

## بررسی اثر شجره پدري گمشده بر پارامترهای ژنتیکی و صحت انتخاب دو صفت کمی همبسته با استفاده از شبیه سازی رایانه‌ای

مختار علی عباسی<sup>۱\*</sup>

تاریخ دریافت: ۹۵/۴/۳۰ تاریخ پذیرش: ۹۶/۱۱/۱۴

<sup>۱</sup> دانشیار موسسه تحقیقات علوم دامی کشور

\* مسئول مکاتبه: Email: pmaz\_abbasi@yahoo.com

### چکیده

زمینه مطالعاتی: یکی از عوامل موثر بر صحت پیش بینی ارزش اصلاحی با استفاده از روش‌های سنتی وجود اطلاعات کامل شجره پدري است. هدف: این مطالعه با هدف بررسی اثر نقص شجره پدر بر برآورد مولفه‌های (کو) واریانس، پارامترهای ژنتیکی و صحت انتخاب، یک جمعیت با دو صفت وزن شیرگیری با وراثت پذیری ۰/۱۵ و سرعت رشد روزانه با وراثت پذیری ۰/۳۰ و همبستگی‌های فنوتیپی، ژنتیکی و محیطی ۰/۵ شبیه‌سازی شد. روش‌کار: بدین منظور کلیه اطلاعات شجره و عملکرد حاصل از ۱۰ سال انتخاب و آمیزش در فایل ذخیره شد. در هر فایل شماره پدرها با دو روش تصادفی و متوالی و با نسبت‌های ۰ تا ۱۰۰٪ از شجره حذف شد. فایل‌های حاصل با مدل حیوانی دو صفتی تجزیه و تحلیل شدند. نتایج: در حالت حذف تصادفی و متوالی شجره پدر، واریانس فنوتیپی صفت وزن شیرگیری در سطوح مختلف نقصان شجره پدر تقریباً ثابت بود. واریانس ژنتیکی افزایشی کاهش یافته و تغییرات واریانس محیطی در جهت مخالف واریانس ژنتیکی افزایشی بود. در روش حذف تصادفی کاهش وراثت پذیری معنی‌دار بود. در روش حذف متوالی، فقط برای درصدهای حذف ۵۰ تا ۹۰ کاهش این دو پارامتر معنی‌دار بود. با افزایش میزان حذف تصادفی و متوالی شجره پدر از ۰ تا ۱۰۰ درصد، صحت انتخاب برای صفات وزن شیرگیری و افزایش وزن روزانه به ترتیب به از ۰/۷۶۷ به ۰/۴۹۳ و از ۰/۹۳۳ به ۰/۶۱۴ تقلیل یافت. مقدار همبستگی ژنتیکی بین دو صفت با افزایش میزان نقصان شجره پدر در روش حذف تصادفی کاهش معنی‌دار نشان داد. اما در روش حذف متوالی فقط برای درصد حذف ۶۰ و ۸۰ معنی‌دار ( $P < 0.05$ ) بود. نتیجه‌گیری کلی: بطور کلی با افزایش میزان اطلاعات گمشده پدري مقادیر پارامترهای ژنتیکی دو صفت کاهش یافت.

واژگان کلیدی: پارامترهای ژنتیکی، شبیه سازی رایانه‌ای، شجره پدري گمشده

## مقدمه

در گذشته ثبت شماره پدر در گله‌های گوسفند ایران به علت مشکلات ناشی از اجرای برنامه آمیزش کنترل شده و عدم اجرای تلقیح مصنوعی انجام نمی‌شد. از حدود ۴ سال قبل با اجرای برنامه تلقیح مصنوعی در اکثر گله‌ها شماره پدر ثبت گردیده است. لذا در کل جمعیت نژادهای مختلف گوسفند ایران، شجره پدر کامل نیست. ناقص بودن شجره سبب تشکیل ماتریس خویشاوندی ناصحیح شده و بر دقت انتخاب و برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات تاثیر گذاشته و سبب اریب شدن برآوردها می‌شود (کلمنت و همکاران ۲۰۰۱ و وطن خواه و همکاران ۲۰۰۴). تحقیقات مختلفی در این زمینه انجام شده است، اما با توجه به متفاوت بودن برخی شرایط و ورودی‌ها در شبیه سازی، امکان تعمیم نتایج حاصل از آنها برای کلیه شرایط و مقایسه نتایج آن پژوهش‌ها با یکدیگر وجود ندارد. با این وجود روند تغییرات پارامترها معمولاً بر حسب میزان نقصان شجره در تحقیقات مختلف می‌تواند مقایسه شود. در یک پژوهش ساندرز و همکاران (۲۰۰۶) نشان دادند که اطلاعات پدری نادرست و گم شده سبب کاهش پیشرفت ژنتیکی شده و این کاهش در صفات با وراثت پذیری پایین نسبتاً زیاد بود. در این تحقیق اثر نامطلوب شجره اشتباه نسبت به شجره نامعلوم  $1/4$  برابر بیشتر برآورد شد. در تحقیق دیگر نشان داده شد که ساختار داده می‌تواند دقت برآورد مولفه‌های واریانس را تحت تاثیر قرار دهد. اطلاعات ناکافی شجره پدری، انحراف معیار بین تکرارهای مختلف برآوردها را افزایش و ناریب بودن برآورد مولفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی را تحت تاثیر قرار می‌دهد (کلمنت و همکاران ۲۰۰۱). همچنین ۱۰ درصد اشتباه در تشخیص هویت پدری، پیشرفت ژنتیکی سالیانه واقعی را  $4/3$  درصد، پیشرفت ژنتیکی سالیانه برآورد شده را به اندازه ۶ درصد و پیشرفت ژنتیکی

