

مطالعه استراتژی‌های انتخاب براساس QTL در گاوهای هلستاین ایران

سید عمید پیرنیا^۱، بهزاد همتی^۱، مهدی امین‌افشار^۲، محمد احمد نایینی^۳

ص ص: ۲۵-۳۷

تاریخ دریافت: ۹۰/۳/۱

تاریخ تصویب: ۹۰/۴/۵

چکیده

به منظور بررسی استراتژی‌های انتخاب براساس QTL در گاوهای هلستاین ایران، یک جمعیت ۵۰۰ راسی در ۲۵ سال (۵ نسل) با استفاده از شبیه‌سازی تصادفی ایجاد گردید که در آن مقادیر پارامترهای ژنتیکی مربوطه، نزدیک به مقادیر واقعی ایران در نظر گرفته شد. در این پژوهش سه استراتژی عمده انتخاب شامل انتخاب بر مبنای ارزش‌های اصلاحی پلی‌ژنیک، انتخاب بر مبنای ارزش‌های اصلاحی QTLها و انتخاب بر مبنای شاخص بهینه ژنی مشتمل بر ارزش‌های اصلاحی QTLها و پلی‌ژن‌ها در سه سطح وراثت‌پذیری پایین (۰/۱)، متوسط (۰/۳) و بالا (۰/۵) بررسی شد. در انتخاب بر مبنای شاخص بهینه ژنی برای هر یک از سطوح وراثت‌پذیری، سه سطح واریانس QTLها از واریانس ژنتیکی افزایشی کل شامل بالا (۰/۳)، متوسط (۰/۱۵) و پایین (۰/۵) و برای هر یک از سطوح واریانس QTLها، دو نرخ نوترکیبی زیاد و کم در نظر گرفته شد و روند ارزش‌های اصلاحی و ارزش‌های فنوتیپی بر نسل، مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد، در انتخاب بر مبنای ارزش‌های اصلاحی پلی‌ژنیک، روند ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی در تمام سطوح وراثت‌پذیری معنی‌دار بود و با افزایش سطح وراثت‌پذیری، میزان ضرایب تابعیت ارزش‌های اصلاحی و ارزش‌های فنوتیپی افزایش یافت. در انتخاب بر مبنای ارزش‌های اصلاحی QTLها، روند ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی در تمام سطوح وراثت‌پذیری معنی‌دار نبود. علت معنی‌دار نبودن تغییرات در این حالت، تکیه صرف بر واریانس افزایشی QTLهاست، در حالی که بخش عمده واریانس ژنتیکی افزایشی (۸۵٪) مربوط به واریانس پلی‌ژن‌ها می‌باشد. در انتخاب بر مبنای شاخص بهینه ژنی مشتمل بر ارزش‌های اصلاحی QTLها و پلی‌ژن‌ها، روند ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی در تمام سطوح وراثت‌پذیری معنی‌دار بوده و با افزایش سطح وراثت‌پذیری، میزان ضریب تابعیت ارزش‌های اصلاحی و ارزش‌های فنوتیپی افزایش نشان داد. با توجه به ضرایب تابعیت بدست آمده، انتخاب بر مبنای ارزش‌های اصلاحی پلی‌ژنیک بهتر از انتخاب بر مبنای ارزش‌های اصلاحی QTLها و انتخاب بر مبنای شاخص بهینه ژنی بهتر از انتخاب بر مبنای ارزش‌های اصلاحی QTLها و انتخاب بر مبنای ارزش‌های اصلاحی پلی‌ژن‌ها بود. همچنین در انتخاب بر مبنای شاخص بهینه ژنی هنگامی که مقدار وراثت‌پذیری

۱- دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، گروه علوم دامی، کرج، ایران

۲- دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات، گروه علوم دامی، تهران، ایران

۳- دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، گروه کامپیوتر، کرج، ایران

مطالعه استراتژی‌های انتخاب براساس QTL در گاوهای هلشتاین ایران

۰/۵، سهم واریانس QTLها از واریانس ژنتیکی افزایشی کل ۵٪ و فاصله بین QTLها زیاد در نظر گرفته شده بود، بیشترین ضرایب تابعیت برای ارزش‌های اصلاحی و ارزش‌های فنوتیپی (۸۵۲/۹۱ و ۸۵۷/۰۳) نسبت سایر استراتژی‌های انتخاب حاصل شد و بنابراین این استراتژی انتخاب در این مطالعه به عنوان بهترین استراتژی گزارش گردید.

