



اصلاح دام به زبان ساده

فهرست

فصل اول: مروری بر علم اصلاح دام	۱۵
۱-۱. مقدمه	۱۵
۲-۱. بررسی عوامل موثر بر عملکرد در واحدهای دامپروری	۱۶
۳-۱. ساختار اصلاح نژاد در دامپروری‌های صنعتی	۱۷
۴-۱. مدلهای ژنتیک کمی	۱۹
۵-۱. اثر متقابل ژنوتیپ و محیط	۲۰
۶-۱. پیشرفت ژنتیکی در جامعه	۲۱
۷-۱. انتخاب	۲۳
۸-۱. آمیزش	۲۴
۹-۱. جایگاه اصلاح دام در ایران	۲۵
فصل دوم: مروری بر علم ژنتیک	۲۹
۱-۲. ژنتیک مندلی	۲۹
۲-۲. تفرق ژن‌ها در تقسیم میوز	۳۰
۳-۲. توارث مستقل ژن‌ها	۳۱
۴-۲. پیوستگی ژنتیکی	۳۲
۵-۲. اثر متقابل بین الل‌ها	۳۳
۶-۲. اثر متقابل بین دو ژن (اپیستازی)	۳۵
۷-۲. صفات وابسته به جنس	۳۵
۸-۲. عوارض ژنتیکی در حیوانات	۳۶
فصل سوم: ژنتیک جمعیت	۳۷
۱-۳. مطالعه ژن‌ها در جامعه	۳۷
۲-۳. فرآوانی ژن‌ها و ژنوتیپ‌ها	۳۷
۳-۳. عوامل موثر در تغییر فرآوانی ژنی و ژنوتیپی	۳۹
۴-۳. قانون تعادل ژنتیکی هاردی وینبرگ	۴۱

۴۳	فصل چهارم: آمار در اصلاح دام
۴۳	۱-۴. مقدمه و مفاهیم
۴۴	۲-۴. توزیع آماری نرمال
۴۵	۳-۴. میانگین صفات در جامعه
۴۶	۴-۴. واریانس
۵۰	۵-۴. واریانس و توزیع نرمال
۵۰	۶-۴. کوواریانس
۵۳	۷-۴. همبستگی
۵۴	۸-۴. رگرسیون
۵۵	۹-۴. پیش بینی یک متغیر
۵۷	فصل پنجم: مدل‌های ژنتیک کمی
۵۷	۱-۵. مقدمه و مفاهیم
۵۸	۲-۵. یک مدل ساده برای صفات کمی
۵۸	۳-۵. ارزش ارثی
۶۰	۴-۵. میزان تفاوت در فرزندان
۶۱	۵-۵. اثر افزایشی ژن‌ها
۶۲	۶-۵. اثر ژنوتیپی یا غیر افزایشی ژن‌ها
۶۴	۷-۵. اثر عوامل محیطی دائم و موقت
۶۷	فصل ششم: پارامترهای ژنتیکی
۶۷	۱-۶. مقدمه و مفاهیم
۶۷	۲-۶. وراثت پذیری
۷۱	۳-۶. روش برآورد وراثت پذیری
۷۲	۴-۶. اهمیت وراثت پذیری
۷۳	۵-۶. تکرارپذیری
۷۳	۶-۶. اهمیت تکرارپذیری
۷۴	۷-۶. عوامل موثر در برآورد پارامترهای وراثت پذیری و تکرارپذیری
۷۹	فصل هفتم: پیشرفت ژنتیکی در جامعه
۷۹	۱-۷. مقدمه و مفاهیم
۸۰	۲-۷. دقت پیش بینی ارزش ارثی

۸۰	۳-۷. شدت انتخاب
۸۴	۴-۷. واریانس ژنتیکی
۸۴	۵-۷. فاصله نسل
۸۵	۶-۷. انتخاب بر اساس فنوتیپ
۸۶	۷-۷. انتخاب توأم مولدهای نر و ماده
۸۶	۸-۷. نحوه ارتباط عوامل موثر در پیشرفت ژنتیکی
۸۹	فصل هشتم: پیش بینی ارزش ارثی
۸۹	۱-۸. مقدمه
۹۰	۲-۸. شاخص انتخاب
۹۲	۳-۸. پیش بینی با استفاده از یک منبع اطلاعات فنوتیپی
۹۶	۴-۸. روش شاخص انتخاب و استفاده از داده‌های خویشاوندان مختلف حیوان
۹۸	۵-۸. روش بهترین پیش بینی ناریب خطی
۹۹	۶-۸. ویژگیهای مهم روش بهترین پیش بینی ناریب خطی
۱۰۰	۷-۸. کاربرد ارزش ارثی
۱۰۳	فصل نهم: روش‌های انتخاب
۱۰۳	۱-۹. مقدمه
۱۰۴	۲-۹. انتخاب برای یک یا چند صفت
۱۰۵	۳-۹. انتخاب یک صفت در یک زمان (روش تاندوم)
۱۰۶	۴-۹. انتخاب به روش سطوح حذف مستقل
۱۰۶	۵-۹. روش شاخص انتخاب اقتصادی
۱۰۸	۶-۹. پاسخ انتخاب
۱۱۳	فصل دهم: روش‌های آمیزش
۱۱۳	۱-۱۰. مقدمه
۱۱۴	۲-۱۰. آمیزش برای تولید یک ترکیب ژنی خاص
۱۱۵	۳-۱۰. آمیزش بین حیوانات
۱۱۶	۴-۱۰. آمیزش تصادفی
۱۱۶	۵-۱۰. آمیزش‌های جور
۱۱۷	۶-۱۰. آمیزش بر اساس خویشاوندی

۱۱۹.....	فصل یازدهم: خویشاوندی و هتروزیس
۱۱۹.....	۱-۱۱. خویشاوندی
۱۱۹.....	۲-۱۱. اثر آمیزش خویشاوندی
۱۲۰.....	۳-۱۱. کاهش تولید در اثر آمیزش خویشاوندی
۱۲۱.....	۴-۱۱. روش تعیین میزان آمیزش خویشاوندی
۱۲۳.....	۵-۱۱. محاسبه ضرایب همخونی و خویشاوندی با روش جدولی
۱۲۸.....	۶-۱۱. هتروزیس
۱۳۰.....	۷-۱۱. دورگ گیری
۱۳۳.....	فصل دوازدهم: استفاده از ژنتیک مولکولی در اصلاح دام
۱۳۳.....	۱-۱۲. مقدمه
۱۳۴.....	۲-۱۲. نشانگرها
۱۳۶.....	۳-۱۲. ژنهای اصلی
۱۳۷.....	۴-۱۲. روش‌های تشخیص مکان ژنهای کمی
۱۳۹.....	۵-۱۲. روش‌های تعیین مکان ژنهای کمی
۱۴۰.....	۶-۱۲. انتخاب دامها به کمک نشانگرها
۱۴۱.....	منابع

فصل اول

مروزی بر علم اصلاح دام

۱-۱. مقدمه

علم اصلاح دام مجموعه‌ای از علوم ژنتیک، آمار و زیست‌شناسی است که از آن برای انتخاب بهترین دامها^۱ استفاده می‌شود. البته بهترین دام به این مفهوم نیست که از نظر کلیه صفات دارای این خصوصیت باشد. بهترین دام با توجه به اهداف دامداری و شرایط محیطی موجود دارای ویژگی‌هایی است که با استفاده از روش‌های اصلاح دام، شناسایی، انتخاب و برای تولید نسل آینده استفاده می‌شود. در هر یک از گونه‌های حیوانات، برای تشخیص بهترین دام، تعدادی از خصوصیات ظاهری و یا صفات^۲ اقتصادی مهم داده برداری^۳، مطالعه و بررسی می‌شود. صفت عبارت از یک خصوصیت ظاهری قابل مشاهده یا اندازه‌گیری در هر فرد است. چون اغلب صفات اقتصادی مهم در دامها در ارتباط با تولید و بازدهی آنها است لذا بهترین دامها دارای بیشترین تولید و بازدهی در جامعه مورد نظر هستند. اغلب صفات مربوط به تولید قابل مشاهده^۴ یا اندازه‌گیری^۵ هستند. به صفات قابل مشاهده یا اندازه‌گیری در دامها فنوتیپ^۶ می‌گویند. در اغلب موارد صفات مهم اقتصادی کمی^۷ بوده و قابل اندازه‌گیری در افراد می‌باشند. گروه دیگری از صفات که تحت کنترل یک ژن هستند از لحاظ اقتصادی کمتر اهمیت دارند. از مهمترین صفات

1. Best Animals
2. Traits
3. Recording
4. Observation
5. Measurement
6. Phenotype
7. Quantitative traits

اقتصادی می‌توان تولید شیر، پروتئین و چربی شیر در گاو یا گوسفند و بز شیری، وزن و کیفیت لاشه در گاوهای گوشتی و گوسفند و تعداد و وزن تخم مرغ‌های یک مرغ تخم‌گذار در یک دوره تخم‌گذاری نام برد. تظاهر فنوتیپی صفت کمی تحت کنترل تعدادی ژن است و ترکیب ژنتیکی هر حیوان را اصطلاحاً ژنوتیپ^۱ می‌نامند.

قدمت اصلاح دامها و گیاهان به قبل از کشف اصول علم توارث توسط مندل در سال ۱۸۶۶ میلادی مربوط می‌شود. به عبارت دیگر میتوان ادعا نمود که این علم از زمان اهلی کردن حیوانات شروع شده است. کشاورزان از دانه‌های حاصل از یک مزرعه با تولید زیاد برای کشت سال آینده استفاده می‌کردند و یا دامداران از گاو نری برای آمیزش استفاده می‌کردند که دختران او دارای بیشترین تولید شیر بودند. در طی چند دهه اخیر استفاده از اصول علم توارث و آمار در اصلاح نبات و دام علمی سبب افزایش سرعت پیشرفت ژنتیکی^۲ در گیاهان و دامها شده و جهت گیری تولیدات کشاورزی و دامپروری بر اساس نیازهای جامعه امروز بشری گردید.

۱-۲. بررسی عوامل موثر بر عملکرد در واحدهای دامپروری

مهمترین عوامل موثر بر عملکرد در واحدهای دامپروری عبارت از ژنوتیپ حیوانات، عوامل محیطی^۳، مدیریت^۴ واحدهای دامپروری و عوامل اقتصادی^۵ می‌باشند. در این کتاب در مورد روشهای شناسایی، انتخاب و آمیزش دامها برای تولید نسلهای آینده توضیح داده می‌شود. در واحدهای دامپروری لازم است که علاوه بر اجرای روش‌های عملی اصلاح دام سایر اصول لازم برای پرورش دامها (نظیر تغذیه علمی دامها، رعایت اصول بهداشتی و پیشگیری بیماری‌ها و احداث ساختمان و تاسیسات مناسب) نیز رعایت شود. در حقیقت ضرورت دارد که دامپروران برای دامهای با ظرفیت ژنتیکی زیاد شرایط محیطی مناسب برای پرورش و بروز خصوصیات ژنتیکی آنها تامین نمایند. نوع دام مورد انتخاب به هدف واحد دامپروری و امکانات محیطی و شرایط اقلیمی منطقه بستگی دارد. بعنوان مثال، اگر هدف دامپرور تولید گوشت با کیفیت مناسب باشد که متقاضی برای آن در منطقه نیز کافی باشد، در این حالت در مورد احداث واحد پرورش

1. Genotype
2. Genetic improvement
3. Environmental factors
4. Management
5. Economic effects

گاو گوشتی و یا گوسفند پرواری مطالعه و اقدام می‌نمایند. اگر در منطقه مورد نظر مرتع مناسب برای پرورش گوسفند وجود داشته باشد در مورد ایجاد واحد پرورش گوسفند برای تولید گوشت برنامه ریزی می‌شود. سپس باتوجه به نژادهای گوسفند موجود در منطقه نوع مناسب آن انتخاب می‌شود، به نحوی که دارای قدرت تولید بیشترین مقدار گوشت با کیفیت مناسب باشد. پس از تاسیس واحد دامداری تأمین شرایط محیطی و تغذیه‌ای مناسب با توجه به نیاز نژاد مورد انتخاب لازم و ضروری است.

عوامل محیطی پرورشی شامل کلیه عوامل قابل کنترل (نظیر تغذیه دستی، ساختمان و تاسیسات، بهداشت) و عوامل محیطی غیر قابل کنترل (نظیر وضعیت آب و هوایی، میزان بارندگی و کیفیت مراتع و غیره) می‌باشند. هدف کلی دامپرور باید بر این باشد که تا حد امکان و با توجه به صرفه اقتصادی، عوامل محیطی قابل کنترل را در حد مناسب تأمین نماید تا زمینه برای تظاهر خصوصیات ژنتیکی حیوان فراهم شود.

عامل مدیریت در واحدهای دامداری دارای اهمیت ویژه است، چون با مدیریت علمی و صحیح دامداری، انتخاب دام مناسب و فراهم نمودن محیط پرورشی مطلوب بازده اقتصادی را می‌توان به حد مطلوب افزایش داد. مدیران واحدهای دامداری باید علاوه بر داشتن دانش کافی در زمینه علوم دامی از علوم اقتصاد و بازاریابی محصولات دامی در مدیریت و برنامه ریزی بهره گیری نمایند. در واقع عوامل مذکور مانند حلقه‌های یک زنجیر هستند که یکدیگر را کامل می‌کنند و آن‌ها را نمی‌توان از یکدیگر تفکیک و یا سهم بیشتری برای یک عامل در مقابل بقیه عوامل در نظر گرفت.

۱-۳. ساختار اصلاح نژاد در دامپروری‌های صنعتی

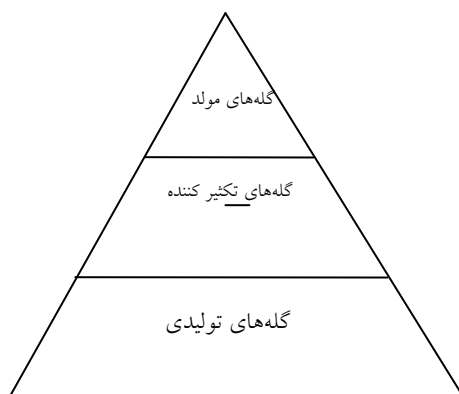
امروزه در کشورهای مختلف برای هر یک از گونه‌های دام مورد استفاده در کشاورزی^۱ یک ساختار اصلاح نژاد برای دامپروری‌های صنعتی^۲ وجود دارد. این ساختار اصلاح نژاد برای هر نژاد در هر جامعه شبیه یک هرم است. چون اصلاح نژاد دام یک فعالیت بلند مدت است و نیاز به جمع آوری اطلاعات و داده برداری در سالهای متوالی می‌باشد لذا تعداد واحدهای دامپروری در یک نژاد خاص در یک کشور و یا منطقه که در زمینه اصلاح نژاد دامها فعالیت دارند محدود است. این واحدهای دامداری را اصطلاحاً گله‌های مولد^۳ می‌نامند. این گله‌ها عمدتاً توسط انجمن‌های

1. Farm Animal
2. Industry structure of animal breeding
3. Breeder

پرورش نژاد^۱ و یا تعاونی‌های دامداری و یا مراکز دولتی و علمی تحقیقاتی مدیریت می‌شوند. هدف اساسی این موسسات تغییرات میانگین صفات از طریق اصلاح ژنتیکی در نژاد مورد نظر در کشور یا منطقه خاص است. این هدف با داده برداری از صفات مختلف و مطالعه علمی آن‌ها ممکن می‌شود. این گله‌های مولد در راس هرم ساختار اصلاح نژاد قرار دارند. انتقال این خصوصیات ژنتیکی مطلوب در اغلب هرمهای اصلاح نژاد از راس هرم به سمت پایین است. به عبارت دیگر در گله‌های مولد که در راس هرم قرار دارند فرآوانی ژن‌های مطلوب بیشتر است که از طریق گله‌های تکثیر کننده^۲ به گله‌های تولیدی^۳ در قسمت‌های پائین هرم منتقل می‌شوند.

گله‌های تکثیر کننده در بخش میانی هرم قرار دارند. در این گله‌ها علاوه بر تولید محصول، ژن‌های مطلوب منتقل شده از طریق گله‌های مولد نیز تکثیر می‌شوند. در حقیقت این گله‌ها دامهای داشتی و یا پرواری مورد نیاز گله‌های تولیدی را تامین می‌کنند. گله‌های تولیدی در پایین ترین سطح هرم قرار دارند و مواد وراثتی را از گله‌های تکثیر کننده دریافت می‌کنند. در این گله‌ها هدف

اساسی تولید محصولات دامی می‌باشد. داده‌های مورد نیاز گله‌های مولد از گله‌های تولیدی که تعداد آن‌ها بسیار بیشتر است تامین می‌شود. در حقیقت انتقال ژن‌های مطلوب از رأس هرم به پایین هرم و انتقال یا جمع آوری داده‌ها از قسمت پائین هرم به سمت بالای آن می‌باشد (شکل ۱-۱).



شکل ۱-۱. هرم ژنتیکی ساختار اصلاح نژاد دامپروری‌های صنعتی

1. Breed association
2. Multipliers
3. Producer

۴-۱. مدل‌های ژنتیک کمی

بر اساس تئوری ژنتیک کمی^۱ فنوتیپ یا مشاهدات مربوط به صفات کمی برابر با مجموع اثر عوامل ژنتیکی^۲ و محیطی^۳ است که با رابطه ساده ریاضی زیر نشان داده می‌شود.

$$P = G + E$$

۱-۱

در این رابطه P عبارت از فنوتیپ، G اثر ژنوتیپ و E اثر عوامل محیطی است. صفات کمی توسط تعداد نامحدودی ژن با اثر بسیار اندک کنترل می‌شوند که به مدل نامحدود معروف است و برای اولین بار توسط فیشر^۵ پدر علم آمار حیاتی امروزی در سال ۱۹۱۸ میلادی مطرح شد. در حقیقت صفات کمی توسط چندین ژن^۴ کنترل می‌شوند که با صفات کیفی که با یک یا چند ژن محدود کنترل می‌شوند متفاوت هستند. چون توارث صفات کیفی تحت کنترل یک یا چند ژن محدود است. لذا نحوه تظاهر آن‌ها با قوانین ژنتیکی مندل قابل بررسی است. ولی برای مطالعه صفات کمی نیاز به استفاده از پارامترهای جامعه و قواعد آماری می‌باشد. در این کتاب ژنتیک مندلی و چگونگی توارث صفات کیفی در فصل دوم ارائه شده است. چگونگی تغییرات صفات کمی در جامعه در فصل سوم ارائه شده که شامل اصول اولیه علم ژنتیک جمعیت است.

رابطه ۱-۱. ساده ترین مدل در ژنتیک کمی است که نشان می‌دهد عملکرد یا فنوتیپ برابر با حاصل جمع اثر ژن‌ها و عوامل محیطی می‌باشد. در این مدل سایر آثار ژنی (نظیر اثر متقابل ال‌ها و ژن‌ها^۶، اثر متقابل ژنوتیپ و محیط و اثر مادری^۷) منظور نشده که در فصل چهارم در مورد آن‌ها توضیح داده شده است.

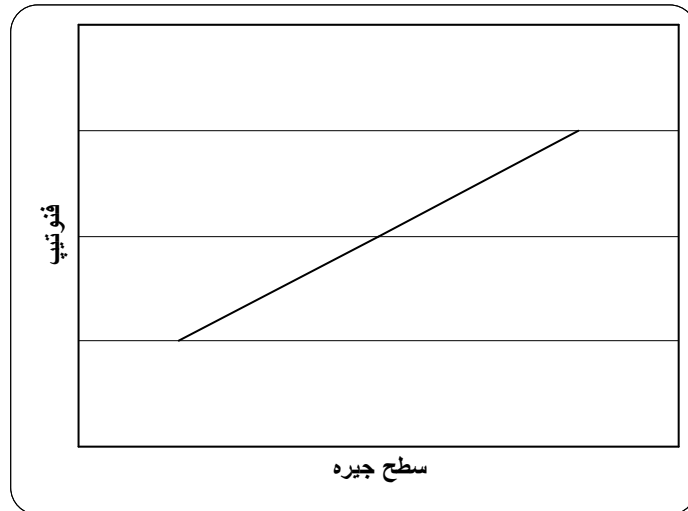
1. Quantitative genetic model
2. Genetic effects
3. Environmental effects
4. Infinitesimal model
5. Fisher (1918)
6. polygenic
7. Gene interaction
8. Maternal effects

۱-۵. اثر متقابل ژنوتیپ و محیط^۱

در طی سالیان متوالی دامهای موجود در یک منطقه با شرایط اقلیمی و عوامل محیطی مربوط به منطقه پرورش خود سازگاری و تطابق^۲ یافته‌اند. بعبارت دیگر در طی این سالها فراوانی ژن‌هایی در جامعه بیشترین مقدار را دارد که سازگاری حیوان با محیط را تامین می‌کند. بعنوان مثال نژاد گاو شیری هلشتاین^۳ دارای بیشترین سازگاری با شرایط اقلیمی معتدل و سرد است، لذا گاوهای این نژاد در شرایط اقلیمی معتدل و سرد دارای تولید مناسب هستند. در ضمن گاوهای نژاد برهما^۴ با شرایط اقلیمی معتدل و گرم سازگار هستند و تولید آنها در این مناطق در حد ظرفیت ژنتیکی آنها می‌باشد. ولی در صورت پرورش هر یک از این دو نژاد در شرایط اقلیمی متضاد آن، کاهش مقدار تولید معنی دار است. پس هر یک از این دو نژاد فقط تنها در شرایط اقلیمی مربوط به خود در حد ظرفیت بالقوه خود تولید می‌نمایند. در شکل ۱-۳ اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در این دو نژاد نشان داده شده است. تلاش متخصصین اصلاح دام بر این است که با شناسایی بهترین دام‌ها از نظر تطابق پذیری با عوامل محیطی تولید آنها را افزایش دهند.

عوامل محیطی مختلف دارای اثرهای متفاوت بر روی ژن‌های یکسان است و سبب بروز فنوتیپ‌های متفاوت در افراد یکسان می‌شود. به عبارت دیگر افراد با ژنوتیپ یکسان در محیط‌های مختلف فنوتیپ‌های متفاوت تولید می‌کنند. عوامل محیطی در واحدهای دامپروری عمدتاً شامل عوامل فیزیکی و اقلیمی، عوامل مدیریتی و تغذیه‌ای و عوامل اقتصادی می‌باشند. بعضی از عوامل محیطی رابطه مستقیم با فنوتیپ‌ها دارند، بعنوان مثال با افزودن مواد مغذی به جیره غذایی دامها در حال رشد و یا پرواری در سطح مورد نیاز غذایی آنها میزان رشد یا اضافه وزن نیز افزایش می‌یابد. شکل ۱-۲ این رابطه مستقیم بین فنوتیپ و محیط را نشان می‌دهد.

