میانگین ضریب هم‌خونی در نسل پنجم با روش Classical و GasClassical به‌ترتیب در استراتژی انتقال ژن ۰/۰٤۹ و ۰/۰۳۷ و در استراتژی سنتز نژاد ۰/۰۱۱ و ۰/۰۰۸ بودند. نتایج این مطالعه نشان داد روش GasClassical در مقایسه با روش Classical منجر به افزایش فراوانی آلل مطلوب (ژن عمده) و پیشرفت ژنتیکی در هر دو استراتژی انتقال ژن و سنتز نژاد می‌شود. با این وجود پیشرفت ژنتیکی به ازای یک درصد افزایش هم‌خونی در استراتژی سنتز نژاد نسبت به انتقال ژن بیشتر بود. در نتیجه استراتژی سنتز نژاد از نظر عملکرد بهتر بود.**

**واژهای کلیدی: انتقال ژن، سنتز نژاد، ژن عمده، پیشرفت ژنتیکی**

## مقدمه

یکی از مهم‌ترین صفات در سودآوری اقتصادی صفت چندقلوزایی می‌باشد. این صفت تحت تأثیر تعداد زیادی ژن با اثر کم و هم تحت تأثیر تعداد محدودی ژن با اثر بزرگ (ژن عمده) می‌باشد (۳). از ژن‌های عمده مؤثر بر چندقلوزایی می‌توان به FecB و FecL در گوسفندان نژاد مرینو و لاکون اشاره کرد. از مهمترین عوامل برای بازدهی برنامه‌ی اصلاح نژادی در بهبود صفت چندقلوزایی انتخاب داخل نژادی، آمیخته‌گری و انتقال ژن می‌باشد (۴). در نژادهای ایرانی نیز وجود ژن FecB در نژادهای زل و کلکوهی تأیید شده است. فراوانی آللی این ژن در یک نمونه‌ی ۶۸ تایی از نژاد زل، کمتر از یک درصد و در نژاد کلکوهی از یک نمونه‌ی ۹۲ تایی، ۳۵ درصد گزارش شده است (۱۱،۱).

از تلاقی بین‌نژادی می‌توان به سنتز نژاد و انتقال ژن اشاره کرد. تلاقی بین دو یا چند نژاد و آمیزش بین حیوانات تلاقی‌یافته سنتز نژاد نامیده می‌شود. در ۷۵ کشور دنیا با آمیزش‌های بین نژادی بیش از ۴۱۸ نژاد گوسفند سنتز شده است. از نژادهایی که به‌عنوان والد به‌منظور سنتز نژاد استفاده شده می‌توان Merino، Romney، Rambouillet، Lincoln، Border Leicester و Dorest را نام برد (۱۵). به‌طور کلی از اهداف سنتز نژاد می‌توان به ایجاد نژادهایی با طول عمر بالا، افزایش برهزایی، افزایش نرخ رشد و بهبود کیفیت لاشه اشاره کرد (۹). از نژادهای سنتز شده می‌توان به POLYPAY، MISS، آرمان و ایران بلک اشاره کرد (۹، ۱۲،۱۴).

انتقال ژن مجموعه تلاقی‌های برگشتی بین نژاد حامل آلل مطلوب و نژاد دریافت‌کننده می‌باشد که منجر به افزایش افراد هتروزیگوت می‌شود و در نتیجه بخش زیادی از ژنوم نژاد دریافت‌کننده تثبیت می‌شود و در نهایت تلاقی بین افراد هتروزیگوت منجر به ایجاد افراد هموزیگوت برای آلل مطلوب می‌شود (۱۰،۷). انتقال ژن عمده FecB از نژاد برولا مرینو در نژادهای Assaf و Awassi به‌منظور افزایش چندقلوزایی با موفقیت گزارش شده است (۶). با توجه به فراوانی کم و یا نبود این ژن (FecB) در نژادهای بومی، در سال‌های اخیر استفاده از تلاقی بین‌نژادی به‌منظور انتقال ژن FecB به نژادهای بومی (به‌عنوان مثال تلاقی نژاد برولا مرینو با نژاد افشاری و تلاقی نژاد رومانف با شال) در برنامه‌های اصلاح‌نژادی کشور به‌منظور افزایش صفت چندقلوزایی در دستور کار قرار گرفته است. باتوجه به اینکه تعیین یک برنامه استراتژی علمی و مناسب نیاز به وقت و سرمایه‌گذاری بالا دارد، لذا استفاده از شبیه‌سازی رایانه‌ای می‌تواند به‌عنوان یک راهکار مناسب مورد استفاده قرار گیرد. با پیشرفت علم و تحقیقات و افزایش حجم اطلاعات، اهمیت استفاده از رایانه جهت استفاده از این اطلاعات و برقراری ارتباط بین یافته‌ها و تفسیر آنها به کمک شبیه‌سازی فراهم شده است. شبیه‌سازی ابزار قدرتمندی برای ارزیابی متنوع گسترده بر اساس فنوتیپ و ژنوم داده‌هاست و در نتیجه به‌منظور مطالعه‌ی اثرات سناریوهای مختلف در طرح‌های انتخابی و آمیزشی مورد استفاده قرار می‌گیرد (۱۸). بنابراین با توجه به مطالب گفته شده هدف از این تحقیق مقایسه‌ی دو استراتژی انتقال ژن و

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-08 ]
[ DOI: 10.29252/rap.10.25.112 ]

سنتز نژاد به‌منظور تثبیت یک ژن عمده با دو روش سنتی (Classical) و انتخاب به کمک ژن با روش سنتی (GasClassical[1]) به‌وسیله‌ی شبیه‌سازی می‌باشد.