کلمات کلیدی: استراتژی‌های انتخاب، شبیه سازی تصادفی، QTL، ارزش اصلاحی، گاوهای هلشتاین ایران

Archive of SID

در برنامه های کلاسیک اصلاح نژادی، از جایگاه های ژنتیکی منفرد ۱ برای بهبود صفات کمی در حیوانات مزرعه‌ای، استفاده محدودی می‌شد. نخستین بار نیمن- سورنسن و رابرتسون (۱۹۶۱) و اسمیت (۱۹۶۷) اثر این جایگاه ها بر روی صفات تولیدی و انتخاب بر اساس جایگاه های ژنتیکی شناخته شده را مورد بحث قرار دادند. لند و تامپسون (۱۹۹۰) MAS را در برنامه های کلاسیک انتخاب فردی و انتخاب فامیلی بکار بردند و به شاخص‌های مطلوبی شامل اطلاعات فنوتیپی و ژنتیکی به منظور افزایش رشد ژنتیکی رسیدند. میوویسن و ون‌آرندونک (۱۹۹۲) با استفاده از مدل شبیه‌سازی محاسباتی در برنامه انتخاب فامیلی پی‌بردند که MAS نرخ پیشرفت ژنتیکی را هنگامی که از برنامه های رایج آزمون نتاج استفاده می‌کنیم، افزایش نمی‌دهد. دی‌کونینگ و ولر (۱۹۹۴) بازده انتخاب مستقیم بر روی QTL را با شاخص انتخاب فنوتیپی برای دو برنامه انتخاب تک‌صفتی و دو صفتی مقایسه کردند که بازده انتخاب مستقیم بر روی QTL نسبت به شاخص انتخاب فنوتیپی برای انتخاب دو صفتی نسبت به انتخاب تک‌صفتی بیشتر بود. اسپلمن و گریک (۱۹۹۸) در برنامه های انتخاب فامیلی با استفاده از MAS که سهم MAS از واریانس ژنتیکی افزایشی ۱۷٪ بود، افزایش رشد ژنتیکی معادل ۹ درصد بیشتر از حالتی که از MAS استفاده نمی‌شد، بدست آوردند. ولر (۱۹۹۸) با استفاده از شبیه‌سازی کامپیوتری، اثرات ژن‌های کاندیدای دو آللی در جمعیت گاوهای شیری را برآورد کرد و با سه روش تجزیه و تحلیل ارزیابی‌های ژنتیکی، انحراف تولید و انحراف تولید دختران مقایسه نمود. مبنای همه این مقایسات میانگین مربعات خطا و اریبی بود. همه روش‌ها دارای اریبی بودند که اریبی در روش تجزیه و تحلیل ارزیابی ژنتیکی بیشتر از روش‌های انحراف تولید و انحراف تولید دختران بود. اسپلمن و همکاران (۱۹۹۹) با استفاده از یک مدل شبیه‌سازی محاسباتی، چنین نتیجه گرفتند که با استفاده از MAS به میزان ۱/۸ درصد پیشرفت ژنتیکی بیشتر نسبت به برنامه های رایج اصلاح نژادی حاصل می‌شود. در این پژوهش ۱۰ درصد واریانس ژنتیکی متعلق به QTL مربوطه بود. عبدالعظیم و فریمن (۲۰۰۲) با استفاده از یک مدل شبیه‌سازی تصادفی مبتنی بر پارامترهای جمعیت گاو هلشتاین آمریکا، اثر کاربرد QTL در پاسخ به انتخاب را در چهار مسیر جداگانه نرهای مولد، نرهای جوان پروف شده، مادران نرها و گاوهای شکم اول، مورد بررسی قرار دادند و چنین نتیجه‌گیری کردند که پس از ۱۶ سال از انتخاب به ترتیب به طور میانگین ۴/۶٪، ۷/۶٪، ۱۱/۷٪ و ۱/۱٪ ارزش بیشتری نسبت به حالت انتخاب غیر مبتنی بر QTL حاصل می‌شود. عبدالعظیم و فریمن (۲۰۰۳) با استفاده از شبیه‌سازی تصادفی مزیت استفاده از QTL را در سه برنامه انتخاب مطالعه کردند: در برنامه اول نرهای جوان سه سال منتظر ماندند تا اولین رکورد خواهرانشان به دست آمد و سپس بر مبنای مدل حیوان انتخاب و ارزیابی شدند که مزیت برآورد شده برابر با ۱۶٪ بود. در حالت دوم نرهای جوان پنج سال منتظر ماندند تا دخترانشان اولین دوره شیردهی خود را کامل کنند که مزیت برآورد شده برابر با ۱۳٪