-
1. Genetic and environmental interaction
 2. Adaptation
 3. Holstein
 4. Brahma



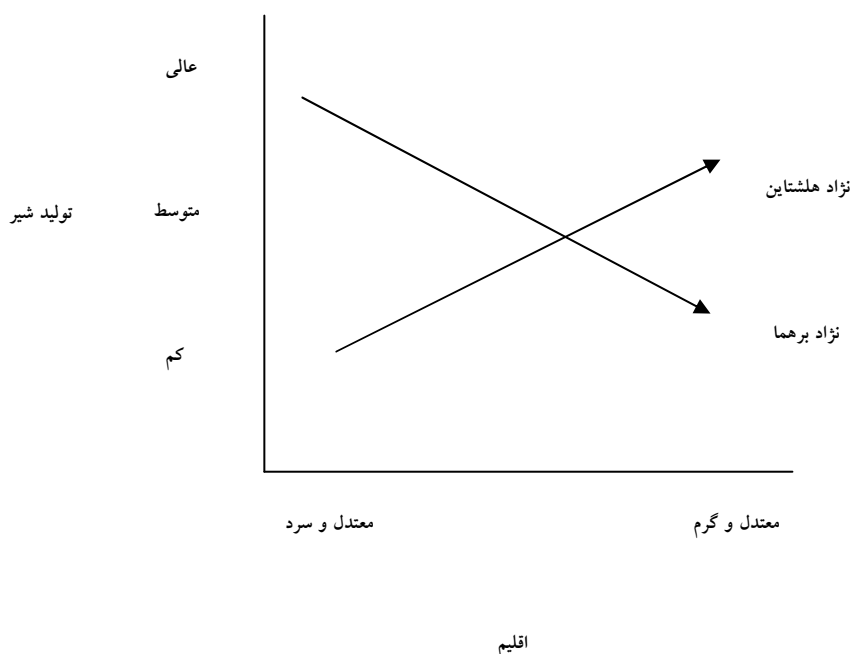
شکل ۱-۲. رابطه مستقیم بین فنوتیپ یا عملکرد و محیط

اثرات متقابل ژنوتیپ و محیط در صفات مختلف یکسان نیست. برای بعضی صفات اثر متقابل ژنوتیپ و محیط زیاد است. لذا برای افزایش تولید این صفات فراهم نمودن شرایط محیطی مناسب ضروری است. ولی برای تعدادی از صفات اثر متقابل ژنوتیپ و محیط ضعیف است. لذا باید بررسی نمود که هزینه نمودن برای تامین شرایط محیطی مناسب برای نژاد مزبور تا چه حد اقتصادی است.

۱-۶. پیشرفت ژنتیکی در جامعه

هدف همه متخصصین اصلاح دام ایجاد پیشرفت ژنتیکی^۱ در جوامع دامی است. در طی چند دهه اخیر استفاده از روشهای اصلاح نژاد در پیشرفت ژنتیکی دامها بسیار موفق بوده است. بعنوان مثال میانگین تولید شیر در گاوهای شیری از حدود ۳۰۰۰ تا ۴۰۰۰ لیتر در ۳۰۵ روز به

1. Genetic improvement



شکل ۱-۳. اثر متقابل ژنوتیپ و محیط

حدود ۸۰۰۰ تا ۱۰۰۰۰ لیتر افزایش یافته است. بخش عمده این افزایش تولید در نتیجه اجرای برنامه‌های اصلاح نژادی می‌باشد. در ضمن، بخشی از این افزایش تولید ناشی از بهبود شرایط محیطی نیز است.

روش‌های مورد استفاده در اصلاح دام و موثر در پیشرفت ژنتیکی جوامع شامل ارزیابی ژنتیکی^۱، انتخاب^۲ و آمیزش‌های^۳ برنامه‌ای بوده است. روش‌های پیش بینی ارزش ارثی (یا ارزیابی ژنتیکی) دامها در چند دهه اخیر بسیار تغییر کرده و این امر سبب بهبود پیشرفت‌های ژنتیکی جوامع دامی شده است. در فصل هشتم این کتاب روش‌های پیش بینی ارزش ارثی بر اساس داده‌های موجود از خود دام^۴، برادر - خواهران نا تنی^۱ و یا نتاج^۲ دام ارائه شده.

1. Estimation breeding value
2. Selection
3. Mating system
4. Own information

۷-۱. انتخاب

انتخاب روش اصلاح نژادی است که تعیین می‌کند کدام فرد بعنوان والدین نسلهای آینده باشد و چه تعداد فرزند تولید نماید و برای چه مدت در جامعه به عنوان مولد باقی بماند. در تمام جوامع بطور کلی دو نوع انتخاب وجود دارند که عبارتند از انتخاب طبیعی^۳ و انتخاب مصنوعی^۴. انتخاب طبیعی مهمترین عامل تغییرات ژنتیکی در بحث تکامل^۵ است و بطور دائم و پیوسته در جوامع طبیعی صورت می‌گیرد و جهت این انتخاب را عوامل محیطی موجود در طبیعت کنترل می‌کنند. این نوع انتخاب از زمان پیدایش موجودات زنده شروع شده و همچنان نیز ادامه دارد و سبب پیدایش گونه‌های مختلف جانداران شده است. در حقیقت این نوع از انتخاب عمدتاً در بلند مدت تعادلی را بین امکانات موجود در طبیعت و خصوصیات و نیازهای موجودات طبیعی فراهم نموده است. مثالهای زیادی از این نوع انتخاب در طبیعت وجود دارد که برای مثال میتوان به انتخابهای طبیعی رخ داده در بدن شتر بعنوان حیوانی که بتواند در صحرا راه برود و زنده بماند توجه نمود. اگر به پاهای شتر دقت شود طی سالیان متمادی انتخاب طبیعی برای این صفت به شکل پهن و گسترده تبدیل شده که به راحتی قادر به حرکت در شن زارهای صحرا می‌باشد. همینطور بقیه اجزاء بدن شتر از قبیل شکل پوست بدن، کوهان، گردن بلند و غیره دارای تطابق پذیری کامل با شرایط اقلیمی صحرای خشک و بی آب و علف است که عمده تاً محل پرورش آنها است. حال اگر نژادهای مختلف شتر را در نقاط مختلف دنیا با شرایط اقلیمی متفاوت مورد بررسی قرار دهیم شاهد تفاوت‌های مشخصی بین آنها خواهیم بود که حاصل انتخاب طبیعی با توجه به مشخصات هر ناحیه است. سرعت تغییرات ژنتیکی در انتخابهای طبیعی بسیار کند و اندک است و اغلب در بلند مدت قابل بررسی هستند.

در جوامع پرورشی عمدتاً انتخاب مصنوعی و در جهت اصلاح نژاد و پیشرفت ژنتیکی صفات مهم اقتصادی صورت می‌گیرد. انتخاب مصنوعی توسط انسان و شدت و جهت آن تحت کنترل است. در انتخابهای مصنوعی جهت و سرعت انتخاب با توجه به نیازهای جامعه بشری معین

1. Half-sib information
2. Offspring information
3. Natural selection
4. Artificial selection
5. Evolutionary

می‌شود. بعنوان مثال در چند دهه گذشته پرورش دهندگان گاوهای شیری برای افزایش چربی شیر در گاوهای شیری انتخاب انجام می‌دادند ولی امروزه با توجه به مشکلات ایجاد شده از مصرف چربی حیوانی در انسان این پرورش دهندگان به انتخاب گاوها برای تولید پروتئین بیشتر توجه دارند. روشهای انتخاب مصنوعی دامها و گیاهان طی چند دهه اخیر توسعه‌های زیادی نموده است. با پیشرفت روشهای برآورد ارزش ژنتیکی و شناسایی دامهایی با توانایی بالاتر برای تولید انتخاب این دامها بعنوان والدین نسلهای آینده نیز پیشرفت نمود. روشهای انتخاب و یا حذف دامها باعث پیشرفت ژنتیکی جوامع دامی شده است.

روشهای انتخاب معین می‌کنند کدام دام بعنوان والدین نسل آینده باشد که به این عمل اصطلاحاً جایگزینی^۱ می‌گویند. همچنین طی مرحله انتخاب بعضی از افراد از شرکت مجدد در آمیزشها محروم می‌شوند که به این عمل اصطلاحاً حذف^۲ می‌گویند. روشهای انتخاب متفاوت است و در فصل نهم این کتاب بطور مفصل انواع روشهای انتخاب و ویژگیهای هر روش ارائه شده.

۱-۸. آمیزش

آمیزش ابزار مهم دیگری است که در اصلاح نژاد کاربرد اساسی دارد. پس از شناسایی بهترین دامها با روشهای برآورد ارزش ارثی و انتخاب آنها به کمک روشهای انتخاب این دامها در روشهای مختلف آمیزشها برای تولید فرزندان نسلهای آینده بکار گرفته می‌شوند. روشهای آمیزش معین می‌کنند کدام فرد نر انتخاب شده با کدام فرد ماده انتخاب شده آمیزش کنند. بطور کلی روشهای آمیزشی به دو گروه عمده تقسیم بندی می‌شوند که عبارتند از آمیزشهای خویشاوندی^۳ و آمیزشهای غیر خویشاوندی^۴. بعضی از صفات کمی دارای اثر افزایشی^۵ هستند به عبارت دیگر این صفات با گروهی از ژنها کنترل میشود که این ژنها دارای اللهای متفاوتی هستند و این اللهای اثرات افزایشی بر این صفات دارند. لذا با آمیزش خویشاوندی تعداد اللهای مناسب هر جایگاه ژن در افراد افزایش می‌یابد. در این گروه از آمیزشها میزان همخونی دامها افزایش می‌یابد. در فصل ششم

1. Replacement
2. Culling
3. Complementarily
4. Hybrid vigor
5. Additive effects

این کتاب با اثرات متفاوت ژنی از قبیل اثرات غالبیت^۱ و افزایشی و روشهای برآورد وراثت پذیری^۲ صفات بیشتر آشنا خواهید شد. بعضی دیگر از صفات کمی دارای اثرات غالبیت هستند و در حالت هتروزیگوسیته دارای بسترین فنوتیپ می‌باشند برای این گروه از صفات از آمیزشهای غیر خویشاوندی یا آمیزش بین نژادها^۳ استفاده میشود. در این گروه از آمیزشها میزان هتروزیگوسیته افزایش می‌یابد. در فصل یازدهم این کتاب بیشتر با روشهای آمیزی آشنا خواهید شد.

۹-۱. جایگاه اصلاح دام در ایران

خوانندگان کتاب حاضر به طریقی با صنعت دامپروری ایران آشنا هستند و یا دانشجویان این رشته در آینده نزدیک با این صنعت آشنایی پیدا خواهند نمود. اصول علم اصلاح دام که به طور کلی در این فصل مرور شد و در بخش‌های بعدی بطور مفصل بحث و بررسی خواهد شد لازم است تا در عمل و در جوامع دامی کشور به کار گرفته شود. تفاوت علم ژنتیک و اصلاح دام با بقیه شاخه‌های علوم دامی در این است که این علم نیاز به زمان طولانی جهت اجرا در سطح جامعه دامی منطقه و کشور دارد. برای مثال با بکارگیری دانش علم تغذیه دام در یک گله دامداری و یا رعایت اصول بهداشت و پیشگیری دامها از بیماریها و یا اصول ساختمان سازی واحدهای دامپروری و یا اصول مدیریتی برای یک دوره کوتاه مدت شش ماه تا یک سال نتایج به کارگیری این روشها را در تولیدهای دامها مشاهده می‌شود. ولی به کارگیری روشهای اصلاح دام به لحاظ ویژگیهای آن نیاز به زمان طولانی و حمایت مالی و تحقیقاتی گسترده دارد.

جامعه دامی ایران شامل گاوهای شیری نژاد هلستاین ایران، گاوهای شیری دورگ، گاوهای شیری بومی، گاوهای بومی، نژادهای گوسفند ایرانی، نژادهای بز ایرانی، مرغداریهای صنعتی و مرغهای بومی ایران هستند. در بین این جامعه گسترده دامی کشور تنها برای گاوهای شیری نژاد هلستاین ایران و صنعت مرغداری در سطح قابل توجهی داده برداری و تجزیه و تحلیل دادهها توسط مرکز اصلاح نژاد و بهبود شیر ایران و مرکز پرورش مرغ لاین و با همکاری دامداران صورت می‌گیرد. برای بقیه جوامع دامی کشور علیرغم تلاش متخصصین اصلاح دام طی سالیان

-
1. Dominant effects
 2. Heritability
 3. Cross breeding

متمادی کار اصلاحی هدفدار قابل توجهی متاسفانه صورت نگرفته است. برای مثال در یک منطقه اقلیمی مناسب برای پرورش گاو شیری و با دارا بودن گاوهای بومی منطقه با هدف مشخص حدود ۳۰ سال قبل مرکز اصلاح نژاد در منطقه تاسیس شده است. ولی به لحاظ مشکلات زیادی که به ویژگیهای کار اصلاح دام، به سیاست گذاریهای این مراکز و فرهنگ و نگرش متخصصین اصلاح دام و دامپروران منطقه برمی گردد موفق نبوده‌اند. بعنوان مثال با مطالعه تاریخچه اصلاح نژاد گاوهای بومی شیری نژاد سرابی و گلپایگانی مشاهده می‌شود که مراکز اصلاح نژادی این دو نژاد در مناطق محلی مربوطه حدود ۳۰ سال قبل تاسیس شده است. این دو مرکز به دلیل‌های زیادی با صرف بودجه طی این سالها در کار اصلاحی نژادی خود موفق نبوده‌اند. از دلایل مهم عدم موفقیت این مراکز می‌توان به عدم وجود متخصصین اصلاح دام در این مراکز، عدم وجود اهداف معین اصلاح نژادی، عدم ارتباط این مراکز با دامداران محلی و تغییر مدیریتی را نام برد. در این مراکز حتی داده برداری ساده از تولید شیر گاوهای ماده و شجره دامها در دسترس نمی‌باشد. این مراکز حتی در ایجاد دورگ گیری گاوهای منطقه با وارد نمودن گاوهای نر نژادهای اصیل و توزیع آنها در منطقه نیز هدف معینی را دنبال نکرده‌اند. حداقل انتظار این بود که با کنترل آمیزشهای دورگ گیری گاوهای منطقه می‌توانستند دورگهایی با مشخصات معین ایجاد نمایند، کما اینکه در خیلی از کشورهای در حال رشد دنیا با کنترل دو رگ گیریها به اصلاح نژاد گاوهای شیری منطقه خود با هدف معین اقدام نموده‌اند. در خصوص گاوهای بومی ایران گزارشها و وضعیت اصلاح نژادی آنها از گاوهای شیری بومی به مراتب بدون برنامه تر و بدون کنترل علمی اصلاح نژادی است. به شکلی که علاوه بر این که این جامعه دامی بیشترین حجم مصرف گوشت گوساله کشور را تامین می‌نماید و تا به حال به جز یک دوره کوتاه در گذشته واردات گوشت گوساله به کشور نزدیک به صفر است این صنعت متاسفانه مورد توجه علمی قرار نگرفته است. در تمام کشورهای دنیا نژادهای گاو گوشتی و تولید کنندگان آن و تعاونی‌های تولیدی آنها و مراکز اصلاح نژادی گاوهای گوشتی از پیشرفت قابل توجهی برخوردار است. این صنعت با کمال تاسف در ایران به یک صنعت حاشیه‌ای و بدون اهمیت و توجه تبدیل شده است. دلایل زیادی را می‌توان برای این عامل ذکر نمود که از جمله می‌توان به تمایل شدید مصرف کنندگان گوشت قرمز در ایران به گوشت گوسفند و کیفیت مناسب گوشت گوسفند در ایران اشاره نمود. همچنین عدم وجود نژاد اصلاح شده مشخص برای گاو گوشتی در ایران از دیگر عوامل مهم است. پروار نمودن

گوساله‌های نر گاوهای شیری نژاد اصیل و دورگ بعنوان بخشی از فعالیت این صنعت مطرح شده است که این بخش در تمام دنیا بعنوان یک کار جانبی و حاشیه‌ای گاوداریهای شیری است. با توجه به وجود امکاناتهای علوفه‌ای مناسب و اقلیمی در اکثر نقاط ایران برای پرورش گاو گوشتی توسعه علمی این صنعت با استفاده صحیح از نژادهای بومی ایران و اصلاح نژاد علمی و هدف دار آنها و برنامه ریزی مشخص در خصوص آوردن یک سرسی ژن‌های مناسب تولیدی از کشورهای پیشرفته، امکان تولید گوشت گوساله با کیفیت عالی که در بازارهای جهانی قادر به رقابت باشد وجود دارد. هر چند صنعت پرورش گاو گوشتی در ایران موردتوجه نبوده است ولی امکان شروع برنامه ریزی علمی و توسعه هدف دار آن وجود دارد. صنعت پرورش گوسفند در ایران از ویژگی خاصی برخوردار است و باید تلاش متخصصین اصلاح دام بر این باشد که ضمن حفظ وضعیت موجود گله‌های کشور و تقویت دامداران تمام مناطق کار اصلاح نژادی را نیز به پیش ببرند. اصلاح دام یک کار گروهی و طولانی مدت است باید با آموزش و ترویج علم دامپروری بین دامداران به آنها آموزش داد که به برنامه‌های اصلاح نژادی توجه کنند و همکاری لازم را با متخصصین علوم دامی داشته باشند. دامداران امروز کشور بر خلاف حدود ۳۰ سال پیش به استفاده از اصول علمی در گله‌های تولیدی واقف شده‌اند و این زمینه سازی حاصل زحمات متخصصین گذشته علوم دامی است که تا به حال با به کار گیری اصول علمی در گله‌های تولیدی زمینه اعتماد دامداران را به متخصصین علوم دامی ایجاد نموده‌اند. این روش باید با سرعت بیشتری ادامه پیدا کنند و دامداران بیشتر با مسائل علمی آشنا و درگیر شوند و در کارهای اصلاح نژادی شرکت کنند. در کشورهای پیشرفته دنیا مراکز اصلاح نژادی اغلب با بودجه و مدیریت تعاونی‌های دامپروری کنترل و هدایت می‌شوند و هر دامدار بخشی از درآمد خود را به طور غیر مستقیم در انجام کارهای اصلاح نژادی هزینه می‌کنند. بعنوان مثال اکثر بودجه مراکز اصلاح نژاد گاوهای شیری در دنیا از درصد بسیار کمی از فروش هر لیتر شیر کلیه دامداران منطقه تامین می‌شود. البته اگر به تاریخچه این مراکز دقت کنید در ابتدا با کمک دولت‌های منطقه راه اندازی و شروع به کار کرده‌اند ولی طی زمان به دامداران واگذار شده است.

چندین عامل بطور عمده در روشهای اصلاح دامی موثر هستند. اولین و مهمترین نکته این است که علم اصلاح دام نیاز به داده برداری از صفات کمی و اقتصادی دارد. لذا لازم است که داده‌های یک نژاد خاص برای یک دوره طولانی به صورت هدفدار و صحیح داده برداری و در

رایانه‌ها ذخیر شود. در همین مرحله نکات ظریف بسیاری نهفته است که لازم است در سطح دامپروی کشور این نکات برای دامداران روشن تا به اهمیت این روشها توجه لازم صورت گیرد. پس از داده برداری صحیح و هدفدار از صفات نیاز به تجزیه و تحلیل علمی توسط متخصصین و ارائه رهنماهای اصلاحی به جامعه دامی است.

فصل دوم

مروزی بر علم ژنتیک

۱-۲. ژنتیک مندلی

اساس علم ژنتیک را قوانین مندلی تشکیل می‌دهد که به توارث مندلی نیز معروف است. این قوانین مبنای اصلی نظریه‌های ژنتیک امروزی بوده و استفاده از آن سبب پیشرفت ژنتیکی دامها و گیاهان از زمان مندلی تا کنون شده است. علم ژنتیک به مطالعه ژن‌ها^۱ و نحوه توارث آنها می‌پردازد. ژن اساسی ترین واحد فیزیکی مواد وراثتی است که حاوی توالی مولکول DNA بر روی یک مکان مشخص از کروموزم^۲ می‌باشد. در تمام موجودات زنده ژن‌ها اساسی ترین بخش مواد وراثتی می‌باشند که کلیه خصوصیات و یا صفات^۳ را در بدن موجودات زنده کنترل می‌کنند. عمده ژن‌ها بر روی کروموزومها و در هسته سلول قرار دارند. در ضمن، بخش کمتری از مواد وراثتی یا ژن‌ها در ضمایم سیتوپلاسمی می‌باشد. ژن‌ها از مولکول دو رشته‌ای دی‌اکسی‌ریبوز نوکلئید اسید^۴ (DNA) که حاوی رمزهای^۵ ژنتیکی هستند تشکیل شده‌اند. در واقع یک کروموزم شامل رشته‌های بلند مولکول DNA است که به کمک پروتئین‌ها به همدیگر متصل شده و در هسته تمام سلولها وجود دارد. در موجودات پرسلولی و اغلب دامها و گیاهان کروموزومها به صورت جفت یا همولوگ^۶ هستند. هر همولوگ یکی از جفت‌های کروموزومها است که حاوی

1. Genes
2. Chromosome
3. Traits
4. Deoxy ribose nucleated acid
5. Genetic code
6. Homolog

مکانهای ژنی^۱ است. محل مشخص قرار گرفتن یک ژن بر روی کروموزوم را مکان ژنی می‌گویند. در موجودات دیپلوئید^۲ هر ژن می‌تواند حداکثر دارای دو شکل متفاوت در روی کروموزوم باشد. هر ترکیب شیمیایی یا شکل یک ژن را یک الل می‌گویند. تعدادی از ژن‌ها دارای چندین شکل (یا الل) هستند و آن‌ها را الل^۳ ژن‌ها می‌گویند. بعضی از مکانهای ژنی دارای احتمال بیشتر از دو الل است که ژن‌های چند اللی^۴ می‌گویند. هر فرد دیپلوئید می‌تواند حداکثر دارای دو الل در یک مکان ژنی باشد.

ترکیب ژنتیکی یک موجود در یک مکان ژنی را ژنوتیپ^۵ می‌گویند. مکان ژنی دارای الل‌های یکسان را اصطلاحاً هموزیگوت (خالص)^۶ و یا ژنوتیپ هموزیگوس^۷ می‌گویند. یک مکان ژنی دارای دو الل مختلف را اصطلاحاً هتروزیگوت^۸ و یا ژنوتیپ هتروزیگوس^۹ می‌گویند.