## مواد و روش‌ها

### ایجاد جمعیت و ساختار ژنوم

به‌منظور شبیه‌سازی و ایجاد یک جمعیت گوسفند از نرم‌افزار QMSim (۱۶) استفاده شد. ابتدا یک جمعیت تاریخی با اندازه مؤثر ۱۰۰۰ حیوان (۵۰۰ ماده و ۵۰۰ نر) به‌مدت ۱۰۰۰ نسل به صورت تصادفی با هم آمیزش داده شدند. در ادامه یک صفت محدود به جنس با وراثت‌پذیری ۰/۱ و ژنومی متشکل از دو کروموزم، هریک به طول صد سانتی‌مورگان شبیه‌سازی شد. بر روی هر کروموزوم ۱۰۰ QTL به‌صورت تصادفی قرار داده شد و نرخ جهش برای QTL $۲/۵ \times ۱۰^{-۴}$ در نظرگرفته شد. اثرات QTLها از توزیع گاما با پارامتر شکل ۰/۴ شبیه سازی شد. در کروموزم اول یک QTL به‌عنوان ژن عمده در موقعیت ۲۵/۷ سانتی‌مورگان شبیه‌سازی شد که ۴۰ درصد از واریانس ژنتیکی افزایشی کل را به خود اختصاص داد. واریانس اختصاص داده شده به QTL شبیه‌سازی‌شده بر اساس واریانس ژن FecL در گوسفند نژاد لاکون در نظر گرفته شد (۲). در ادامه به‌منظور ایجاد دو نژاد، از نسل ۱۰۰۰ دو نمونه تصادفی هر کدام شامل ۳۳۰ حیوان (۳۰ نر و ۳۰۰ ماده) انتخاب شدند. این دو زیر جمیعت به‌عنوان نژاد A و B به‌مدت ۷ نسل به‌منظور تثبیت آلل‌های مطلوب و نامطلوب ژن عمده به‌صورت تصادفی بر اساس اثر آلل‌های مطلوب و نامطلوب تلاقی داده شدند. کل افراد در دو نژاد A و B پس از هفت نسل ۱۰۸۳۰ حیوان بودند. پس از تثبیت آلل‌های مورد نظر در هر دو نژاد A و B به‌منظور ایجاد فنوتیپ‌های آستانه‌ای صفت چندقلوزایی، به‌ترتیب ۲۰ درصد از فنوتیپ‌های بالا دو و ۸۰ درصد باقی‌مانده یک در نظر گرفته شدند. به‌منظور برآورد ارزش اصلاحی در دو نژاد A و B از پکیج MCMCglmm (۸) استفاده شد. ارزش‌های اصلاحی با استفاده از اطلاعات ۷ نسل در هر دو نژاد و با استفاده از مدل آستانه‌ای پیش‌بینی شد. پس از پیش‌بینی ارزش اصلاحی از نژاد A، ۳۰ حیوان نر (حامل آلل مطلوب) با ۳۰۰ حیوان ماده از نژاد B (فاقد آلل مطلوب) بر اساس ارزش اصلاحی‌های برتر از نسل ۷ انتخاب‌شده و به‌عنوان حیوانات پایه به‌منظور مقایسه‌ی دو استراتژی انتقال ژن و سنتز نژاد با روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی یا سنتی (Classical) و انتخاب به کمک ژن با روش سنتی (GasClassical) مورد بررسی قرار گرفت:

استراتژی انتقال ژن (BC): به‌منظور انتقال آلل مطلوب از نژاد A به نژاد B تلاقی (A× B) انجام شد تا نسل F1 ایجاد شود. سپس ماده‌های نسل F1 (نسل اول) با نرهای نژاد B آمیزش داده شدند تا تلاقی‌های برگشتی BC1، BC2 وBC3 (به‌ترتیب نسل دوم، سوم و چهارم) ایجاد شوند و نژاد B تقریبا ۹۰٪ از ژنوم اولیه خود را بازیابد. در ادامه از نسل سوم، ۳۰ حیوان نر با ۳۰۰ حیوان ماده از نسل چهارم تلاقی داده شدند تا حیوانات هموزیگوس برای آلل مطلوب در نسل پنجم ایجاد شوند (شکل ۱).

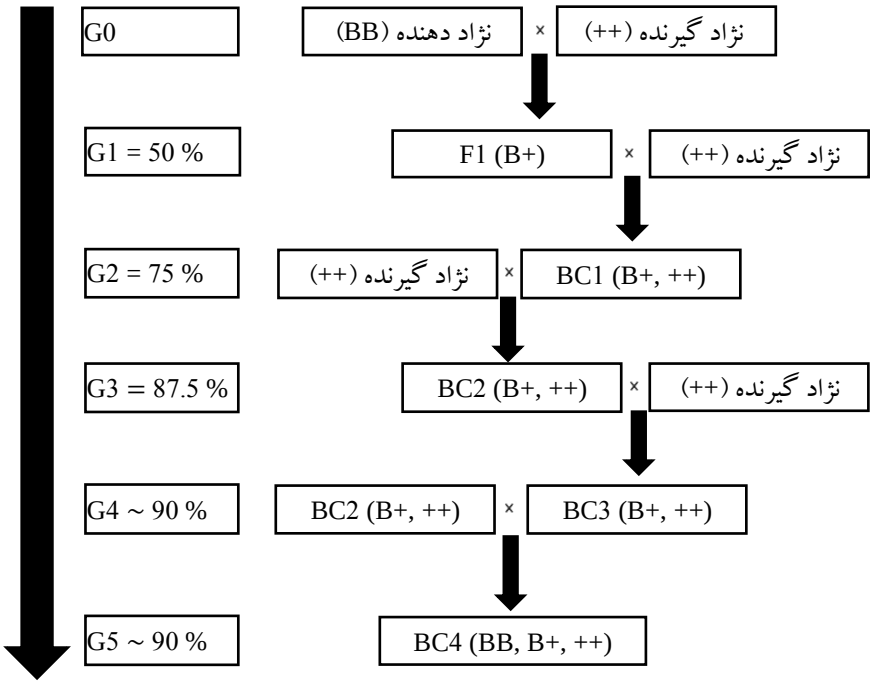
استراتژی سنتز نژاد (AB): به‌منظور سنتز نژاد نیز نرهای نژاد A با ماده‌های نژاد B به‌مدت ۵ نسل با هم تلاقی داده شد تا در نهایت نژادی سنتز شود که ۵۰ درصد از ژنوم آن از نژاد A و ۵۰ درصد مابقی از نژاد B باشد.