تجمعی بعد از ۲۰ سال را به اندازه  $3/5$  درصد در مقایسه با هویت پدری کاملاً درست کاهش می‌دهد (ایسرائل و ولر ۲۰۰۰). در مطالعه دیگری با استفاده از شبیه‌سازی تصادفی نشان داده شد، مولفه واریانس پدری و باقیمانده با افزایش میزان اطلاعات پدری گم شده تحت تاثیر قرار نگرفتند، اما قابلیت اعتماد ارزش‌های اصلاحی و پاسخ به انتخاب کاهش یافتند (هاردر و همکاران ۲۰۰۵). محققین دیگر نتیجه گرفتند که با افزایش نسبت تشخیص هویت نادرست پدر، میانگین برآوردهای وراثت‌پذیری مستقیم و مادری و میانگین ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده کاهش و واریانس فنوتیپی نسبتاً بی‌تغییر باقی ماند (سینک و همکاران ۲۰۰۴). همچنین در یک تحقیق شجره-های با درصد‌های متفاوت پدر گمشده بررسی شد و نتایج نشان داد که وراثت‌پذیری در شجره کامل ناریب و نزدیک به مقدار واقعی، در شجره با ۵۰ درصد حذف تصادفی شماره پدر اریب، در شجره با ۵۰ درصد حذف تصادفی شماره مادر اریب‌تر و در حالت ۵۰ درصد شجره نامعلوم پدر و مادر ناصحیح برآورد شد (کاننت و همکاران ۲۰۰۰). در بیشتر تحقیقات انجام شده در خصوص ساختار داده و شجره گزارش شده است که شجره ناقص سبب بالا رفتن اشتباه استاندارد برآوردها می‌شود (دونگ و همکاران ۱۹۸۸).

در مقایسه دو روش حذف تصادفی و متوالی (ترتیبی از نسل صفر تا آخر) شجره در حالت شبیه‌سازی یک صفتی نشان داده شد که برای صفت با وراثت‌پذیری  $0/15$  در حالت حذف تصادفی واریانس ژنتیکی افزایشی بطور جزئی کاهش و به تبع آن وراثت‌پذیری صفت بطور جزئی کاهش یافت که این کاهش معنی دار نبود. اما برای صفت با وراثت‌پذیری  $0/30$  تغییرات مولفه‌های واریانس به کاهش معنی‌دار وراثت‌پذیری منجر شد. در روش حذف متوالی کاهش وراثت‌پذیری با افزایش سطح نقصان شجره

زبان برنامه‌نویسی ویژوال بیسیک ۶ استفاده گردید. مبنای ایجاد رکورد برای هر حیوان، نمونه‌گیری تصادفی از توزیع آماری از پیش تعیین شده می‌باشد. ابتدا برای صفت مورد نظر یک جمعیت پایه غیرخویشاوند و غیرهمخون شبیه‌سازی شد. برای شبیه‌سازی چند صفتی ماتریس (کو) واریانس ژنتیکی (Vg) و محیطی (Ve) متقارن با ابعاد ۲ تشکیل شده و با استفاده از تجزیه چالسی، ماتریس‌های مثلثی تحتانی Lg و Le محاسبه می‌شود، بطوریکه  $LgL'g=Vg$  و  $LeL'e=Ve$  باشد. از حاصلضرب این ماتریس‌ها در بردار اعداد تصادفی نرمال با میانگین صفر و واریانس یک (w)، ارزش‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی برای چند صفت ایجاد می‌شود. ارزش فنوتیپی هر صفت از مجموع مقادیر ارزش‌های ژنتیکی افزایشی و محیطی آن صفت حاصل خواهد شد. این حیوانات بر مبنای بالاترین ارزش اصلاحی انتخاب می‌شوند. از آمیزش حیوانات نر و ماده انتخاب شده، جمعیت نتاج نسل بعد حاصل شده که ارزش‌های اصلاحی آنها از رابطه زیر پیش بینی شد:

$$bv_0 = 0.5(bv_p) + \{0.5(1 - 0.5(f_s + f_d))\}0.5(L_g * w)$$

در این رابطه،  $bv_p$ ،  $f_s$ ،  $f_d$ ،  $L_g$  و w به ترتیب بردار ارزش‌های اصلاحی نتاج، بردار مجموع ارزش‌های اصلاحی پدر و مادر، ضریب همخونی پدر، ضریب همخونی مادر، ماتریس مثلثی تحتانی ژنتیکی افزایشی و بردار عدد تصادفی نرمال استاندارد می‌باشند. ارزش محیطی جمعیت نتاج نسل بعد نیز همانند جمعیت پایه شبیه‌سازی شد. با انجام این عملیات برای مدت ۱۰ سال کلیه مراحل، اطلاعات شجره و عملکرد حیوانات حاصل شده برای جمعیت در یک فایل ذخیره شد. این فایل‌ها حاوی مقادیر مربوط به شماره حیوان، شماره پدر، شماره مادر، ارزش فنوتیپی، ارزش اصلاحی شبیه‌سازی شده (واقعی) و ارزش محیطی بودند. در هر یک از دو فایل داده شبیه‌سازی شده ۰، ۱۰، ... تا ۱۰۰ درصد شجره

