

پیامدهای واردات مواد ژنتیکی با در نظر گرفتن اثر متقابل ژنوتیپ و محیط و فاصله جایگزینی در گاو شیری

عادلہ حقدوست^۱، محمد مهدی شریعتی^{۲*}، عبدالاحد شادپرور^۳، نوید قوی حسین زاده^۴، سعید زره داران^۴

۱- دانشجوی دوره دکتری، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد

۲- استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد

۳- استاد، گروه علوم دامی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان

۴- استاد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد

(تاریخ دریافت: ۹۸/۰۷/۰۱ - تاریخ پذیرش: ۹۸/۰۹/۱۷)

چکیده

هدف این مطالعه، بررسی نقش اثر متقابل ژنوتیپ و محیط (G×E) و فاصله نسل در پیشرفت ژنتیکی حاصل از واردات مواد ژنتیکی گاو شیری در یک کشور فاقد برنامه اصلاح نژادی پیشرفته بود. به منظور شبیه‌سازی G×E از تغییر آثار جانشینی آلل‌ها استفاده شد. سه سطح ۱۰۰ (شاهد)، ۷۵ و ۵۰ درصد هم‌پوشانی آثار جایگاه‌های کنترل‌کننده صفات کمی (QTL) در نرهای وارداتی در سطوح وراثت‌پذیری ۰/۱، ۰/۳ و ۰/۵ و سه سناریوی جایگزینی پیوسته، جایگزینی با فاصله یک نسل و با فاصله دو نسل مواد ژنتیکی خارجی در نظر گرفته شد. علاوه بر آن، اثر کاهش صحت پیش‌بینی ژنومی در صفات با وراثت‌پذیری پایین مورد مطالعه قرار گرفت. عملکرد دختران گاوهای نر در جمعیت محلی در سناریوی شاهد نشان داد که راهبردهای مبتنی بر واردات بر راهبردهای جمعیت محلی برتری دارد. همبستگی ژنتیکی ایجاد شده برای هم‌پوشانی ۷۵ و ۵۰ درصدی آثار QTLها به ترتیب ۰/۷ و ۰/۵ بود. با کاهش همبستگی ژنتیکی اگر چه در طول زمان روند پاسخ ژنتیکی افزایش یافت، اما به اندازه جمعیت مبدا نبود. بیشترین میزان پیشرفت ژنتیکی (۲/۵۶) برای وراثت‌پذیری ۰/۵ در جایگزینی پیوسته و عدم وجود G×E مشاهده شد. کاهش صحت پیش‌بینی، G×E را تشدید کرد. به طور کلی فقط با واردات مواد ژنتیکی از جمعیت مبدا با میانگین ژنتیکی بالاتر و همچنین در نظر گرفتن G×E در صفات مختلف، می‌توان میزان بیشتری از انتقال پیشرفت ژنتیکی به جمعیت محلی را به دست آورد.

واژه‌های کلیدی: اثر متقابل ژنوتیپ و محیط، انتخاب ژنومی، پیشرفت ژنتیکی، فاصله نسل، گاو شیری

* نویسنده مسئول: shariati52@gmail.com

مقدمه

(Mackay, 1996). تفاوت در آثار جانشینی آلل‌ها بین جمعیت‌ها به دلیل وجود $G \times E$ می‌تواند همبستگی ژنتیکی بین جمعیت‌ها را به کمتر از یک کاهش دهد (Lillehammer *et al.*, 2009). بررسی‌های زیادی در دام‌های صنعتی نشان داده‌اند که بیان ژنتیکی یک QTL می‌تواند تحت تاثیر اثر محیط قرار گیرد (Li *et al.*, 2015; Komisarek and Kolenda, 2016; Liu *et al.*, 2017; Wetzel-Gastal *et al.*, 2018).

بنابراین یکی از فراسنجه‌های مهم در واردات مواد ژنتیکی توجه به همبستگی ژنتیکی بین جمعیت‌ها به عنوان شاخصی از وجود $G \times E$ است. پایین‌ترین همبستگی ژنتیکی بین کشورها برای صفات تولیدی ۰/۶۸، برای صفات باروری ۰/۴۷، برای صفات طول عمر ۰/۴۲ و برای صفات تیپ ۰/۴ گزارش شده است (Interbull, 2019). چندین مطالعه در کشورهای در حال توسعه نیز وجود $G \times E$ را تایید کرده‌اند که می‌تواند فایده واردات مواد ژنتیکی با شایستگی ژنتیکی بالا را کاهش دهد (Bohlouli and Alijani, 2012; Ramirez-valverde *et al.*, 2014; Montaldo *et al.*, 2015; Montaldo *et al.*, 2017).

در حال حاضر، بیش از ۵۰ درصد نرهای تلقیح مصنوعی، نرهای جوان تعیین ژنوتیپ شده بدون رکورد دختران هستند (CDN, 2019; Rexroad *et al.*, 2019). بنابراین بسیاری از نویسندگان برای کاهش خطر ناشی از قابلیت اعتماد پایین‌تر این نرها توصیه نموده‌اند که تعداد نرهای بیشتری برای تلقیح مصنوعی اما برای فاصله زمانی کوتاه‌تر استفاده شوند و دسترسی به اسپرم هر نر برای تولید و انتشار کاهش داده شود (Cassell, 2010; Party, 2011; Schefers and Weigel, 2012) و این موضوع در کشورهای وارد کننده مواد ژنتیکی نیز در نظر گرفته شود که رتبه‌بندی دام‌ها از نظر ارزش اصلاحی ژنومی نسبت به نرهای تایید شده دارای دقت کمتری است (Party, 2011).

در یک مطالعه، Okeno *et al.* (2010) دو سناریوی واردات پیوسته مواد ژنتیکی خارجی و استفاده از نرهای جوان آنها را در کشور کنیا با هم مقایسه کردند و نشان دادند افزایش صحت پیش‌بینی و شدت انتخاب در مسیر نرهای انتخابی در جمعیت مبدا منجر به پیشرفت ژنتیکی بیشتر نسبت به راهبردهای جمعیت محلی خواهد شد. پیشرفت ژنتیکی در

سهم بزرگی از پیشرفت ژنتیکی در صنعت گاو شیری به وسیله شایستگی نرهای استفاده شده به عنوان پدر در هر نسل تعیین می‌شود. بنابراین یکی از مهمترین اهداف در ارزیابی ژنتیکی ملی هر کشوری تعیین نرهایی است که در هر محیط خاص از نظر همه صفات اقتصادی به طور ثابتی برتر باشند (Haile-Mariam *et al.*, 2008). همزمان با پیشرفت فناوری‌های تولیدمثلی و ژنومی (Fleming *et al.*, 2018)، گسترش برنامه‌های اصلاح نژادی بر اساس برنامه انتخاب ژنومی منجر به پیشرفت ژنتیکی سالیانه از ۵۰ تا ۱۰۰ درصد برای صفات تولیدی و از سه تا چهار برابر برای صفات با وراثت‌پذیری پایین می‌شود (García-Ruiz *et al.*, 2016). نکته مهم آن است که بر خلاف روش‌های انتخاب سنتی، افزایش پیشرفت ژنتیکی به وسیله انتخاب ژنومی در درجه اول در اثر کاهش فاصله نسل است (Meuwissen *et al.*, 2013). در برنامه انتخاب ژنومی، یک دام نر اولین ارزیابی ژنتیکی قابل اعتماد را به محض اینکه تعیین ژنوتیپ شود، از ارتباط ژنتیکی با یک جمعیت مرجع بدست می‌آورد (Masuda *et al.*, 2018)، به طوری که فاصله نسل در مسیر پدر نرها از ۷ سال به ۲/۵ سال کاهش پیدا می‌کند (García-Ruiz *et al.*, 2016). ولی قابلیت اعتماد صحت پیش‌بینی آنها نسبت به اطلاعات اضافه شده از رکوردهای دختران آینده تغییرپذیری بیشتری دارد (Cassell, 2010; Schefers and Weigel, 2012; Boichard *et al.*, 2015).