به‌طور کلی دو استراتژی توصیف‌شده با روش Classical و GasClassical مورد بررسی قرار گرفتند تا پیشرفت ژنتیکی، میانگین ضریب هم‌خونی و فراوانی آلل مطلوب برای ۵ نسل مقایسه شود. در نژاد A، B، استراتژی انتقال ژن (BC) و سنتز نژاد (AB) به ازای هر آمیزش ۵ فرزند ایجاد شد. به‌طور کلی در نسل پایه ۳۳۰ فرد و از نسل یک تا پنج به ازای هر نسل ۱۵۰۰ فرد ایجاد شد. همچنین نرخ جایگزینی به‌ترتیب برای نرها و ماده‌ها ۰/۴ و ۰/۲ در نظر گرفته شد. نسبت جنسیت برای فرزندان نیز ۰/۵ در نظر گرفته شد. پارامترها و ژنوم شبیه‌سازی شده در جدول ۱ ارائه شده است.

1- Gene assisted classical selection

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-08 ]

[ DOI: 10.29252/rap.10.25.112 ]




شکل ۱- شمایی کلی از استراتژی انتقال ژن
Figure 1. An overview of the Introgression strategy

جدول ۱- پارامترهای شبیه‌سازی‌شده
Table 1. Parameters of the simulation

| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| تعداد افراد در جمعیت تاریخی (نسل) | ۱۰۰۰ حیوان (۱۰۰۰) | | | |
| نژاد | A | B | BC | AB |
| تعداد نسل انتخابی در هر نژاد | ۷ | ۷ | ۵ | ۵ |
| سیستم آمیزشی | تصادفی | تصادفی | حداقل هم‌خونی | حداقل هم‌خونی |
| معیار انتخاب/حذف | آلل مطلوب/سن | آلل نامطلوب/سن | EBV بالا/سن | EBV بالا/سن |
| تعداد نرها (ماده ها) در جمعیت پایه در هر نژاد | ۳۰ (۳۰۰) | | | |
| تعداد فرزندان به ازای هر مادر در جمعیت پایه در هر نژاد | ۵ | | | |
| نرخ جایگزینی نرها (ماده‌ها) | ۰/۴ (۰/۲) | | | |
| نسبت جنسیت برای فرزندان در هر نژاد | ۰/۵ | | | |
| ژنوم | | | | |
| تعداد کروموزوم | ۲ | | | |
| طول ژنوم (cM) | ۲۰۰ | | | |
| تعداد کل QTL | ۲۰۰ | | | |
| واریانس QTL با اثر بزرگ (%) | ۴۰ | | | |
| موقعیت QTL بزرگ اثر بر روی کروموزم یک (cM) | ۲۵/۷ | | | |
| نرخ جهش برای QTL | $۲/۵ \times ۱۰^{-۴}$ | | | |
| موقعیت QTL بر روی کروموزم | تصادفی | | | |
| وراثت‌پذیری صفت | ۰/۱ | | | |

## پیش‌بینی ارزش اصلاحی

به‌منظور پیش‌بینی ارزش اصلاحی حیوانات و انتخاب حیوانات برتر به‌عنوان والد برای نسل بعد از مدل زیر استفاده شد:

$$\boldsymbol{l} = \mathbf{1}_{\boldsymbol{n}}\mu + \boldsymbol{Za} + \boldsymbol{e} \quad (۱)$$

در این مدل $\boldsymbol{l}$ بردار متغیر پنهان برای صفت چندقلوزایی (یک آستانه و دو دسته)، μ میانگین کل، $\mathbf{1}_{\boldsymbol{n}}$ بردار یکه، a بردار تصادفی اثرات ژنتیکی افزایشی با توزیع $N(0, \boldsymbol{A}\sigma_a^2)$، $\mathbf{Z}$ ماتریس طرح که اثرات ژنتیکی افزایشی حیوانات را به مشاهدات ارتباط می‌دهد و e بردار اثرات تصادفی باقیمانده با توزیع $N(0, \boldsymbol{I}\sigma_e^2)$ می‌باشد. به‌منظور پیش‌بینی ارزش اصلاحی از رویکرد آماری بیزی، بسته MCMCglmm (۸) نرم‌افزار R استفاده شد. یک زنجیره‌ی نمونه‌برداری گیبس با ۳۰۰۰۰۰ دور تشکیل شد، که ۳۰۰۰۰ دوره‌ی اول به‌عنوان دوره‌ی سوخته بود. برای مستقل بودن نمونه‌های گرفته‌شده فاصله‌ی نمونه‌برداری نیز ۱۰۰ منظور شد.