۲-۲. تفرق ژن‌ها در تقسیم میوز

قانون اول مندل را اصل تفرق یا جدایی ژن‌ها^{۱۰} می‌نامند. براساس این اصل عوامل وراثتی^{۱۱} در هنگام تشکیل سلولهای جنسی^{۱۲} از یکدیگر جدا می‌شوند و هر سلول جنسی حاوی نصف عوامل وراثتی می‌باشد. زمانی که مندل این تعریف را برای تفکیک ژنی مطرح نمود هنوز هسته سلول، تقسیم سلولی میوز^{۱۳} و کروموزومهای همولوگ کشف نشده بود. در زمان حاضر با توجه به شناخت ساختار کروموزومها و تقسیم سلولی میوز درک اصل تفرق مواد وراثتی بسیار ساده است. در تقسیم سلولی میوز کروموزومهای تتراد^{۱۴} یا کروموزومهای همولوگ از یکدیگر جدا شده و هر

-
1. Lows
 2. Diploid
 3. Allele
 4. Multiple alleles
 5. Genotype
 6. Homozygote
 7. Homozygous genotype
 8. Heterozygote
 9. Heterozygous genotype
 10. Segregation
 11. Inheritance factor
 12. Gamete or germ cell
 13. Meiosis
 14. Tetrad

کدام در یک سلول جنسی قرار می‌گیرند. در حقیقت در تقسیم سولی میوز دو الل یک مکان ژنی که در روی کروموزمهای همولوگ قرار دارند از یکدیگر جدا می‌شوند. سلولهای طبیعی بدن یک موجود زنده دیپلوئید دارای $2N$ کروموزوم است. بعنوان مثال سلولهای بدن هر گاو دارای ۶۰ عدد کروموزوم و یا ۳۰ جفت کروموزوم می‌باشند. سلولهای جنسی که حاصل تقسیم با کاهش کروموزومی سلولهای اندام تولید مثل در مرحله میوز هستند و مواد وراثتی را از یک نسل به نسل بعد منتقل می‌کنند حاوی نصف کل مواد وراثتی می‌باشند. لذا هر سلول جنسی دارای N کروموزوم یا یک کروموزوم از هر جفت کروموزوم همولوگ می‌باشند.

برای تمام ژنوتیپ‌ها اللهای مکانهای ژنی در تکفیک ژنی از یکدیگر جدا می‌شوند. در تقسیم سولی میوز هر یک از ژنوتیپ‌های هموزیگوت دو الل مشابه تولید می‌کنند. لذا در این حالت فرزندان از لحاظ فنوتیپی مشابه والدین هستند که به این حالت تفکیک ژنی گفته نمی‌شود. هر یک از ژنوتیپهای هتروزیگوت در تقسیم سولی میوز و سلولهای جهشی دارای اللهای متفاوت تولید می‌کنند. لذا فرزندان آن‌ها از نظر فنوتیپی با والدین تفاوت دارند و در این حالت تفکیک ژنی رخ می‌دهد.

۲-۳. توارث مستقل ژن‌ها

قانون دوم مندل به توارث مستقل ژن‌ها^۱ معروف است که براساس آن عوامل وراثتی صفات مختلف مستقل از یکدیگر به نسل بعد منتقل می‌شود. اگر ژن‌های مربوط به دو یا چند صفت بر روی دو یا چند کروموزوم و یا با فاصله فیزیکی نسبتاً زیاد بر روی یک کروموزوم قرار داشته باشند، اللهای این مکانهای ژنی مستقل از یکدیگر جدا شده و به ارث می‌رسند. بعنوان مثال، برای دو مکان ژنی الف و ب و هر کدام با دو الل، متفاوت، ژنوتیپ هتروزیگوت کامل برابر با $AaBb$ است و چهار نوع سلول جنسی با ترکیب ژنتیکی AB ، Ab ، aB و ab تولید می‌شود. براساس مطابق قانون دوم مندل احتمال تولید هر یک از این چهار نوع سلول جنسی با یکدیگر مساوی و برابر با 0.25 است. بعبارت دیگر احتمال اتصال هر یک از اللها برای این دو مکان ژنی برابر با 0.5 است. یعنی براساس قانون احتمالات، احتمال مشترک وقوع دو پدیده مستقل از یکدیگر برابر با حاصل ضرب احتمال وقوع هر یک از دو پدیده است ($0.5 \times 0.5 = 0.25$).

ارائه این قانون توسط مندل نقش زیادی در توصیف نحوه توارث بسیاری از صفات مستقل از

1. Independent assortment

یکدیگر داشت. البته توجه مندل به این موضوع می‌تواند به این دلیل باشد که صفات مورد مطالعه در گیاه نخودفرنگی بطور تصادفی بر روی کروموزومهای متفاوت بودند و بدین لحاظ توارث آنها مستقل از یکدیگر بود. در ضمن، مندل با علم آمار و احتمالات نیز آشنائی داشت و با بررسی و مطالعه نتایج حاصل از آمیزشها و با هوش و ذکاوتی که داشت توانست این اصل را ارائه نماید.

۲-۴. پیوستگی ژنتیکی

در هر سلول موجودات زنده تعداد زیادی ژن و مقدار محدودی کروموزوم وجود دارند. لذا در روی هر کروموزوم تعداد زیادی ژن قرار دارند. ژن هائی که در روی یک کروموزوم قرار دارند دارای پیوستگی ژنتیکی^۱ هستند و توارث آنها به نسل بعد به صورت پیوسته و همراه با یکدیگر است. در مرحله تقسیم سلولی میوز در هنگام تشکیل سلولهای جنسی ممکن است قطعات دو کروموزوم مجاور یکدیگر مبادله شوند^۲. در اثر این پدیده سلولهای جنسی با ترکیبهای ژنتیکی جدید تولید می‌شوند که در والدین وجود ندارد و آنها را سلولهای جنسی نوترکیب^۳ می‌گویند. احتمال تبادل قطعات کروموزومها و تشکیل سلولهای جنسی نوترکیب برای دو مکان ژنی بستگی به فاصله فیزیکی دو ژن دارد. با زیاد شدن فاصله فیزیکی دو ژن بر روی کروموزوم احتمال تبادل آنها در اثر کراسینگ اور بیشتر است. لذا با بررسی فراوانی ژنوتیپهای نوترکیب حاصل در نسل نتایج می‌توان احتمال تبادل قطعات کروموزومی (کراسینگ اور) مربوط به دو مکان ژنی را محاسبه نمود. بعنوان مثال، اگر ۲۰ درصد از نتایج حاصل از آمیزشها در یک نسل برای دو مکان ژنی بهم پیوسته نوترکیب باشد بدین مفهوم است که در ۲۰ درصد از کل تترادهای تشکیل شده در این جمعیت در مرحله تقسیم سلولی میوز، قطعات کروموزومی در قسمت مربوط به محل قرار گرفتن این دو ژن با یکدیگر مبادله شده است.

هر سلول جنسی حاصل از تقسیم سلولی میوز حاوی ۵۰ درصد از مواد وراثتی یک موجود زنده است. در موجودات عالی این سلولها قادر به ادامه حیات و به وجود آوردن یک موجود کامل نیستند. ولی در صورت ترکیب یک سلول جنسی نر و یک سلول جنسی ماده سلول تخم^۴

-
1. Linkage
 2. Crossing over
 3. Recombinant Gametes
 4. Egg

(زیگوت^۱) تشکیل می‌شود که دارای کلیه مواد وراثتی یک موجود زنده کامل است و از تقسیم آن جنین^۲ و سپس موجود زنده حاصل می‌شود. در مرحله لقاح از تعداد زیادی سلول جنسی حاصل از تقسیم سلولی فقط یک سلول جنسی نر^۳ با سلول جنسی ماده ترکیب می‌شود. پس یک نمونه تصادفی از ژن‌های دو والد به صورت تصادفی در ایجاد سلول تخم و تشکیل نتاج نسل بعد شرکت دارند. چون ترکیب دو سلول جنسی نر و ماده کاملاً تصادفی است و این امر در ایجاد تفاوت‌های بین نتاج حاصل از دو والد نقش دارند لذا به این اثر تصادفی اصطلاحاً نمونه گیری مندلی^۴ می‌گویند. لذا ترکیب ژنتیکی فرزندان حاصل از آمیزش دو موجود زنده یک نمونه تصادفی از سلولهای جنسی تولید شده توسط آنها می‌باشد. انواع متفاوت سلولهای جنسی حاصل از یک حیوان از نظر ترکیب ژنتیکی بستگی به تعداد مکان ژنی ناخالص (هتروزیگوت) در آن حیوان دارد. در حقیقت اغلب موجودات زنده برای تعداد زیادی از مکانهای ژنی هتروزیگوت هستند. انواع سلول جنسی حاصل از یک حیوان برابر با 2^n می‌باشد. در این رابطه n تعداد مکان ژنی هتروزیگوت است. بعنوان مثال برای دو مکان ژنی هتروزیگوت تعداد ۴ نوع گامت تولید می‌شود و برای ۱۰۰ مکان ژنی هتروزیگوت تعداد 2^{100} و بعنوان مثال یک گاو تعداد 10^{30} نوع سلول جنسی تولید می‌کند. احتمال اینکه دو برادر یا دو خواهر ناتنی از ترکیب دو سلول جنسی نر و ماده مشابه حاصل شوند برابر با حاصل ضرب دو عدد فوق است. این احتمال از نظر عددی بسیار کم است. یک دلیل دیگر که مندل موفق به کشف و ارائه قوانین توارث شد این بود که برای آزمایشات خود از گیاه نخود استفاده کرد که در هر نسل از هر بوته تعداد زیادی نتاج حاصل شده و امکان مشاهده کلیه ترکیب‌های حاصل وجود داشت. بعنوان مثال، برای هر آمیزش که مندل نحوه توارث دو مکان ژنی را مطالعه می‌کرد بیش از ۱۵۰ دانه نخود را بررسی می‌کرد و در نتیجه احتمال مشاهده کلیه حالات ممکن زیاد بود.

۲-۵. اثر متقابل بین ال‌ها

دو ال موجود در یک مکان ژنی می‌توانند بر روی یکدیگر اثرات متقابلی^۵ داشته باشند. در

1. Zygote
2. Embryo
3. Sperm
4. Mandelian sampling
5. Interaction

افراد هتروزیگوت برای یک مکان ژنی ممکن است یک الل دارای اثر ژنتیکی بیشتری نسبت به الل دیگر باشد. اللی را که اثر ژنتیکی آن بیشتر است و سبب تظاهر یک فنوتیپ می شود غالب^۱ و اللی که اثر آن ظاهر نمی شود مغلوب^۲ می گویند. این نوع اثر متقابل بین اللهای یک مکان ژنی را اصطلاحاً اثر غلبه^۱ می گویند. لذا ژنوتیپ AA هموزیگوت غالب، Aa را ژنوتیپ هتروزیگوت و aa را ژنوتیپ هموزیگوت مغلوب می نامند.

میزان غلبه یک الل در یک مکان ژنی بر الل دیگر می تواند متفاوت باشد. در حالتی که فنوتیپ افراد دارای ژنوتیپ هتروزیگوت مشابه افراد هموزیگوت غالب باشد آن را غلبه کامل^۴ گویند. بعنوان مثال، الل غالب P در یک مکان ژنی، مانع رشد شاخ در گاو می شود. غلبه این الل بر فرم مغلوب آن کامل است. بنابر این ژنوتیپهای PP و Pp بدون شاخ و گاوهای دارای ژنوتیپ pp شاخدار می باشند. یک حالت دیگر نیز عدم غلبه است که هر ژنوتیپ یک فنوتیپ مشخص تولید می کند و یا هر دو الل یک مکان ژنی در تظاهر یک فنوتیپ نقش دارند. برای این نوع اثر غلبه می توان ژن HYPP^۵ را در اسب به عنوان مثال ذکر نمود. این ژن سبب می شود ماهیچه های بدن حالت ناسالم، لرزش ماهیچه ها و خراب شدن کامل ماهیچه ها می شود^۶. یک نوع دیگر از غلبه را غلبه غیر کامل^۷ می باشد. در این حالت عملکرد حیوان هتروزیگوت بین دو ژنوتیپ هموزیگوت است و اغلب به ژنوتیپ هموزیگوت غالب نزدیکتر است. برای این نوع اثر غلبه می توان ژن کنترل کننده بیماری توپرکولین^۸ را به عنوان مثال ارائه نمود. در این حالت کلیه افراد دارای ژنوتیپ T^rT^r زنده می مانند ولی حدود ۷۰ گروه افراد دارای ژنوتیپ T^rT^s و حدود ۴۰ درصد از افراد دارای ژنوتیپ T^sT^s زنده می مانند. غلبه ماورائی^۹ یک حالت دیگر از غلبه است که ارزش فنوتیپی فرد هتروزیگوت از دو هموزیگوت غالب و مغلوب بیشتر است. بعبارت دیگر عملکرد این ژنوتیپ در محدوده عملکرد دو ژنوتیپ هموزیگوت نیست.

1. Dominance
2. Recessive
3. Dominance effect
4. Complete dominance
5. Hyperkalemic periodic paralysis
6. Episodes
7. Partial dominance
8. Tuberculosis
9. Over dominance

۲-۶. اثر متقابل بین دو ژن (اپیستازی)

اثر متقابل ژن‌های مختلف را اپیستازی^۱ می‌گویند. در این حالت بروز یک فنوتیپ برای یک ژن بستگی به حضور یا عدم الهای یک مکان ژنی دیگر دارد. در بعضی از انواع اپیستازی الهای یک مکان ژنی سبب افزایش شدت بروز یک فنوتیپ و در مواردی نیز مانع از تظاهر فعالیت آن مکان ژنی می‌شوند. براساس قوانین اول و دوم مندل حاصل آمیزش موجودات هتروزیگوت برای دو ژن مستقل از هم و دارای رابطه غلبه کامل در چهار ترکیب فنوتیپی مختلف با نسبت ۹، ۳، ۳، ۱ حاصل می‌شود. در صورت وجود اپیستازی بین دو ژن این نسبت فنوتیپی تغییر می‌کند و تعداد گروه‌های فنوتیپی از چهار به سه و یا دو کاهش می‌یابد. در ضمن، اثر متقابل بین سه یا تعداد بیشتری ژن مختلف نیز وجود دارد. البته تشخیص و مطالعه اثر متقابل بیش از دو مکان ژنی به دلیل زیاد بودن زیر گروه‌های فنوتیپی میسر نیست و تعداد فرزندان مورد نیاز برای مشاهده کلیه حالات بسیار زیاد است. بعنوان مثال، برای دو ژن حداقل به ۱۶ فرزند نیاز است تا کلیه نسبت‌های فنوتیپی مشاهده شود.

بعنوان مثال، اثر اپیستازی را می‌توان برای رنگ بدن در سگ نژاد لابرادور^۲ ارائه نمود. رنگ بدن در این نژاد شامل سیاه، قهوه‌ای و زرد است. این صفت تحت کنترل دو ژن مختلف است. ال B سبب تولید رنگ سیاه و ال E سبب فعال شدن رنگ دانه‌ها می‌شود. برای این صفت حیوانات دارای ژنوتیپ B-E- به رنگ سیاه و ژنوتیپ bbE- قهوه‌ای و ژنوتیپ ee- نیز دارای رنگ زرد می‌باشند. نسبت فنوتیپی آن ۹، ۳، ۴ می‌باشد.

۲-۷. صفات وابسته به جنس

ژن‌های موجود بر روی کروموزم‌های جنسی و صفات تحت کنترل آن‌ها را وابسته به جنس^۳ می‌نامند. در پستانداران دو کروموزوم جنسی حیوان ماده مشابه یگدیگر است. لذا در حیوانات ماده توارث ژن‌های موجود در روی کروموزوم جنسی مشابه ژن‌های موجود در روی سایر کروموزومها می‌باشد. ولی در حیوانات نر این گروه کروموزم‌های جنسی متفاوت است و آنها همی زیگوت^۴

1. Epistasis
2. Labrador
3. Sex linkage
4. Hemizygous

می‌گویند. فنوتیپ مربوط به ژن‌های موجود بر روی کروموزوم Y از پدرها فقط به پسرها به ارث میرسد. طول دو کروموزوم X و Y یکسان نیست و طول کروموزوم Y کوتاه‌تر از کروموزوم X است. لذا ژن‌های موجود در قسمتی از کروموزوم X که طول آن بیشتر از کروموزوم Y است فقط دارای یک الل می‌باشند.

تظاهر فنوتیپی تعدادی از صفات فقط منحصر به یک جنس است و آنها را صفات محدود به جنس^۱ می‌گویند. بعنوان مثال تولید شیر در پستانداران یک صفت محدود به جنس است که فقط در حیوانات ماده دیده می‌شود. البته حیوانات نر دارای ژن‌های موثر در تولید شیر هستند ولی در زمان بلوغ، هورمونهای جنسی لازم برای رشد و نمو سیستم پستانی وجود ندارد. تظاهر غالب و مغلوب بعضی از صفات برحسب جنس تفاوت دارد و هورمونهای یک جنس بر شکل نحوه تظاهر صفت و غالب و مغلوب بودن آن مؤثر است. این صفات را تحت تأثیر جنس^۲ می‌نامند. بعنوان مثال، الل S^c سبب Scurried می‌شود که تظاهر آن در گاوهای نر به صورت غالب و در گاوهای ماده مغلوب است.

۲-۸. عوارض ژنتیکی در حیوانات

مهمترین مورد استفاده ژنتیک مندلی در اصلاح دام تشخیص عوارض ژنتیکی در دامها و شناخت نحوه توارث آنها و جلوگیری از بروز این صفات در نسلهای آینده است. در طی چند دهه اخیر تعداد زیادی از عوارض ژنتیکی در جوامع دامی شناسایی شده و برای کاهش فرآوانی تظاهر آنها اقداماتی شده است. برای مطالعه عوارض غیر ژنتیکی مشاهده شده در دامها می‌توان از وب سایت زیر استفاده نمود.

<http://www.angis.su.oz.au/Databases/BIRX/omia>

1. Sex limited inheritance
2. Sex influenced inheritance

فصل سوم

ژنتیک جمعیت

۳-۱. مطالعه ژن‌ها در جامعه

در ژنتیک مندلی نحوه توارث ژن‌ها در افراد بررسی و مطالعه می‌شود. ولی در برنامه‌های اصلاح نژاد حیوانات، نحوه توارث ژن‌ها در جامعه مطالعه می‌شود. لذا علم ژنتیک جمعیت^۱ شاخه‌ای از علم ژنتیک است که نحوه تغییرات ژنتیکی در جامعه مطالعه می‌شود.

طبق تعریف، جامعه عبارت گروهی از جانداران است که دارای خصوصیات ظاهری نزدیک به هم هستند و بین آنها آمیزش برای سالیان متمادی صورت گرفته است. اندازه جامعه‌ها متفاوت است، دامهای یک گله کوچک را می‌توان یک جامعه در نظر گرفت تا کلیه دامهای یک نژاد در یک منطقه و یا یک کشور. لذا گروه بندی جامعه‌ها در علم ژنتیک جمعیت بستگی به اهداف ژنتیکی و نحوه مطالعه ژن‌ها دارد.

۳-۲. فراوانی ژن‌ها و ژنوتیپ‌ها

در ژنتیک مندلی نحوه توارث و ال‌های مختلف یک ژن در یک فرد بررسی می‌شود. ولی در ژنتیک جمعیت برای شناسایی ال‌های یک ژن در جامعه و تغییر فراوانی آنها در نسل‌های آینده، فراوانی ژنی^۲ یا فراوانی اللی^۳ که عبارت از فراوانی یک ال مشخص از یک ژن در یک جامعه می‌باشد بررسی می‌شود. همچنین میزان فراوانی یک ال نسبت به ال‌های دیگر آن مکان ژنی در

1. Population genetics
2. Gene frequency
3. Allelic frequency

جامعه مطالعه می‌شود. مقدار تغییرات فراوانی یک آلل در یک جامعه بین صفر و یک است. اگر فراوانی الل مورد نظر برابر صفر باشد به این مفهوم است که آن الل در آن جامعه وجود ندارد، و اگر برابر یک باشد یعنی تمام افراد جامعه برای آن مکان ژنی فقط دارای این نوع الل می‌باشند. برای مثال، مکان ژنی کنترل کننده رنگ بدن در نژاد مرغ آندلس آبی^۱ پرندگان دارای دو الل غالب B دارای رنگ سیاه و پرندگان دارای دو الل مغلوب bb دارای رنگ سفید می‌باشند. در یگ گله که تعداد ۱۰۰ جوجه برای این صفت مطالعه شده است. تعداد ۳۶ جوجه سیاه (BB)، ۴۴ جوجه آبی (Bb) و ۲۰ جوجه سفید (bb) می‌باشند. تعداد کل اللهای موجود برای این صفت در این جامعه ۲۰۰ الل است. تعداد اللهای غالب (B) برابر با دو برابر افراد سیاه به اضافه افراد آبی می‌باشد. علت این است که هر پرنده سیاه دارای دو الل B و هر پرنده آبی دارای یک الل B می‌باشند. پس در این گله تعداد اللهای غالب برابر با $116 = (2 \times 36 + 44)$ ، و فراوانی آن برابر با $0.58 = 116 / 200$ معادل ۵۸٪ است. تعداد اللهای b نیز دو برابر پرندگان سیاه به اضافه تعداد افراد آبی و معادل $84 = (2 \times 20 + 44)$ ، و فراوانی آن معادل ۴۲٪ است. اگر دو حرف p, q کوچک به ترتیب برای نشان دادن فراوانی اللهای B و b در نظر گرفته شود برای ژن رنگ بدن در نژاد مذکور فراوانی اللها با استفاده از رابطه زیر محاسبه می‌شود.

$$p = \frac{(2 \times 36) + 44}{200} = \frac{116}{200} = 0.58$$

$$q = \frac{44 + (2 \times 20)}{200} = \frac{84}{200} = 0.42$$

۱-۳

مجموع فراوانی اللها در کل جامعه برابر یک است $p+q=1$. همچنین اگر مکان ژنی دارای بیش از دو الل باشد مجموع فراوانی تمام اللها برابر یک می‌باشد. فراوانی ژنوتیپی عبارت از تعداد یک ژنوتیپ خاص برای یک مکان ژنی در جامعه می‌باشد. از حروف بزرگ الفبای لاتین برای نشان دادن فراوانی ژنوتیپی استفاده می‌شود. سه ژنوتیپ هتروزیگوت غالب، هتروزیگوت و هموزیگوت مغلوب به ترتیب با P, H, Q نشان داده میشوند.