به دلیل شرایط آب و هوایی، محدودیت‌های تغذیه‌ای و مدیریت ممکن است دختران این نرهای برتر پتانسیل ژنتیکی خود را بروز ندهند. این تفاوت نرها در قابلیت‌های ژنتیکی دختران آنها در محیط‌های مختلف می‌تواند ناشی از اثر متقابل ژنوتیپ و محیط ($G \times E$) باشد (Hammami *et al.*, 2009). از لحاظ نظری، $G \times E$ به عنوان همبستگی ژنتیکی بین شایستگی ژنتیکی یک حیوان در محیط‌های مختلف تعریف می‌شود (Falconer, 1952) و همبستگی ژنتیکی، همبستگی بین آثار جانشینی آللی جایگاه‌های کنترل‌کننده یک صفت کمی (QTLs) است (Falconer and

۰/۳ و ۰/۵ در نظر گرفته شد. کل دوره انتخاب در این جمعیت ۲۵ نسل بود و برنامه انتخاب ژنومی در طول هشت نسل اجرا شد. سپس از جمعیت OP برای تشکیل جمعیت محلی (LP) با سناریوهای انتخاب متفاوت و تولید نسل‌های بعد استفاده شد. به این ترتیب که جمعیت LP از ۱۰۰ نر و ۲۰۰۰ ماده از نسل هفتم جمعیت OP که در آن انتخاب فنوتیپی انجام می‌شود آغاز شده و سپس بر اساس سناریوهای مورد بررسی، ۱۰۰ نر وارداتی از جمعیت OP و یا LP به هر نسل از آن انتقال داده می‌شود. همچنین ماده‌ها نیز از نسل قبل‌تر جمعیت LP هستند. معیار انتخاب در جمعیت LP برای نرهای وارداتی دارا بودن بیشترین مقدار ارزش اصلاحی برنامه انتخابی اجرا شده در جمعیت مبدا و برای ماده‌های داخل جمعیت محلی، انتخاب تصادفی بود. در این مطالعه برای ساده‌تر شدن بررسی فرض شد که واردات دام نر تنها از یک جمعیت صورت می‌گیرد. همچنین فرض شد که جمعیت مبدا بزرگ و جمعیت محلی کوچک است.

ژنوم شبیه‌سازی شده شامل ۲۹ کروموزوم با طول ۲۴۹۶ سانتی‌مورگان برابر با طول ژنوم گاو بدون در نظر گرفتن کروموزوم جنسی بود (Bohmanova et al., 2010). ژنوتیپ‌ها برای ۵۰۰۰۰ نشانگر تک نوکلئوتیدی (SNP) دو آللی و ۱۰۰۰ QTL چند آللی (۲، ۳ و ۴ آللی) با فراوانی آللی برابر و مکان تصادفی متناسب با طول کروموزوم‌ها توزیع شدند. اثر QTLها با توزیع گاما و پارامتر شکل ۰/۴ نمونه‌گیری شد. میزان جهش برای SNPها و QTLها برابر $10^{-5} \times 1/5$ در هر سانتی‌مورگان بود و مدل جهش بازگشتی فقط برای نشانگرها در نظر گرفته شد. همچنین میزان نوترکیبی برابر ۲۵ سانتی‌مورگان فرض شد.

شبیه‌سازی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط: شبیه‌سازی $G \times E$ با استفاده از تغییر عملکرد نرهای وارداتی به جمعیت محلی انجام شد. به همین منظور، از گزینه برآورد ارزش اصلاحی با یک برنامه خارجی (external_bv) موجود در نرم‌افزار QMSim و کدنویسی در محیط R برای دستیابی به اطلاعات فنوتیپی و ژنوتیپی فایل موقت تولید شده به وسیله برنامه QMSim، استفاده شد تا بتوان ارزش‌های اصلاحی واقعی و فنوتیپی دختران نرهای وارداتی تغییر عملکرد یافته را ایجاد کرد. با استفاده از این برنامه، آثار جانشینی QTLها

جایگزینی پیوسته مواد ژنتیکی نسبت به استفاده از نتایج این نرها، ۱۰ درصد بیشتر است که با نتایج گزارش شده از Vargas and van Arendonk و Mpfu et al. (1993) (2004) به ترتیب برای کشور زیمبابوه و کاستاریکا مطابقت دارد. در مطالعه دیگر، Obšteter et al. (2019) نیز اشاره کردند جایگزینی با فاصله کوتاه‌تر دام نر در واحد زمان موجب افزایش پیشرفت ژنتیکی، ولی کاهش تنوع ژنتیکی خواهد شد. از طرفی در صورت وجود $G \times E$ ، کوتاه‌تر شدن فاصله نسل در برنامه اصلاحی موجب جلوگیری بیشتر از کاهش پیشرفت ژنتیکی خواهد شد (Mpfu et al., 1993; Mulder and Bijma, 2005).

هدف از این مطالعه نشان دادن اثر برنامه انتخاب ژنومی بر راهبردهای واردات مواد ژنتیکی از جمعیت مبدا به جمعیت محلی در صورت وجود $G \times E$ است. علاوه بر این، مقایسه ژنتیکی برنامه واردات مواد ژنتیکی در صورت وجود و عدم وجود $G \times E$ در فاصله‌های نسلی جایگزینی مختلف بر پیشرفت ژنتیکی جمعیت محلی مورد بررسی قرار می‌گیرد.

مواد و روش‌ها

شبیه‌سازی داده‌های ژنومی با استفاده از نرم‌افزار QMSim و بر اساس مدل تعادل جهش-رانس ژنتیکی انجام شد (Sargolzaei and Schenkel, 2009). در ابتدا برای ایجاد سطح عدم تعادل پیوستگی، ۸۰۰ نسل جمعیت تاریخی با ۱۵۰۰ راس تشکیل شد که به ۱۰۵۰۰ راس در نسل ۸۱۰ افزایش یافت. از آخرین نسل جمعیت تاریخی یک جمعیت اخیر به نام جمعیت مبدا (OP) با ۴۰۰ نر و ۸۰۰۰ ماده تشکیل و روش‌های انتخاب فنوتیپی، بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) و انتخاب ژنومی در آن اجرا شد. در برنامه انتخاب ژنومی، انتخاب بر اساس صحت از پیش تعیین شده برابر ۰/۸ (معادل تقریبی قابلیت اعتماد انتخاب ژنومی برابر با ۰/۷) صورت گرفت (Dehnavi et al., 2018). نوع سیستم آمیزشی به صورت تصادفی بود. شانس آمیزش برای هر دو جنس برابر فرض شد. درصد جایگزینی برای نرها ۵۰ درصد و برای ماده‌ها ۳۰ درصد منظور شد. واریانس فنوتیپی جمعیت‌ها برابر یک و سه سطح وراثت‌پذیری مستقل ۰/۱،

1. Best linear unbiased prediction

محلی در تلاقی تصادفی تمامی ماده‌های جمعیت محلی استفاده می‌شود.