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-08 ]

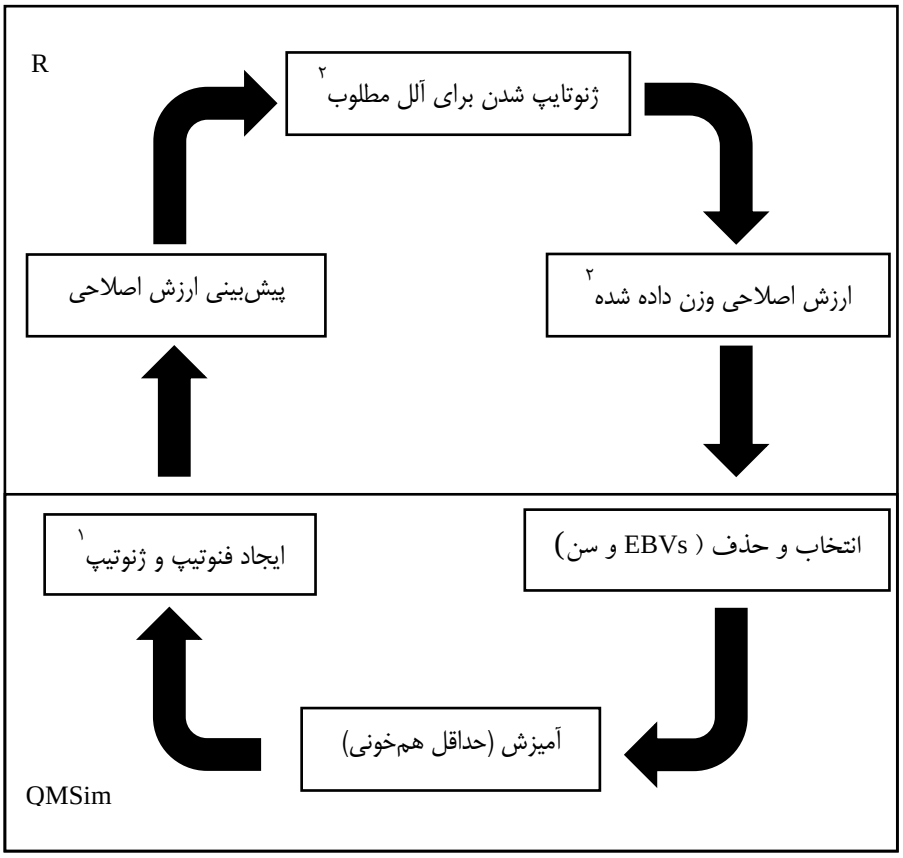
[ DOI: 10.29252/rap.10.25.112 ]

**انتخاب به کمک ژن**

به‌منظور انتخاب افراد حامل آلل مطلوب به‌عنوان والد برای نسل بعد از یک روش جایگزین در نرم‌افزار R استفاده شد. به‌طوری‌که پس از پیش‌بینی ارزش اصلاحی هر حیوان، در نرم‌افزار R حیوانات بر اساس وجود یا عدم وجود آلل مطلوب ژنوتایپ‌شده و هموزیگوس یا هتروزیگوس‌بودن هر حیوان مشخص شد. سپس بر اساس معادله زیر به ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی‌شده هر حیوان وزن داده شد:

$$EBV_W = EBV_p + NFA \quad (۲)$$

در این معادله $EBV_W$: ارزش اصلاحی‌های وزن‌داده‌شده، $EBV_P$: ارزش اصلاحی‌های پیش‌بینی‌شده و NFA؛ تعداد آلل‌های مطلوب در هر حیوان می‌باشد، که برای حیوانات هموزیگوس آلل مطلوب عدد ۲، حیوانات هتروزیگوس عدد ۱ و حیوانات هموزیگوس آلل نامطلوب عدد صفر منظور شد (شکل ۲). در ادامه ارزش اصلاحی‌های وزن‌داده‌شده به QMSim معرفی شدند و حیوانات مجدداً براساس معیارهای بیان‌شده در جدول (۱) به‌عنوان والد برای نسل بعد انتخاب شده و تلاقی‌های برگشتی و سنتز نژاد انجام می‌شد. در نهایت برنامه شبیه‌سازی ده مرتبه تکرار شد و از نتایج ۱۰ تکرار میانگین برآورد شد.




شکل ۲- دیاگرام ارتباط نرم‌افزار QMSim با نرم‌افزار R. ۱: شروع شبیه‌سازی با نرم‌افزار QMSim، ۲: تعیین تعداد آلل‌های مطلوب در هر حیوان و اضافه‌کردن آن به ارزش اصلاحی پیش‌بینی‌شده در نرم‌افزار R

Figure 2. Diagram for connection of QMSim to R software. 1: Start the simulation with QMSim; 2: Genotyping each animal and adding number of favorable allele to EBVs in R software

**نتایج و بحث**

میانگین ارزش اصلاحی حقیقی، فراوانی آللی مطلوب و میانگین ضریب هم‌خونی در دو استراتژی انتقال ژن و سنتز نژاد در هر نسل با دو روش Classical و GasClassical در جدول ۲ ارائه شده است. همچنین، فراوانی آلل مطلوب شبیه‌سازی‌شده در ده تکرار در شکل ۳ نشان داده شده است. چنانچه نتایج حاصل از این پژوهش در جدول ۲ نشان داد پیشرفت ژنتیکی در هر دو استراتژی با روش GasClassical و Classical در هر نسل روند افزایشی داشت. بیشترین و کمترین مقدار پیشرفت ژنتیکی به‌ترتیب در روش GasClassical و Classical در استراتژی انتقال ژن حاصل شده است. پیشرفت ژنتیکی در دو استراتژی انتقال ژن و سنتز نژاد با روش GasClassical در مقایسه با روش Classical به‌ترتیب ۳۹ و ۱۶ درصد بیشتر بود. این نتایج می‌تواند بیانگر این نکته مهم باشد، در صورتی‌که ژن عمده بخش زیادی از واریانس ژنتیکی را کنترل کند، ترکیب‌کردن روش‌های انتخاب ژن با روش کلاسیک منجر به پیشرفت ژنتیکی بیشتری نسبت به‌روش کلاسیک در دو استراتژی انتقال ژن و