1. Blue Andalusia

$$P = \frac{۳۶}{۱۰۰} = ۰/۳۶$$

$$H = \frac{۴۴}{۱۰۰} = ۰/۴۴$$

$$Q = \frac{۲۰}{۱۰۰} = ۰/۲۰$$

۲-۳

برای محاسبه فراوانی ژنوتیپی و جامعه، تعداد افراد دارای هر ژنوتیپ بر تعداد کل افراد جامعه تقسیم می‌شود. در یک جامعه مجموع فراوانی ژنوتیپها برای یک مکان ژنی نیز برابر با یک می‌باشد.

۳-۳. عوامل موثر در تغییر فراوانی ژنی و ژنوتیپی

مهمترین عوامل موثر در تغییر فراوانی ژنی در جامعه شامل انتخاب^۱، مهاجرت^۲، جهش^۳ و گرایش تصادفی^۴ در جوامع با تعداد مولد محدود^۵ و آمیزش غیر تصادفی^۶ می‌باشند. هر یک از این

عوامل به تنهایی یا مشترک در تغییر فراوانی ژنی و فراوانی ژنوتیپی نقش دارند.

انتخاب، معین می‌کنند کدام افراد در جامعه با یکدیگر آمیزش کنند و برای چند مدت در جامعه برای آمیزشها باقی بمانند و چه تعداد فرزند در جامعه به وجود بیاورند. بطور کلی با عمل انتخاب می‌توان فراوانی اللهای مناسب^۷ را در جامعه افزایش و یا فراوانی اللهای نامناسب را کاهش داد. طی نسلهای متمادی انتخاب برای گروه ژن هایی با تولید بالا به مرور فراوانی اللهای مطلوب در جامعه افزایش می‌یابد. بعبارت دیگر با انجام انتخاب طی نسلهای متمادی ارزش ارثی و ژنتیکی جامعه را افزایش می‌دهیم. پس از انتخاب یک ژن طی نسلهای متمادی فراوانی اللهای مناسب به مرور افزایش می‌یابد و در یک مرحله تمام اللهای موجود در جامعه تنها یک ال و آن هم ال مناسب است. اگر برای یک مکان ژنی تنها یک نوع ال در جامعه وجود داشته باشد و یا فراوانی ال مناسب در جامعه برابر یک شود در این حالت تنها ژنوتیپ هموزایگوس مناسب در جامعه

1. Selection
2. Migration
3. Mutation
4. Random drift
5. Small population size
6. Non random mating
7. Favorable alleles

دیده خواهد شد. به این حالت که تمام ژنوتیپ‌های یک مکان ژنی یکسان و یک نوع هموزایگوس دیده می‌شود اصطلاحاً ثابت^۱ شدن الل در جامعه می‌گویند.

عامل مهم دیگر برای تغییر فرآوانی ژن و ژنوتیپ در جوامع دامی روشهای آمیزش دامها است. مطابق تعریف آمیزش به مجموعه روشهایی گفته می‌شود که معین می‌کنند کدام فرد ماده با کدام فرد نر آمیزش داده شود. بطور کلی روشهای آمیزشها در اصلاح نژاد سبب افزایش ژنوتیپ‌های هموزایگوس و یا ژنوتیپ‌های هتروزیگوس در جامعه می‌شود، که بر این اساس به ترتیب به دو گروه عمده آمیزشهای خویشاوندی^۲ و غیرخویشاوند^۳ تقسیم می‌شود.

آمیزشهای خویشاوندی گروهی از آمیزشها است که فرآوانی ژنوتیپ افراد هموزایگوس را در جامعه کنترل می‌کنند. در اغلب گله‌های دامها زمانی که شجره یک دام را مورد بررسی قرار می‌دهیم دارای یک پدر و مادر است و اگر به نسلهای قبل تر برگردیم به افرادی می‌رسیم که در شجره چندین بار تکرار شده است. بعنوان مثال ممکن است پدر بزرگ، پدر و مادر یک گاو ماده یک گاو نر یکسان باشد. به افرادی که بیشتر از یک مرتبه در شجره نامه‌ها تکرار شده است و یا به یک فرد که والدین چندین فرد در جامعه است اصطلاحاً جد مشترک^۴ گفته می‌شود. لذا در آمیزشهای خویشاوندی بسیاری از ژن‌ها در جامعه از جد‌های مشترک به ارث رسیده است بنابراین این برای اغلب مکانهای ژنی هموزایگوس هستند. بنابر این آمیزشهای خویشاوندی سبب افزایش ژنوتیپ هموزایگوس در جامعه می‌شود.

نوع دیگر از آمیزشها در جوامع دامی آمیزشهای غیرخویشاوند است. در این نوع آمیزشها اغلب افراد غیر خویشاوند با یکدیگر آمیزش داده می‌شود. در این نوع از آمیزشها فرآوانی ژنوتیپ هتروزیگوس در جامعه افزایش می‌یابد.

1. Fixation
2. Inbreeding
3. Outbreeding
4. Common ancestor

۳-۴. قانون تعادل ژنتیکی هاردی وینبرگ

براساس این قانون در جوامعی که عوامل موثر در تغییر فرآوانی ژنی وجود ندارد فرآوانی ژنی و شجره فرآوانی ژنوتیپی در نسلهای متمادی ثابت می ماند و جامعه در حالت تعادل و در نتیجه میانگین صفت ثابت است. عوامل موثر در تغییر فرآوانی ژنی یک صفت در جامعه شامل انتخاب، مهاجرت، جهش، گرایش تصادفی و آمیزش غیر تصادفی می باشند. در بخش قبل در باره تغییر فرآوانی ژن و ژنوتیپ با انجام انتخاب مصنوعی در جوامع دامی توضیح داده شد. موتاسیون نیز سبب تغییر فرآوانی ژن در جامعه می شود. موتاسیون سبب تغییر در ساختمان DNA و به وجود آمدن اللهای جدید در جامعه می شود. تغییر فرآوانی ژن و ژنوتیپ با موتاسیون در جوامع در یک دوره کوتاه مدت اندک و ناچیز است و همچنین بعضی از اللهای موتاسیون یافته مجدداً به حالت طبیعی خود بر می گردند. مهاجرت از دیگر عوامل برهم زنده تعادل در جوامع است. هنگامی که تعداد زیادی افراد از جامعه خارج و یا به جامعه وارد شوند فرآوانی ژن و ژنوتیپ در جامعه تغییر می کنند. مطابق قانون تعادل ژنتیکی هاردی وینبرگ در صورتی تعادل باقی می ماند که آمیزشها تصادفی باشد. در جوامع با اندازه کوچک در صورت تصادفی بودن آمیزشها بعضی از آمیزشها بین افراد خویشاوند خواهد بود و فرآوانی ژن و ژنوتیپها به طور تصادفی گرایش های متفاوت خواهد داشت که به این اثر اصطلاحاً گرایش تصادفی^۱ می گویند. از دیگر عوامل برهم زدن تعادل ژن و ژنوتیپها در جوامع آمیزشهای غیر تصادفی است، که در بخش بالا مورد بررسی قرار گرفت.

مطابق قانون تعادل ژنتیکی هاردی وینبرگ در جوامع با اندازه بزرگ با آمیزش تصادفی و عدم حضور انتخاب، جهش و مهاجرت فرآوانی ژنی برای یک صفت طی نسلهای متمادی ثابت باقی می ماند. رابطه فرآوانی ژنی و ژنوتیپی در جوامع متعادل به صورت زیر است.

$$P = p^2$$

$$H = 2pq$$

$$Q = q^2$$

۳-۳

بعنوان مثال، در یک جامعه در حال تعادل ژنتیکی هاردی واینبرگ مرغهای نژاد آندلسی فراوانی ژنوتیپ‌های سیاه (BB)، آبی (Bb) سفید (bb) به ترتیب برابر با ۰/۰۸، ۰/۷۴ و ۰/۱۸ است لذا فراوانی ژنی و ژنوتیپی در این جامعه به شرح زیر است.

$$P = p^2 = 0/08$$

$$H = 2pq = 0/74$$

$$Q = q^2 = 0/18$$

$$q = \sqrt{Q} = \sqrt{0/18} = 0/42$$

$$p = 1 - q = 1 - 0/42 = 0/58$$

فصل چهارم

آمار در اصلاح دام

۴-۱. مقدمه و مفاهیم

برای ارزیابی موجودات زنده برای یک صفت کمی باید از آن صفت و هر یک از حیوانات مورد نظر داده وجود داشته باشد. برای استفاده عملی از این داده‌ها و تفسیر آنها باید از روش‌های آماری و مناسب استفاده شود. لذا علم اصلاح دام شامل مجموعه علوم ژنتیک جمعیت، ژنتیک کمی و آمار و احتمالات است. بدین لحاظ در اغلب کتابهای اصلاح دام و ژنتیک کمی از مفاهیم و روشهای آماری مختلف استفاده می‌شود. یادآوری و مرور این مفاهیم در این فصل به خواننده این کتاب کمک می‌نماید تا درک مطالب ارائه شده در فصلهای آینده ساده تر باشد.

برای تجزیه و تحلیل تغییرات صفات کمی در جامعه و بررسی چگونگی توارث آنها از مدل‌های ژنتیکی و آماری و داده‌های مناسب استفاده می‌شود. داده‌ها شامل مشاهدات و یا ارقام اندازه گیری شده یک صفت در افراد یک جامعه می‌باشند. از این داده‌ها مقادیر فنوتیپی^۱، مقادیر ژنوتیپی^۲، ارزش ارثی^۳ و یا قابلیت تولید^۴ هر حیوان برای هر صفت محاسبه می‌شود. البته داده‌های حاصل برای یک صفت از نظر توزیع و پراکندگی در بین افراد و ارتباط آنها با یکدیگر بررسی می‌شود. نکته مهم این است که پارامترهای آماری مورد نیاز برای مطالعه صفات در جامعه (نظیر میانگین^۵،

-
1. Phenotypic value
 2. Genotypic value
 3. Breeding value
 4. Producing ability
 5. Mean

واریانس^۱، انحراف معیار^۲، کوواریانس^۳، همبستگی^۴ و رگرسیون^۵ دارای دو مقدار واقعی^۶ و برآورد^۷ شده هستند. مقدار واقعی پارامتر جامعه^۸ نامعلوم است و لذا از جامعه برای صفت مورد نظر نمونه‌های آماری^۹ تهیه و با داده برداری کافی از این نمونه‌ها پارامترهای جامعه برآورد می‌شوند. مقدار پارامتر برآورد شده از نمونه آماری یک برآورد تقریبی از پارامتر واقعی صفت در جامعه است و بستگی به خصوصیات نمونه دارد و مقدار این برآوردها ممکن است از یک نمونه به نمونه دیگر تغییر کند. دقت برآورد^{۱۰} پارامتر آماری یا میزان تفاوت پارامتر برآورد شده با مقدار واقعی یکی از مهمترین مباحث مطرح در علم اصلاح نژاد است که در این فصل و سایر فصل‌ها مطالعه می‌شود.

۴-۲. توزیع آماری نرمال

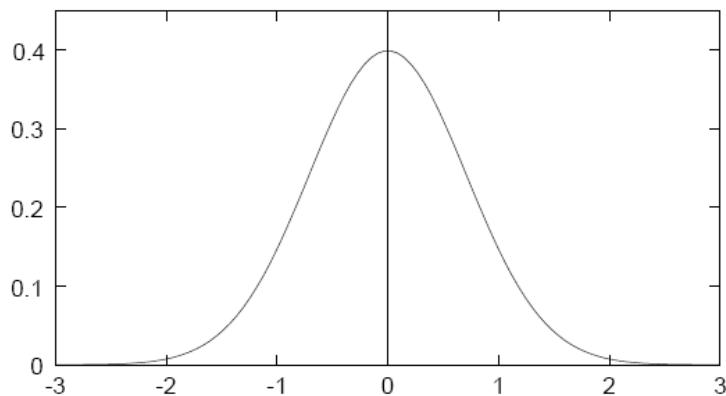
داده‌های حاصل برای یک صفت در جامعه و یا بین افراد یک نمونه دارای یک توزیع و پراکندگی است که آن را توزیع آماری آن مقادیر می‌نامند. بعنوان مثال ممکن است میانگین وزن تولد گوساله‌های نژاد هلشتاین ایران ۳۸ کیلوگرم گزارش شده باشد. ولی وزن تولد گوساله‌های متولد شده در یک گله به خصوص به دلیل تأثیر عوامل ژنتیکی و محیطی متفاوت و دارای تغییرات است. لذا این امکان وجود دارد دامنه تغییرات وزن تولد گوساله در این گله در دامنه بین ۳۰-۵۰ کیلوگرم باشد.

اگر به پراکندگی اعداد این شکل توجه شود فراوانی تعداد گوساله‌های دارای وزن تولد نزدیک به بیشترین و کمترین مقدار زیاد نیست. ولی فراوانی مشاهدات در حدود میانگین جامعه بیشتر است. پراکندگی یا توزیع این صفت در این گله شبیه به منحنی توزیع نرمال^{۱۱} است که شبیه به

-
1. Variance
 2. Standard deviation
 3. Covariance
 4. Correlation
 5. Regression
 6. True
 7. Estimated
 8. Population parameters
 9. Sample statistic
 10. Accuracy
 11. Normal distribution

شکل یک زنگوله متقارن می‌باشد (شکل ۴-۱). پس داده‌های این صفت در این گله دارای توزیع نرمال است و بیشترین داده‌ها حول میانگین گله قرار دارند. از خواص منحنی نرمال این است که حدود ۶۸، ۹۵ و ۹۹ درصد از مشاهدات به ترتیب در دامنه $\bar{x} \pm \sigma$ ، $\bar{x} \pm 2\sigma$ ، $\bar{x} \pm 3\sigma$ قرار دارند. چون در گله مورد مثال میانگین و اشتباه معیار وزن تولد به ترتیب برابر با ۳۸ و ۳ کیلوگرم است لذا حدود ۶۸ درصد داده‌ها در فاصله ۳۵ تا ۴۱ کیلوگرم قرار دارند.

براساس نظریات موجود، صفات کمی تحت تأثیر تعداد نامحدودی ژن قرار دارند و لذا منحنی تغییرات این صفات اغلب به صورت منحنی نرمال است. لذا اغلب صفات اقتصادی در جوامع دامی و گیاهی دارای توزیع نرمال هستند. در صورتی که اگر منحنی تغییرات یک صفت تحت تأثیر یک ژن با سه ژنوتیپ و یا دو ژن ترسیم شود. منحنی تغییرات صفت به منحنی نرمال نزدیک می‌شود. بعضی از صفات کمی که دارای تعداد محدودی فنوتیپ است دارای انواع دیگری از توزیع آماری می‌باشند.



شکل ۴-۱ منحنی پراکندگی توزیع نرمال

۴-۳. میانگین صفات در جامعه

میانگین یک پارامتر آماری صفت در جامعه است که برای مطالعه و یا مقایسه جوامع محاسبه می‌شود. میانگین فنوتیپی جامعه را با علامت یونانی μ نشان می‌دهند. برای صفات کمی با توزیع نرمال میانگین در مرکز منحنی و دارای بیشترین فراوانی است. میانگین داده‌های مربوط به نمونه‌های حاصل از یک جامعه را با \bar{X} نشان می‌دهند. برای محاسبه میانگین ساده ریاضی یک

صفت^۱ داده‌های مربوط به افراد نمونه را با یکدیگر جمع و بر تعداد مشاهدات تقسیم می‌کنند. رابطه ریاضی محاسبه میانگین در رابطه ۱-۴ نشان داده شده است.

$$\bar{X} = \frac{\sum_{i=1}^n X_i}{n} = \frac{1}{n}(X_1 + X_2 + \dots + X_n) \quad 1-4$$

در این رابطه، X_i مقدار فنوتیپی صفت در فرد i و n تعداد کل افراد دارای داده است. در برنامه ریزی‌های مربوط به امور اصلاح دام وجود اطلاعات در مورد میانگین فنوتیپی یا میانگین کلی صفات از حیوانات یک گله، نژاد و یا گونه بسیار ضروری است و قابل استفاده می‌باشد. در جدول ۱-۴ میانگین مهمترین صفات اقتصادی در گونه‌های مهم دامی ارائه شده است.

۴-۴. واریانس

آماره میانگین اطلاعات خاصی در ارتباط با چگونگی پراکندگی داده‌ها در جامعه نشان نمی‌دهد. در عمل علاوه بر میانگین یک صفت لازم است که چگونگی پراکندگی داده‌ها و تفاوت مقادیر در افراد نیز معلوم باشد. آماره واریانس^۲ یک صفت دامنه تغییرات آن را در بین افراد یک جامعه نشان می‌دهد. به طور کلی عموم پارامترهای ژنتیکی و آماری مربوط به صفات اقتصادی (نظیر میانگین فنوتیپی، ارزش ارثی، قابلیت تولید، اثر عوامل محیطی و وراثت پذیری) دارای واریانس می‌باشد. بدین لحاظ واریانس پارامترهای ژنتیکی برای مطالعه جامعه پراکندگی موجود در جامعه برآورد می‌شود.

واریانس یک پارامتر جامعه است و با علامت یونانی σ^2 نشان داده می‌شود. برای اینکه انتخاب افراد در جامعه موفق باشد و میانگین صفت در نسل بعد به دلیل انتخاب افزایش یابد لازم است که تفاوت‌های فنوتیپی و ژنتیکی بین افراد در حد کافی زیاد باشد. اگر واریانس ژنتیکی بین افراد در یک جامعه کم باشد و یا بعبارت دیگر تشابه ژنتیکی افراد زیاد باشد امکان پیشرفت ژنتیکی در اثر انتخاب کاهش می‌یابد. بنابراین مطالعه میزان تفاوت‌های افراد از نظر صفت مورد نظر از طریق واریانس آن صفت در جامعه انجام می‌شود.

-
1. Mathematic average
 2. Variation

چون عدد واریانس به توان دو می‌باشد لذا اغلب از جذر آن استفاده می‌شود و به آن انحراف معیار می‌گویند. انحراف معیار جامعه با علامت یونانی σ نمایش داده می‌شود و دارای واحد و مقیاس است. واریانس و انحراف معیار برآورد شده از یک نمونه حاصل از جامعه را واریانس و انحراف معیار نمونه و با علائم $\hat{\sigma}^2$ و $\hat{\sigma}$ نشان می‌دهند. انحراف معیار فنوتیپی تعدادی از صفات اقتصادی مهم در گونه‌های دامهای مختلف به عنوان مثال در جدول ۴-۱ ارائه شده است. براساس تعریف واریانس عبارت از میانگین مجموع مجذورات انحرافات مشاهدات از میانگین جامعه می‌باشد. واریانس جامعه را می‌توان از فرمول ۴-۲ محاسبه نمود.

$$\hat{\sigma}_x^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X}_x)^2}{n-1} \quad ۲-۴$$

در این رابطه $\hat{\sigma}_x^2$ واریانس جامعه برای متغیر x میانگین متغیر x مقدار مشاهده شده در فرد i و n تعداد کل مشاهدات است. انحراف معیار جامعه نیز از رابطه ۴-۳ محاسبه می‌شود. انحراف معیار مربوط به جامعه و اشتباه معیار مربوط به نمونه است و از رابطه $\frac{\sigma}{\sqrt{n}}$ محاسبه می‌شود.

$$\hat{\sigma}_x = \sqrt{\hat{\sigma}_x^2} \quad ۳-۴$$

جدول ۴-۱: میانگین و انحراف معیار مهمترین صفات اقتصادی در گونه‌های دامی

گونه	صفات	میانگین (۱۱)	انحراف معیار (۵)	واحد
گاو گوشتی	فاصله دو زایش	۳۸۰	۲۰/۰	روز
	وزن تولد	۳۶	۴/۵	کیلوگرم
	وزن شیر گیری	۲۵۱	۲۲/۷	کیلوگرم
	وزن یک سالگی	۴۳۰	۲۷/۲	کیلوگرم
	وزن هنگام بلوغ	۵۰۰	۳۸/۶	کیلوگرم
	ضریب تبدیل غذا	۷/۵	۰/۲۳	کیلوگرم غذا برای یک کیلوگرم افزایش وزن
گاو شیری	تعداد روزهای خشک	۸۳	۸	روز
	فاصله دو زایش	۴۰۴	۷۵/۰	روز
	تولید شیر	۶۰۰۰	۲۵۴/۰	لیتر
	درصد چربی	۴/۴	۰/۵	درصد
	درصد پروتئین	۳/۵	۰/۴	درصد
مرغ تخمگذار	تعداد تخم مرغ در ۶۰ هفته	۳۰۰	۳	عدد
	وزن تخم مرغ	۵۸	۴/۶	گرم
	ضریب تبدیل غذا	۲/۴۵	۰/۴	کیلوگرم غذا برای یک کیلو افزایش وزن
	وزن هنگام بلوغ	۲/۴	۰/۹	کیلوگرم
	وزن سینه	۲۹۰	۳	گرم
گوسفند	تعداد دو قولو زایی	۱/۳	۰/۳	بره
	وزن تولد	۴	۱/۴	کیلوگرم
	وزن از شیر گرفتن	۲۰	۳/۶	کیلوگرم
	وزن یک سالگی	۶۸	۱۳/۶	کیلوگرم

مثال ۴-۱ در جدول زیر وزن شیر گیری دوازده گوساله گوشتی ارائه شده است، میانگین، واریانس و انحراف معیار این صفت با استفاده از این داده‌ها به شرح زیر محاسبه کنید.

شماره گوساله	وزن از شیر گیری (کیلوگرم)
۱	۲۳۳/۸
۲	۱۹۵/۲
۳	۲۱۵/۶
۴	۲۵۶/۵
۵	۲۸۶/۱
۶	۲۳۱/۵
۷	۲۲۴/۷
۸	۲۱۷/۹
۹	۲۵۲
۱۰	۲۲۹/۳
۱۱	۲۱۳/۴
۱۲	۲۰۲

$$\bar{X} = \frac{\sum_{i=1}^{12} X_i}{n} = \frac{(233/8 + 195/2 + \dots + 202)}{12} = 229/8$$

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{\sum_{i=1}^{12} (X_i - \bar{X})^2}{n} = \frac{(233/8 - 229/8)^2 + (195/2 - 229/8)^2 + \dots + (202 - 229/8)^2}{12-1} = 636/6$$

$$\hat{\sigma} = \sqrt{636/6} = 25/2 \text{ kg}$$

برآورد میانگین این صفت در نمونه مورد مثال برابر با ۲۲۹/۸ و انحراف معیار آن برابر با

۲۵/۲ کیلوگرم می‌باشد.