پدر معنی‌دار نبود (عباسی و همکاران ۲۰۱۱). در تحقیق عباسی و همکاران (۲۰۱۱) تاثیر نقصان شجره پدر بر پارامترهای ژنتیکی یک صفت بررسی شده است. اما در عمل چند صفت مهم اقتصادی در اصلاح نژاد گوسفند مد نظر می‌باشند که این صفات با یکدیگر همبسته بوده و نقصان شجره پدر بر همبستگی‌های ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی و همچنین مولفه‌های واریانس و پارامترهای ژنتیکی و دقت انتخاب آنها تاثیر دارد که این تاثیر ممکن است متفاوت از حالت تک صفتی باشد. لذا هدف تحقیق حاضر بررسی تاثیر درصدهای مختلف نقصان شجره و روش ایجاد نقصان (تصادفی و متوالی) بر برآورد مولفه‌های (کو) واریانس و پارامترهای ژنتیکی دو صفت وابسته و صحت انتخاب آنها می‌باشد.

#### مواد و روش‌ها

برای بررسی تأثیر درصدهای مختلف نقصان شجره پدر بر برآورد پارامترهای ژنتیکی، مولفه‌های (کو) واریانس و صحت انتخاب، یک جمعیت اصلاح نژادی با روش شبیه‌سازی دو صفتی ایجاد شد. صفت وزن از شیرگیری با میانگین ۲۲/۳۹ کیلوگرم، واریانس ژنتیکی افزایشی ۱/۷۲۵، واریانس محیطی ۹/۷۷۵، واریانس فنوتیپی ۱۱/۵ و وراثت‌پذیری ۰/۱۵ و صفت افزایش وزن روزانه با میانگین ۱۹۰ گرم، واریانس ژنتیکی افزایشی ۱۰۷۸/۲، واریانس محیطی ۲۵۱۵/۸، واریانس فنوتیپی ۳۵۹۴ و وراثت‌پذیری ۰/۳ در نظر گرفته شدند. آمیزش قوچ و میش‌های انتخاب شده در هر دو جمعیت تصادفی بوده و حداکثر سن نگهداری قوچ و میش در جمعیت به ترتیب ۳ و ۶ سال بود. نسبت حیوانات ماده به نر ۱۵ و طول مدت پرورش آنها ۱۰ سال در نظر گرفته شد. در برنامه شبیه‌سازی شده ساختار نسلی متداخل و برنامه اصلاح نژاد نر مرجع برای جمعیت اصلاح نژادی فرضی طراحی شد (عباسی ۲۰۰۵). برای کدنویسی برنامه شبیه‌سازی از

شماره پدر، شماره مادر، ارزش فنوتیپی صفت وزن از شیرگیری و ارزش فنوتیپی صفت سرعت رشد روزانه بود. در روش حذف تصادفی با حذف ۱۰ درصد شماره پدر، تعداد پدر نامعلوم از ۲۷۵۰ به ۴۴۹۰ و در حذف مثلاً ۸۰ درصد تعداد پدر نامعلوم به ۱۶۹۷۳ افزایش یافت. با وجود متفاوت بودن شیوه حذف شماره‌های پدر در فایل شجره، تعداد پدرهای نامعلوم در دو حالت حذف تصادفی و متوالی تقریباً مشابه بود.

#### مولفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری

مقادیر واریانس ژنتیکی افزایشی، واریانس محیطی، واریانس فنوتیپی، وراثت‌پذیری و صحت انتخاب برای دو صفت وزن از شیرگیری و سرعت رشد روزانه گوسفند و همچنین همبستگی‌های ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین دو صفت برای دو حالت حذف تصادفی و متوالی شجره پدر به ترتیب در جداول ۲ و ۳ ارائه شده است.

پدر با دو روش تصادفی و متوالی حذف شدند. در روش متوالی در هر بار ۱۰، ۲۰، ..... و ۱۰۰ درصد شماره پدرها به ترتیب از ابتدای فایل (نسل صفر) تا انتها حذف شده و فایل مربوط به هر درصد حذف شماره پدر، ذخیره گردید. در روش تصادفی با برنامه‌نویسی در محیط ویژوال بیسیک با استفاده از تابع RND، درصدهای مختلف از شماره پدر بطور تصادفی از کل فایل حذف شد. این حالت شبیه مواقعی است که در گله‌های گوسفند با جفت‌گیری های ناخواسته امکان ثبت شماره پدر وجود ندارد. نهایتاً فایل‌های داده حاصل با مدل حیوان دو صفتی و توسط نرم افزار DFREML نسخه ۳/۱ تجزیه و تحلیل شدند (میر ۲۰۰۰). مدل آماری مورد استفاده در فرم ماتریس بصورت زیر می‌باشد:

$$y_i = X_i b + Z_{ia} + e_i$$

در این مدل؛  $y$  بردار مشاهدات  $i$  امین صفت،  $b$  بردار مجهول اثر ثابت میانگین،  $a$  بردار مجهول اثرات ژنتیکی افزایشی (مستقیم)، بردار مجهول اثرات محیطی (باقیمانده)،  $X$  و  $Z$  ماتریس‌های طرح هستند که داده را به ترتیب به اثرات ثابت و ژنتیکی افزایشی مستقیم  $i$  امین صفت مربوط می‌کنند.

همچنین، صحت ارزیابی از طریق همبستگی بین ارزش-های اصلاحی پیش‌بینی‌شده و واقعی ( $r_{\hat{A}, A}$ ) محاسبه شد. برنامه شبیه‌سازی ۱۰ بار تکرار گردید و میانگین و انحراف معیار تکرارهای مختلف محاسبه و پارامترهای مورد مطالعه در بین درصدهای مختلف حذف با آزمون  $t$  مقایسه شد.