1- Number of Favorable Allele

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-08 ]

[ DOI: 10.29252/rap.10.25.112 ]

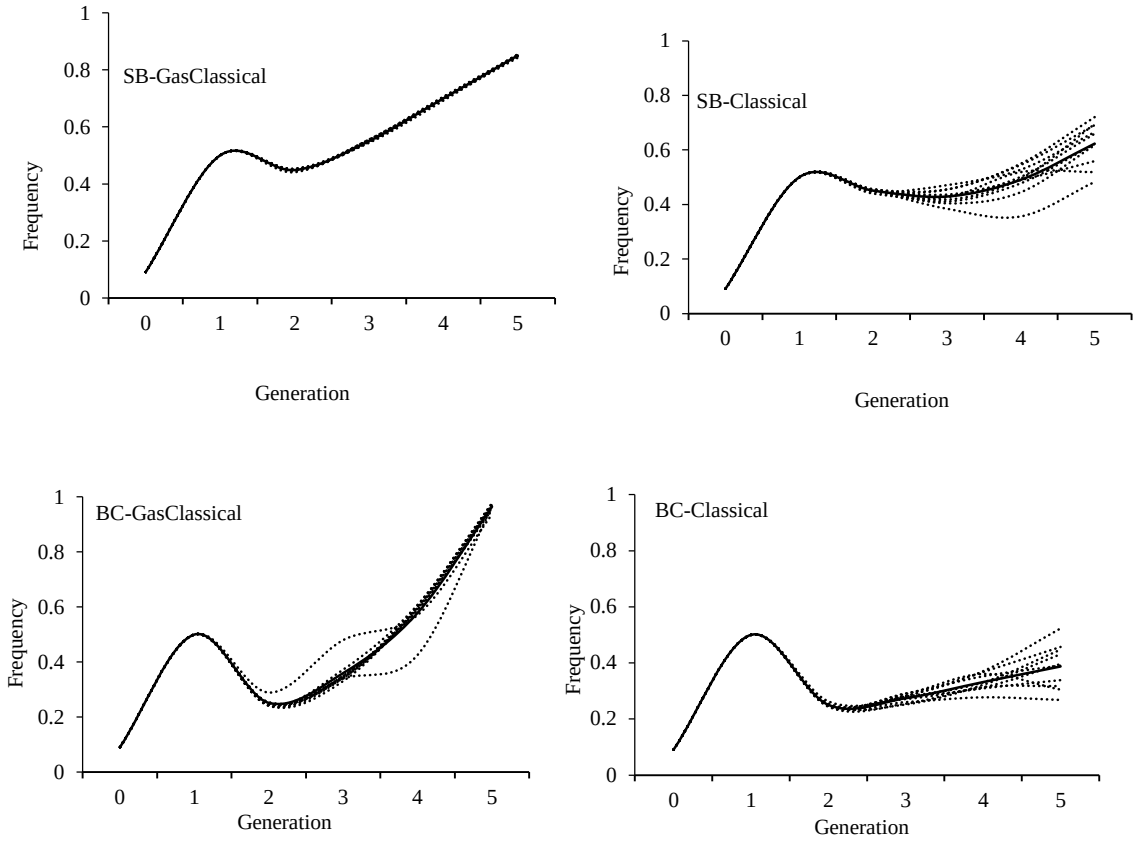
سنتز نژاد خواهد شد. پیشرفت ژنتیکی در استراتژی انتقال ژن با روش GasClassical نسبت به استراتژی سنتز نژاد با روش GasClassical و Classical به‌مقدار ۱۱ و ۲۸ درصد بیشتر بود. همچنین، پیشرفت ژنتیکی در استراتژی سنتز نژاد در مقایسه با استراتژی انتقال ژن با روش Classical به‌میزان ۸ درصد بیشتر بود. بیشتربودن پیشرفت ژنتیکی در استراتژی انتقال ژن با روش GasClassical در مقایسه با سنتز نژاد می‌تواند به‌دلیل تلاقی بین نسل سوم و چهارم به‌منظور ایجاد افراد هموزیگوس و همچنین بیشتربودن فراوانی آلل مطلوب در نسل پنجم باشد (جدول ۲).

جدول ۲- میانگین ارزش اصلاحی حقیقی، فراوانی آلل مطلوب و میانگین ضریب هم‌خونی در استراتژی انتقال ژن و سنتز نژاد

Table 2. Mean of true breeding values, frequency of favorable allele and mean of inbreeding coefficient in introgression and synthesis of breed strategies