در شبیه‌سازی G×E، عملکرد دختران نرهای مشترک در دو جمعیت با فرض بیان ژنتیکی متفاوت صفات در دو محیط در نظر گرفته شد. سه سطح وراثت‌پذیری در دو سطح G×E و حالت شاهد بررسی شد. در صورت فقدان G×E (شاهد) فرض شد میانگین ژنتیکی دختران نرهای مشترک در دو جمعیت برابر است، ولی در مطالعه سطوح G×E، میانگین ژنتیکی دو جمعیت با توجه به شدت G×E یکسان نبود. شبیه‌سازی با سیستم عامل Windows 2016 64-bit (64GB RAM, 2xIntel Xeon CPU E5-2620, 12Cores -) 2.0GHz -24Threads انجام شد. هر سناریو برای ۱۰ بار تکرار شد و از میانگین آن برای مقایسه استفاده شد. پیشرفت ژنتیکی (ΔG) از تفاوت ارزش اصلاحی واقعی نسل اول و آخر در برنامه انتخاب ژنومی محاسبه شد. همچنین درصد کاهش پیشرفت ژنتیکی (ΔG_{loss}) در هر سناریوی انتخاب ($\Delta G_{selected}$) نسبت به سناریوی پایه (ΔG_{base}) آن، با استفاده از معادله زیر ارزیابی شد:

$$\Delta G_{loss} = \left(\frac{\Delta G_{base} - \Delta G_{selected}}{\Delta G_{base}} \right) \times 100$$

نتایج و بحث

جایگزینی پیوسته مواد ژنومی: شکل ۱، میانگین تغییرات ژنتیکی دو جمعیت LP و OP را در سناریوی شاهد و سطوح مختلف وراثت‌پذیری نشان می‌دهد. در صورت عدم وجود G×E (شاهد)، واردات مواد ژنتیکی در جمعیت محلی منجر به افزایش میانگین سطح ژنتیکی شده است. هر چه میزان همبستگی ژنتیکی بین جمعیت‌ها بیشتر باشد راهبردهای مبتنی بر واردات از راهبردهای انتخاب در جمعیت محلی بهتر خواهد بود (Mpopfu et al., 1993; Vargas and van Arendonk, 2004; Okeno et al., 2010).

در مطالعه Smith and Banos (1991) نیز گزارش شد انتخاب نرها از بین جمعیت‌هایی با میانگین ژنتیکی یکسان یا بیشتر از جمعیت محلی، سطح پیشرفت ژنتیکی بالاتری را ایجاد خواهد کرد. همچنین آنها تاکید کردند جمعیت‌های کوچک منفعت بیشتری از انتخاب نسبت به جمعیت‌های بزرگ خواهند برد.

بر اساس مطالعه Yin et al. (2014) تغییر داده شد. با این تفاوت که در مطالعه آنها، عملکرد دختران در نسل آخر برای در نظر گرفتن G×E شبیه‌سازی شدند، ولی در این بررسی، تغییر عملکرد نرهای وارداتی به جمعیت محلی و در نتیجه دختران آنها برای بررسی G×E طی چند نسل با برنامه QMSim انجام شد. آثار جانشینی QTLها در نرهای وارداتی مشترک بین دو جمعیت بر اساس سطوح مختلف هم‌پوشانی در سه سطح ۱۰۰ درصد (شاهد)، ۷۵ درصد (متوسط) و ۵۰ درصد (کم) در جمعیت محلی تغییر داده شدند که به ترتیب بیانگر سه وضعیت عدم وجود G×E، وجود G×E متوسط و وجود G×E شدید است. سپس ارزش‌های اصلاحی واقعی مجدداً از جمع آثار جانشینی آلل‌ها محاسبه شد و فنوتیپ‌ها نیز با اضافه کردن اثر باقیمانده نمونه‌گیری شده از توزیع نرمال به مجموع آثار جانشینی QTLها بر اساس وراثت‌پذیری‌های تعریف شده مجدداً تولید شدند.

سناریوهای شبیه‌سازی شده: هدف بررسی، تعیین بازدهی سناریوهای واردات مواد ژنتیکی از نظر ارزش اصلاحی واقعی و پیشرفت ژنتیکی دختران در جمعیت محلی طی نسل‌های مورد بررسی بود. سه راهبرد جایگزینی پیوسته (CR) و جایگزینی متناوب با فاصله یک نسل (DR-1) و دو نسل (DR-2) مواد ژنتیکی شبیه‌سازی شد.

جایگزینی پیوسته (CR): در این راهبرد، فرض شد که واردات مواد ژنتیکی با صحت پیش‌بینی بالا به طور پیوسته در همه نسل‌ها از جمعیت مبدا صورت می‌گیرد. هیچ برنامه اصلاحی در جمعیت محلی اجرا نمی‌شود. علاوه بر این فرض شد که تمامی ماده‌های جمعیت به طور تصادفی با نرهای وارداتی تلاقی داده می‌شوند.

جایگزینی متناوب- فاصله یک نسل (DR-1): در این راهبرد، واردات مواد ژنتیکی از جمعیت مبدا به طور متناوب و به فاصله یک نسل در جمعیت محلی توزیع می‌شود و در مابقی نسل‌ها از نتاج این دام‌های وارداتی در تلاقی تصادفی تمامی ماده‌های جمعیت محلی استفاده می‌شود.

جایگزینی متناوب- فاصله دو نسل (DR-2): در این راهبرد، واردات مواد ژنتیکی از جمعیت مبدا به فاصله دو نسل انجام می‌گیرد و در مابقی نسل‌ها از نرهای موجود در جمعیت

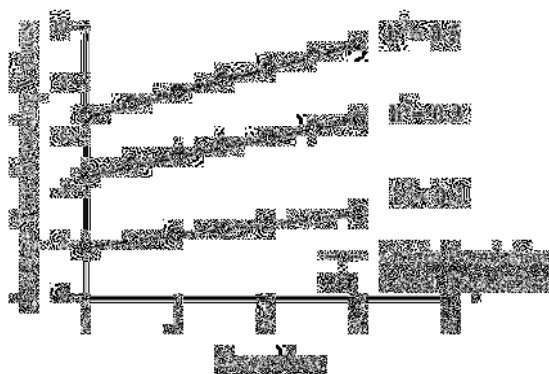


Fig. 1. Average true breeding values of origin and local populations in control scenario at different heritabilities

شکل ۱- میانگین ارزش اصلاحی واقعی جمعیت‌های مبدا و محلی در وراثت‌پذیری‌های مختلف در سناریوی شاهد