#### نتایج و بحث

##### ایجاد فایل‌های داده

با اجرای برنامه شبیه‌سازی فایل داده با حدود ۲۰۶۲۸ حیوان با ۲۷۵۰ حیوان پایه ( دارای شماره پدر و مادر صفر) ایجاد شد (جدول ۱). این فایل شامل شماره حیوان،



جدول ۲- مولفه‌های واریانس، وراثت‌پذیری، صحت انتخاب و همبستگی‌های ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی در حالت حذف تصادفی شماره پدر

Table 2- Variance components, heritability, accuracy, and correlation (genetic, environment, and phenotype) in random exclusion of father's ID

	$\sigma^2_{a_1}$	$\sigma^2_{e_1}$	$\sigma^2_{p_1}$	$h_1^2 \pm SE$	$r_{A,A(1)}$	$\sigma^2_{a_2}$	$\sigma^2_{e_2}$	$\sigma^2_{p_2}$	$h_2^2 \pm SE$	$r_{A,A(2)}$	$r_g \pm SE$	$r_e \pm SE$	$r_p$
Base population	1.725	9.775	11.5	0.15	-	1078.2	2515.8	3594	0.3	-	0.5	0.5	0.5
0	2.054	10.396	12.450	0.165±0.012	0.767	1243.4	1796.8	2777.2	0.460±0.015	0.933	0.598±0.026	0.633±0.008	0.590
10	1.579	10.769	12.430	0.128±0.011	0.679	638.9	1981.9	2620.8	0.244±0.013	0.881	0.40±0.04	0.635±0.007	0.587
20	1.509	10.836	12.345	0.122±0.010	0.595	529.1	2076.6	2605.7	0.203±0.012	0.834	0.33±0.04	0.639±0.006	0.587
30	1.474	10.862	12.335	0.119±0.010	0.556	477.4	2123.0	2600.3	0.184±0.011	0.794	0.30±0.05	0.639±0.011	0.587
40	1.533	10.813	12.346	0.124±0.011	0.552	472.7	2132.4	2605.1	0.181±0.011	0.758	0.30±0.05	0.639±0.007	0.587
50	1.370	10.980	12.349	0.111±0.011	0.482	461.1	2147.3	2608.4	0.177±0.011	0.721	0.28±0.05	0.639±0.007	0.586
60	1.368	10.986	12.354	0.111±0.011	0.437	432.7	2178.0	2610.6	0.166±0.012	0.690	0.26±0.06	0.642±0.007	0.589
70	1.509	10.835	12.344	0.122±0.012	0.478	533.6	2074.1	2607.7	0.205±0.012	0.678	0.36±0.05	0.635±0.007	0.587
80	1.454	10.895	12.349	0.118±0.012	0.433	536.1	2079.9	2616.0	0.205±0.013	0.646	0.30±0.05	0.646±0.007	0.587
90	1.710	10.640	12.350	0.138±0.013	0.463	688.5	1937.5	2626.0	0.262±0.015	0.634	0.41±0.04	0.638±0.008	0.587
100	2.050	10.330	12.374	0.166±0.015	0.493	712.7	1845.6	2558.3	0.278±0.018	0.614	0.45±0.03	0.638±0.010	0.587

$\sigma^2_{a_2}$ : Genetic additive variance of daily gain:

$\sigma^2_{a_1}$ : Genetic additive variance of weaning weight:

$\sigma^2_{e_1}$ : Error variance of weaning weight :  $\sigma^2_{e_2}$

: Error variance of daily gain :

$\sigma^2_{p_1}$ : Phenotypic variance of weaning weight :  $\sigma^2_{p_2}$

: Phenotypic variance of daily gain:

$h_1^2 \pm SE$ : Heritability and error standard of weaning weight :  $h_2^2 \pm SE$

: Heritability and error standard of daily gain:

$r_{A,A(1)}$ : Correlation between estimated and true breeding values of weaning weight :  $r_{A,A(2)}$

: Correlation between estimated and true breeding values of daily gain:

$r_g$ : Genetic correlation between two traits :  $r_e$

: Environmental correlation between two traits :  $r_p$

: Phenotypic correlation between two traits:

جدول ۳- مولفه‌های واریانس، وراثت‌پذیری، صحت انتخاب و همبستگی‌های ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی در حالت حذف متوالی شماره پدر

Table 3- Variance components, heritability, accuracy, and correlation (genetic, environment, and phenotype) in consecutive exclusion of father's ID