| استراتژی | | انتقال ژن | | | سنتز نژاد | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| روش | نسل | Mean $_{TBV}$ | Frequency | Inbreeding | Mean $_{TBV}$ | Frequency | Inbreeding |
| Classical | ۰ | −۰/۱۴۲ ± ۰/۱۵۱ | ۰/۰۹۱ ± ۰/۰ | ۰/۰ ± ۰/۰ | −۰/۱۴۲ ± ۰/۱۵۱ | ۰/۰۹۱ ± ۰/۰ | ۰/۰ ± ۰/۰ |
| | ۱ | ۰/۲۸۳ ± ۰/۱۵۴ | ۰/۵۰ ± ۰/۰ | ۰/۰ ± ۰/۰ | ۰/۲۸۲ ± ۰/۱۵۴ | ۰/۵۰ ± ۰/۰ | ۰/۰ ± ۰/۰ |
| | ۲ | ۰/۱۶۹ ± ۰/۱۵۳ | ۰/۲۵ ± ۰/۰۰۵ | ۰/۰ ± ۰/۰ | ۰/۳۳۲ ± ۰/۱۴۹ | ۰/۴۵۱ ± ۰/۰۰۵ | ۰/۰ ± ۰/۰ |
| | ۳ | ۰/۳۰۴ ± ۰/۱۵۶ | ۰/۲۷۴ ± ۰/۰۱۳ | ۰/۰۰۳ ± ۰/۰۰۱ | ۰/۳۸۴ ± ۰/۱۶۳ | ۰/۴۲۹ ± ۰/۰۲۴ | ۰/۰ ± ۰/۰ |
| | ۴ | ۰/۴۸۷ ± ۰/۱۵۳ | ۰/۳۳۲ ± ۰/۰۲۷ | ۰/۰۰۵ ± ۰/۰۰۲ | ۰/۵۳۰ ± ۰/۱۶۸ | ۰/۴۹۱ ± ۰/۰۵۱ | ۰/۰۰۲ ± ۰/۰۰۳ |
| | ۵ | ۰/۶۷۶ ± ۰/۱۶۳ | ۰/۳۸۷ ± ۰/۰۷۲ | ۰/۰۴۹ ± ۰/۰۱۲ | ۰/۷۴۲ ± ۰/۱۷۶ | ۰/۶۲۳ ± ۰/۰۷۲ | ۰/۰۱۱ ± ۰/۰۰۴ |
| GasClassical | ۰ | −۰/۱۴۲ ± ۰/۱۵۱ | ۰/۰۹۱ ± ۰/۰ | ۰/۰ ± ۰/۰ | −۰/۱۴۲ ± ۰/۱۵۱ | ۰/۰۹۱ ± ۰/۰ | ۰/۰ ± ۰/۰ |
| | ۱ | ۰/۲۷۹ ± ۰/۱۵۲ | ۰/۵۰ ± ۰/۰ | ۰/۰ ± ۰/۰ | ۰/۲۷۹ ± ۰/۱۵۲ | ۰/۵۰ ± ۰/۰ | ۰/۰ ± ۰/۰ |
| | ۲ | ۰/۱۹۳ ± ۰/۱۵۲ | ۰/۲۵۲ ± ۰/۰۱۳ | ۰/۰ ± ۰/۰ | ۰/۳۰۴ ± ۰/۱۶۸ | ۰/۴۴۹ ± ۰/۰۰۵ | ۰/۰ ± ۰/۰ |
| | ۳ | ۰/۳۶۰ ± ۰/۱۷۱ | ۰/۳۶۰ ± ۰/۰۳۹ | ۰/۰۰۲ ± ۰/۰ | ۰/۴۶۰ ± ۰/۱۸۴ | ۰/۵۵۰ ± ۰/۰۳۳ | ۰/۰ ± ۰/۰ |
| | ۴ | ۰/۶۳۴ ± ۰/۱۹۸ | ۰/۵۷۹ ± ۰/۰۵ | ۰/۰۰۵ ± ۰/۰۰۲ | ۰/۶۶۶ ± ۰/۲۲۰ | ۰/۷۰۰ ± ۰/۰۵۳ | ۰/۰۰۲ ± ۰/۰۰۳ |
| | ۵ | ۰/۹۹۳ ± ۰/۲۵۱ | ۰/۹۶۵ ± ۰/۰۱۲ | ۰/۰۳۷ ± ۰/۰۰۶ | ۰/۸۸۳ ± ۰/۲۵۱ | ۰/۸۵۰ ± ۰/۰۴۳ | ۰/۰۰۸ ± ۰/۰۰۵ |

Mean $_{TBV}$: میانگین ارزش اصلاحی حقیقی، Frequency: فراوانی آلل مطلوب، Inbreeding: میانگین ضریب هم‌خونی




شکل ۳- الگوی فراوانی آلل مطلوب در استراتژی انتقال ژن و سنتز نژاد با دو روش Classical و GasClassical برای ده مرتبه شبیه‌سازی (میانگین ده تکرار با خط سیاه نشان داده شده است)

Figure 3. Pattern of allele frequencies of the favorable allele for the introgression (BC) and Synthetic breed (SB) with Classical and GasClassical methods for 10 replicates (the black line is the mean of 10 replicates)

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-08 ]

[ DOI: 10.29252/rap.10.25.112 ]

فراوانی آلل مطلوب با دو روش Classical و GasClassical در دو استراتژی انتقال ژن و سنتز نژاد در شکل ۳ نشان داده شده است. در روش Classical فراوانی آلل مطلوب در هر تکرار در استراتژی انتقال ژن و سنتز نژاد دارای نوسان می‌باشد، در حالی‌که در روش GasClassical فراوانی آللی در هر تکرار از الگوی یکسانی تبعیت می‌کند و فقط در استراتژی انتقال ژن در دو تکرار نوسان دیده شد. فراوانی آلل مطلوب در هر دو استراتژی و با هر دو روش با مقدار اولیه ۰/۰۹۱ شروع شد و پس از پنج نسل انتخاب در استراتژی انتقال ژن به‌ترتیب با روش Classical و GasClassical، ۰/۳۸۷ و ۰/۹۶۵ و در استراتژی سنتز نژاد ۰/۶۲۳ و ۰/۸۵ بود. مقایسه‌ی این اعداد نشان می‌دهد در روش Classical فراوانی آلل مطلوب پس از پنج نسل انتخاب در استراتژی سنتز نژاد نسبت به استراتژی انتقال ژن بیشتر است، برعکس در روش GasClassical فراوانی آلل مطلوب در استراتژی انتقال ژن نسبت به استراتژی سنتز نژاد بیشتر بود. به‌علت هزینه‌بر بودن ترکیب انتخاب به کمک ژن با روش سنتی، می‌توان به‌منظور افزایش فراوانی آلل مطلوب از روش Classical در استراتژی سنتز نژاد استفاده کرد و بدون شناخت از جایگاه ژن عمده فراوانی آلل مطلوب را در جمعیت‌های سنتز شده افزایش داد. استفاده از انتخاب به کمک ژن در روش GasClassical نیاز به داشتن شناخت جایگاه ژن دارد که برای بسیاری از ژن‌های مؤثر بر چندقلوزایی مانند FecB و FecL این امکان موجود است. گاسپا و همکاران (۵) در یک مطالعه‌ی شبیه‌سازی انتقال ژن بی‌شاخی را در یک جمعیت گاو مورد بررسی قرار دادند. در مطالعه مذکور با انتخاب و عدم انتخاب بر روی ژن بی‌شاخی فراوانی ژن بی‌شاخی بعد از ۱۲ سال انتخاب از مقدار اولیه ۰/۱۳ به‌ترتیب به مقادیر ۰/۴۱ و ۰/۰۸ رسید.