برنامه‌های اصلاحی با گذشت زمان می‌شود (Smith and Mulder and Bijma (2006). در مطالعه‌ای، (Banos, 1991) نیز اشاره کرده‌اند که در صورت وجود $G \times E$ ممکن است جمعیت‌ها از لحاظ میانگین ژنتیکی واگرا شوند که منجر به لزوم اعمال برنامه اصلاحی جداگانه می‌شود. شکل ۲ سطوح مختلف وراثت‌پذیری و $G \times E$ شبیه‌سازی شده در جایگزینی‌های متفاوت مواد ژنتیکی را نشان می‌دهد. با افزایش سطح وراثت‌پذیری، میزان کاهش در پیشرفت ژنتیکی به دلیل وجود $G \times E$ افزایش یافت که با نتایج Mulder and Bijma (2005) مطابقت دارد. اگرچه روند ژنتیکی در جمعیت محلی طی نسل‌ها برای همه سطوح وراثت‌پذیری افزایشی است، ولی به دلیل سطح $G \times E$ ، افزایشی در اندازه جمعیت مبدا (شکل ۱) رخ نخواهد داد و این روند کاهش خواهد یافت. در مطالعه دیگر، Nilforooshan and Edriss (2007) در مقایسه دختران نرهای جمعیت خارجی با جمعیت ایران نشان دادند که دختران نرهای خارجی بیشترین عملکرد را در صفات تولیدی نسبت به دختران جمعیت محلی داشتند. آنها همچنین نتیجه گرفتند که دلیل وجود $G \times E$ بین جمعیت‌ها، انتخاب نرها به طور مستقیم و بر اساس ارزیابی ژنتیکی خارجی ممکن است منجر به پاسخ بهینه برای صفات مورد نظر نشود. در ارزیابی مواد ژنتیکی خارجی استفاده شده در کشور مکزیک نیز مشخص شد که بسیاری از منابع ژنتیکی وارداتی دارای قابلیت انتقال پیش‌بینی شده منفی نه فقط در کشور مبدا، بلکه همچنین در کشور مکزیک هستند و نباید

نکته دیگری که در شکل ۱ نشان داده شده است تغییر پاسخ ژنتیکی برای وراثت‌پذیری‌های مختلف است. یکی از عوامل موثر در فایده انتخاب بین جمعیتی، وراثت‌پذیری صفت است زیرا این عامل میزان پاسخ به انتخاب را در جمعیت محلی تحت تاثیر قرار می‌دهد. Smith and Banos (1991) نتیجه‌گیری کردند که اگر میانگین ژنتیکی دو جمعیت یکسان باشد فایده انتخاب از جمعیت‌های دیگر برای هر سطح وراثت‌پذیری مشابه خواهد بود که با نتایج این مطالعه مطابقت دارد. $G \times E$ به وسیله تغییر هم‌پوشانی QTLها در نرهای مشترک در جمعیت مبدا و محلی و ایجاد دو سطح همبستگی ژنتیکی بین صفات مشابه در دو جمعیت ارزیابی شد. همبستگی ژنتیکی در بین تکرارها، با هم‌پوشانی ۷۵ و ۵۰ درصد QTLها به ترتیب ۰/۷ و ۰/۵ بود. با کاهش همبستگی ژنتیکی، میانگین ارزش اصلاحی واقعی دختران در جمعیت محلی کاهش می‌یابد و فاصله ژنتیکی دو جمعیت LP و OP با گذشت زمان به دلیل تفاوت در میزان پیشرفت ژنتیکی افزایش خواهد یافت. بیشترین تفاوت بین دو جمعیت در بالاترین سطح $G \times E$ شبیه‌سازی شده ($r_g = 0/5$) مشاهده شد. راهبردهای مبتنی بر واردات پیوسته مواد ژنتیکی در کشورهای کاستاریکا و کنیا هنگامی تایید شد که $G \times E$ متوسط ($r_g > 0/7$) باشد (Vargas and van Arendonk, 2004; Okeno et al., 2010). میزان قابل توجه $G \times E$ بین محیط‌ها می‌تواند به انتخاب نرها در طولانی مدت آسیب برساند چون جمعیت‌ها در محیط‌های مختلف تمایل به پراکنده شدن دارند که منجر به جداسازی

میزان پیشرفت ژنتیکی در راهبردهای مبتنی بر واردات به میزان واردات، تفاوت اولیه در میانگین ژنتیکی بین جمعیت مبدا و محلی و وجود $G \times E$ بستگی دارد. اگر همبستگی ژنتیکی بین صفات در دو جمعیت به دلیل وجود $G \times E$ کمتر از یک باشد، به تدریج ارزش انتخاب از جمعیت وارد کننده کاهش می‌یابد.

به عنوان گزینه واردات در نظر گرفته شوند، ولی با این وجود روند ژنتیکی در مکزیک رو به افزایش بود. این محققان نتیجه گرفتند حتی با وجود عدم انتخاب بهترین منابع ژنتیکی وارداتی، مقداری از پیشرفت ژنتیکی کشور وارد کننده به جمعیت محلی منتقل خواهد شد (Ramirez-Valverde *et al.*, 2014).