	$\sigma_{a_1}^2$	$\sigma_{e_1}^2$	$\sigma_{p_1}^2$	$h_1^2 \pm SE$	$\sigma_{a_2}^2$	$\sigma_{e_2}^2$	$\sigma_{p_2}^2$	$h_2^2 \pm SE$	$r_{A,A(1)}$	$r_{A,A(2)}$	$r_e \pm SE$	$r_g \pm SE$	$r_p$
Base population	1.725	9.775	11.5	0.15	1078.2	2515.8	3594	0.3	-	-	0.5	0.5	0.5
0	2.054	10.396	12.450	0.165±0.012	1243.4	1796.8	2777.2	0.460±0.015	0.767	0.933	0.633±0.008	0.598±0.026	0.590
10	2.173	10.297	12.470	0.174±0.012	1285.4	1481.4	2766.8	0.465±0.015	0.762	0.929	0.630±0.008	0.603±0.025	0.591
20	2.118	10.319	12.436	0.170±0.012	1217.0	1519.4	2736.4	0.445±0.015	0.753	0.921	0.634±0.008	0.576±0.027	0.589
30	2.078	10.331	12.409	0.167±0.012	1140.8	1568.4	2709.2	0.421±0.015	0.737	0.909	0.640±0.008	0.540±0.029	0.588
40	2.115	10.290	12.406	0.170±0.013	1122.5	1579.3	2701.8	0.415±0.015	0.720	0.891	0.643±0.008	0.520±0.030	0.586
50	2.250	10.150	12.400	0.182±0.013	1118.8	1577.5	2696.3	0.414±0.016	0.698	0.868	0.633±0.010	0.540±0.030	0.586
60	2.005	10.371	12.376	0.162±0.013	1010.2	1666.4	2676.6	0.377±0.016	0.653	0.833	0.643±0.009	0.492±0.033	0.586
70	2.090	10.284	12.374	0.170±0.013	1028.1	1650.0	2678.1	0.384±0.016	0.609	0.791	0.639±0.009	0.508±0.032	0.587
80	2.015	10.358	12.373	0.162±0.014	972.8	1693.4	2666.2	0.365±0.016	0.547	0.730	0.643±0.009	0.483±0.034	0.586
90	2.058	10.316	12.374	0.166±0.014	1043.7	1621.3	2666.8	0.391±0.017	0.534	0.678	0.633±0.010	0.532±0.033	0.587
100	2.050	10.330	12.276	0.166±0.015	1129.7	1545.6	2678.3	0.422±0.018	0.493	0.614	0.638±0.010	0.450±0.033	0.587

The signs and symptoms are similar to Table 2

حذف متوالی بسیار کم بود و برخلاف روش حذف تصادفی، فقط برای درصدهای حذف ۵۰ تا ۹۰ کاهش این دو پارامتر معنی‌دار بود ( $P < 0/05$ ) نتایج حاصل برای تغییرات مولفه‌های واریانس و وراثت‌پذیری صفت وزن شیرگیری در حالت حذف متوالی شجره پدر با نتایج تجزیه و تحلیل یک صفتی با وراثت‌پذیری ۰/۱۵ در تحقیق عباسی و همکاران (۲۰۱۱) مطابقت دارد. بطورکلی در روش حذف متوالی نسبت به حذف تصادفی شجره پدر مقادیر وراثت‌پذیری صفات بالاتر از مقادیر جامعه پایه (شبیه‌سازی‌شده) برآورد شد و روند کاهش آن با افزایش میزان نقصان شجره، ملایم‌تر از روش حذف تصادفی بود.

کاهش واریانس ژنتیکی افزایشی صفات و تغییرات واریانس‌های محیطی و فنوتیپی در تحقیق حاضر مطابق با یافته هاردر و همکاران (۲۰۰۵) در بررسی اثر اطلاعات پدری گم شده بر ارزیابی ژنتیکی گاوشیری با استفاده از شبیه‌سازی تصادفی می‌باشد. در روش حذف تصادفی، تغییرات واریانس‌ها منجر به کاهش وراثت‌پذیری در حالت ۰ تا ۸۰ درصد حذف شجره پدر شد. در درصد حذف ۹۰ و ۱۰۰ وراثت‌پذیری به مقدار جزئی افزایش یافت. تغییرات نسبت به درصد حذف صفر و جامعه پایه معنی‌دار بود ( $P < 0/05$ ) کاهش وراثت‌پذیری تا درصد حذف ۸۰ با نتایج زوالد و همکاران (۲۰۰۵) و کلمنت و همکاران (۲۰۰۱) که در آنها کاهش‌ها معنی‌دار بودند مطابقت دارد. افزایش مقادیر در درصدهای حذف انتهایی خلاف انتظار بوده و از روند تغییرات وراثت‌پذیری برحسب افزایش درصد حذف تبعیت نکرد. کلمنت و همکاران (۲۰۰۱) گزارش کردند نامعلوم بودن تمام پدران حتی می‌تواند پارامترها را غیرقابل برآورد سازد.

در حالت حذف تصادفی شجره پدر، واریانس فنوتیپی صفت وزن از شیرگیری در سطوح مختلف نقصان شجره تقریباً ثابت بود. واریانس ژنتیکی افزایشی کاهش یافته و تغییرات واریانس محیطی در جهت مخالف واریانس ژنتیکی افزایشی بود. تغییرات حاصل در مولفه‌های واریانس به کاهش معنی‌دار وراثت‌پذیری منجر شد ( $P < 0/05$ ) این نتایج تقریباً مغایر با نتایج روش حذف تصادفی در تجزیه و تحلیل یک صفتی با وراثت‌پذیری ۰/۱۵، که در آن کاهش وراثت‌پذیری معنی‌دار نبود می‌باشد (عباسی و همکاران ۲۰۱۱). اشتباه معیار وراثت-پذیری در درصدهای حذف پایانی و با افزایش میزان نقصان شجره پدر اندکی افزایش یافت. برای صفت افزایش وزن روزانه نیز واریانس فنوتیپی در درصدهای مختلف شماره پدر تقریباً ثابت بود. واریانس ژنتیکی افزایشی بطور قابل‌توجهی کاهش یافت و تغییرات واریانس محیطی در جهت مخالف واریانس ژنتیکی افزایشی بود. براساس نحوه تغییرات مولفه‌های واریانس صفت افزایش وزن روزانه، مقدار وراثت‌پذیری کاهش معنی‌دار نشان داد ( $P < 0/05$ ) در شجره فاقد شماره پدر (درصد حذف ۱۰۰) مقدار وراثت‌پذیری اندکی افزایش نشان داد. روند تغییرات وراثت‌پذیری دو صفت تقریباً مشابه هم بود.