میزان برآورد ضریب هم‌خونی حاصل از این پژوهش با روش Classical و GasClassical در هر دو استراتژی با افزایش نسل روند افزایشی داشت (جدول ۲). میانگین ضریب هم‌خونی در جمعیت شبیه‌سازی‌شده در نسل پنجم در استراتژی انتقال ژن به‌ترتیب با روش Classical و GasClassical، ۰/۰۴۹ و ۰/۰۳۷ و در استراتژی سنتز نژاد ۰/۰۱۱ و ۰/۰۰۸ بود (جدول ۲). در دو استراتژی سنتز نژاد و انتقال ژن، میانگین ضریب هم‌خونی با روش GasClassical در مقایسه با روش Classical کمتر بود. کاهش میانگین ضریب هم‌خونی در روش GasClassical می‌تواند به‌علت استفاده از روش انتخاب به کمک ژن همراه با روش Classical باشد. در این روش ارزش اصلاحی ترکیبی از ارزش اصلاحی برآورد شده و تعداد آلل مطلوب در حیوانات انتخابی می‌باشد. چون در این روش روابط خویشاوندی کمتر مورد استفاده قرار می‌گیرد و اطلاعات فردی بیشتر استفاده می‌شود. شناخت جایگاه ژن سبب می‌شود بین برادر و خواهر تنی یا ناتنی که آلل مطلوب و نامطلوب را دریافت می‌کنند تفاوت ایجاد شود و تاکید بر نمونه‌برداری مندلی بیشتر باشد. در نتیجه در روش GasClassical، در مقایسه با روش Classical بر روابط خویشاوندی کمتر تاکید می‌شود.

نتایج این مطالعه نشان داد که در صورت استفاده از استراتژی انتقال ژن میانگین ضریب هم‌خونی نسبت به استراتژی سنتز نژاد بیشتر است. اودگارد و همکاران (۱۳) میزان میانگین هم‌خونی را در استراتژی سنتز نژاد در مقایسه با تلاقی برگشتی با روش سنتی بیشتر گزارش کردند. بیشتربودن مقدار هم‌خونی در مطالعه حاضر در اسراتژی انتقال ژن در مقایسه با آن مطالعه می‌تواند به‌دلیل تلاقی بین افراد نسل سوم و چهارم به‌منظور ایجاد افراد هموزیگوس برای آلل مطلوب در نسل پنجم باشد.

مقدار پیشرفت ژنتیکی به ازای یک درصد افزایش هم‌خونی با روش GasClassical و Classical در استراتژی انتقال ژن به‌ترتیب ۰/۳۱ و ۰/۱۶۶ و در استراتژی سنتز نژاد با روش‌های مذکور به‌ترتیب ۱/۲۸۱ و ۰/۸۰۳ محاسبه شد. این نتایج بیانگر این است که اگر در برنامه‌ی اصلاح نژادی هم‌خونی عامل محدودکننده باشد، استراتژی سنتز نژاد نسبت به استراتژی انتقال ژن ارجحیت دارد و منجر به پیشرفت ژنتیکی بیشتری می‌شود (هر چند فراوانی آلل مطلوب کمتری داشته باشد). به‌طور کلی میانگین ضریب هم‌خونی در استراتژی انتقال ژن و سنتز نژاد نسبت به سایر مطالعات شبیه‌سازی کمتر بود (۱۷،۱۳،۵). علت کم بودن میانگین ضریب هم‌خونی برآورد شده در این تحقیق در مقایسه با مطالعات ذکر شده احتمالاً استفاده از سیستم آمیزش حیوانات براساس حداقل ضریب هم‌خونی بود. در این آمیزش جفت‌ها طوری انتخاب شدند که هم‌خونی در نسل بعد حداقل باشد (۱۶).

نتایج این مطالعه نشان داد روش GasClassical در مقایسه با روش Classical منجر به افزایش فراوانی آللی و در نهایت پیشرفت ژنتیکی بیشتر در دو استراتژی انتقال ژن و سنتز نژاد می‌شود. همچنین پیشرفت ژنتیکی در استراتژی سنتز نژاد در مقایسه با استراتژی انتقال ژن به ازای یک درصد افزایش هم‌خونی بیشتر بود. بنابراین، استراتژی سنتز نژاد با ترکیب کردن انتخاب به کمک ژن با روش کلاسیک (GasClassical) برای بهبود دوقلوزایی توصیه می‌شود.