بود و در حالت سوم یک برنامه انتظار چهار ساله مورد مطالعه قرار گرفت که مزیت بدست‌آمده برابر با ۲۶٪ بود. در این برنامه پارامترهای جمعیت گاو هلشتاین آمریکا مورد استفاده قرار گرفت. اسکروتن و همکاران (۲۰۰۵) پیشرفت ژنتیکی در برنامه های انتخاب چند مرحله‌ای را با استفاده از نشانگرهای ژنتیکی مورد مطالعه قرار دادند و این برنامه ها را در دو حالت مقایسه کردند: یک بار بدون استفاده از اطلاعات QTL که میزان پاسخ به انتخاب از ۴/۵٪ تا ۲۱/۲٪ برآورد شد و بار دیگر با استفاده از QTL که میزان پاسخ به انتخاب برآورد شده در سطح حالت اول بود، منتها این امکان به وجود آمد که بتوان تعداد گاوهای نر به کار رفته در آزمون نتاج را تا ۳۵٪ کاهش داد. در این حالت سهم واریانس QTL از واریانس ژنتیکی افزایشی برابر با ۵٪ بود. در این مطالعه از روش شبیه‌سازی قطعی استفاده گردید. کاهی و هیروکا (۲۰۰۵) با استفاده از شبیه‌سازی قطعی، ارزیابی ژنتیکی و اقتصادی در ۱۰ برنامه اصلاح نژادی گاوهای سیاه ژاپنی انجام داده و از صفات لاشه گرفته تا صفات تولیدمثلی در حیوانات نر و ماده را مورد بررسی قرار دادند. اثر پیشرفت ژنتیکی و سودمندی تغییر ظرفیت آزمون و تغییر تعداد نتاج، به ازای هر حیوان نر و هر حیوان ماده‌ای که با امواج فراصوتی تست آبستنی شده بودند، در برنامه ها مورد آزمون واقع شدند. افزایش ظرفیت آزمون منجر به افزایش پیشرفت ژنتیکی در تمامی برنامه ها شد. سودمندی از برنامه دوم تا برنامه دهم هنگامی که تعداد مکان‌های موجود برای ارزیابی کارکرد ۹۰۰ تا ۱۰۰۰ عدد بودند، مطلوب بود. پیشرفت ژنتیکی در تمامی برنامه ها با افزایش تعداد نتاج بکار رفته در انتخاب نرها، ابتدا به شدت افزایش و سپس به تدریج کاهش یافت. سودمندی در تمامی برنامه ها هنگامی که تعداد نتاج ۱۵۰ تا ۲۰۰ راس بودند، مطلوب بود. پیشرفت ژنتیکی و سودمندی در هر برنامه به وسیله تست آبستنی با امواج فراصوت برای صفات لاشه بوجود آمد. تست آبستنی با امواج فراصوت مهم‌تر از افزودن صفات دیگر به عنوان معیار انتخاب بود. مطالعات ارائه شده در بالا بر روی یک QTL و عمدتاً با استفاده از نشانگر انجام شده بود.

مواد و روش‌ها

فرضیات و کلیات مدل شبیه‌سازی

در این پژوهش تلاش شد تا با استفاده از شبیه‌سازی تصادفی جمعیتی بر مبنای پارامترهای جمعیت گاو هلشتاین ایران شبیه‌سازی شود و استراتژی‌های انتخاب مورد بررسی قرار بگیرند. شبیه‌سازی صفت کمی در جمعیت مورد نظر با استفاده از محیط برنامه‌نویسی ویژوال بیسیک ۶ و از راه شبیه‌سازی تصادفی انجام گرفت. طراحی این برنامه شبیه‌سازی به گونه‌ای است که پژوهشگر در تصمیم‌گیری برای پارامترها و مولفه های موجود در پژوهش، آزاد می‌باشد. این برنامه توسط هر رایانه شخصی قابل اجرا می‌باشد و نیاز به زیربرنامه های وابسته به رایانه ویژه‌ای ندارد. فرض بر این است که جمعیت تحت انتخاب به اندازه کافی بزرگ بوده و نسل‌ها هم‌پوشانی دارند. انتخاب بر روی صفت فرضی انجام می‌گیرد که توسط پلی‌ژن‌ها و سه QTL مختلف کنترل می‌شود و هر یک از ژنوتیپ‌های

مربوط به هر QTL و اثرات آن‌ها بر صفت مورد نظر، بدون اشتباه شناخته شده‌اند. در این پژوهش هریک از QTL ها به صورت دوآلی (برای نمونه Q و q) در نظر گرفته شده‌اند، بنابراین هر QTL دارای ۳ ژنوتیپ (qq, Qq, QQ) با میانگین ارزش‌های ژنوتیپی a, d و a- است. توزیع سهم واریانس QTL بین QTLها به طور تصادفی در نظر گرفته شده است. پلی‌ژن‌ها مطابق بر مدل ژن‌های نامحدود شبیه‌سازی شدند، به طوری که شامل تعداد زیادی ژن بوده که هریک دارای اثر افزایشی اندکی می‌باشند. جمعیت پایه شبیه‌سازی شده در تعادل گامتی بین پلی‌ژن‌ها و QTL ها به سر می‌برد. همچنین بین پلی‌ژن‌ها نیز تعادل گامتی برقرار می‌باشد.

به منظور تفسیر نتایج، میزان تابعیت ارزش‌های اصلاحی کل (TBV) و ارزش‌های فنوتیپی با میانگین تعداد ۱۰ تکرار از نسل ترسیم شد. تغییرات و ضرایب تابعیت (رگرسیون) خطی هریک از ارزش‌های اصلاحی یادشده نسبت به نسل به دست آمد و معنی‌دار بودن هریک از ضرایب در سطح آماری ۱٪ بررسی شد.