در حالت حذف متوالی شجره پدر نیز واریانس فنوتیپی صفت وزن شیرگیری و سرعت رشد روزانه با افزایش میزان نقصان شجره تقریباً ثابت بود. اما مقادیر برآورد شده برای هر دو صفت نسبت به مقادیر مورد استفاده در شبیه‌سازی جامعه پایه بالاتر بود که علت آن می‌تواند کوچک بودن حجم جمعیت شبیه‌سازی‌شده باشد. با افزایش حجم نمونه مقادیر برآوردشده به مقادیر واقعی نزدیک می‌شود. کاهش واریانس ژنتیکی افزایشی و وراثت‌پذیری با افزایش میزان نقصان شجره پدر در حالت

## صحت انتخاب

همبستگی بین ارزش اصلاحی واقعی و برآورد شده در شجره کامل برای صفت وزن شیرگیری  $0/767$  و برای صفت افزایش وزن روزانه  $0/933$  برآورد شد که با مقادیر  $0/71$  برای صفت با وراثت‌پذیری  $0/1$  و  $0/91$  برای صفت با وراثت‌پذیری  $0/25$  در تحقیق هاردر و همکاران (۲۰۰۵) مطابقت دارد. این نتیجه نشان می‌دهد که با افزایش وراثت‌پذیری صفت مقدار صحت انتخاب افزایش می‌یابد. اگر وراثت‌پذیری صفت بالا و حجم داده‌های شبیه‌سازی شده بیشتر باشد مقدار صحت انتخاب در شجره کامل به ۱ نزدیکتر خواهد شد. با افزایش میزان نقصان شجره پدر از ۰ تا ۱۰۰ درصد، میزان صحت انتخاب برای صفت وزن شیرگیری از  $0/767$  به  $0/493$  و برای صفت افزایش وزن روزانه از  $0/933$  به  $0/614$  تقلیل یافت. این پارامتر در تحقیق هاردر و همکاران (۲۰۰۵) از  $0/71$  به  $0/61$  (۴۰ درصد حذف شجره پدر) برای صفت با وراثت‌پذیری  $0/1$  و از  $0/91$  به  $0/87$  برای صفت با وراثت‌پذیری  $0/25$  کاهش یافت. در تحقیق حاضر دقت انتخاب در درصد حذف ۴۰ برای دو صفت وزن شیرگیری و افزایش وزن روزانه به ترتیب  $0/522$  و  $0/759$  در روش حذف تصادفی و  $0/720$  و  $0/891$  در روش حذف متوالی بود که با یافته‌های هاردر و همکاران (۲۰۰۵) مطابقت دارد.

مقادیر حاصل شده برای صحت انتخاب مشابه نتایج به دست آمده در روش حذف تصادفی در حالت شبیه‌سازی یک صفتی با وراثت‌پذیری  $0/15$  بود. اما از مقادیر به دست آمده برای صفت با وراثت‌پذیری  $0/3$  کمتر بود که علت آن رابطه مستقیم صحت انتخاب با وراثت‌پذیری می‌باشد (عباسی و همکاران، ۲۰۱۱). اگر چه دامنه تغییرات صحت انتخاب برای دو صفت در هر دو روش حذف تصادفی و متوالی شجره پدر یکسان است، اما سرعت

کاهش آن به موازات افزایش میزان نقصان شجره در روش حذف تصادفی بیشتر از روش حذف متوالی است. برای مثال در حالتی که فقط ۵۰ درصد شجره پدر حذف شده است، میزان صحت انتخاب برای صفت وزن شیرگیری در روش حذف تصادفی و متوالی به ترتیب  $0/482$  و  $0/698$  و برای صفت افزایش وزن روزانه به ترتیب  $0/721$  و  $0/868$  برآورد شد. این نتایج نشان می‌دهد که روش حذف شجره پدر بر میزان صحت انتخاب موثر است و بطورکلی حذف کامل شجره پدر نسبت به شجره کامل سبب کاهش صحت انتخاب به میزان حدود ۳۰ درصد برای هر دو صفت شد.

## همبستگی ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی

برآوردهای همبستگی‌های ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی بین دو صفت برای درصدهای مختلف پدر نامعلوم در حالت حذف تصادفی (جدول ۲) و متوالی (جدول ۳) نشان می‌دهد که در روش حذف تصادفی شماره پدر، همبستگی‌های فنوتیپی و محیطی بین دو صفت وزن شیرگیری و افزایش وزن روزانه تقریباً ثابت و نزدیک به مقادیر شبیه‌سازی شده برای ایجاد جامعه پایه بود. همبستگی ژنتیکی برآورد شده در سطوح مختلف نقصان شجره پدر در روش حذف تصادفی کمتر از پارامتر جامعه پایه ( $0/5$ ) و در روش حذف متوالی عموماً بالاتر و یا نزدیک به آن بود. نحوه تغییرات همبستگی‌های فنوتیپی و محیطی در روش حذف متوالی شماره پدرها مشابه روش حذف تصادفی بود.