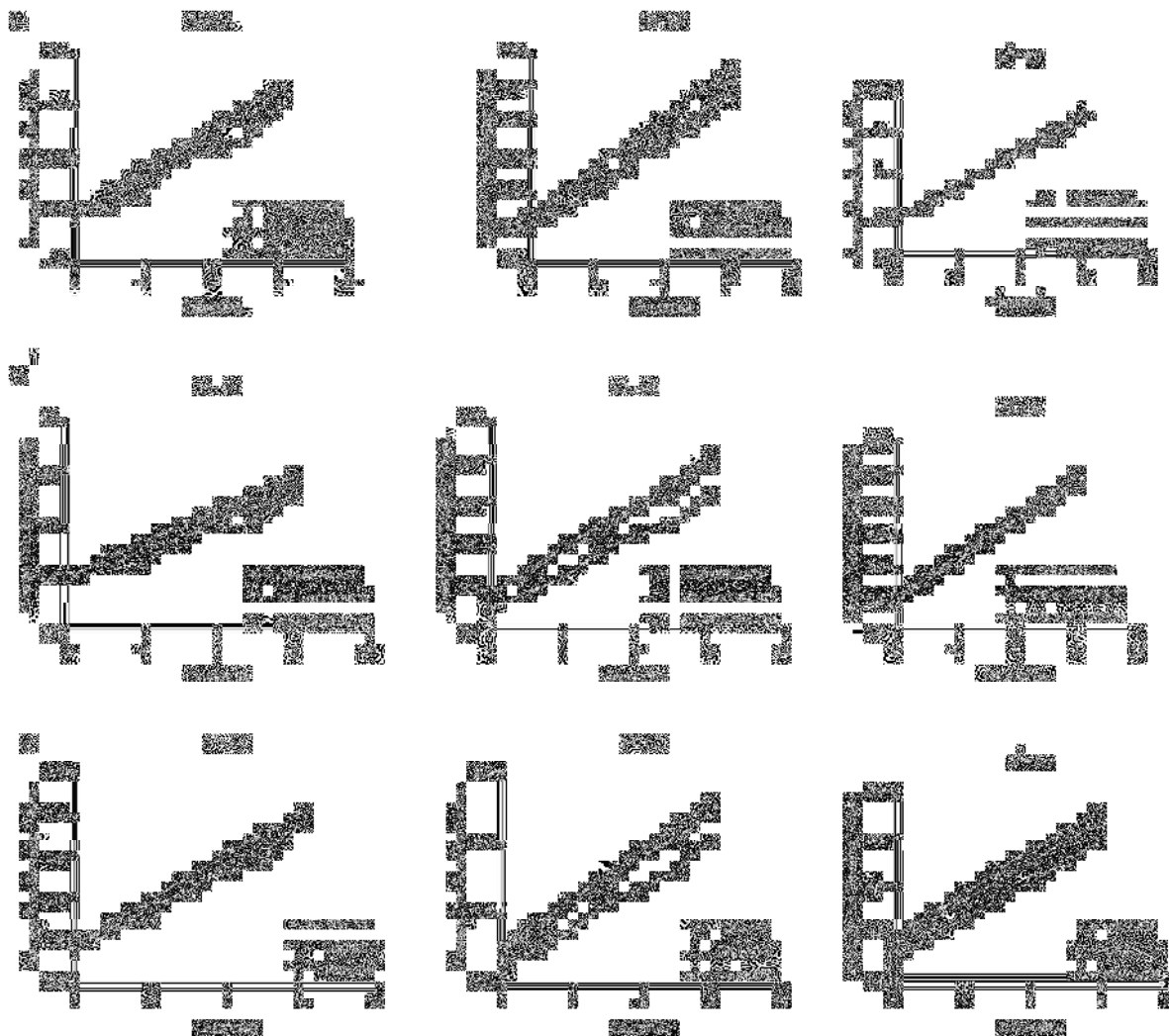


Fig. 2. Trends for average true breeding values in daughters per common sires at different heritabilities in control (a), moderate (b) and low (c) levels of overlapping QTLs in continuous (CR) and discontinuous (DR) genetic material replacing. DR-1: Discontinuous replacing with one-generation interval; DR-2: Discontinuous replacing with two-generation interval

شکل ۲- روند میانگین ارزش اصلاحی واقعی دختران نرهای مشترک در وراثت‌پذیری‌های مختلف و هم‌پوشانی QTLها در سطوح شاهد (a)، متوسط (b) و کم (c) در جایگزینی پیوسته (CR) و متناوب (DR) مواد ژنتیکی. DR-1: جایگزینی متناوب با یک فاصله نسل و DR-2: جایگزینی متناوب با دو فاصله نسل

نداشت. بیشترین پیشرفت ژنتیکی در فاصله نسل کوتاه تر و برای صفات با وراثت پذیری بالاتر مشاهده می شود. بنابراین لازم است برای صفات با وراثت پذیری پایین و متوسط این نکته را در نظر گرفت که فاصله نسل طولانی می تواند پیشرفت ژنتیکی این صفات را حتی در صورت عدم وجود $G \times E$ کاهش دهد. در مطالعه ای، (Okeno *et al.*, 2010) در مقایسه استراتژی های اصلاح نژادی مختلف در کشور کنیا از نظر پیشرفت ژنتیکی با فرض عدم وجود $G \times E$ ($r_g = 1$) بیان کردند که استفاده از دو سناریوی واردات پیوسته مواد ژنتیکی و استفاده از نتاج جوان نرهای وارداتی (DR-1) منجر به افزایش به ترتیب ۳۵/۱ و ۲۵ درصدی در پاسخ به انتخاب نسبت به سناریوهایی مبتنی بر جمعیت محلی خواهد شد.

با کاهش هم پوشانی QTL ها و افزایش میزان $G \times E$ بین صفات در دختران نرهای مشترک و همچنین افزایش فاصله جایگزینی مواد ژنتیکی در سطوح وراثت پذیری، پاسخ به انتخاب کاهش یافت. در صورت وجود $G \times E$ متوسط ($r_g = 0.7$) و برای وراثت پذیری ۰/۱ با یک نسل فاصله، ۸/۲ درصد و برای دو نسل فاصله، ۱۵/۵ درصد کاهش در پاسخ به انتخاب نسبت به سناریوی CR رخ داد. این میزان برای وراثت پذیری ۰/۳ به ترتیب ۶/۳ و ۱۲/۶ درصد و برای وراثت پذیری ۰/۵ به ترتیب ۴/۶ و ۳/۶ درصد کاهش بود. در صورت وجود $G \times E$ شدید ($r_g = 0.5$) و وراثت پذیری ۰/۱ کاهش در

هنگامی که میانگین تفاوت ژنتیکی اولیه بین جمعیت ها بالا و همبستگی ژنتیکی پایین است، همبستگی ژنتیکی بین جمعیت ها باید اهمیت بیشتری نسبت به تفاوت ژنتیکی اولیه بین جمعیت ها در زمان انتخاب جمعیت وارد کننده داشته باشد (Mpfu *et al.*, 1993).

جایگزینی متناوب مواد ژنومی: پیشرفت ژنتیکی دختران نرهای مشترک جمعیت محلی در سناریوهای شبیه سازی شده در جدول ۱ ارائه شده است. در تمام سناریوها، بیشترین پیشرفت ژنتیکی در سناریوی پیوسته مواد ژنتیکی (CR) مشاهده شد و به همین دلیل، کاهش میزان پاسخ در سناریوهای جایگزینی متناوب (DR) نسبت به این سناریو مورد ارزیابی قرار گرفت. در صورت فقدان $G \times E$ (شاهد) و در سطح وراثت پذیری ۰/۱، با افزایش فاصله نسل در نرهای وارداتی، پیشرفت ژنتیکی در سناریوی جایگزینی متناوب با فاصله یک نسل (DR-1) و جایگزینی متناوب با فاصله دو نسل (DR-2) نسبت به CR به ترتیب ۸ و ۱۵ درصد کاهش داشت. با افزایش وراثت پذیری صفت این روند کاهش یافته، به طوری که در وراثت پذیری ۰/۳، این کاهش در پیشرفت ژنتیکی به ترتیب ۴ و ۱۱ درصد و در وراثت-پذیری ۰/۵ به ترتیب ۱/۶ و ۴ درصد بود. همان طوری که در شکل ۲ نشان داده شده است در وراثت پذیری ۰/۵ عملکرد دختران گاوهای نر وارداتی در صورت فقدان $G \times E$ ، تفاوت قابل ملاحظه ای با عملکرد دختران نرهای جمعیت محلی

جدول ۱- پیشرفت ژنتیکی و ضریب رگرسیون میانگین ارزش اصلاحی واقعی به نسل (داخل پرانتز) در سطوح هم پوشانی QTL ها و وراثت پذیری های مختلف

Table 1. Genetic gain (ΔG) and regression coefficient of true breeding values on generation (in parenthesis) based on QTLs overlapping levels and different heritabilities

Scenarios	Heritability	Genetic gain (ΔG)		
		QTLs overlapping levels		
		Control (No $G \times E$)	Moderate (Moderate $G \times E$)	Low (Severe $G \times E$)
Continuous replacing	0.1	1.25(0.2083)	0.97(0.1601)	0.64(0.1061)
Discontinuous replacing-1		1.15(0.1922)	0.89(0.1460)	0.58(0.0973)
Discontinuous replacing-2		1.05(0.1694)	0.82(0.1324)	0.55(0.0891)
Continuous replacing	0.3	2.08(0.3479)	1.59(0.2628)	1.03(0.1728)
Discontinuous replacing-1		2.00(0.3345)	1.49(0.2465)	0.98(0.1638)
Discontinuous replacing-2		1.85(0.3021)	1.39(0.2262)	0.90(0.1479)
Continuous replacing	0.5	2.56(0.4303)	1.96(0.3289)	1.32(0.2225)
Discontinuous replacing-1		2.52(0.4249)	1.87(0.3081)	1.25(0.2061)
Discontinuous replacing-2		2.47(0.4088)	1.89(0.3112)	1.30(0.2165)