مدل و روند شبیه‌سازی

مدل عمومی بکار رفته در این شبیه‌سازی به صورت زیر می‌باشد:

$$Y_{ij} = \mu + PgBVi + QTL1BVi + QTL2BVi + QTL3BVi + e_{ij}$$

که در این مدل Y_{ij} ارزش فنوتیپی هر فرد، μ اثر میانگین، $PgBVi$ ارزش اصلاحی پلی‌ژنیک هر فرد، $QTL1BVi$ ارزش اصلاحی QTL اول، $QTL2BVi$ ارزش اصلاحی QTL دوم، $QTL3BVi$ ارزش اصلاحی QTL سوم و e_{ij} خطای آزمایشی می‌باشد. اثر خطای آزمایشی مطابق فرمول زیر شبیه‌سازی می‌شود:

$$e_{ij} = N * Se$$

که در این فرمول: e_{ij} خطای آزمایشی، N متغیر تصادفی که از توزیعی نرمال با میانگین صفر و واریانس یک نمونه‌گیری شده و Se انحراف معیار باقی‌مانده می‌باشد. از اثرات ثابت در این پژوهش، تنها اثر میانگین مورد بررسی قرار گرفته است.

ارزش‌های اصلاحی حیوانات موجود در جمعیت شامل ارزش‌های اصلاحی پلی‌ژنیک و ارزش‌های اصلاحی هریک از QTLها می‌باشد. از مجموع ارزش‌های اصلاحی و اثر خطای آزمایشی هر فرد، ارزش فنوتیپی فرد مورد مطالعه بدست می‌آید.

شبیه‌سازی جمعیت پایه

ارزش‌های اصلاحی پلی‌ژنیک در جمعیت پایه به صورت زیر شبیه‌سازی می‌شوند:

$$PgBVi = N * PgSA$$

که در این فرمول $PgBVi$ ارزش اصلاحی پلی‌ژنیک هر فرد، N متغیر تصادفی که از توزیعی نرمال با میانگین

صفر و واریانس یک نمونه‌گیری شده و $PgSA$ انحراف معیار ارزش‌های اصلاحی پلی‌ژنیک می‌باشد. در این پژوهش مقدار انحراف معیار ارزش‌های اصلاحی پلی‌ژنیک ۱۲۶۴/۹۱ است.

همانطور که در بخش فرضیات و کلیات مدل اشاره شد، هر یک از QTLها به صورت دو آللی (برای نمونه Q و q) فرض شده‌اند. بنابراین هر QTL دارای ۳ ژنوتیپ (qq, Qq, QQ) با میانگین ارزش‌های ژنوتیپی a ، d و $-a$ است. ارزش‌های ژنوتیپی QTLها با توجه به ژنوتیپ هر فرد برای QTLها، فراوانی آلل مطلوب برای هر QTL و سهم واریانس QTL، محاسبه می‌شوند. از این رو، جهت شبیه‌سازی تصادفی ژنوتیپ QTLها برای هر فرد، یک عدد نرمال تصادفی $(N(0,1))$ در نظر گرفته می‌شود. اگر این عدد نرمال تصادفی از فراوانی ژنوتیپ QQ (p^2) کوچک‌تر و یا برابر با آن باشد، ژنوتیپ فرد برای آن QTL برابر با QQ می‌شود. اگر مقدار این عدد نرمال تصادفی برابر با مقداری مابین فراوانی ژنوتیپ QQ (p^2) و ژنوتیپ Qq ($p^2 + 2pq$) باشد، ژنوتیپ فرد برای آن QTL برابر با Qq می‌شود. اگر مقدار این عدد نرمال تصادفی بزرگتر از فراوانی ژنوتیپ Qq ($p^2 + 2pq$) شود، ژنوتیپ فرد برای آن QTL برابر با qq می‌شود. همانطور که در بخش فرضیات و کلیات گفته شد، با توجه به دو آللی بودن ارزش‌های ژنوتیپی و ارزش‌های اصلاحی QTLها در جدول زیر نشان داده شده است (فالكونر و مکای ۱، ۱۹۹۶):

ژنوتیپ	QQ	Qq	qq
ارزش ژنوتیپی	a	d	-a
ارزش اصلاحی	$2q\alpha$	$(q-p)\alpha$	$-2p\alpha$

$$\alpha = \sqrt{\frac{\text{VarQTL}_i}{2pq}}$$

در فرمول بالا α اثر متوسط جایگزینی آللی، d اثر غالبیت، a اثر افزایشی، p فراوانی آلل مطلوب و q فراوانی آلل نامطلوب ($p-1=q$) می‌باشد. از جمع کردن ارزش‌های اصلاحی (پلی‌ژنیک و QTLها) با اثر خطای آزمایشی و اثر میانگین، ارزش فنوتیپی به دست می‌آید.