مقدار همبستگی ژنتیکی بین دو صفت با افزایش میزان نقصان شجره پدر در روش حذف تصادفی کاهش معنی‌دار نشان داد ( $P < 0/05$ ) اما در روش حذف متوالی فقط برای درصد حذف ۶۰ و ۸۰ معنی‌دار بود ( $P < 0/05$ ) در هر دو روش حذف تصادفی و متوالی شجره پدر، این پارامتر از  $0/598$  در شجره کامل به  $0/45$  در شجره فاقد

ژنتیکی صفات و صحت انتخاب می‌شود. با افزایش میزان اطلاعات گمشده پدري مقادير واريانس ژنتيكي افزايشي، وراثت‌پذيري و صحت انتخاب کاهش و واريانس محيطي افزايش يافت. واريانس‌هاي فنوتیپی و همبستگی‌های فنوتیپی و محیطی کمتر تحت تاثیر میزان نقصان شجره پدر قرار گرفتند. تاثیر میزان اطلاعات پدري نامعلوم در روش حذف تصادفی بیشتر از حذف متوالی بود و این تاثیر به وراثت‌پذيري واقعي صفت در جامعه (مقدار مفروض در شبیه‌سازی جامعه پایه) و ساختار داده‌های شبیه‌سازی شده یک و دوصفتی نیز بستگی دارد. کاهش قابل‌توجه صحت انتخاب که رابطه مستقیم با پیشرفت ژنتیکی صفات دارد، ایجاب می‌کند با توسعه تلقیح مصنوعی و طراحی جفت‌گیری‌های کنترل شده، شجره پدر حتی‌الامکان بطور کامل و صحیح ثبت گردد.

شماره پدر کاهش یافت. در روش حذف متوالی شجره پدر شیب کاهش همبستگی ژنتیکی میان دو صفت ملایم و یکنواخت بود. اما در روش حذف تصادفی مقدار این پارامتر در درصد حذف ۶۰ به ۰/۲۶ رسید که کمتر از مقدار ۰/۴۵ در شجره فاقد شماره پدر بود. افزایش مجدد همبستگی ژنتیکی بین دو صفت از درصد حذف ۶۰ تا ۱۰۰ در روش حذف تصادفی مطابق انتظار نبود.

در هر دو روش حذف تصادفی و متوالی مقادير اشتباه معيار برآوردهای همبستگی ژنتیکی بین دو صفت با افزایش میزان نقصان شجره افزایش نشان داد. یعنی با زیاد شدن میزان نقصان شجره، دقت برآورد همبستگی ژنتیکی بین دو صفت کاهش می‌یابد.

#### نتیجه‌گیری

شجره نامعلوم سبب تشکیل ماتریس روابط خویشاوندی ناصحیح و برآورد اریب مولفه‌های واریانس، پارامترهای

#### منابع مورد استفاده

- Abbasie MA, 2005. Determination of the Baluchi sheep breeding strategy in concentrated condition. PhD thesis, University of Tarbiat Modares (In Persian).
- Abbasie MA, Aghaei A, Eskandari Nasab MP and Jalali Zenos MJ, 2011. The effect of pedigree structure on estimation of variance components and genetic parameters of a quantitative trait in sheep. Iranian Journal of Animal Science 89: 30-37
- Cantet RJC , Birchmeier AN, Santos-Cristal MG, De Avila VS, 2000. Comparison of restricted maximum likelihood and Method R for estimating heritability and predicting breeding value under selection. J Anim Sci 78 : 2554-2560
- Clement V, Bibe B, Verrier E, Elsen JM, Manfredi E, Bouix J and Hanocq E, 2001. Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure on the estimation of genetic parameters for traits with direct and maternal effects. Genet Sel Evol 33:369-395.
- Dong MC, Van Vleck LD and Wiggans GR, 1988. Effect of relationships on estimation of variance components with an animal model and restricted maximum likelihood. J Dairy Sci 71 (1988), 3047-3052.
- Harder B, Bennewitz J, Reinsch N, Mayer M and Kalm E, 2005 . Effect of missing sire information on genetic evaluation. Arch. Tierz, Dummerstorf 48 : 219-232.
- Israel C and Weller JI, 2000 . Effect of misidentification on genetic gain and estimation of breeding value in dairy cattle populations. J Dairy Sci 83: 181-187.
- Meyer K, 2001 . Programs to estimate variance components for individual animal models by restricted maximum likelihood (REML) ver. 3.1.0. User notes. Institute of Animal Science, Armidale. Australia.

- Sanders K, Bennewitz J and Kalm E, 2006 . Wrong and missing sire information affects genetic gain in the Angeln dairy cattle population. *J Dairy Sci* 89:315–321.
- Senneke SL, MacNeil MD and Van Vleck LD, 2004. Effects of sire misidentification on estimates of genetic parameters for birth and weaning weights in Hereford cattle. *J Anim Sci* 82:2307–2312.
- Vatankhah M, Moradi Share Babak M, Nejati Javaremi A, Mirai Ashtiani R and Vaez Torshizi R, 2005. A review of sheep breeding in Iran. First Iranian Congress of Animal Sciences (In Persian).
- Zwald NR, Weigel KA and Lawlor TJ, 2005. Genetic parameters for conformation traits in herds that differ in mean final score and completeness of pedigree and performance data. *J Dairy Sci* 88:386–391.