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-08 ]

[ DOI: 10.29252/rap.10.25.112 ]

## منابع


1. Asadpour, R., R. Jafari-Joozani, S. Alijani and H. Mahmodi. 2012. Detection of polymorphism in booroola gene (FecB) and its association with litter size in Zel sheep breed in Iran. Slovak Journal of Animal Science, 45: 63-66.
2. Bodin, L., P.M. Martin and J. Raoul. 2014. Effects of the FecL Major Gene on Mean and Variance of Litter Size in the Lacaune Meat Sheep Population. Proceedings, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, Vancouver, Canada.
3. Drouilhet, L., F. Lecerf, L. Bodin, S. Fabre and P. Mulsant. 2009. Fine mapping of the FecL locus influencing prolificacy in Lacaune sheep. Animal Genetics, 40: 804-812.
4. Elsen, J.M., L. Bodin, D. Francois, J.P. Poivey and J. Teyssier. 1994. Genetic improvement of litter size in sheep. Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Guelph, Ontario, Canada, 237-244 pp.
5. Gaspa, G., R.F. Veerkamp, M.P.L. Calu and J.J. Windig. 2015. Assessment of genomic selection for introgression of polledness into Holstein Friesian cattle by simulation. Livestock Science, 179: 86-95.
6. Gootwine, E., S. Reicher and A. Rozov. 2008. Prolificacy and lamb survival at birth in Awassi and Assaf sheep carrying the FecB (Booroola) mutation. Animal Reproduction Science, 108: 402-411.
7. Groen, A.F. and C. Smith. 1995. A stochastic simulation study of the efficiency of marker-assisted introgression in livestock. Journal of Animal Breeding and Genetics, 112: 161-170.
8. 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: 494-508.
9. Hulet, C.V., S.K. Ercanbrack and A.D. Knight. 1984. Development of the Polypay breed of sheep. Journal of Animal Science, 58: 15-24.
10. Koudande, O.D., F. Iraqi, P.C. Thomson, A.J. Teale and J.A.M. Van Arendonk. 2000. Strategies to optimize marker assisted introgression of multiple QTL. Mammalian Genome, 11: 145-150.
11. Mahdavi, M., S. Nanekarani and S.D. Hosseini. 2014. Mutation in BMPR-IB gene is associated with litter size in Iranian Kalehkoohi sheep. Animal Reproduction Science, 147: 93-98.
12. Mirzamohamadi, E., A. Rashidi, M. Vatankhah and M. Jafari. 2014. Evaluation of inbreeding effects on pre-weaning growth traits and lamb survival in Iran-black sheep. Animal Sciences Journal (Pajouhesh and Sazandegi), 101: 62-70 (In Persian).
13. Ødegard, J., M.H. Yazdi, A.K. Sonesson and T.H.E, Meuwissen. 2009b. Incorporating Desirable Genetic Characteristics from an Inferior Into a Superior Population Using Genomic Selection. Genetics Society of America, 181: 737-745.
14. Petrovic, M.P., V.C. Petrovic, Z.Z. Ilic, Z.D.R. Muslic, M.V. Milenkovic, B. Milosevic and D. Grcak. 2013. Features of the new breed of sheep in serbia called mis sheep. Reproductive characteristics and body development. Veterinarija ir Zootechnika, 64: 70-75.
15. Rasali, D.P., J.N.B. Hrestha and G.H. Crow. 2006. Development of composite sheep breeds in the world: A review. Canadian Journal of Animal Science, 86: 1-24.
16. Sargolzaei, M. and F.S. Schenkel. 2009. QMSim: a large scale genome simulator for livestock. Bioinformatics, 25: 680-681.
17. Scheper, C., M. Wensch-Dorendorf, T. Yin, H. Dressel, H. Swalve and S. König. 2016. Evaluation of breeding strategies for polledness in dairy cattle using a newly developed simulation framework for quantitative and Mendelian traits. Genetics Selection Evolution, 48: 1-11.
18. Yin, T., E.C.G. Pimentel, V. König, U. Borstel and S. König. 2014. Strategy for the simulation and analysis of longitudinal phenotypic and genomic data in the context of a temperature × humidity-dependent covariate. Journal of Dairy Science, 97: 2444-2454.


[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-08 ]

[ DOI: 10.29252/rap.10.25.112 ]

# Comparison of Introgression and Synthetic Breed Strategies for Litter Size Trait in Sheep using Computer Simulation

**Meysam Latifi[1], Amir Rashidi[2], Rostam Abdollahi Arpanahi[3] and Mohammad Razmkabir[4]**

1 and 4- PhD. Student and Assistant Professor, Department of Animal Science, University of Kurdistan
2- Professor, Department of Animal Science, University of Kurdistan
(Corresponding author: arashidi@uok.ac.ir)
3- Assistant Professor, Department of Animal and Poultry Science, College of Aburaihan, University of Tehran
Received: April 11, 2019 Accepted: July 28, 2019

## Abstract

The objective of this study was to compare introgression and synthetic breed strategies for litter size trait improvement in sheep using computer simulation. For this purpose, a trait with heritability of 0.1, consisting of two chromosomes was simulated. On chromosome 1, a single QTL as the major gene was created that accounted for 40% of the total genetic variance. The effect of favorable and unfavorable alleles for the QTL was fixed after seven generations in both A and B breeds, respectively. The introgression and synthetic breed strategies were compared using Classical and Classical with gene-assisted selection (GasClassical) methods. The genetic gain in introgression and synthetic breed strategies using GasClassical method was 39% and 16% higher than that of Classical method, respectively. The mean of inbreeding coefficient in the fifth generation in introgression strategy was 0.049 and 0.077 using the Classical and GasClassical methods, respectively, and in synthetic breed strategy was 0.11 and 0.008, respectively. The results of this study showed that the GasClassical method in comparison with the Classical method led to an increasing frequency of favorable allele (major gene) and genetic gain in both introgression and synthetic breed strategies. However, the genetic gain for one percent increase in inbreeding in the synthetic breed strategy was greater than that of introgression strategy, and as a result, the synthetic breed strategy performs better than introgression strategy.

**Keywords:** Genetic Gain, Introgression, Major gene, Synthetic Breed

[ Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-08 ]

[ DOI: 10.29252/rap.10.25.112 ]