شبیه سازی نسل های بعدی

ارزش های اصلاحی پلی ژنیک حیوانات در نسل های بعدی به صورت زیر شبیه سازی می شود:

$$P_gBV_i = \frac{P_gBVsire + P_gBVdam}{2} + MS$$

$$MS = \sqrt{\frac{2 - InbSire - InbDam}{4}} * N * S_A$$

در فرمولهای بالا MS اثر نمونه گیری مندلی، $P_gBVSire$ ارزش اصلاحی والد نر حیوان i ، P_gBVDam ارزش اصلاحی والد ماده حیوان i ، $InbSire$ ضریب همخونی والد نر حیوان i و $InbDam$ ضریب همخونی والد ماده حیوان i می باشد.

جهت شبیه سازی ژنوتیپ هریک از QTL های نتاج، یک عدد نرمال تصادفی در نظر گرفته می شود. کوچک تر یا بزرگ تر بودن این عدد از ۰/۵، تعیین کننده آلل شرکت کننده از نخستین QTL والدین هریک از نتاج در تشکیل گامت های مربوطه می باشد. در رابطه با دومین QTL، کوچک تر یا بزرگ تر بودن یک عدد نرمال تصادفی از فاصله آن نسبت به نخستین QTL تعیین کننده می باشد. اگر عدد نرمال تصادفی از فاصله بین QTL نخست و دوم کمتر باشد و QTL نخست آلل غالب خود را در تشکیل گامت شرکت داده باشد، QTL دوم هم آلل غالب خود و در غیر این صورت QTL دوم آلل مغلوب خود را در تشکیل گامت شرکت خواهد داد. در رابطه با سومین QTL نیز مانند دومین QTL عمل می شود. فاصله بین QTL ها توسط برنامه از کاربر دریافت می شود.

پس از تشکیل ژنوتیپ، ارزش های اصلاحی QTL ها همانند جمعیت پایه شبیه سازی می شود. همانند جمعیت پایه، از مجموع ارزش های اصلاحی پلی ژنیک و QTL ها با اثر خطای آزمایشی و اثر میانگین، ارزش فنوتیپی فرد به دست می آید.

استراتژی های انتخاب

در این پژوهش، ۲۴ استراتژی انتخاب در قالب سه استراتژی کلی زیر مورد بررسی قرار گرفت: انتخاب براساس ارزش های اصلاحی پلی ژنیک که در این روش تنها ارزش های اصلاحی پلی ژنیک جهت انتخاب مورد استفاده قرار گرفت. این استراتژی در سه سطح وراثت پذیری ۰/۱، ۰/۳ و ۰/۵ بررسی گردید (سه استراتژی). انتخاب براساس ارزش های اصلاحی QTL ها که در این روش تنها ارزش های اصلاحی QTL ها جهت انتخاب مورد استفاده قرار گرفت. این استراتژی در سه سطح وراثت پذیری ۰/۱، ۰/۳ و ۰/۵ بررسی گردید (سه استراتژی). انتخاب بر مبنای شاخص بهینه ژنی مشتمل بر ارزش های اصلاحی QTL ها و پلی ژن ها که در این روش هم ارزش های اصلاحی پلی ژنیک و هم ارزش های اصلاحی QTL ها جهت انتخاب مورد استفاده قرار گرفتند. در

بررسی این روش انتخاب، در آغاز سه سطح وراثت‌پذیری بالا (۰/۵)، متوسط (۰/۳) و پایین (۰/۱) در نظر گرفته شد. سپس برای هر یک از سطوح وراثت‌پذیری، سه سطح واریانس QTLها از واریانس ژنتیکی افزایشی کل شامل بالا (۳۰٪)، متوسط (۱۵٪) و پایین (۵٪) و برای هر یک از سطوح واریانس QTLها، دو نرخ نوترکیبی زیاد و کم در نظر گرفته شد (۱۸ استراتژی).

در این پژوهش، داده‌های نهایی در قالب ۴۸ فایل خروجی با فرمت XLS به دست آمدند که توسط نرم‌افزار SAS ۹ مورد آنالیز قرار گرفتند.

به منظور تفسیر نتایج، میزان تابعیت ارزش‌های اصلاحی و ارزش‌های فنوتیپی با میانگین تعداد ۱۰ تکرار از نسل ترسیم شد. تغییرات و ضرایب تابعیت (رگرسیون) خطی هر یک از ارزش‌های اصلاحی یادشده نسبت به نسل بدست آمد و معنی‌دار بودن هر یک از ضرایب در سطح آماری ۱٪ بررسی شد. مدل مورد استفاده برای به دست آوردن تابعیت خطی ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی از نسل به صورت زیر می‌باشد:

$$Y_i = a + b_i x_i + e_i$$

که در این فرمول Y_i متغیر وابسته (مقادیر ارزش‌های اصلاحی یا فنوتیپی)، a مقدار ثابت عرض از مبدا خط تابعیت، b_i ضریب تابعیت خطی تغییرات ارزش‌های اصلاحی از نسل، X_i متغیر مستقل (نسل) و e_i اثر خطای آزمایشی می‌باشد.