DR-1: Discontinuous replacing with one-generation interval; DR-2: Discontinuous replacing with two-generation interval

میزان کاهش در پیشرفت ژنتیکی در دو سطح صحت پیش‌بینی در سطوح هم‌پوشانی QTLها نسبت به سناریوی شاهد مورد ارزیابی قرار گرفت. این مقایسه نشان داد که کاهش صحت پیش‌بینی انتخاب، $G \times E$ را تشدید می‌کند، به طوری که در صحت پیش‌بینی $0/6$ ، پیشرفت ژنتیکی به طور متوسط $2/5$ درصد پایین‌تر نسبت به صحت $0/8$ در همبستگی‌های ژنتیکی کمتر از یک بوده است. در مطالعه (Mulder and Bijma, 2005) نیز گزارش شد که صحت پیش‌بینی مهمترین منبع کاهش پیشرفت ژنتیکی به دلیل $G \times E$ است. با توجه به نتایج جدول ۲، در بررسی اثر فاصله جایگزینی می‌توان اشاره کرد که واردات مواد ژنتیکی با صحت پیش‌بینی $0/6$ در سناریوی CR می‌تواند موجب کاهش پیشرفت ژنتیکی به میزان ۹ درصد نسبت به سناریوی جایگزینی متناوب با فاصله دو نسل (DR-2)، ولی در صحت $0/8$ شود. این میزان برای سناریوهای DR-1 و DR-2 در صحت $0/6$ به ترتیب ۱۹ و ۲۲ درصد بود. علاوه بر این، واردات مواد ژنتیکی با صحت $0/8$ و در صورت $G \times E$ متوسط ($r_g = 0/7$) در سناریوهای CR، DR-1 و DR-2 در جمعیت محلی پاسخ به انتخاب بیشتری نسبت به سناریوی CR و DR-1 مواد ژنتیکی با صحت $0/6$ حتی در فقدان $G \times E$ (شاهد) ایجاد کرد. این امر در $G \times E$ شدید ($r_g = 0/5$) و با صحت $0/8$ صادق نیست. به همین دلیل Clark et al. (2014) نیز اشاره داشته‌اند که با افزایش صحت پیش‌بینی در جمعیت محلی با استفاده از برنامه انتخاب ژنومی می‌توان اثر متقابل ژنوتیپ و محیط را مدیریت کرد.

بررسی‌ها نشان می‌دهد هنگامی که $G \times E$ وجود دارد، تبادل اطلاعات ژنومی در کنار مواد ژنتیکی در ارزیابی‌های جمعیت محلی منجر به افزایش صحت پیش‌بینی در صفات مختلف ولی با در نظر گرفتن $G \times E$ در مدل ارزیابی ژنتیکی شده است (Zhou et al., 2013; Li et al., 2016). کمترین میزان پاسخ به انتخاب در سناریوی DR-2 و صحت $0/6$ و در صورت وجود $G \times E$ شدید ($r_g = 0/5$) بدست آمد.

پیشرفت ژنتیکی با فاصله یک نسل به میزان $9/4$ درصد و با فاصله دو نسل برابر $14/1$ درصد نسبت به سناریوی CR بود. این میزان برای وراثت‌پذیری $0/3$ به ترتیب $8/4$ و $12/6$ درصد و برای وراثت‌پذیری $0/5$ ، به ترتیب $5/6$ و $1/5$ درصد بود. به طور کلی، در جایگزینی با فاصله یک نسل، بیشترین کاهش در پیشرفت ژنتیکی مربوط به صفت با وراثت‌پذیری $0/1$ و همبستگی ژنتیکی $0/5$ بود. همان‌طوری که ملاحظه می‌شود در سطوح متفاوت $G \times E$ و وراثت‌پذیری $0/5$ ، عکس روند کاهشی با فاصله جایگزینی مشاهده شد، به طوری که افزایش تناوب جایگزینی (DR-2) نرهای خارجی منجر به کاهش کمتر پیشرفت ژنتیکی نسبت به DR-1 شد. شاید بتوان بیان کرد با افزایش فاصله جایگزینی مواد ژنتیکی جمعیت مبدا هنگامی که مقدار قابل توجه $G \times E$ بین دو جمعیت وجود دارد، انتخاب مواد ژنتیکی از جمعیت محلی بر راهبردهای وارداتی برتری خواهد داشت. Vargas and van Arendonk (2004) اشاره می‌کنند که در صورت وجود $G \times E$ متوسط ($r_g = 0/75$)، پیشرفت ژنتیکی حاصل از برنامه‌های اصلاح نژادی در جمعیت محلی با راهبرد واردات مواد ژنتیکی برابر خواهد بود، ولی در صورت وجود $G \times E$ شدید ($r_g = 0/5$)، راهبردهای اصلاح نژادی مبتنی بر جمعیت محلی برتری خواهد داشت. علاوه بر این با افزایش فاصله نسل در واردات گاو نر، میانگین انحراف معیار ارزش اصلاحی حقیقی دختران افزایش پیدا کرد. همچنین Nilforooshan and Edriss (2007) بیان کردند دختران نرهای محلی واریانس ژنتیکی بیشتری نسبت به دختران نرهای جمعیت مبدا دارند. به دلیل $G \times E$ ، صحت انتخاب در جمعیت محلی کاهش می‌یابد و در نتیجه منجر به افزایش واریانس ژنتیکی خواهد شد (Mulder and Bijma, 2005).

صحت پیش‌بینی و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط: جدول ۲ سطوح هم‌پوشانی متفاوت QTLها و فاصله‌های جایگزینی پیوسته و متناوب را از نظر پیشرفت ژنتیکی در دو سطح صحت پیش‌بینی مقایسه می‌کند. در سناریوی شاهد و فقدان $G \times E$ ، انتخاب نرها با صحت پیش‌بینی کمتر منجر به کاهش پیشرفت ژنتیکی در جمعیت وارد کننده شد. با کاهش صحت پیش‌بینی به میزان ۲۵ درصد در دام نر وارداتی، پیشرفت ژنتیکی به میزان ۲۴ درصد کاهش یافت.