## The effect of missed sire pedigree on genetic parameters and accuracy of selection of two related quantitative traits using computer simulation

MA Abbasi<sup>1\*</sup>

Received: July 20, 2016 Accepted: February 3, 2018

<sup>1</sup>Associate Professor of Institute of Animal Science Research, Iran

\*Corresponding author: Email: pmaz\_abbasi@yahoo.com

**Introduction:** According to the FAO in 2017, Iran, with 40 million head of sheep and 291200 ton sheep meat, is the eighth country in the world of sheep production (<http://www.fao.org/faostat/en/#data>). One of the most important factors influencing accuracy of the estimated breeding value is complete sire pedigree information. Registration of father's number in sheep flocks of Iran is a big problem, through not having any program for the control of mating program and artificial insemination. Therefore, the information of sire pedigree is not complete in sheep flocks. Incomplete pedigree causes incorrect relationship matrix and reduces accuracy of the selection and estimation of the genetic parameters of the traits and increases errors in the estimates (Clement et al., 2001). So, the existence of false and missing father's information reduces genetic gain that this decrease in traits with low heritability have steeper slope. Imperfect sires pedigree data increase standard deviation between different repetitions of estimating variance components and cause bias estimation of genetic and phenotypic parameters (Sanders et al., 2006). Therefore, increase of unknown father's will be decreased direct and maternal heritability and breeding value, but the phenotypic variance will not be affected (Senneke et al., 2004). The estimation of heritability in complete and unbiased pedigree is similar to its actual value. But, random excluding of 50% of father's ID led to bias estimation of heritability. If 50% of parent's ID removed from pedigree, the estimation of heritability will be incorrect (Cantet et al., 2000). Generally, incomplete pedigree increases the standard error of estimations (Dong et al., 1988). Comparing random and consecutive exclusion pedigree methods (consecutive From zero to the last generation) for a trait with heritability of 0.15 showed random exclusion method led to a slight reduction in genetic variation, which consequently declined estimation of heritability. But for other trait with heritability of 0.30 different estimation of variance components led to significant decrease in estimation of heritability. In the consecutive exclusion method, the reduction of heritability was not significant with an increase missing in pedigree of sires (Abbasi et al., 2011). Our objective in this study was investigation of influence of incomplete sire's pedigree on estimation of (co) variance components, genetic parameters and accuracy.

**Material and methods:** In this study we simulated a population with weaning weight (WW) and average daily gain (ADG) records. Heritability for weaning weight (WW) and average daily gain (ADG) were 0.15 and 0.30 respectively and genetic, environmental and phenotypic correlation for two traits were 0.5. Average of weaning weight was 22.29 kg, genetic variance was 1.7525, environmental variance was 9.759, phenotypic variance was 11.5, and heritability was 0.15. The average amount of genetic variance, environmental variance, and phenotypic variance for daily weight gain were 190 g, 1078.2, 2515.8, 3594, respectively and heritability was 0.3. The pedigree file and performance data were included of animal ID, father and mother ID, phenotypic variance, breeding value, and environmental effects for two traits. Visual Basic 6 program was used for simulation. Mating was random in both populations and the maximum maintenance age of sire and dam was 3 and 6 years, respectively. The ratio of female to male was 15:1. In the generated data file, the sire numbers were

eliminated as random and sequential with proportions 0 to 100 percent. The resulted data file were analyzed based on two traits animal model. The accuracy of selection calculated from correlation between actual and predicted breeding values.

**Results and discussion:** The simulation of data file consist of 20625 head of sheep and base population was 2075 head in this study. Data file included animal ID, sire ID, dam ID, phenotypic value for weaning weight and daily weight gain. Random 10% deletion of father's ID increased unknown fathers from 2750 to 4490, while unknown fathers for random 80% deletion was equal to 16973. In random and consecutive deletion method, phenotypic variances for two traits were slightly constant. The variance of daily weight gain for random deletion in different levels was stable. But the genetic variances were decreased and the environmental variances were slightly increased. The heritabilities of two traits were significantly ( $P < 0.05$ ) reduced in random deletion method. These results were almost contrary to the results of the randomization method in analysis of a trait with heritability of 0.15, in which the reduction of heritability was not significant (Abbasi et al., 2011). Standard error of heritability in final removal percentage with increase in defect of father's ID slightly increased. In randomization method, variation of variance components led to decrease estimated heritability in 0-80% exclusion of father's ID. In exclusion of father's ID estimated heritability slightly increased by 90 and 100 percent, which were significant compared with base population ( $P < 0.05$ ). The reduction of genetic variances and heritabilities with increasing in deletion proportion of sire pedigree were only significant ( $P < 0.05$ ) for 50 to 90 percent of sire pedigree sequential deletion. The accuracy of selection were reduced from 0.767 to 0.493 and 0.933 to 0.614 for WW and ADG, respectively. Genetic correlations were reduced with increasing in missing proportion of sire number in random deletion method. But in sequential deletion method, the reductions of genetic correlations were only significant for the proportions of 60 and 80 percent in deletion of sire ID.

**Conclusion:** Incomplete pedigree generates incorrect relationship matrix and bias in the estimation of variance components, genetic parameters of traits and the accuracy of selection. so that, the percentage of father's ID deletion had a slight influence on phenotypic variance, phenotypic, and environmental correlation. The effect of random deletion of father's ID on pedigree information had more influence than consecutive deletion method; then, this effect depends on the actual heritability, kind of traits, and the structure of simulated data. Generally, genetic variances, heritabilities, the accuracy of selection and genetic correlation between two traits were reduced with increasing the proportional deletion of sire number. The reduction of accuracy associated with genetic progress of traits; then, it is necessary to develop artificial insemination and others control mating method in order to record father's ID.

**Keywords:** Computer simulation, Genetic parameters, Missed sire pedigree