نتایج و بحث

در انتخاب بر مبنای ارزش‌های اصلاحی پلی‌ژنیک، روند ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی در تمام سطوح وراثت‌پذیری معنی‌دار بوده و با افزایش سطح وراثت‌پذیری، میزان ضرایب تابعیت ارزش‌های اصلاحی از نسل و ارزش‌های فنوتیپی از نسل افزایش می‌یابد که با نتایج ملک (۱۹۹۸) مطابقت دارد.

در انتخاب بر مبنای ارزش‌های اصلاحی QTLها، روند ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی در تمام سطوح وراثت‌پذیری معنی‌دار نبوده ولی با افزایش سطح وراثت‌پذیری میزان ضرایب تابعیت ارزش‌های اصلاحی از نسل و ارزش‌های فنوتیپی از نسل افزایش می‌یابد. علت معنی‌دار نبودن تغییرات در این حالت، تکیه صرف بر واریانس افزایشی QTLها می‌باشد، در حالی که بخش عمده واریانس ژنتیکی افزایشی (۸۵٪) مربوط به واریانس پلی‌ژن‌ها است.

در انتخاب بر مبنای شاخص بهینه ژنی مشتمل بر ارزش‌های اصلاحی QTLها و پلی‌ژن‌ها، روند ارزش‌های اصلاحی و ارزش‌های فنوتیپی در تمام سطوح وراثت‌پذیری معنی‌دار بوده و با افزایش سطح وراثت‌پذیری، میزان ضرایب تابعیت ارزش‌های اصلاحی از نسل و ارزش‌های فنوتیپی از نسل افزایش می‌یابد که با نتایج عسگری (۱۳۸۶) مطابقت دارد.

در سطح وراثت‌پذیری ۰/۵، با افزایش سهم واریانس QTLها از واریانس افزایشی کل، میزان ضرایب تابعیت

ارزش‌های اصلاحی از نسل و ارزش‌های فنوتیپی از نسل کاهش می‌یابد. اما در هریک از سطوح واریانس QTLها با افزایش فاصله بین QTLها ضرایب تابعیت ارزشهای اصلاحی از نسل و ارزش‌های فنوتیپی از نسل افزایش می‌یابد. علت این امر افزایش نرخ وقوع نوترکیبی بین QTLها می‌باشد. با افزایش نرخ نوترکیبی، تنوع ژنتیکی افزایش یافته، بنابراین میزان پاسخ به انتخاب و به دنبال آن میزان پیشرفت ژنتیکی در طی نسل‌ها افزایش می‌یابد. در نتیجه، ضرایب تابعیت ارزش‌های اصلاحی از نسل و ارزش‌های فنوتیپی از نسل افزایش می‌یابند.

در سطح وراثت‌پذیری ۰/۳، با افزایش سهم واریانس QTLها از واریانس افزایشی کل، میزان ضرایب تابعیت ارزش‌های اصلاحی از نسل و ارزش‌های فنوتیپی از نسل کاهش می‌یابد، اما در هریک از سطوح واریانس QTLها با افزایش فاصله بین QTLها ضرایب تابعیت ارزشهای اصلاحی از نسل و ارزش‌های فنوتیپی از نسل افزایش می‌یابد. علت این امر افزایش نرخ وقوع نوترکیبی بین QTLها می‌باشد. با افزایش نرخ نوترکیبی، تنوع ژنتیکی افزایش یافته، بنابراین میزان پاسخ به انتخاب و به دنبال آن میزان پیشرفت ژنتیکی در طی نسل‌ها افزایش می‌یابد. در نتیجه، ضرایب تابعیت ارزش‌های اصلاحی از نسل و ارزش‌های فنوتیپی از نسل افزایش می‌یابند.