جدول ۲- مقایسه پیشرفت ژنتیکی و ضریب رگرسیون ارزش اصلاحی واقعی به نسل (داخل پرانتز) در سطوح هم‌پوشانی متفاوت QTLها در دو سطح صحت

Table 2. Genetic gain (ΔG) and regression coefficient of true breeding values on generation (in parenthesis) at different QTLs overlapping levels in two levels for accuracy

Accuracy of predictions	Genetic Gain (ΔG)					
	0.6			0.8		
QTLs overlapping levels	Control	Moderate	Low	Control	Moderate	Low
Continuous Replacing	0.95 (0.1589)	0.72 (0.1207)	0.47 (0.0776)	1.25 (0.2083)	0.97 (0.1601)	0.64 (0.1061)
Discontinuous Replacing-1	0.89 (0.1485)	0.68 (0.1132)	0.46 (0.0765)	1.15 (0.1922)	0.89 (0.1460)	0.58 (0.0973)
Discontinuous Replacing-2	0.86 (0.1420)	0.64 (0.1046)	0.42 (0.0675)	1.05 (0.1694)	0.82 (0.1324)	0.55 (0.0891)

DR-1: Discontinuous replacing with one-generation interval; DR-2: Discontinuous replacing with two-generation interval

گرفته شد که انتخاب مواد ژنتیکی از جمعیت محلی بر راهبردهای جمعیت مبدا برتری خواهند داشت. با افزایش سطح وراثت‌پذیری صحت پیش‌بینی دام نر در جمعیت محلی افزایش پیدا می‌کند و این امر می‌تواند تا حدی کاهش بازدهی ناشی از $G \times E$ را جبران کند. در مقایسه دو سطح صحت پیش‌بینی نیز مشخص شد که کاهش صحت پیش‌بینی مواد ژنتیکی وارداتی اثر منفی $G \times E$ را تشدید خواهد کرد. کشورهایی که فاقد برنامه اصلاحی مدون هستند برای اینکه بلافاصله از پیشرفت ژنتیکی بهره‌مند شوند به طور مستقیم به معیارهای ارزیابی خارجی دام نر وارداتی توجه می‌کنند که نتایج این بررسی نشان می‌دهد در مورد صفاتی که تحت تاثیر $G \times E$ قابل توجه هستند، خطرناک است. برای چنین جمعیت‌هایی انتخاب بر اساس اطلاعات خارجی تنها یک راه حل کوتاه‌مدت برای اجتناب از گسترش فاصله ایجاد شده بین این جمعیت‌ها است. از طرفی پیشرفت ژنتیکی بیشتر همیشه به معنای سود اضافی از آن سیستم نیست. بنابراین طراحی یک برنامه انتخاب متناسب با شرایط اقتصادی کشور وارد کننده برای رسیدن به پیشرفت ژنتیکی پایدار مورد نیاز است.

نتیجه‌گیری کلی

به طور کلی ارزش واقعی یک برنامه اصلاحی توانایی آن برای پرورش ژنوتیپ ایده‌آل است. در سطح ژنتیکی، پرورش بهترین ژنوتیپ با چالش‌های مختلفی روبرو است. یکی از این چالش‌ها حداقل کردن اثر پاسخ‌های وابسته غیرمطلوب بر پیشرفت ژنتیکی صفات است. در مطالعه حاضر، فرض شد $G \times E$ موجب می‌شود آثار جانشینی آلی QTLها در صفات مشابه بین دو جمعیت، یکسان نباشند و این امر همبستگی ژنتیکی بین این صفات مشترک و در نتیجه آن، پیشرفت ژنتیکی جمعیت را در طول زمان کاهش خواهد داد. با افزایش $G \times E$ میزان کاهش در پیشرفت ژنتیکی برای صفات با وراثت‌پذیری بالا، بیشتر بود. ولی فقدان $G \times E$ موجب پیشرفت ژنتیکی مشابه برای همه سطوح وراثت‌پذیری شد. علاوه بر این، در این مطالعه نشان داده شد که از واردات پیوسته مواد ژنتیکی پیشرفت بیشتری بخصوص برای صفاتی که دارای وراثت‌پذیری پایین هستند، حاصل می‌شود. در مقابل با افزایش فاصله جایگزینی حتی در فقدان $G \times E$ پاسخ ژنتیکی برای صفات با وراثت‌پذیری پایین کاهش خواهد یافت. با افزایش قابل توجه اثر $G \times E$ ($r_g = 0.5$) و افزایش فاصله جایگزینی در مورد صفات با وراثت‌پذیری بالاتر، نتیجه

فهرست منابع

- Bohlouli M. and Alijani S. 2012. Genotype by environment interaction for milk production traits in Iranian Holstein dairy cattle using random regression model. *Livestock Research for Rural Development*, 24: 1-7.
- Bohmanova J., Sargolzaei M. and Schenkel F. S. 2010. Characteristics of linkage disequilibrium in North American Holsteins. *BMC Genomics*, 11: 421.

- Boichard D., Ducrocq V. and Fritz S. 2015. Sustainable dairy cattle selection in the genomic era. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 132: 135-143.
- Canadian Dairy Network. 2019. Trend in Genomic Versus Proven Sire Usage. Retrieved April 4, 2019, from <https://www.cdn.ca/document.php?id=454>.
- Cassell B. 2010. Genetic improvement using young sires with genomic evaluations. Virginia Polytechnic Institute and State University, Retrieved April 21, 2010, from https://pubs.ext.vt.edu/404/404-090/404-090_pdf_
- Clark S., Brown D. and van der Werf J. H. J. 2014. The effect of using genomic breeding values to manage the loss in response to selection caused by genotype by environment interactions. In: *Proceedings of the 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Pp. 1-4.
- Dehnavi E., Mahyari S. A., Schenkel F. S. and Sargolzaei M. 2018. The effect of using cow genomic information on accuracy and bias of genomic breeding values in a simulated Holstein dairy cattle population. *Journal of Dairy Science*, 101: 5166-5176.
- Falconer D. 1952. The problem of environment and selection. *The American Naturalist*, 86: 293-298.
- Falconer D. and Mackay T. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. (3rd ed.). United Kingdom: Longman, Pp. 125-146.
- Fleming A., Abdalla E. A., Maltecca C. and Baes C. F. 2018. Invited review: Reproductive and genomic technologies to optimize breeding strategies for genetic progress in dairy cattle. *Archives Animal Breeding*, 61: 43-57.
- García-Ruiz A., Cole J. B., VanRaden P. M., Wiggans G. R., Ruiz-López F. J. and Tassell C. P. V. 2016. Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(28): E3995-4004.
- Haile-Mariam M., Carrick M. J. and Goddard M. E. 2008. Genotype by environment interaction for fertility, survival, and milk production traits in Australian dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 91: 4840-4853.
- Hammami H., Rekik B., Soyeurt H., Bastin C., Bay E., Stoll J. and Gengler N. 2009. Accessing genotype by environment interaction using within- and across-country test-day random regression sire models. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126: 366-377.
- International Bull Evaluation Service. 2019. Interbull Routine Genetic Evaluation for Production Traits. Retrieved April, 2019, from https://interbull.org/ib/maceev_archive_
- Komisarek J. and Kolenda M. 2016. The effect of DGAT1 polymorphism on milk production traits in dairy cows depending on environmental temperature. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 40: 251-254.
- Li X., Buitenhuis A. J., Lund M. S., Li C., Sun D., Zhang Q., Poulsen N. A. and Su G. 2015. Joint genome-wide association study for milk fatty acid traits in Chinese and Danish Holstein populations. *Journal of Dairy Science*, 98: 8152-8163.
- Li X., Lund M. S., Zhang Q., Costa C. N., Ducrocq V. and Su G. 2016. Short communication: Improving accuracy of predicting breeding values in Brazilian Holstein population by adding data from Nordic and French Holstein populations. *Journal of Dairy Science*, 99: 4574-4579.
- Lillehammer M., Hayes B. J., Meuwissen T. H. E. and Goddard M. E. 2009. Gene by environment interactions for production traits in Australian dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 92: 4008-4017.
- Liu A., Wang Y., Sahana G., Zhang Q., Liu L., Lund M. S. and Su G. 2017. Genome-wide Association studies for female fertility traits in Chinese and Nordic Holsteins. *Scientific Reports*, 7: 1-12.
- Masuda Y., VanRaden P. M., Misztal I. and Lawlor T. J. 2018. Differing genetic trend estimates from traditional and genomic evaluations of genotyped animals as evidence of preselection bias in US Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 101: 5194-5206.
- Meuwissen T., Hayes B. and Goddard M. 2013. Accelerating improvement of livestock with genomic selection. *Annual Review of Animal Biosciences*, 1: 221-237.
- Montaldo H. H., Pelcastre-Cruz A., Castillo-Juárez H., Ruiz-López F. J. and Miglior F. 2017. Genotype × environment interaction for fertility and milk yield traits in Canadian, Mexican and US Holstein cattle. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 15: e0402.
- Montaldo H. H., Castillo-Juárez H., Lizana C., Trejo C., Cienfuegos-Rivas E. G. and Pelcastre-Cruz A. 2015. Genotype-environment interaction between Chile and North America and between Chilean herd environmental categories for milk yield traits in black and white cattle. *Animal Science Papers and Reports*, 33: 23-33.
- Mpofu N., Smith C. and Burnside E. B. 1993. Breeding strategies for genetic improvement of dairy cattle in Zimbabwe. 1. Genetic evaluation. *Journal of Dairy Science*, 76: 1163-1172.
- Mulder H. A. and Bijma P. 2005. Effects of genotype x environment interaction on genetic gain in breeding programs. *Journal of Animal Science*, 83: 49-61.