۴-۵. واریانس و توزیع نرمال

شکل منحنی نرمال و فراوانی مشاهدات در هر نقطه از آن میزان واریانس و یا مقدار تغییرات در اطراف میانگین را نشان می‌دهد. اگر ارتفاع منحنی کم و دامنه آن بسیار گسترده باشد میزان تغییرات در جامعه زیاد است. ولی اگر ارتفاع منحنی در قسمت میانگین زیاد و دو طرف آن بهم نزدیک باشد نشان می‌دهد که واریانس صفت در جامعه کم است. واریانس‌های فنوتیپی و ژنتیکی برای یک صفت در جوامع مختلف و همچنین صفات مختلف در یک جامعه زیاد است. در صورتی که در یک جامعه برای یک صفت انتخاب ژنتیکی انجام گیرد پس از سالیان متمادی انتخاب مصنوعی به مرور منحنی توزیع صفت به یک منحنی با ارتفاع زیاد و دامنه محدود تبدیل می‌شود. در حقیقت به مرور تفاوت‌های ژنتیکی داخل جامعه کاهش می‌یابد. البته در جوامع دامی این کاهش واریانس به دلیل زیاد بودن فاصله نسل، جهش، مهاجرت (و سایر عوامل) بسیار کند است و اثر انتخاب بر کاهش واریانس ژنتیکی مشهود نیست.

۴-۶. کوواریانس

کوواریانس^۱ پارامتر آماری دیگر است که میزان رابطه دو صفت در یک جامعه را نشان می‌دهد. در دامپروری میزان ارتباط فنوتیپی و ژنتیکی صفات را به ترتیب با کوواریانس فنوتیپی و ژنتیکی نشان می‌دهند. اگر کوواریانس ژنتیکی دو صفت صفر باشد بدین معنی است که تغییرات ژنتیکی یک صفت بر صفت دیگر اثر ندارد. بنابراین اگر کوواریانس ژنتیکی دو صفت صفر نباشد تغییرات در یکی از آنها سبب تغییر در دیگری نیز می‌شود. این تغییرات در جهات و شکلهای متفاوت است، در مواردی تغییر در یک صفت سبب تغییر شدید صفت دیگر در جهت مثبت می‌شود که در این حالت بین دو صفت رابطه مثبت و قوی وجود دارد. در مواردی افزایش مقدار تغییر یک صفت سبب تغییر شدید در صفت دیگر در جهت معکوس و یا منفی می‌شود که این حالت را رابطه شدید و منفی می‌گویند. به طور کلی کوواریانس دو صفت می‌تواند مثبت، منفی و یا صفر و مقدار آن نیز قوی و یا ضعیف باشد. بعنوان مثال، رابطه ژنتیکی میزان تولید شیر و درصد چربی آن منفی است. یعنی با افزایش تولید شیر میزان درصد چربی شیر کاهش می‌یابد.

با توجه به مفهوم کوواریانس دو صفت سه نکته مهم مشخص می‌شود. که شامل جهت، شدت

1. Covariance

و میزان تغییرات می‌باشد. جهت تغییر^۱ و یا مثبت و منفی بودن رابطه دو صفت نشان می‌دهد که با انتخاب برای یک صفت در جامعه تغییر در صفت دیگر در کدام جهت است. اگر رابطه دو صفت مثبت باشد با افزایش میانگین یک صفت در جامعه مقدار میانگین صفت دیگر نیز افزایش و اگر این رابطه منفی باشد میانگین صفت دیگر کاهش می‌یابد. بعنوان مثال، در گاو شیری با افزایش میانگین تولید شیر میانگین درصد چربی شیر کاهش می‌یابد. ولی بهرحال رابطه بعضی صفات شدید و بعضی دیگر ضعیف است. بعنوان مثال، رابطه صفات وزن تولد و میزان سخت زایی در گاو زیاد است، پس با افزایش وزن تولد گوساله میزان سخت زایی برای مادر نیز به شدت افزایش می‌یابد. ولی رابطه صفات وزن یک سالگی و وزن تولد گوساله‌ها ضعیف است. البته میزان تغییر در یک صفت در اثر یک واحد تغییر در میانگین صفت دیگر اهمیت دارد. یعنی اگر میانگین یک صفت یک واحد افزایش یا کاهش یابد. میانگین صفت دیگر چند واحد تغییر می‌کند. بدین ترتیب در برنامه ریزی برای تغییر میانگین صفات در یک جامعه به این سه نکته در مورد رابطه بین صفات توجه خاص می‌شود.

برای برآورد کوواریانس دو صفت نیز نظیر میانگین و واریانس از داده‌های مربوط به دو صفت استفاده می‌شود. از نظر مفهوم آماری کوواریانس دو صفت عبارت از میانگین مجموع حاصلضرب‌های انحرافات مشاهدات هر صفت از میانگین آن می‌باشد. کوواریانس دو متغیر X و Y را با علامت ریاضی $cov(X, Y)$ یا $\sigma_{x,y}$ نشان می‌دهند. برای محاسبه کوواریانس دو صفت در جامعه از رابطه زیر استفاده می‌شود.

$$cov(X, Y) = \frac{\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X}_x)(Y_i - \bar{Y}_y)}{n-1} \quad ۴-۴$$

در این رابطه X_i و Y_i مشاهدات هر صفت در فرد i و \bar{X}_x و \bar{Y}_y نیز میانگین صفات و n تعداد افراد موجود در نمونه است.

مثال ۴-۲ ارقام مربوط به دو صفت وزن تولد و وزن شیر گیری ده گوساله در جدول زیر ارائه شده است. کوواریانس این دو صفت را می‌توان به شرح زیر محاسبه نمود.

1. Direction

گوساله	وزن تولد	وزن از شیر گیری
۱	۲۸/۱	۲۳۳/۸
۲	۳۳/۶	۱۹۵/۲
۳	۳۲/۷	۲۱۵/۷
۴	۴۴/۵	۲۵۶/۵
۵	۳۹/۹	۲۸۶
۶	۳۶/۳	۲۱۳/۵
۷	۳۵/۴	۲۲۴/۷
۸	۳۲/۷	۲۱۷/۹
۹	۳۴	۲۵۱/۹
۱۰	۳۹	۲۲۹/۳

میانگین هر یک از دو صفت براساس داده‌های جدول به شرح زیر محاسبه می‌شود.

$$\bar{X}_{BW} = \frac{(28/1 + 33/6 + \dots + 39)}{10} = 35$$

$$\bar{Y}_{WW} = \frac{(233/8 + 195/2 + \dots + 229/3)}{10} = 224$$

$$\text{cov}(X, Y) = \frac{(28/1 - 35)(233/8 - 224) + (33 - 35)(195/2 - 224) + \dots + (39 - 35)(229/3 - 224)}{10 - 1} = 66$$

در این مثال کوواریانس وزن تولد و وزن شیر گیری مثبت و برابر با ۶۶ کیلوگرم برآورد شد. البته از این عدد فقط به این مفهوم که بین دو صفت رابطه یا کوواریانس وجود دارد و در ضمن این رابطه مثبت می‌باشد.

۴-۷. همبستگی

همبستگی^۱ نیز یک پارامتر آماری است که فاقد واحد اندازه گیری است و میزان دو صفت را نشان می‌دهد. همبستگی دو صفت X و Y را با علامت $r_{x,y}$ نشان می‌دهند. همبستگی دو صفت نیز نظیر کوواریانس در داخل جامعه یا گروهی از افراد محاسبه می‌شود. دامنه تغییرات همبستگی دو صفت بین -۱ تا +۱ است. همبستگی +۱ و -۱ به مفهوم رابطه صد در صد بین دو صفت و به ترتیب مثبت و منفی است. به مقداری که همبستگی دو صفت به عدد صفر نزدیک تر باشد نشان می‌دهد که رابطه دو صفت کمتر است. در حقیقت همبستگی مقدار استاندارد شده کوواریانس دو صفت است. یعنی برای محاسبه همبستگی، مقدار کوواریانس دو صفت بر حاصلضرب جذر واریانس در صفت تصمیم گیری شود. یعنی: در اغلب مطالعات برای سهولت و درک رابطه دو صفت به جای کوواریانس از پارامتر همبستگی استفاده می‌شود.

$$r_{x,y} = \frac{\sigma_{xy}}{\sigma_x \cdot \sigma_y} \quad ۵-۴$$

همبستگی دو صفت ممکن است فنوتیپی^۲، ژنتیکی^۳ و یا محیطی^۴ باشد. همبستگی فنوتیپی میزان ارتباط ظاهری دو صفت را نشان می‌دهد و با علامت r_{p_x, p_y} نشان داده می‌شود. چون همبستگی فنوتیپی شامل مجموع دو همبستگی ژنتیکی و محیطی می‌باشد و مقدار و یا مثبت و منفی بودن آن‌ها بر این همبستگی اثر دارد لذا در برنامه‌های اصلاح دام همبستگی فنوتیپی مورد توجه نمی‌باشد.

همبستگی ژنتیکی را با علامت r_{BV_x, BV_y} نشان می‌دهند. چون این نوع همبستگی ارتباط دو صفت را از نظر ژنتیکی و ارزش اثری نشان می‌دهد. لذا در برنامه‌های اصلاح دام مورد توجه نمی‌باشد. اگر همبستگی ژنتیکی دو صفت زیاد باشد با انتخاب برای یک صفت میانگین صفت دیگر نیز تغییر می‌کند.

همبستگی محیطی نیز مقدار ارتباط دو صفت ناشی از اثر عوامل محیطی را نشان می‌دهد. از

-
1. Correlation
 2. Phenotypic correlation
 3. Genetic correlation
 4. Environmental correlation

اطلاعات مربوط به همبستگی محیطی دو صفت در اغلب موارد برای اهداف مدیریتی استفاده می‌شود. همبستگی محیطی دو صفت را با علامت r_{E_x, E_y} نشان می‌دهند.

مثال ۴-۳ با استفاده از داده‌های مثال ۴-۲ همبستگی فنوتیپی وزن تولد و وزن شیر گیری به صورت زیر محاسبه می‌شود.

$$\sigma_{BW} = 4/6$$

$$\sigma_{WW} = 25/2$$

$$\text{cov}(BW, WW) = 66$$

$$r_{BW, WW} = \frac{\text{cov}(BW, WW)}{\sigma_{BW} \sigma_{WW}} = \frac{66}{4/6 \times 25/2} = 0/57$$

پس همبستگی فنوتیپی این دو صفت مثبت و متوسط است.

۴-۸. رگرسیون

رگرسیون یک پارامتر آماری است که مقدار تغییر در میانگین یک صفت در اثر یک واحد تغییر در صفت دیگر را نشان می‌دهد. اگر ضریب رگرسیون دو صفت y , x به صورت $b_{y, x}$ نشان داده شود به این مفهوم است که به ازای یک واحد تغییر در صفت x مقدار تغییر در صفت y معادل مقدار عددی ضریب رگرسیون است. در این حالت دو صفت x , y را به ترتیب متغیر مستقل و متغیر وابسته می‌نامند. ولی اگر ضریب رگرسیون به صورت $b_{y, x}$ نشان داده شود به این مفهوم است که به ازای هر واحد تغییر میانگین صفت y مقدار تغییر در صفت x معادل مقدار عددی ضریب رگرسیون می‌باشد. در این حالت صفت y , x به ترتیب متغیرهای مستقل و وابسته نامیده می‌شوند. به عنوان مثال اگر ضریب رگرسیون تولید پشم بر وزن ۶۰ روزگی ۰/۰۴ باشد بدین معنی است که با هر پوند افزایش در میانگین وزن شیرگیری بره‌ها می‌توان پیش بینی نمود میانگین پشم خالص به مقدار ۰/۰۴ پوند افزایش می‌یابد.

ضریب رگرسیون از لحاظ ریاضی شیب خط پیش بینی شده بین دو متغیر وابسته است. این شیب برای صفات دارای همبستگی مثبت و صفات دارای همبستگی منفی در جهت معکوس یکدیگر است. با توجه به شکل ۴-۳ شیب مثبت برای حالت الف، شیب منفی برای حالت ب و شیب صفر برای حالت ج می‌باشد. ضریب رگرسیون نیز مانند ضریب همبستگی دارای جهت یا علامت و شدت و مقدار است.

برای محاسبه ضریب رگرسیون دو صفت از کوواریانس دو صفت و واریانس صفت مستقل به صورت زیر استفاده می‌شود.

$$b_{Y, X} = \frac{\text{cov}(X, Y)}{\sigma_x^2} = \frac{\text{cov}(X, Y)}{\sigma_y^2} \quad ۶-۴$$

$$b_{X, Y} = \frac{\text{cov}(X, Y)}{\sigma_y^2}$$

مثال ۴-۴ ضریب رگرسیون وزن شیرگیری بر وزن تولد گوساله‌های مثال ۴-۲ به صورت زیر محاسبه می‌شود.

$$\sigma_{BW} = ۴/۶$$

$$\text{cov}(BW, WW) = ۶۶/۰$$

$$\hat{b}_{WW, BW} = \frac{\text{cov}(BW, WW)}{\sigma_{BW}^2} = \frac{۶۶}{(۴/۶)^2} = \frac{۶۶}{۲۱/۱۶} = ۳/۱۱$$

بنابر این پیش بینی می‌شود که به ازای هر کیلوگرم افزایش میانگین وزن تولد میانگین وزن شیرگیری ۳/۱۱ کیلوگرم افزایش یابد.

۴-۹. پیش بینی یک متغیر

برای پیش بینی مقدار کمی متغیر Y از متغیر X می‌توان از رابطه زیر استفاده نمود.

$$\hat{y} = \bar{y} + b_{yx} (x - \bar{x}) \quad ۷-۴$$

مقدار پیش بینی را می‌توان با استفاده از رابطه فوق برای هر داده محاسبه نمود. مشاهده‌ها اغلب فنوتیپ صفات مشاهده شده است. مشاهده‌ها می‌تواند داده مشاهده شده از یک فرد در جامعه یا میانگین داده‌های فرزندان یک والد و یا برادران و خواهران ناتنی باشد. در حقیقت با استفاده از این رابطه میزان تغییرات در مقدار واقعی با تغییر یک واحد در مشاهده‌ها را نشان می‌دهد. بعنوان مثال ضریب رگرسیون وزن خالص پشم به وزن از شیرگیری بره‌ها برابر با ۰/۰۴ پاند برای هر پاند اضافه وزن است. حال بعنوان مثال اگر یک بره وزن از شیرگیری آن ۱۰ پاند بیشتر از میانگین جامعه باشد بنابر این با استفاده از رابطه فوق مقدار پیش بینی شده اضافه وزن

پشم خالص برابر با $۰/۴ = ۱۰ \times ۰/۴$ پاند بیشتر از میانگین جامعه است. و اگر یک بره دیگر وزن از شیرگیری آن ۵ پاند کمتر از میانگین جامعه باشد مقدار پیش بینی شده برای وزن خالص پشم برابر با $-۰/۲ = (-۵) \times ۰/۴$ پاند کمتر از میانگین جامعه است.

دقت مقادیر پیش بینی شده دارای اهمیت زیادی است. بعضی از پیش بینی‌ها به مقادیر واقعی نزدیک هستند که آنها را پیش بینی دقیقتر می‌گویند. ولی دقت بعضی دیگر از پیش بینی‌ها کمتر است. براساس فرمول فوق دقت پیش بینی به ضریب رگرسیون برآورد شده بستگی دارد. اگر ضریب رگرسیون از تعداد زیادی داده‌های واقعی برآورد شده باشد دقت مقادیر پیش بینی شده از این ارقام زیاد است.

فصل پنجم

مدلهای ژنتیک کمی

۵-۱. مقدمه و مفاهیم

اغلب صفات کیفی^۱ یعنی صفاتی که با یک یا تعداد محدودی ژن کنترل می‌شوند دارای چند شکل محدود و مشخص می‌باشند. بعنوان مثال شاخ دار یا بی شاخ بودن دو گوسفند و یا وجود چهار گروه خونی در انسان را می‌توان به عنوان صفات کیفی عنوان نمود، صفات کیفی کمتر تحت تأثیر عوامل محیطی قرار دارند و تظاهر فنوتیپی آنها در افراد ناشی از اثر ژنتیکی ژنهای موثر می‌باشند.

تعدادی از صفات را که در موجودات زنده با تعداد زیادی ژن کنترل می‌شوند چند ژنی^۲ و یا کمی می‌گویند و عموماً دارای توزیع پیوسته و نرمال می‌باشند. اغلب صفات مهم و اقتصادی دامها و گیاهان جزو صفات کمی می‌باشند. اثر عوامل محیطی بر تغییرات صفات کمی در جامعه زیاد است و قسمتی از تفاوت‌های بین افراد جامعه از نظر یک صفت کمی ناشی از تأثیر عوامل غیر ژنتیکی (یا محیطی) می‌باشند. صفات میزان تولید شیر وزن تولد و شیرگیری گوساله یا بره‌ها جزو صفات کمی می‌باشند.

تعدادی از صفات نیز وجود دارند که مشابه صفات کیفی تعداد فنوتیپ آنها محدود است. ولی تظاهر فنوتیپی آنها تحت تأثیر عوامل ناشناخته و نامعلوم است و در مواردی که مقدار آن عوامل در موجود زنده بیشتر و یا کمتر از یک حد معینی شود صفت از نظر فنوتیپی ظاهر می‌شود.

1. Simply inherited traits
2. Polygenic traits

لذا آن‌ها را صفات آستانه^۱ می‌نامند. بعنوان مثال صفات ماندگاری تا یک زمان معین و دو قلوژائی در این گروه قرار دارند.

به بخشی از علم ژنتیک که در مورد نحوه توارث صفات کمی مطالعه می‌شود اصطلاحاً ژنتیک کمی^۲ نامیده می‌شود. مباحث اصلی این علم شامل مدل‌های مناسب برای مطالعه توارث صفات کمی، ارتباط و همبستگی بین صفات کمی، و بررسی تغییرات ژنتیکی صفات کمی و چگونگی پیشرفت ژنتیکی است.

۵-۲. یک مدل ساده برای صفات کمی

ساده‌ترین مدل مورد استفاده برای مطالعه چگونگی توارث صفات کمی به صورت رابطه ریاضی زیر است:

$$P = \mu + G + E \quad ۱-۵$$

در این مدل P مقدار فنوتیپی و یا شکل ظاهری صفت کمی مورد اندازه‌گیری در افراد μ بیانگین فنوتیپی صفت در جامعه G ارزش ژنتیکی هر فرد برای صفت کمی و E نیز اثر عوامل محیطی موثر در تظاهر صفت کمی است.

مقادیر فنوتیپی شامل داده‌های مشاهده شده در افراد است که در دامها و گیاهان برای برنامه‌های اصلاح نژاد داده برداری شود. ارزش ژنتیکی شامل اثر کلیه ژنهای افراد است که در بروز صفت کمی تأثیر دارند. ارزش ژنتیکی ارزش ژنتیکی قابل اندازه‌گیری مستقیم در افراد نمی‌باشد و اغلب با استفاده از روشهای ارائه شده برآورد می‌شود. اثر محیطی شامل کلیه عوامل غیر ژنتیکی موثر در ایجاد تغییرات در بین افراد می‌باشند.

۵-۳. ارزش ارثی

ارزش ارثی بخشی از ارزش ژنتیکی هر فرد است که به هر یک از فرزندان او قابل انتقال است. در انتخاب حیوانات برای صفات کمی باید افرادی را به عنوان مولد برای تولید نسل بعد در نظر

-
1. Threshold trait
 2. Quantitative genetics

گرفت که دارای بهترین ارزش ارثی باشند.

برای درک بهتر مفهوم ارزش ارثی فرض می‌شود یک ژن از چندین ژن موثر در کنترل وزن بلوغ دارای دو آلل B و b باشد. دو آلل B , b به ترتیب سبب افزایش و کاهش وزن بلوغ به میزان ۱۰ گرم می‌شوند در این مثال ممکن است مقدار ۱۰ گرم خیلی کم و ناچیز به نظر برسد. ولی باید توجه نمود که در صفات کمی چندین ژن و هر ژن نیز به مقدار کم بر بروز صفت اثر دارد. مقدار تأثیر هر آلل بر صفت را اصطلاحاً اثر مستقل آلل^۱ می‌گویند. ارزش ارثی هر فرد برای وزن بلوغ با در نظر گرفتن ژنوتیپ افراد برای این مکان ژنی برابر با مجموع اثر مستقل اللهای این ژن می‌باشد. چون از هر والد فقط یک آلل از هر مکان ژنی به نسل بعد منتقل می‌شود پس ارزش ارثی هر فرزند برابر با مجموع اثرهای مستقل اللهای مکانهای ژنی موثر بر صفت مورد نظر می‌باشد. برای صفت وزن بلوغ و مکان ژنی مورد مثال سه ژنوتیپ مختلف در فرزندان تشکیل می‌شود که ارزش ارثی هر ژنوتیپ برابر است با،

$$\begin{aligned} BV_{BB} &= 10 + 10 = 20 && \text{گرم} \\ BV_{Bb} &= 10 + (-10) = 0 && \text{گرم} \\ BV_{bb} &= -10 + (-10) = -20 && \text{گرم} \end{aligned} \quad 2-5$$

در این مثال افراد با ژنوتیپ BB دارای بیشترین ارزش ارثی برای وزن بلوغ هستند و آلل B را که دارای بیشترین اثر مستقل افزایشی برای این صفت است به فرزندان منتقل می‌کنند. ولی افراد با ژنوتیپ bb آلل b را به نتاج منتقل می‌کند که ارزش ارثی افراد نسل بعدی می‌شود. اگر در مکان ژنی مورد مثال آلل B به طور کامل بر آلل b غالب باشد در آن صورت ارزش ژنتیکی افراد هتروزیگوت (Bb) مشابه افراد هموزایگوت غالب (یعنی ۲۰ گرم) است. در واقع این ارزش ناشی از ترکیب ژنتیکی این مکان ژنی در افراد هتروزیگوت است. ولی چون این افراد دو آلل B و b را به نسبت مساوی به نسل بعد منتقل می‌کنند پس ارزش ارثی ژنوتیپ هموزایگوس برابر صفر است. در جدول زیر ارزش ارثی و ارزش ژنتیکی سه ژنوتیپ این مکان ژنی برای حالتی که آلل B نسبت به b دارای غلبه کامل باشد ارائه شده است.