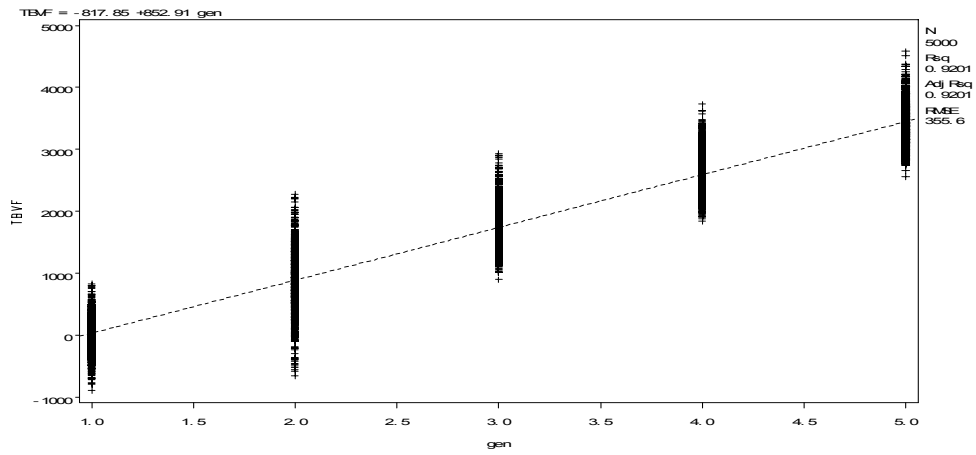
در سطح وراثت‌پذیری ۰/۱، هنگامی که سهم واریانس QTLها ۵٪ از واریانس افزایشی کل است، ضرایب تابعیت ارزشهای اصلاحی از نسل و ارزش‌های فنوتیپی از نسل بیشتر از هنگامی است که سهم واریانس QTLها از واریانس ژنتیکی افزایشی کل ۱۵٪ و ۳۰٪ می‌باشد. با افزایش سهم واریانس QTLها از واریانس ژنتیکی افزایشی، بین ضرایب تابعیت ارزشهای اصلاحی از نسل و ارزش‌های فنوتیپی از نسل تفاوت چندانی وجود ندارد.

با توجه به ضرایب تابعیت بدست آمده که در جدول شماره ۱ آورده شده‌اند، بهترین استراتژی از بین استراتژی‌های بررسی شده، استراتژی شماره ۲۰ می‌باشد که در آن انتخاب بر مبنای شاخص بهینه ژنی مشتمل بر ارزشهای اصلاحی QTLها و پلی‌ژن‌ها صورت گرفت و مقدار وراثت‌پذیری ۰/۵، سهم واریانس QTLها از واریانس افزایشی کل ۵٪ و فاصله بین QTLها زیاد در نظر گرفته شد. در شکل‌های ۱ و ۲، تابعیت ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی از نسل برای استراتژی شماره ۲۰ نشان داده شده است.

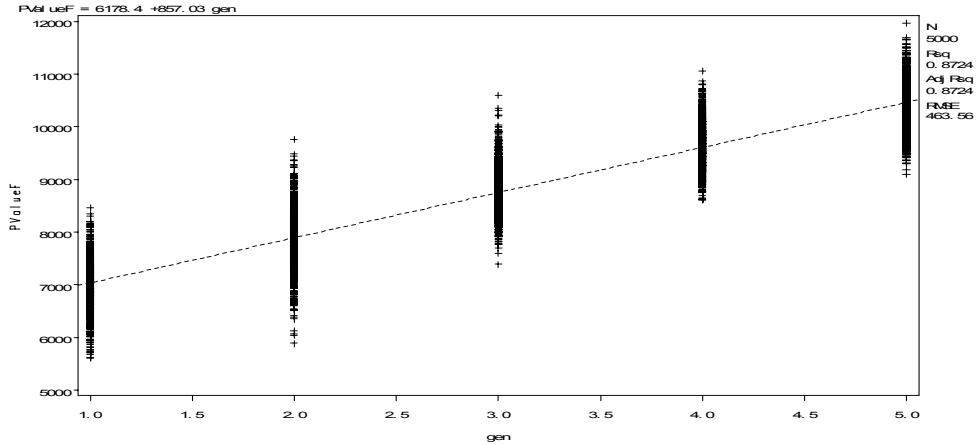
با توجه به نتایج بدست آمده انتخاب بر مبنای ارزش‌های اصلاحی پلی‌ژنیک به انتخاب بر مبنای ارزشهای اصلاحی QTL و انتخاب بر مبنای شاخص بهینه ژنی مشتمل بر ارزشهای اصلاحی QTLها و پلی‌ژن‌ها به هر دو استراتژی انتخاب پیشین ترجیح دارد. بنابراین استراتژی پیشنهادی این پژوهش، انتخاب بر مبنای شاخص بهینه ژنی مشتمل بر ارزشهای اصلاحی QTLها و پلی‌ژن‌ها می‌باشد که سطح وراثت‌پذیری در آن بالا، سهم واریانس QTL از واریانس افزایشی کل کم و فاصله بین QTLها زیاد در نظر گرفته شود.

در پایان پیشنهاد می‌شود، با توجه به این که شناسایی دقیق مکان QTLها بر روی ژنوم دشوار می‌باشد، نتایج این پژوهش با پژوهش‌های دیگری که در آنها انتخاب بر اساس نشانگرهای ژنتیکی صورت می‌گیرد، مقایسه و بررسی شود. همچنین با توجه به این که انتظار می‌رود در طی نسل‌های متمادی میزان پیشرفت ژنتیکی کاهش یابد،

در مطالعات آینده انتخاب ژنومیک مورد بررسی قرار بگیرد.