- Mulder H. A. and Bijma P. 2006. Benefits of cooperation between breeding programs in the presence of genotype by environment interaction. *Journal of Dairy Science*, 89: 1727-1739.
- Nilforooshan M. and Edriss M. A. 2007. Comparison of Holstein bull semen sources on milk traits in Isfahan province in Iran. *Archiv fur Tierzucht*, 50: 71-83.
- Obšteter J., Jenko J., Hickey J. M. and Gorjanc G. 2019. Efficient use of genomic information for sustainable genetic improvement in small cattle populations. *Journal of Dairy Science*, 102: 9971-9982.
- Okeno T. O., Kosgey I. S. and Kahi A. K. 2010. Genetic evaluation of breeding strategies for improvement of dairy cattle in Kenya. *Tropical Animal Health and Production*, 42: 1073-1079.
- Patry C. 2011. Impacts of genomic selection on classical genetic evaluations. Ph.D dissertation, AgroParisTech University, Paris.
- Ramirez-valverde R., Núñez-Domínguez R., Palacios A. and Jiménez-Carrasco J. 2014. Characterization of dairy cattle germplasm used in Mexico with national genetic evaluations in importing and exporting countries. *Livestock Science*, 167: 51-57.
- Rexroad C., Vallet J., Matukumalli L. K., Reecy J., Bickhart D., Blackburn H., Boggess M., Cheng H., Clutter A., Cockett N., Ernst C., Fulton J. E., Liu J., Lunney J., Neibergs H., Purcell C., Smith T. P. L., Sonstegard T., Taylor J., Telugu B., Etennaam A. V., Tassell C. P. V. and Wells K. 2019. Genome to phenome: Improving animal health, production, and well-being - A new USDA blueprint for animal genome research 2018-2027. *Frontiers in Genetics*, 10: 1-29.
- Sargolzaei M. and Schenkel F. S. 2009. QMSim: A large-scale genome simulator for livestock. *Bioinformatics*, 25: 680-681.
- Scheffers J. M. and Weigel K. A. 2012. Genomic selection in dairy cattle: Integration of DNA testing into breeding programs. *Animal Frontiers*, 2: 4-9.
- Smith C. and Banos G. 1991. Selection within and across populations in livestock improvement. *Journal of Animal Science*, 69: 2387-2394.
- Vargas B. and van Arendonk J. A. M. 2004. Genetic comparison of breeding schemes based on semen importation and local breeding schemes: framework and application to Costa Rica. *Journal of Dairy Science*, 87: 1496-1505.
- Weigel K. A., VanRaden P. M., Norman H. D. and Grosu H. 2017. A 100-Year Review: Methods and impact of genetic selection in dairy cattle- From daughter-dam comparisons to deep learning algorithms. *Journal of Dairy Science*, 100: 10234-10250.
- Wetzel-Gastal D., Feitor F., van Harten S., Sebastiana M., Sousa L. M. R. and Cardoso L. A. 2018. A genomic study on mammary gland acclimatization to tropical environment in the Holstein cattle. *Tropical Animal Health and Production*, 50: 187-195.
- Yin T., Pimentel E. C. G., König V., Borstel U. and König S. 2014. Strategy for the simulation and analysis of longitudinal phenotypic and genomic data in the context of a temperature \times humidity-dependent covariate. *Journal of Dairy Science*, 97: 2444-2454.
- Zhou L., Ding X., Zhang Q., Wang Y., Lund M. S. and Su G. 2013. Consistency of linkage disequilibrium between Chinese and Nordic Holsteins and genomic prediction for Chinese Holsteins using a joint reference population. *Genetics, Selection, Evolution*, 45: 7-10.



Consequences of importing genetic materials considering genotype by environment interaction and replacement interval in dairy cattle

A. Haghdooost¹, M. M. Shariati^{2*}, A. A. Shadparvar³, N. Ghavi Hossein-Zadeh³, S. Zerehdaran⁴

1. Ph.D Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran

2. Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran

3. Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran

4. Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran

(Received: 23-09-2019 – Accepted: 08-12-2019)

Abstract

The present study was aimed to assess the role of genotype× environment interaction (G×E) and generation interval on the genetic gain caused by importing the genetic materials of dairy cattle in a country without advanced breeding program. Changing allele substitution effects of quantitative trait loci (QTLs) underlying the trait was used to simulate G×E. To this end, three levels of 100 (control), 75 and 50% overlapping of QTL effects in imported sires at the heritability levels of 0.1, 0.3, and 0.5, as well as three scenarios of continuous replacing and discontinuous replacing with one and two generations of foreign genetic materials were considered. Moreover, the effect of decreasing the accuracy of genomic prediction in traits with the low level of heritability was investigated. Based on the performance of daughters of sires in the local population of control scenario, import-based strategies were better than on the strategies of local population. The genetic correlation created in 75% and 50% overlapping of QTL effects were as 0.7 and 0.5, respectively. Although the trend of genetic response increased by decreasing genetic correlation over the time, it was not equal to origin population. Maximum genetic gain (2.56) was observed with a heritability of 0.5 in continuous replacing and absence of G×E. A decrease in the accuracy of prediction resulted in exacerbation of G×E. In general, more genetic improvement is transmitted from origin population to local population only by importing the genetic materials related to populations with higher genetic mean and also by considering G×E in different traits.

Keywords: Genotype by environment interaction, Genomic selection, Genetic gain, Generation interval, Dairy cattle

*Corresponding author: shariati52@gmail.com

doi: 10.22124/ar.2020.14600.1454