1. Independent gene effect

مقدار ژنوتیپی (G)	ارزش ارثی (BV)	ژنوتیپ
20	20	BB
20	0	Bb
-20	-20	Bb

بنابر این ارزش ارثی آن بخش از ارزش ژنتیکی هر فرد است که ناشی از مجموع مستقل آلل‌های کلیه ژنهای موثر بر صفت کمی می‌باشد و قابل انتقال از یک نسل به نسل بعد است. ارزش ارثی هر فرد برای یک صفت به خصوص قابل اندازه‌گیری مستقیم نمی‌باشد ولی با استفاده از داده برداری و روشهای آماری خاص پیش بینی می‌شود.

۴-۵. میزان تفاوت در فرزندان

در تقسیم سلولی با کاهش کروموزومی (میوز) نصف کروموزم‌ها یا مواد وراثتی به سلول جنسی منتقل می‌شود. در واقع نصف اثر مستقل ژنها به فرزندان منتقل می‌شود، چون ارزش ارثی مجموع اثرهای مستقل ژنها است لذا نصف ارزش ارثی والدین به فرزندان منتقل می‌شود. پس نصف ارزش ارثی هر والد برای هر صفت را که در فرزندان قابل پیش بینی است اصطلاحاً میزان تفاوت در فرزندان^۱ و یا قابلیت انتقال^۲ می‌گویند. پس مطابق رابطه ریاضی زیر تفاوت فرزندان برابر است با:

$$PD = \frac{1}{2} BV \quad ۳-۵$$

در این رابطه PD معیار تفاوت در فرزندان و BV نیز ارزش ارثی است. معیار تفاوت در فرزندان یک مفهوم کاملاً کاربردی است و در یک جامعه با آمیزش تصادفی عبارت از پیش بینی تفاوت میانگین فنوتیپی فرزندان یک والد از میانگین کل فرزندان می‌باشد. بعنوان مثال اگر ارزش ارثی یک قوچ برای صفت وزن پشم برابر با ۱/۵ کیلوگرم باشد میزان تفاوت در فرزندان این قوچ برابر با ۰/۸ کیلوگرم است. اگر از این قوچ در یک گله برای آمیزش

1. Progeny difference (PD)
2. Transmitting ability (TA)

تصادفی استفاده شود پیش بینی می‌شود که میانگین وزن پشم فرزندان این قوچ به مقدار ۰/۸ کیلوگرم از میانگین کل گله بیشتر باشد.

میزان تفاوت در فرزندان نیز مشابه ارزش ارثی قابل اندازه‌گیری مستقیم نیست و بر اساس داده‌های موجود امکان پیش بینی آن وجود دارد و با عباراتی نظیر پیش بینی تفاوت فرزندان^۱ و برآورد قابلیت انتقال^۲ نشان داده می‌شود.

۵-۵. اثر افزایشی ژن‌ها

ارزش ارثی و یا تفاوت فرزندان برای یک صفت تابعی از اثر مستقل اللهای ژنهای موثر بر صفت مورد نظر است. چون اثر ژن‌ها مستقل از یکدیگر است ارزش ارثی هر فرد برای صفت مورد نظر برابر با مجموع اثرهای اللهای ژنهای موثر بر آن صفت است. به این دلیل به اثرهای مستقل اللهای موثر بر صفات اصطلاحاً اثر افزایشی^۳ ژنهای موثر بر صفت و یا ارزش ژنتیکی افزایشی^۴ می‌گویند.

اگر اثر اللهای ژنهای مستقل افزایشی در نظر گرفته شود در آن صورت ارزش ارثی فرزندان برابر با مجموع اثر مستقل ژنهای پدر و مادر آنها می‌باشد. در واقع هر فرزندان نصف ارزش ارثی پدر و نصف ارزش ارثی مادر را دریافت می‌کند که آن را می‌توان با رابطه ریاضی زیر نشان داد.

$$BV_{offspring} = \frac{1}{2}BV_{sire} + \frac{1}{2}BV_{Dam} \quad ۴-۵$$

در این رابطه $BV_{offspring}$ میانگین ارزش ارثی هر فرزند، BV_{sire} ارزش ارثی پدر و BV_{Dam} ارزش ارثی مادر است.

بعنوان مثال، اگر پیش بینی ارزش ارثی صفت سرعت در مسافت ۴۰۰ متر برای یک اسب نر معادل سه ثانیه کمتر از ۳ ثانیه و ارزش ارثی یک اسب ماده نیز یک ثانیه کمتر از میانگین ارزش ارثی فرزندان آنها برابر است با :

1. Expected progeny difference (EPD)
2. Estimated transmitting abilities (ETA)
3. Additive effect
4. Additive genetic value

$$BV_{offspring} = \frac{1}{2}BV_{sire} + \frac{1}{2}BV_{Dam}$$

$$BV_{offspring} = \frac{1}{2}(-3) + \frac{1}{2}(-1)$$

$$BV_{offspring} = -2 \text{ seconds}$$

بنابر این پیش بینی می‌شود که میانگین سرعت دویدن نتاج حاصل از این آمیزش دو ثانیه سریعتر از میانگین جامعه باشد.

مقدار فنوتیپی صفت برای فرزندان برابر با میانگین جامعه برای صفت مورد نظر به اضافه ارزش ارثی برآورد شده برای فرزندان می‌باشد که به صورت زیر نمایش داده می‌شود.

$$\bar{P}_{offspring} = \mu + BV_{offspring} = \mu + \frac{1}{2}BV_{sire} + \frac{1}{2}BV_{Dam} \quad 5-5$$

اگر در مثال فوق میانگین زمان برای دویدن ۴۰۰ متر طول برابر با ۲۰ ثانیه باشد برآورد میانگین برای فرزندان حاصل از آمیزش برابر است با :

$$\hat{P}_{offspring} = \mu + \frac{1}{2}BV_{sire} + \frac{1}{2}BV_{Dam}$$

$$\hat{P}_{offspring} = 20 + \frac{1}{2}(-3) + \frac{1}{2}(-1)$$

$$\hat{P}_{offspring} = 18 \text{ seconds}$$

بنابر این پیش بینی می‌شود که سرعت دویدن فرزندان حاصل از این آمیزش ۲ ثانیه بیشتر از میانگین جامعه باشد. به عبارت دیگر مدت زمان طی مسافت ۴۰۰ متر برای نتاج این والدین ۲ ثانیه کمتر از میانگین جامعه است.

۵-۶. اثر ژنوتیپی یا غیر افزایشی ژنها

ارزش ارثی یک قسمت از ارزش ژنتیکی والدین است که به فرزندان منتقل می‌شود. مابقی ارزش ژنتیکی را اصطلاحاً اثر غیر افزایشی یا ژنوتیپی ترکیبی ژنها^۱ می‌گویند. در واقع اثر غیر افزایشی شامل آن بخش از انحراف ارزش ژنتیکی یک حیوان از میانگین جامعه است که ناشی از

1. Gene Combination value (GCV)

اثر متقابل دو آلل در یک مکان ژنی و یا بین دو یا چند مکان ژنی می‌باشد و آن‌ها را به ترتیب انحراف ناشی از اثر غلبه و یا به طور خلاصه اثر ترکیب ژن‌ها می‌نامند. انحرافات ناشی از اثر ترکیب ژن‌ها^۱ قابل توارث انتقال از والدین به فرزندان نیست، علت این است که در مرحله تقسیم سلولی میوز از هر جفت کروموزوم فقط یک کروموزوم به سلول جنسی منتقل می‌شود و انحرافات فنوتیپی ناشی از اثر متقابل ژن‌ها به نسل بعد منتقل می‌شود. پس ارزش ژنتیکی هر حیوان برابر مجموع ارزش ارثی و یا ترکیب‌های ژن‌ها می‌باشد که می‌توان به شکل رابطه ریاضی زیر نشان داد.

$$G = BV + GCV$$

۶-۵

چون اثر ترکیب ژن‌ها فقط در حالت وجود ژن‌ها به صورت ژنوتیپ وجود دارد لذا این اثر مشابه اثر مستقل اللهای یک ژن دارای حالت افزایشی نمی‌باشد و به همین دلیل آن را اثر غیر افزایشی ژن‌ها نیز می‌گویند. بنابراین هیچ رابطه‌ای بین اثر ترکیب ژن‌ها در نتاج و والدین وجود ندارد. در واقع مقدار اثر ترکیب ژن‌ها در نتاج به ترکیب ژنتیکی آنها بستگی دارد. بدین لحاظ اثر ترکیب ژن‌ها را اثر غیر افزایشی ژن‌ها^۲ نیز می‌گویند.

پیشرفت ژنتیکی برای یک جمعیت در دام‌ها در اثر انتخاب بر مبنای ارزش ارثی حاصل می‌شود. در حقیقت با پیش بینی ارزش ارثی، میزان انحراف عملکرد هر دام بخشی از میانگین جامعه که ناشی از اثر افزایشی ژن‌ها می‌باشد و قابل توارث به نسل بعد است مشخص می‌شود. هدف اساسی در اصلاح دام انتخاب افراد برتر (از نظر ظرفیت ژنتیکی) است و افراد دارای بهترین ارزش ارثی پیش بینی شده برآورد شده در واقع افراد برتر جامعه هستند. مقادیر ترکیبی ژن‌ها بخشی از مقادیر ژنتیکی است که در بروز صفات در افراد اهمیت دارد و قابل استفاده در برآورد مقادیر فنوتیپی در مدل ژنتیک کمی است.

با توجه به توضیحات بخشهای قبل ارزش ژنتیکی را می‌توان به دو اثر ژنتیکی افزایشی و غیر افزایشی تفکیک نمود. لذا مدل ۱-۵ را می‌توان به صورت زیر ارائه نمود.

$$P = \mu + BV + GCV + E$$

۷-۵

-
1. Gene combination effect
 2. Nonadditive gene effects

از این مدل برای تجزیه و تحلیل عوامل موثر بر تغییرات صفات کمی استفاده می‌شود. بر اساس مفاهیم ارزش ارثی، مقدار ترکیبی ژنها، مقدار ژنتیکی و اثرهای محیطی میانگین این پارامترها در جامعه مورد بررسی برابر با صفر است.

$$B\bar{V} = G\bar{C}\bar{V} = \bar{G} = \bar{E} = 0 \quad ۸-۵$$

۵-۷. اثر عوامل محیطی دائم و موقت

تظاهر فنوتیپی بعضی صفات در طول زندگی دامها در چند نوبت تکرار می‌شود و آنها را صفات قابل تکرار^۱ می‌نامند. ظرفیت ژنتیکی یک دام برای تظاهر مجدد صفت قابل تکرار را اصطلاحاً قابلیت تولید^۲ می‌گویند. بعنوان مثال تولید شیر در گاوهای شیری جزو این گروه از صفات است و اغلب گاوها پس از هر زایش یک دوره شیردهی جدید را شروع می‌نمایند. صفات دیگری نظیر تعداد زایش و میزان تولید پشم سالانه در گوسفند جزو صفات قابل تکرار می‌باشد. عوامل محیطی را که در طول عمر حیوان هر میزان تظاهر یک صفت قابل تکرار تأثیر دارند اصطلاحاً اثر محیطی دائمی^۳ می‌نامند. در این حالت، قابلیت تولید مجدد یک دام برای یک صفت قابل تکرار برابر با مجموع اثر عوامل ژنتیکی و محیطی دائمی موثر بر صفت می‌باشد. بنابر این قابلیت تولید برای یک صفت قابل تکرار شامل عوامل ژنتیکی، محیطی موقت و دائم است و با رابطه ریاضی زیر نشان داده می‌شود.

$$PA = G + E_p = BV + GCV + E_p \quad ۹-۵$$

در این رابطه PA قابلیت تولید مجدد صفات تکراری و E_p اثر محیطی دائمی است. اثر بعضی از عوامل محیطی دائمی نیست و فقط در نحوه تظاهر تعدادی از صفات در یک زمان خاص دخالت دارند و آنها را عوامل محیطی موقت^۴ می‌نامند. اثر این عوامل در بروز قابلیت تولید مجدد قابل بررسی است.

-
1. Repeated trait
 2. Producing Ability (PA)
 3. Permanent environmental effect
 4. Temporary environmental effect

مدل ژنتیک کمی برای صفات قابل تکرار را با توجه به اطلاعات ارائه شده در این بخش می‌توان به صورت مدل زیر نشان داد.

$$P = \mu + BV + GCV + E_p + E_t \quad ۱۰-۵$$

در این رابطه E_t مربوط به اثر عوامل محیطی موقت می‌باشد. برآورد قابلیت تولید مجدد صفات قابل تکرار برای دامداران دارای اهمیت زیادی می‌باشد. بعنوان مثال، در گله‌های گاوهای شیری، تلیسه‌ها بعد از زایش اول تولید شیر را شروع می‌کنند. بعد از یک دوره تولید شیر و داده برداری از آن مقدار تولید شیر برآورد می‌شود که مقدار آن در هر حیوان ناشی از تأثیر عوامل ژنتیکی و محیطی موقت است. اثر ژنتیکی شامل ارزش ارثی و اثر ژنی غیر افزایشی می‌باشد. پیش بینی قابلیت تولید یک حیوان برای یک صفت قابل تکرار را اصطلاحاً بیشترین احتمال قابلیت تولید^۱ می‌گویند و اغلب از مجموع فنوتیپ مشاهده شده و میانگین جامعه محاسبه می‌شود. اگر مقدار بیشترین احتمال قابلیت تولید برآورد شود با جمع کردن با میانگین جامعه برآورد تولید در نوبت آینده امکان پذیر است و با رابطه ریاضی زیر نشان داده می‌شود.

$$\hat{P} = \mu + MPPA \quad ۱۱-۵$$

در این رابطه \hat{P} عبارت از پیش بینی عملکرد برای یک صفت قابل تکرار برای تولید مجدد و $MPPA$ نیز بیشترین احتمال قابلیت تولید است.

1. Most probable Producing Ability (MPPA)

فصل ششم

پارامترهای ژنتیکی

۱-۶. مقدمه و مفاهیم

برای ارزیابی ژنتیکی دام‌ها لازم است که پارامترهای ژنتیکی^۱ صفات کمی مربوط به هر جامعه برآورد شود. مهمترین پارامترهای ژنتیکی شامل وراثت پذیری^۲ و همبستگی ژنتیکی و از پارامترهای غیر ژنتیکی نیز تکرار پذیری و همبستگی‌های فنوتیپی و محیطی^۳ می‌باشند. در این فصل در مورد تعاریف وراثت پذیری و مفاهیم این پارامترها توضیح داده می‌شود.

۲-۶. وراثت پذیری

طبق تعریف، وراثت پذیری عبارت از رگرسیون ارزش ارثی بر فنوتیپ است یعنی :

$$h^2 = h_{AP} \quad ۱-۶$$

در این تعریف وراثت پذیری برابر با مقدار تغییر یا تفاوت بین حیوانات از نظر ارزش ارثی به ازای هر واحد تغییر یا تفاوت در ارزش فنوتیپی صفت در آن‌ها می‌باشد که در حقیقت میزان ارتباط بین ظرفیت ژنتیکی و ارزش فنوتیپی را نشان می‌دهد. بعنوان مثال، برای صفاتی که وراثت پذیری آن‌ها زیاد است نتاج حاصل از والدین دارای عملکرد مطلوب برای یک صفت بخصوص نیز دارای عملکرد مطلوب هستند.

-
1. Genetic parameters
 2. Heritability
 3. Phenotypic, genetic and environmental correlations

معمولاً وراثت پذیری را با علامت اختصاری h^2 نشان می‌دهند. همچنین وراثت پذیری به صورت همبستگی فنوتیپ با ارزش ارثی به توان دو نیز نشان داده می‌شود

$$h^2 = r_{P,BV}^2 \quad ۲-۶$$

در این رابطه $r_{P,BV}^2$ همبستگی عملکرد یا فنوتیپ با ارزش ارثی صفت به توان دو می‌باشد. علاوه بر تعاریف فوق دو تعریف کاربردی دیگر برای وراثت پذیری عبارت از وراثت پذیری در مفهوم وسیع^۱ و وراثت پذیری در مفهوم محدود^۲. در وراثت پذیری به مفهوم وسیع که با علامت اختصاری H^2 نشان می‌دهند درجه ارتباط و همبستگی بین مقدار فنوتیپی و یا شکل ظاهری و مقدار ژنوتیپی صفت در جامعه مشابه رابطه ریاضی زیر نشان می‌دهد.

$$H^2 = r_{P,G}^2 \quad ۳-۶$$

در این رابطه $r_{P,G}^2$ همبستگی بین مقدار فنوتیپ با کل مقدار ژنتیکی را به توان دو نشان می‌دهد. مطابق مفاهیم تعریف شده در فصل قبل مقدار ژنتیکی G شامل کلیه مقادیر ارزش ارثی و اثرهای ترکیبی ژنها و یا بعبارت دیگر مجموع اثرهای افزایشی و غیر افزایشی می‌باشد. در صورت ساده نمودن رابطه ریاضی فوق می‌توان این رابط را بر اساس مفاهیم واریانس و مدل ساده ژنتیک کمی به شکل زیر نشان داد.

$$H^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2} \quad ۳-۶$$

در این رابطه σ_G^2 واریانس ارزش ژنوتیپی و σ_P^2 واریانس فنوتیپی و h^2 نیز وراثت پذیری به مفهوم عام می‌باشند. وراثت پذیری به مفهوم عام سهمی از واریانس فنوتیپی را که ناشی از واریانس ژنوتیپی است نشان می‌دهد. چون تفاوت‌های ناشی از اثر متقابل ژنها (یا اثرهای غیر افزایشی) قابل انتقال به نسل بعد نمی‌باشد و فقط بخش ارزش ارثی یا اثر افزایشی ژنها قابل انتقال به نسل بعد

-
1. Broad sense
 2. Narrow sense

است لذا وراثت پذیری به مفهوم عام در دامپروری مورد استفاده نیست. ولی وراثت پذیری به مفهوم خاص درجه مهمی از واریانس فنوتیپی را نشان می‌دهد که حاصل واریانس ژنتیکی افزایشی است. مورد استفاده وراثت پذیری خاص در دامپروری زیاد است و عموماً تحت عنوان اختصاری وراثت پذیری نامیده می‌شود و با علامت h^2 نشان می‌دهند. رابطه ریاضی و فرمول ساده عبارت از:

$$h^2 = r_{P,A}^2$$

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2} \quad 4-6$$

در این رابطه $r_{P,A}^2$ همبستگی فنوتیپی بین مقدار فنوتیپی و اثر افزایشی ژنتیکی است، در این فرمول σ_A^2 واریانس ژنتیکی افزایشی و σ_P^2 واریانس فنوتیپی است. چون فقط اثر ژنی افزایشی قابل توارث به نسل بعد است لذا مقدار کمی واریانس آن در جامعه نشانه قابلیت توارث صفت می‌باشد و این مقدار با عدد وراثت پذیری مشخص می‌شود.

وراثت پذیری یک عدد مثبت و دامنه تغییرات آن بین صفر تا یک و یا بین صفر تا ۱۰۰ می‌باشد. اگر وراثت پذیری صفت نزدیک به یک یا ۱۰۰ باشد باین مفهوم است که بخش عمده واریانس موجود در جامعه ناشی از واریانس ژنتیکی است و لذا سهم اثر عوامل محیطی در واریانس فنوتیپی صفت در جامعه بسیار کم است. ولی اگر وراثت پذیری صفت بسیار کم و نزدیک به صفر باشد نشان می‌دهد که بیشتر واریانس یا تغییرات فنوتیپی موجود در جامعه به دلیل عوامل غیر ژنتیکی (یا محیطی) است.

در جدول ۶-۱ وراثت پذیری مهمترین صفات اقتصادی در دامها ارائه شده است. صفات را از لحاظ مقدار وراثت پذیری به سه گروه کم^۱، متوسط^۲ و زیاد^۳ تقسیم بندی می‌کنند. در دامپروری وراثت پذیری کمتر از ۰/۲ را کم بین ۰/۲ تا ۰/۴ را متوسط و بیشتر از ۰/۴ را زیاد در نظر می‌گیرند. عموماً وراثت پذیری صفات تولید مثل کم و صفات تولیدی در حد متوسط می‌باشند.

-
1. Lowly heritable
 2. Moderately heritable
 3. Highly heritable

جدول ۶-۱ وراثت پذیری و تکرارپذیری مهمترین صفات در دامها

تکرارپذیری (r)	وراثت پذیری (h^2)	صفات	گونه
۰/۳۵	۰/۰۵	فاصله دو زایش	گاو گوشتی
۰/۲۰	۰/۴۰	وزن تولد	
۰/۴۰	۰/۳۰	وزن شیر گیری	
	۰/۴۰	وزن یک سالگی	
	۰/۶۵	وزن هنگام بلوغ	
	۰/۴۰	ضریب تبدیل رشد	
	۰/۱۲	تعداد روزهای خشک	گاو شیری
۰/۱۵	۰/۱۰	فاصله دو زایشان	
۰/۶۰	۰/۲۵	تولید شیر	
۰/۵۰	۰/۵۵	درصد چربی	
۰/۵۰	۰/۵۰	درصد پروتئین	
	۰/۲۵	تعداد تخم مرغ در سال اول	مرغ
۰/۹۵	۰/۴۵	وزن تخم مرغ	
	۰/۲۳	ضریب تبدیل غذا	
	۰/۴۵	وزن بلوغ	
	۰/۲۵	وزن گوشت سینه	
۰/۱۵	۰/۱۵	چند قلو زائی	گوسفند
۰/۳۵	۰/۳۰	وزن تولد	
۰/۲۵	۰/۲۰	وزن شیر گیری	
	۰/۴۰	وزن یک سالگی	

باید توجه نمود که پارامتر وراثت پذیری یک معیار مربوط به جامعه است و چون در فرمول آن واریانس ژنتیکی افزایشی دارد و این واریانس به دلیل متفاوت بودن فراوانی ژنی در جوامع مختلف دارای تغییراتی می باشد لذا پارامتر وراثت پذیری مربوط به جامعه ای است که با استفاده از داده های آن برآورد شده است.

انتخاب در یک جامعه سبب افزایش میانگین برای صفت مورد نظر می‌شود. البته انتخاب صفات بر واریانس فنوتیپی آنها تأثیر دارد. و در دراز مدت در اثر انتخاب ژنتیکی شدید مقدار آن و در نتیجه وراثت پذیری صفت کاهش می‌یابد.