شکل ۱- نمودار تابعیت ارزش‌های اصلاحی استراتژی شماره ۲۰



شکل ۲ - نمودار تابعیت ارزش‌های فنوتیپی استراتژی شماره ۲۰

جدول ۱ - ضرایب تابعیت ارزش‌های اصلاحی و فنوتیپی در ۵ نسل

ضریب تابعیت ارزش‌های فنوتیپی	ضریب تابعیت ارزش‌های اصلاحی	استراتژی
۳۷۱/۰۹	۳۷۶/۹۱	۱
۶۴۱/۷۲	۶۴۳/۱۵	۲
۸۲۰/۳۷	۸۲۰/۸	۳
-۳/۹۱۰۲	-۰/۵۵۵۲	۴
-۰/۵۸۸۶	۳/۷۷۳۱	۵
-۸/۱۱۲۴	-۹/۱۸۶۳	۶
۳۸۴/۶۵	۳۷۷/۷۲	۷
۳۷۹/۵۶	۳۸۴/۳۸	۸
۳۱۹/۶۶	۳۱۹/۵۹	۹
۳۴۳/۵	۳۴۴/۴۴	۱۰
۲۶۵/۴۳	۲۶۱/۴۵	۱۱
۲۷۱/۷۳	۲۷۳/۴۵	۱۲
۶۳۲/۱۱	۶۳۹/۸۵	۱۳
۶۶۲/۳۷	۶۶۲/۶۷	۱۴
۵۴۸/۴	۵۹۲/۲۳	۱۵
۵۹۴/۱۱	۵۹۳/۲۲	۱۶
۴۲۵/۵۳	۴۲۵/۲	۱۷
۴۷۷/۶۳	۴۷۹/۸	۱۸
۸۴۹/۶۳	۸۴۳/۶۲	۱۹
۸۵۷/۰۳	۸۵۲/۹۱	۲۰
۷۲۵/۸۵	۷۱۷/۶۸	۲۱
۷۶۴/۱۹	۷۶۱/۷	۲۲
۵۶۳/۹۸	۵۶۹/۲۶	۲۳
۵۹۵/۹۸	۵۹۶/۳۶	۲۴

منابع

۱. عسگری، ق. ۱۳۸۶. تاثیر پارامترهای ژن عمدۀ بر سرعت تغییرات واریانس ژنتیکی. رساله دکتری. دانشکده کشاورزی دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات.
2. Abdel-Azim ,G ,and A .E .Freeman .2002 .Superiority of QTL-assisted selection in dairy cattle breeding schemes .J .Dairy Sci.85:1869-1880 .
3. Abdel-Azim ,G ,and A .E .Freeman .2003 .Effects of including of a quantitative trait locus in selection under different waiting plans of young bulls .J .Dairy Sci.86:667-676 .
4. DeKoning ,G .J ,and J .I .Weller .1994 .Efficiency of direct selection on quantitative trait loci for a two-trait breeding objective .Theor.Appl .Genet.677-88:669 .
5. Falconer ,D.S ,and T.F.C .Mackay .1996 .Introduction to quantitative genetics 4 .th Ed., Longman Group Ltd, UK.
6. Kahi, A., and H. Hirooka. 2005. Genetic and economic evaluation of Japanese Black (Wagyu) cattle breeding schemes. J. Anim Sci. 83: 2021-2032.
7. Lande, R., and R. Thompson. 1990. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits .Genetics.756-124:743
8. Malek ,M .1998 .A simulation study to evaluate optimal strategies for selection on a quantitative trait using major gene information .Msc .thesis ,University of Guelph .Canada.
9. Meuwissen ,T .H .E ,and J .A .M .van Arendonk .1992 .Potential improvement in rate of genetic gain from marker-assisted selection in dairy cattle breeding schemes .J .Dairy Sci.1659-1651 :75 .
10. Neimann-Sorensen ,A ,and A .Robertson .1961 .The association between blood groups and several production characteristics in three Danish cattle breeds .Acta .Agriculture .Scandinavia.163-196 :11 .
11. Schrooten ,C ,H .Bovenhuis ,W .Coppieters ,and J .A .M .van Arendonk .2005 .Genetic progress in multi stage dairy cattle breeding schemes using genetic markers .J Dairy Sci.88:1569-1581.
12. Smith ,C .1967 .Improvement of metric traits through specific genetic loci .Anim .Prod.349-358 :9 .
13. Spelman ,R .J ,and D .J .Garrick .1998 .Genetic and economic responses for within-family marker-assisted selection in dairy cattle breeding schemes .J .Dairy Sci.2950-81:2942 .
14. Spelman ,R .J ,D .J .Garrick ,and J .A .M .van Arendonk .1999 .Utilisation of genetic variation by marker assisted selection in commercial dairy cattle populations .Livest .Prod .Sci.60-59:51 .
15. Weller ,J .I .1998 .Estimation of candidate gene effects in dairy cattle populations .J .Dairy Sci.1662-1653 :81 .

16. Weller ,J .I .2006 .Current and future developments in patents for quantitative trait loci in dairy cattle. Institute of Animal Sciences ,A .R .O .,The Volcani Center ,P .O .Box ,6 Bet Dagan ,50250 Palestine.

Archive of SID