۳-۶. روش برآورد وراثت پذیری

روشهای متفاوتی برای برآورد وراثت پذیری صفات مختلف در جوامع متفاوت ارائه شده است. در این بخش یک روش ساده و کاربردی برآورد وراثت پذیری را در جوامع دامی را شرح می‌دهیم. خویشاوندان در یک گله دام و یا یک جامعه دارای ژنهای مشترکی هستند که از طریق جد مشترک به ارث برده‌اند. خویشاوندان نزدیک مثل خواهر برادر تنی، خواهر برادر ناتنی، والدین و فرزندان، به ترتیب دارای ۵۰٪، ۲۵٪ و ۵۰٪ مواد وراثتی مشترک هستند. هر چه رابطه خویشاوندی کمتر شود این سهم نزدیکی ژنتیکی نیز کاسته می‌شود. در نتیجه بین افراد با خویشاوندی نزدیک از لحاظ ارزش ارثی نیز شباهت و نزدیکی وجود دارد. یا بعبارت دیگر ارزش ارثی افراد خویشاوند دارای همبستگی است. این همبستگی ارزش ارثی افراد خویشاوند هیچ ارتباطی با وراثت پذیری ندارد بلکه تابعی از درجه همبستگی است.

مطابق تعریف وراثت پذیری، هنگامی که وراثت پذیری یک صفت بالا است همبستگی شدیدی بین مقادیر فنوتیپی مشاهده شده و ارزش ارثی برآورد شده وجود دارد. این بدین مفهوم است هنگامی که وراثت پذیری بالا است، شباهت بین ارزش ارثی افراد خویشاوند و همینطور شباهت فنوتیپی افزایش می‌یابد. بنابر این افراد خویشاوند دارای شباهت فنوتیپی بیشتری از افراد غیر خویشاوند هستند. بر اساس این اطلاعات می‌توان نتیجه گیری نمود که هنگامی که افراد خویشاوند دارای شباهت نزدیک فنوتیپی هستند صفت مورد نظر تا حدود زیادی وراثت پذیر است. همچنین هنگامی که افراد خویشاوند برای یک صفت دارای شباهت کمتری از افرادی هستند که بطور تصادفی از یک جامعه انتخاب شده‌اند لذا آن صفت از وراثت پذیری پایینی برخوردار است.

وراثت پذیری را می‌توان مطابق تعریف رگرسیون نیز عنوان نمود و برابر است با مقدار تغییر در ارزش ارثی که با تغییر هر واحد در مقدار فنوتیپی ایجاد می‌شود. رابطه رگرسیونی وراثت پذیری را می‌توان به شکل زیر نشان داد.

$$h^2 = b_{BV.P}$$

۵-۶

در این رابطه $b_{BV.P}$ رگرسیون ارزش ارثی به مقدار فنوتیپی است. با استفاده از این رابطه اگر برای یک صفت مقادیر فنوتیپی افراد و ارزش ارثی آنها در اختیار باشد با محاسبه رگرسیون ارزش ارثی به مقادیر فنوتیپی وراثت پذیری صفت را می توان برآورد نمود.

۴-۶. اهمیت وراثت پذیری

هدف اصلاح نژاد انتخاب افراد دارای بیشترین ارزش ارثی برای صفت یا صفات مورد نظر به عنوان مولد برای تولید نسل آینده است. تنها اطلاعات در اختیار متخصصین اصلاح نژاد فنوتیپ صفات کمی است و ارتباط قوی بین مقادیر فنوتیپی و ارزش ارثی اهمیت زیادی دارد. ساده ترین روش انتخاب استفاده از ارقام و داده های صفات کمی است. در این حالت انتخاب هر فرد بر اساس داده های مربوط به خود فرد و یا مجموع داده های فرد و خویشاوندان انجام می گیرد.

در مواردی که وراثت پذیری صفت کم است همبستگی مقدار فنوتیپ و ارزش ارثی فرد برای صفت مورد انتخاب کم است بنابراین انتخاب افراد بر اساس فنوتیپ آنها سبب تغییر میانگین ارزش ارثی جامعه می شود. در این حالت دقت پیش بینی ارزش ارثی بسیار کم است و در نهایت تغییر ژنتیکی صفت انجام نمی شود. ولی در مواردی که وراثت پذیری صفت زیاد است، فنوتیپ افراد یک معیار مناسب برای تعیین ارزش ارثی آنها است و دقت انتخاب نیز بیشتر است و در نهایت تغییر در ساختار ژنتیکی جامعه سریع تر است. در شرایط مساوی از لحاظ اطلاعات فنوتیپی موفقیت در انتخاب برای صفت با وراثت پذیری زیاد، بیشتر از انتخاب برای صفات دارای وراثت پذیری کم است.

وراثت پذیری نقش مهمی در پیش بینی ارزش ارثی دامها و برآورد معیار، تفاوت فرزندان و قابلیت تولید دارد. لذا در فرمول های مربوط به پیش بینی پارامترهای ژنتیکی وراثت پذیری بعنوان یک متغیر متمم منظور می شود. وراثت پذیری سهم عوامل غیر ژنتیکی و یا محیطی در واریانس و یا تفاوت عملکرد بین افراد را نشان می دهد.

۵-۶. تکرارپذیری

تکرارپذیری همبستگی داده‌ها در دو تکرار متوالی در طول عمر حیوانات را نشان می‌دهد. این پارامتر برای صفات قابل تکرار در طول زندگی دامها قابل اندازه‌گیری است. برای مثال تولید شیر در گاوهای شیری و تعداد بچه در هر زایش گوسفند جزو این صفات می‌باشند و تکرارپذیری را می‌توان برای آنها برآورد نمود.

برای صفات قابل تکرار علاوه بر عوامل ژنتیکی، عوامل محیطی دائمی نیز در تغییرات داده‌های صفت در جامعه موثر می‌باشند. لذا فرمول برآورد آن به صورت زیر است:

$$r = \frac{\sigma_A^2 + \sigma_{EP}^2}{\sigma_P^2} \quad ۷-۶$$

$$r = r_{P_1, P_2}$$

در این رابطه σ_A^2 واریانس ژنتیکی افزایشی، σ_{EP}^2 واریانس محیطی دائمی و σ_P^2 واریانس فنوتیپی است. پس تکرارپذیری سهمی از واریانس فنوتیپی است که ناشی از اثر عوامل ژنتیکی و محیطی دائمی و ژنتیکی افزایشی می‌باشد. پس انتظار بر این است که عدد تکرارپذیری یک صفت دارای مقادیر عددی بیشتر از وراثت پذیری باشد. در واقع تکرارپذیری شامل اثرهای ژنتیکی افزایشی و غیر افزایشی و عوامل محیطی دائمی می‌باشد در حالی که وراثت پذیری شامل اثر عوامل ژنتیکی افزایشی است.

دامنه متغیرات تکرارپذیری بین صفر تا یک یا ۱۰۰ و مشابه وراثت پذیری می‌باشد. صفاتی که عدد این پارامتر برای آنها در جامعه برابر با ۰/۲-۰، ۰/۴-۰/۲، و بیشتر از ۰/۴ است و به ترتیب دارای تکرارپذیری کم، متوسط یا زیاد هستند.

۶-۶. اهمیت تکرارپذیری

مهمترین مورد استفاده تکرارپذیری در تصمیم‌گیری برای حذف دامها است. به عنوان مثال

می‌توان با محاسبه مجموع شیر تولیدی در زایش اول گاو شیری قابلیت تولید آن را در زایش‌های بعد پیش بینی نمود. بدین ترتیب می‌توان گاوها را که تولید آنها کمتر از میانگین گله است شناسایی و حذف نمود. عموماً مقدار تکرارپذیری تولید شیر زیاد است و تصمیم برای حذف گاوها بر اساس این صفت می‌تواند موثر باشد. ولی چون تکرارپذیری صفات تولیدمثل کم است لذا تصمیم‌گیری برای حذف حیوانات براساس صفات تولید مثل در افزایش میانگین این صفت موثر نیست. پس در مواردی که تکرارپذیری صفت زیاد است در صورت وجود داده برای یک دوره تولید می‌توان در مورد حذف دام از گله تصمیم‌گیری نمود. ولی در مواردی که تکرارپذیری متوسط یا کم است به تعداد بیشتری داده نیاز است تا در مورد حذف دام از گله تصمیم‌گیری نمود.

همانطور که پارامتر وراثت پذیری برای پیش بینی ارزش ارثی دامها لازم است، پارامتر تکرارپذیری نیز برای پیش بینی قابلیت تولید دامها برای صفات قابل تکرار در طول عمر حیوان لازم است.

۶-۷. عوامل موثر در برآورد پارامترهای وراثت پذیری و تکرارپذیری

با توجه به تعریف وراثت پذیری مشخص می‌شود برای صفاتی که مقدار این پارامتر زیاد است همبستگی بین عملکرد یا داده اندازه‌گیری شده با ارزش ارثی هر حیوان زیاد است. در این موارد دقت پیش بینی ارزش ارثی حیوانات نیز زیاد است و در اثر عمل انتخاب، پیشرفت ژنتیکی صفت در جامعه سریعتر است. در ضمن، صفاتی که عدد تکرارپذیری آنها زیاد است همبستگی دو عملکرد متوالی در صفات قابل تکرار زیاد است و پیش بینی قدرت تولید هر دام برای دوره بعد با دقت انجام شده و لذا حذف یا انتخاب دامها دقیقتر است. چون در پارامتر وراثت پذیری و تکرارپذیری از نسبت دو واریانس برآورد می‌شوند و در مخرج فرمول آنها واریانس محیطی نیز وجود دارد لذا علیرغم این که مقدار واقعی هر یک از آنها از ویژگی‌های هر جامعه می‌باشد ولی به‌رحال در صورتی که اثر عوامل محیطی بر تغییرات عملکرد دامها زیاد باشد درصد واریانس محیطی در مخرج کسر فرمول زیاد شده و آنها کمتر از مقدار واقعی جامعه برآورد می‌شود. به همین دلیل لازم است که اثر عوامل محیطی بر تغییرات عملکرد دامها در حد ممکن کمتر باشد.

یک روش برای افزایش وراثت پذیری و تکرارپذیری این است که در حد امکان شرایط

محیطی یکنواخت برای دامها تامین شود. بعبارت دیگر محیط پرورش دامها به نحوی مدیریت شود که عوامل محیطی برای دامهای مختلف یکسان باشد. البته یکنواخت نمودن شرایط محیطی پرورش دامها به مفهوم حذف اثر عوامل محیطی نمی‌باشد. به عبارت دیگر مدیریت دامها باید به نحوی باشد که امکان تظاهر صفات دامها برای کلیه آن‌ها یکنواخت باشد. در این حالت تفاوت موجود در عملکرد دامها به مقدار بیشتری ناشی از تفاوت ژنتیکی آن‌ها می‌باشد.

در ضمن برای افزایش وراثت پذیری و تکرارپذیری یک صفت در جامعه لازم است که دقت اندازه گیری نیز زیاد باشد. اغلب صفات اقتصادی مهم در دامها قابل اندازه گیری بوده و با واحد و مقیاس مناسب ارائه می‌شود. نحوه اندازه گیری یک صفت و دقت آن در برآورد پارامترهای ژنتیکی بسیار اهمیت دارد. به عنوان مثال تغییرات وزن تولد بره‌ها در نژادهای مختلف ۵-۲/۵ کیلوگرم است. برای این صفت لازم است که از وسیله‌ای برای توزین استفاده شود که دقت آن زیاد باشد. لذا برای این صفت باید به جای باسکول که میزان حساسیت آن کم است از دستگاهی استفاده شود که میزان حساسیت آن در حد چند گرم باشد.

مهمترین عامل در افزایش دقت برآورد پارامترهای ژنتیکی تصحیح ریاضی عملکرد دامها برای عوامل محیطی شناخته شده است. تعدادی از عوامل محیطی موثر در تفاوت عملکرد دامها در روش‌های پرورشی مختلف مشخص می‌باشد و لازم است که قبل از استفاده از داده‌های دامها برای آن عوامل تصحیح شوند. به عنوان مثال، صفت تفاوت بین وزن تولد گوساله‌ها تحت تأثیر دو عامل سن مادر هنگام زایش و جنس گوساله است. بنابراین قبل از استفاده از داده‌های وزن تولد گوساله‌ها برای برآورد وراثت پذیری لازم است که این داده‌ها برای این دو عامل محیطی معلوم شده تصحیح شوند. در جدول ۶-۲ مهمترین عوامل محیطی موثر بر عملکرد را که قبل از استفاده از داده‌های دامها برای آنها تصحیح انجام می‌شود ارائه شده است.

وزن شیر گیری گوساله‌های گوشتی یک مثال دیگر برای تصحیح صفات برای عوامل محیطی شناخته شده است. تغییرات این صفت به دو عامل محیطی سن گوساله و سن مادر بستگی دارد. چون گوساله‌های مسن تر دارای وزن شیر گیری بیشتری هستند لذا این صفت برای سن گوساله‌ها تصحیح می‌شود. همچنین برای سن مادر نیز تصحیح می‌شود. چون مادرهای مسن تر دارای شیر بیشتر و با کیفیت بهتر هستند. در کشور آمریکا از رابطه ریاضی زیر برای تصحیح داده‌های وزن شیر گیری گوساله‌های گوشتی در سن ۲۰۵ روزگی استفاده می‌شود.

$$AgjustedWW = \left(\frac{ActualWt. - BirthWt.}{Ageofweighing} \right) \times 20.5 + BirthWt + Age - of - dam - factor$$

در این رابطه $Adjusted - WW$ وزن شیر گیری تصحیح شده $Actual - Wt.$ وزن واقعی اندازه گیری شده، $Birth - Wt.$ وزن تولد، $Age - of - weighing$ سن از شیرگیری، $Age - of - dam - factor$ عامل تصحیح برای سن مادر است که تعدادی از آن‌ها به عنوان مثال برای آن کشور در جدول ۶-۳ ارائه شده است.

توضیح اینکه ضرائب تصحیح مناسب برای هر جامعه باید از ارقام عملکرد آن برآورد شود و نمی‌توان یک ضریب تصحیح کلی برای کلیه نژادها و یا کشورهای ارائه نمود.

جدول شماره ۶-۲ تعدادی از عوامل محیطی موثر بر عملکرد گاو گوشتی

عوامل محیطی	صفات
سن مادر	وزن تولد گوساله
جنس گوساله	
سن گوساله	وزن شیرگیری
سن مادر	
سن در زمان توزین	وزن یک سالگی
طول دوره شیردهی	تولید شیر
تعداد دفعات دوشش در روز	
سن زایش یا دوره شیردهی	
طول دوره شیردهی	درصد چربی
تعداد دفعات دوشش در روز	
سن زایش یا دوره شیردهی	
تعداد زایش	وزن تولد
سن مادر	
جنس و زایش	وزن شیرگیری
سن مادر	
جنس و زایش	وزن یک سالگی
سن مادر	

جدول ۳-۶ ضرایب تصحیح سن مادر برای وزن شیرگیری گوساله‌های گوشتی (بر حسب پانده)

ماده	نر	جنس
		سن مادر (سال)
۵۴	۶۰	۲
۳۶	۴۰	۳
۱۸	۲۰	۴
۰	۰	۵ تا ۱۰
۱۸	۲۰	۱۱ به بالا

فصل هفتم

پیشرفت ژنتیکی در جامعه

۷-۱. مقدمه و مفاهیم

هدف اصلی از اجرای برنامه‌های اصلاح نژاد تغییر ژنتیکی^۱ در جامعه برای صفات تولیدی است. برای انتخاب دامها از ارزش ارثی پیش بینی شده استفاده می‌شود، که مقدار آن ممکن است با ارزش ارثی واقعی متفاوت باشد. بنابر این پیشرفت ژنتیکی حاصل از انتخاب دامها بستگی به دقت پیش بینی ارزش‌های ارثی^۲ آنها دارد. لذا در جریان اجرای برنامه انتخاب مقدار تغییر ژنتیکی حاصل در جامعه در نسل‌های مختلف محاسبه و بررسی می‌شود.

قبل از اجرای برنامه انتخاب باید بر اساس اهداف اصلاح نژاد، خصوصیات و ویژگی‌های عوامل موثر بر پیشرفت ژنتیکی را معین نمود. بعنوان مثال باید تعداد مولدهای نر و ماده مورد نیاز برای تولید نسل آینده و یا نسل‌های بعد مشخص شوند. همچنین باید مشخص نمود که برای ارزیابی و انتخاب این مولدهای نر و ماده فقط از عملکرد خود آنها و یا از فنوتیپ خویشاوندان آنها نیز استفاده شود. در این فصل عوامل موثر بر پیشرفت ژنتیکی جوامع بررسی می‌شود و نحوه استفاده از روش‌های مختلف برای پیشرفت ژنتیکی بیشتر توضیح داده می‌شود.

بطور کلی پیشرفت ژنتیکی به چهار عامل دقت انتخاب^۳، شدت انتخاب^۴، واریانس ژنتیکی^۵ و

1. Genetic change
2. Accuracy of breeding value prediction
3. Accuracy of selection
4. Selection intensity
5. Genetic variation

فاصله نسل^۱ بستگی دارد که به صورت رابطه زیر نشان داده می‌شود.

$$\Delta G / t = \frac{r_{BV, BV} \hat{i} \times \sigma_A}{L} \quad ۱-۷$$

در این رابطه $\Delta G / t$ تغییر ژنتیکی برحسب زمان $r_{BV, BV}$ همبستگی ارزش ارثی واقعی و ارزش ارثی پیش بینی شده (یا دقت انتخاب) ، i شدت انتخاب، σ_A انحراف معیار ژنتیکی افزایشی و L نیز فاصله نسل می‌باشد.

۲-۷. دقت پیش بینی ارزش ارثی

دقت پیش بینی ارزش ارثی (و یا دقت انتخاب)، میزان همبستگی ارزش ارثی واقعی و ارزش ارثی پیش بینی شده می‌باشد. هر چه دقت پیش بینی ارزش ارثی بیشتر باشد احتمال انتخاب افراد بهتر بعنوان مولد برای مقایسه نسل آینده بیشتر است و دقت انتخاب افزایش می‌یابد. لذا پارامترهای موثر بر پیش بینی ارزش ارثی و روشهای پیش بینی آن اهمیت زیادی دارد.

دقت انتخاب به عوامل مختلفی نظیر وراثت پذیری صفت، پیش بینی ارزش ارثی با استفاده از فنوتیپ خود حیوان و یا خویشاوندان و همچنین معیار انتخاب^۲ بستگی دارد. وراثت پذیری همبستگی فنوتیپ و ارزش ارثی را نشان می‌دهد که هر چه مقدار آن بیشتر باشد این همبستگی بیشتر است و پیش بینی ارزش ارثی دقیقتر است. همچنین در صورت استفاده از اطلاعات مربوط به عملکرد خویشاوندان دقت پیش بینی ارزش ارثی بیشتر است. لذا در اصلاح دام برای پیش بینی ارزش ارثی سعی می‌شود از اطلاعات منابع مختلف نظیر خود حیوان، پدر و مادر، فرزندان و خواهر و برادر حیوان استفاده شود. معیارهای انتخاب عبارت است از کلیه پارامترهای ژنتیکی مورد استفاده در انتخاب یا حذف افراد از جامعه مثل ارزش ارثی برآورد شده، برآورد تفاوت فرزندان، مقادیر فنوتیپی و هر گونه اطلاعات دیگر که در تصمیم‌های انتخاب موثر هستند.

۳-۷. شدت انتخاب

تغییر ژنتیکی در جامعه به شدت انتخاب نیز بستگی دارد. اگر شدت انتخاب زیاد باشد تعداد

1. Generation interval
2. Selection criterion

کمی از بهترین افراد جامعه بعنوان مولد برای تولید نسل آینده انتخاب می‌شود که سبب می‌شود تغییر ژنتیکی زیاد باشد. ولی اگر شدت انتخاب کم باشد تعداد زیادی از افراد بعنوان مولد برای تولید نسل آینده انتخاب می‌شوند و در نتیجه تغییر ژنتیکی نیز کم است. شدت انتخاب برابر با تفاوت میانگین معیار انتخاب افراد مورد انتخاب به عنوان مولد و میانگین معیار انتخاب کل افراد جامعه تقسیم بر انحراف معیار شاخص انتخاب کل جامعه است یعنی:

$$i = \frac{\bar{X}_s - \bar{X}}{\sigma} \quad ۲-۷$$

در این رابطه i شدت انتخاب، \bar{X}_s میانگین معیار انتخاب افراد مورد انتخاب شده است، \bar{X} میانگین معیار انتخاب کل افراد جامعه σ انحراف معیار کل جامعه است. تفاوت میانگین عملکرد افراد مورد انتخاب شده و کل افراد جامعه را تفاوت انتخاب^۱ می‌گویند. برای مثال، در یک گله گوسفند انتخاب براساس وزن یک سالگی بره‌های ماده انجام می‌شود و میانگین متوسط وزن یک سالگی بره‌های ماده در این گله برابر با ۵۹ و میانگین وزن یک سالگی بره‌های ماده انتخاب شده برای جایگزینی برابر با ۷۱/۷ کیلوگرم است در صورتی که انحراف معیار این با صفت ۱۳/۶ کیلوگرم باشد شدت انتخاب برابر است با:

$$\bar{X}_s = 71.7$$

$$\bar{X} = 59$$

$$\sigma = 13.6$$

$$i_f = \frac{\bar{X}_s - \bar{X}}{\sigma} = \frac{71.7 - 59}{13.6} = 0.93$$

این مقدار شدت انتخاب به این مفهوم است که میانگین وزن بره‌های مورد انتخاب ۰/۹۳ انحراف معیار بیشتر از کل جامعه است.

برای محاسبه شدت انتخاب، مرز انتخاب^۲ در جامعه مهم است. مرز انتخاب در جامعه نقطه‌ای از منحنی نرمال برای صفت و جامعه مورد نظر است که افراد با فنوتیپ بیشتر از این نقطه انتخاب

-
1. Selection differential
 2. Truncation selection

و با کمتر از این نقطه فنوتیپ حذف می‌شوند. برای تعیین مرز انتخاب در هر جامعه لازم است تعداد افراد مورد نیاز برای آمیزشها مشخص باشد. به عنوان مثال، در یک گله گوسفند تعداد ۱۰۰ بره نر متولد شده و دامدار تعداد ۵ راس بره نر به عنوان قوچ برای آمیزشهای سال آینده نیاز دارد. پس بر اساس صفت مورد نظر دامدار ۵ بره نر از بین ۱۰۰ بره نر موجود انتخاب می‌کنند. به تعداد افرادی که انتخاب می‌شوند اصطلاحاً نسبت مورد انتخاب^۱ می‌گویند. در شکل ۷-۱ نقاط مرز انتخاب، میانگین کل جامعه، میانگین افراد مورد انتخاب و نسبت افراد مورد انتخاب نشان داده شده است. پس با مشخص نمودن درصد افراد مورد انتخاب می‌توان با استفاده از خصوصیات منحنی نرمال و جدول ۷-۱ مقدار و شدت انتخاب را تعیین نمود. در مثال فوق که نسبت افراد مورد انتخاب برابر ۵ درصد است، شدت انتخاب با استفاده از جدول ۷-۱ برابر با ۲/۰۶ است. براساس جدول ۷-۱ اگر درصد از افراد جامعه دارای بیشترین عملکرد انتخاب شوند شدت انتخاب برابر با بیشترین مقدار خود یعنی ۲/۶۷ است ولی اگر ۹۰٪ افراد انتخاب شوند شدت انتخاب برابر با ۰/۲ و مقدار آن کم است.

1. Proportion saved

جدول ۷-۱. مقدار شدت براساس حد و یا نسبت انتخاب

شدت انتخاب پیش بینی شده	سهام انتخاب شده
۰/۶۷	۰/۰۱
۲/۴۲	۰/۰۲
۲/۲۷	۰/۰۳
۲/۱۵	۰/۰۴
۲/۰۶	۰/۰۵
۱/۹۹	۰/۰۶
۱/۹۲	۰/۰۷
۱/۸۶	۰/۰۸
۱/۸۰	۰/۰۹
۱/۷۶	۰/۱۰
۱/۷۱	۰/۱۱
۱/۶۷	۰/۱۲
۱/۵۹	۰/۱۴
۱/۵۲	۰/۱۶
۱/۴۶	۰/۱۸
۱/۴۰	۰/۲۰
۱/۳۵	۰/۲۲
۱/۳۰	۰/۲۴
۱/۲۵	۰/۲۶
۱/۲۰	۰/۲۸
۱/۱۶	۰/۳۰
۱/۱۲	۰/۳۲
۱/۰۸	۰/۳۴
۱/۰۴	۰/۳۶
۱/۰۰	۰/۳۸
۰/۹۷	۰/۴۰
۰/۹۳	۰/۴۲
۰/۹۰	۰/۴۴
۰/۸۶	۰/۴۶
۰/۸۳	۰/۴۸
۰/۸۰	۰/۵۰
۰/۶۴	۰/۶۰
۰/۵۰	۰/۷۰
۰/۳۵	۰/۸۰
۰/۲۰	۰/۹۰
۰/۰۰	۱/۰۰

۴-۷. واریانس ژنتیکی

واریانس ژنتیکی هر صفت از اختصاصات ژنتیکی هر جامعه بوده و مقدار آن در هر جامعه در حال تعادل هاردی - واینبرگ ثابت است. لذا اقداماتی نظیر انتخاب آمیزش خویشاوندی^۱ و مهاجرت در تغییر مقدار واریانس ژنتیکی موثر می‌باشد. آمیزش غیر خویشاوندی^۲ سبب افزایش واریانس ژنتیکی و انتخاب در یک جهت معین برای سالهای متمادی سبب کاهش آن می‌شود. در فرمول پاسخ انتخاب یا پیشرفت ژنتیکی انحراف معیار ژنتیکی (یعنی σ_A) منظور شده است که نشان می‌دهد مقدار پاسخ انتخاب تابعی از واریانس ژنتیکی صفت در جامعه نیز می‌باشد.

۵-۷. فاصله نسل

طبق تعریف فاصله نسل عبارت از مدت زمان لازم برای جایگزین^۳ نمودن یک نسل در یک جامعه می‌باشد. در جوامع بسته^۴ که مواد ژنتیکی از خارج جامعه به آن منتقل نمی‌شود فاصله نسل برابر با میانگین سن والدین هنگامی که فرزندان انتخاب شده آنها برای نسل آینده متولد می‌شوند. بعنوان مثال عموماً زایش اول گاوهای گوشتی در سن دو سالگی ایجاد می‌شود و گوساله‌های دیگر در سالهای بعد متولد می‌شوند. بطور میانگین سن گاوها در هنگام زایمان در گله‌های گوشتی و شیری بین ۴ تا ۶ سال است. تعریف فوق برای جوامع محدود صحیح است. ولی در صورتی که از خارج جامعه مواد ژنتیکی وارد جامعه شود تعریف میانگین فاصله نسل جامعه تغییر می‌کند. بعنوان مثال، در حال حاضر استفاده از اسپرم‌های منجمد در گاوهای شیری و گوشتی در دنیا رایج شده است و در این موارد تعریف فاصله نسل تغییر می‌کند. چون در مواردی مشاهده می‌شود که از اسپرم گاوهای نر پیر (نسبت به میانگین سن جامعه) برای باروری گاوها استفاده می‌شود.

در جدول ۷-۲ دامنه فاصله نسل در گونه‌های مهم دام‌ها ارائه شده است. اگر به فاصله نسل گونه‌های مختلف توجه شود ملاحظه می‌شود که فاصله نسل در اسب و مرغ به ترتیب بیشترین و کمترین مقدار است و دلیل متفاوت بودن سرعت پیشرفت ژنتیکی در گونه‌های مختلف روشن

-
1. Inbreeding
 2. Out breeding
 3. Replacement
 4. Close population

می شود.

جدول ۷-۲. فاصله نسل در گونه‌های مختلف دامی

فاصله نسل (سال)	گونه
۸ تا ۱۲	اسب
۴ تا ۶	گاو شیری
۴ تا ۶	گاو گوشتی
۳ تا ۵	گوسفند
۱ تا ۱/۵	مرغ

۷-۶. انتخاب بر اساس فنوتیپ

در مواردی که انتخاب بر اساس فنوتیپ افراد انجام می‌گیرد معادله پاسخ انتخاب به صورت زیر است:

$$\Delta G / t = \frac{h^2 \times i \times \sigma_p}{L} \quad ۳-۷$$

در این رابطه به جای دقت انتخاب از وراثت پذیری و به جای انحراف معیار ژنتیکی افزایشی از انحراف معیار فنوتیپی استفاده شده است.

به حاصلضرب دو عامل $i \times \sigma_p$ اصطلاحاً اختلاف انتخاب فنوتیپی^۱ و یا S می‌گویند، که برابر است با اختلاف بین میانگین فنوتیپ افرادی که به عنوان والدین انتخاب شده‌اند و میانگین تمام افرادی که می‌توانستند انتخاب شوند که به شکل رابطه ریاضی زیر نشان داده شده است.

$$S = i \times \sigma_p$$

$$S = \bar{X}_S - \bar{X}$$

$$\Delta G / t = \frac{h^2 \times S}{L} \quad ۴-۷$$

1. Phenotypic selection differential (S)

به عنوان مثال وراثت پذیری وزن شیرگیری بره‌ها در ۶۰ روزگی برابر با ۰/۲۵ است، اگر میانگین وزن بره‌های انتخاب شده بعنوان والدین نسل آینده ۴/۲ کیلوگرم بیشتر از میانگین کل بره‌ها فاصله نسل در این گله برابر با ۳/۴ سال باشد میزان پاسخ انتخاب سالانه برابر است با :

$$\Delta G / t = \frac{h^2 \times S}{L} = \frac{0.25 \times 4/2}{3/4} = 0.309 \text{ kg / year}$$

پس پیشرفت ژنتیکی در این گله ۳۰۹ گرم در سال است.

۷-۷. انتخاب توام مولدهای نر و ماده

در اغلب موارد، دقت و شدت انتخاب و فاصله نسل دام‌های ماده متفاوت است. در اغلب گونه‌های دامی تعداد مولد نر مورد نیاز بسیار کمتر از مولد ماده است. بنابر این شدت انتخاب در دام‌های نر شدیدتر از دام‌های ماده است. همچنین فاصله نسل در مولدهای نر بیشتر از مولدهای ماده است. چون در روش آزمون نتاج زمان زیادتری برای تامین تعداد کافی نتاج برای آزمون نرها نیاز است. در مواردی که مقادیر دقت و شدت انتخاب و فاصله نسل در مولدهای نر و ماده تفاوت دارد معادله پاسخ انتخاب به صورت زیر است :

$$\Delta G / t = \frac{(r_{BV_m, BV_m} \times i_m + r_{BV_f, BV_f} \times i_f) \times \sigma_{BV}}{L_m + L_f} \quad 5-7$$

و یا

$$\Delta G / t = \frac{h^2 (S_m + S_f)}{L_m + L_f} \quad 6-7$$

۷-۸. نحوه ارتباط عوامل موثر در پیشرفت ژنتیکی

حالت ایده ال برای متخصصان اصلاح دام این است که بیشترین تغییر ژنتیکی و یا به عبارتی پیشرفت ژنتیکی در جامعه را داشته باشد. برای این امر لازم است دقت انتخاب، شدت انتخاب و واریانس ژنتیکی افزایشی حداکثر و فاصله نسل حداقل باشد. ولی اجرای این در عمل امکان پذیر نیست. چون عوامل موثر بر پیشرفت ژنتیکی در ارتباط با همدیگر بوده و با تغییر یک عامل سایر

عوامل نیز تغییر می‌کنند. لذا لازم است نحوه تأثیر این عوامل بر یگدیگر مشخص باشد. تا در عمل بهترین حالت برای بیشترین پیشرفت ژنتیکی در نظر گرفته شود.

با کاهش فاصله نسل دقت انتخاب نیز کاهش می‌یابد. چون با کاهش فاصله دو نسل تعداد فرزندان لازم برای برآورد ارزش ارثی با دقت بالا کاهش می‌یابد و همبستگی بین ارزش ارثی واقعی و پیش بینی شده کاهش می‌یابد. لذا باید با استفاده از روشهای جدید در تولید مثل، انتقال جنین یا استفاده از ژنوتیپ نشانگرها، فاصله نسل را تا حد امکان بدون کاهش دقت انتخاب تغییر داد. با افزایش دقت انتخاب شدت انتخاب کاهش می‌یابد. بعنوان مثال، در جامعه گاوهای شیری برای افزایش دقت انتخاب گاوهای نر باید تعداد دخترهای هر یک از گاوهای نر مورد آزمون را افزایش داد. برای افزایش تعداد دختران یک گاو نر به لحاظ محدودیت هایی از قبیل تعداد کل دخترها و مسائل اقتصادی مجبور به کاهش تعداد گاوهای نر مورد آزمون هستیم در نهایت شدت انتخاب کاهش می‌یابد. ولی اگر شدت انتخاب افزایش یابد و تعداد گاوهای نر مورد آزمون زیاد شود تعداد دختران هر گاو نر کاهش می‌یابد و در نتیجه دقت انتخاب نیز کاهش می‌یابد. بدین لحاظ لازم است با بررسی دقیق توازن حد مطلوب این دو عامل را مشخص نمود.

اگر شدت انتخاب افزایش یابد. تعداد افرادی که در هر نسل جایگزین می‌شوند کاهش می‌یابد فاصله نسل افزایش می‌یابد. لذا افراد برای مدت زمان بیشتری در جامعه و برای تولید مثل باقی می‌مانند و میانگین فاصله نسل افزایش می‌یابد. این رابطه در افراد ماده و نر در جوامع متفاوت است. در جوامع دامی (مثل گاو، گوسفند و اسب) شدت انتخاب در اغلب دامهای ماده کم است. زیرا تعداد افراد جایگزین ماده بسیار محدود است. بعنوان مثال در گله‌های گاوهای شیری برای یک گله با تعداد دوشش ثابت در صورتی که راندمان تولید مثل گله در حد مطلوب باشد حدود ۲۰ تا ۲۵ درصد جایگزینی در ماده‌ها وجود دارد. شدت انتخاب برای نرها در این جوامع بسیار شدید تر از ماده‌ها است.

با استفاده از معادله پاسخ انتخاب که در این فصل توضیح داده شد می‌توان روشهای متفاوت برنامه‌های اصلاح نژاد را بایکدیگر مقایسه نمود. در حقیقت با مقایسه روشهای مختلف برنامه‌های اصلاح نژاد قبل از اجرای آنها می‌توان مزایا و معایب هر یک را ارزیابی نمود. سپس می‌توان با توجه به هدف پیش بینی شده مطلوب ترین روش را که سبب بیشترین پیشرفت ژنتیکی می‌شود برای اجرا در جامعه در نظر گرفت.

فصل هشتم

پیش بینی ارزش ارثی

۸-۱. مقدمه

پیشرفت ژنتیکی^۱ در جامعه به دقت انتخاب^۲ و یا ارزش ارثی پیش بینی^۳ شده و ارزش ارثی واقعی بستگی دارد. البته این همبستگی به میزان وراثت پذیری صفت مورد نظر نیز بستگی دارد. لذا باید علاوه بر نگهداری و پرورش حیوانات در شرایط محیطی یکنواخت و مدیریت یکسان و همچنین تصحیح داده‌ها برای اثر عوامل محیطی شناخته شده میزان ضریب وراثت پذیری افزایش داده شود که این امر دقت انتخاب را زیاد می‌کند. برای افزایش دقت انتخاب و پیش بینی دقیق ارزش ارثی لازم است از کلیه داده‌های فنوتیپی موجود در جامعه که برای اثر عوامل محیطی تصحیح شده‌اند با ضریب مناسب در محاسبات استفاده شود. بدین منظور باید از روشهای جدید مربوط به تئوری ژنتیک کمی و اصلاح دام برای پیش بینی دقیقتر ارزش ارثی استفاده نمود.

در این فصل سعی می‌شود در مورد دو روش رایج و مورد استفاده برای پیش بینی ارزش ارثی حیوانات یعنی روش شاخص انتخاب^۴ و بهترین پیش بینی نا اریب خطی^۵ توضیح داده شود. برای استفاده از این روشها برای پیش بینی ارزش ارثی نیاز به دانش آمار^۶ و جبر ماتریس^۷ می‌باشد. ولی در این کتاب سعی می‌شود در مورد چگونگی استفاده از این دو روش توضیح داده شود و در مورد

1. Genetic change
2. Accuracy of selection
3. Breeding value prediction
4. Selection index
5. Best Linear Unbiased Prediction
6. Statistic
7. Matrix algebra

چگونگی پیش بینی ارزش ارثی با استفاده از این روشها کمتر تاکید می شود.

۸-۲. شاخص انتخاب

نظریه شاخص انتخاب در طی سالهای ۱۹۳۰ تا ۱۹۴۰ توسط لاش^۱ و همکاران او ارائه و استفاده شد. در ابتدا از این نظریه برای پیش بینی ارزش ارثی افراد برای یک صفت کمی استفاده شد. سپس این روش برای پیش بینی ارزش ارثی چندین صفت و برآورد اقتصادی صفات نیز گسترش داده شد. در روش شاخص انتخاب از تمام اطلاعات فنوتیپی موجود در جامعه برای پیش بینی ارزش ارثی استفاده می شود. داده های مورد استفاده در روش شاخص انتخاب باید قبل از استفاده با این عوامل محیطی شناخته شده تصحیح شوند. چون در روش شاخص انتخاب امکان برآورد اثر عوامل محیطی شناخته شده وجود ندارد. در واقع با این روش بهترین پیش بینی ارزش ارثی برای گروه هایی از حیوانات که در شرایط محیطی یکسان پرورش داده می شوند حاصل می شود. به همین دلیل از این روش در سالهای اخیر کمتر برای پیش بینی ارزش ارثی استفاده می شود. ولی از این روش بیشتر برای پیش بینی اقتصادی برنامه های اصلاح دام جوامع استفاده می شود. لذا ضرایب اقتصادی و پارامترهای اقتصادی و ارزیابی اقتصادی برنامه های اصلاح دام با استفاده از روش شاخص انتخاب برآورد می شود.

شاخص انتخاب ترکیب خطی و یا شاخصی از انواع متفاوت اطلاعات فنوتیپی موجود در جامعه است که به نحوی دارای تشابه ژنتیکی هستند. از هر یک از این داده ها بر اساس یک ضریب مناسب^۲ در شاخص انتخاب استفاده می شود. ترکیب خطی شاخص انتخاب را می توان به شکل کلی زیر نشان داد.

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_nx_n \quad ۱-۸$$

در این رابطه I شاخص انتخاب و یا ارزش ارثی پیش بینی شده b_i ضریب تصحیح و یا ضریب رگرسیون ارزش ارثی حیوان مورد مطالعه بر اطلاعات مورد استفاده x_i عملکرد یا داده های مربوط به منبع مورد استفاده و n نیز مجموع منابع اطلاعاتی مورد استفاده است.

1. J. L. Lush
2. Weighting factors

به طور کلی در روش شاخص انتخاب از سه منبع اطلاعاتی داده‌های مربوط به فنوتیپ خود افراد^۱، داده‌های افراد موجود در شجره^۲ و داده‌های فرزندان^۳ حیوان استفاده می‌شود. عملکرد هر حیوان اطلاعات فنوتیپی موجود از خود حیوان است که برای اغلب صفات از بدو تولد و یا در مراحل بعد داده برداری می‌شود و می‌توان در ارزیابی ژنتیکی او استفاده نمود. اگر از حیوان داده کافی موجود نباشد با استفاده از شجره و داده‌های فنوتیپی جد مشترک، والدین، و خواهر و برادر تنی و ناتنی می‌توان برای در پیش‌بینی ارزش ارثی استفاده نمود. در صورتی که حیوان دارای فرزندی باشد و از این فرزندان نیز داده‌های کافی برای صفت مورد نظر در اختیار باشد پیش‌بینی ارزش ارثی حیوان از اطلاعات فنوتیپی فرزندان آنها نیز امکان پذیر است.

در روش شاخص انتخاب از داده‌های تصحیح شده برای اثر عوامل محیطی شناخته شده استفاده می‌شود. بعبارت دیگر قبل از استفاده داده‌ها در روش شاخص انتخاب لازم است برای عوامل محیطی شناخته شده تصحیح شوند. اگر داده‌ها برای اثر عوامل محیطی شناخته شده تصحیح نشوند پیش‌بینی‌های ارزش ارثی اریب^۴ هستند.

در فصل چهارم این کتاب در بخش ۴-۹ در مورد پیش‌بینی مقادیر^۵ و روش آماری پیش‌بینی یک مقدار یا پارامتر ژنتیکی توضیح داده شد. باید توجه نمود شاخص انتخاب در واقع همان رابطه ریاضی است که در بخش مذکور توضیح داده شد. به طور کلی پیش‌بینی یک مقدار مورد نظر برابر با حاصلضرب یک ضریب رگرسیون در مقدار مشاهده شده است. در رابطه شاخص انتخاب مقدار I برابر با ارزش ارثی برآورد شده^۶ (EBV) و یا تفاوت فرزندان برآورد شده^۷ (EPD) و یا بیشترین قابلیت تولید محتمل^۸ (MPPA) می‌باشد. همچنین x_i مقادیر یا داده‌های مشاهده شده از یک یا چند صفت مشاهده شده و تصحیح شده برای اثر عوامل محیطی شناخته شده در منابع اطلاعات یا خویشاوندان مختلف است. در رابطه شاخص انتخاب b_i ضریب رگرسیون می‌باشد. در واقع b_i ضریب رگرسیون ارزش ارثی حیوان بر عملکرد هر منبع اطلاعات می‌باشد. بعبارت

1. Own performance data
2. Pedigree data
3. Progeny data
4. Biased
5. Prediction values
6. Estimated Breeding Value (EBV)
7. Estimated progeny difference (EPD)
8. Most Probable Producing Ability (MPPA)

دیگر هر ضریب رگرسیون نشان می‌دهد که به ازای هر یک واحد تغییر در مقدار داده مشاهده شده چه مقدار در ارزش ارثی حیوان تغییر حاصل می‌شود.

۳-۸. پیش بینی با استفاده از یک منبع اطلاعات فنوتیپی

ساده ترین حالت شاخص انتخاب در مواردی است که از یک منبع اطلاعات فنوتیپی استفاده شود. در این حالت شاخص انتخاب برابر با رابطه ۲-۸ است.

$$I = bx \quad 2-8$$

چون در این رابطه فقط یک ضریب رگرسیونی وجود دارد است به سادگی قابل حل است. در اغلب موارد از این رابطه برای محاسبه ارزش ارثی حیوانات در محاسبات ساده و برای مثال‌های کلاسی استفاده می‌شود.

در ساده ترین حالت روش شاخص انتخاب از یک منبع اطلاعاتی که شامل داده‌های فنوتیپی خود حیوان است استفاده می‌شود. در این حالت ضریب رگرسیون برابر با وراثت پذیری صفت مورد نظر است. چون وراثت پذیری همبستگی ارزش ارثی و فنوتیپ مشاهده شده را نشان می‌دهد. لذا در این حالت ارزش ارثی پیش بینی شده برابر است با :

$$I = bx$$

$$EBV = b_{BV, x} (x_i - \bar{x}) \quad 3-8$$

$$EBV = h^2 (X_i - \bar{X})$$

حاصلضرب داده‌های عملکرد خود حیوان که برای عوامل کلی تصحیح شده است و یا به عبارت دیگر تولید یک حیوان از میانگین جامعه ضربدر وراثت پذیری صفت با ارزش ارثی حیوان است. در این حالت دقت ارزش ارثی برآورد شده و یا همبستگی بین ارزش ارثی واقعی و برآورد شده برابر با جذر وراثت پذیری است.

$$r_{BV, EBV} = \sqrt{h^2} = h \quad 4-8$$

این روش برای صفات دارای وراثت پذیری زیاد پیش بینی مناسبی از ارزش ارثی دارد.

برای بعضی صفات ممکن است چندین مشاهده از یک حیوان وجود داشته باشد. در اینجا نیز می‌توان از میانگین مشاهدات تصحیح شده حیوان برای پیش‌بینی ارزش ارثی استفاده نمود. در این حالت شاخص انتخاب از فرمول ۵-۸ محاسبه می‌شود.

$$EBV = \frac{nh^2}{1+(n-1)r} \bar{x} \quad 5-8$$

در این رابطه n تعداد داده‌های مشاهده شده از حیوان، r تکرارپذیری صفت مورد نظر و \bar{x} میانگین داده‌های تصحیح شده حیوان برای عوامل محیطی شناخته شده است. دقت ارزش ارثی برآورد شده در این روش برابر است با

$$r_{BV,EBV} = \sqrt{\frac{nh^2}{1+(n-1)r}} \quad 6-8$$

پس در حالتی که از هر حیوان بیش از یک داده برای صفت مورد نظر وجود دارد دقت برآورد ارزش ارثی به سه عامل تعداد مشاهدات از حیوان، وراثت‌پذیری و تکرارپذیری صفت بستگی دارد. با افزایش تعداد داده مشاهده شده از حیوان دقت ارزش ارثی برآورد شده افزایش می‌یابد (جدول ۸-۱).

پس در مواردی که تکرارپذیری صفت زیاد باشد چون همبستگی داده‌های متوالی زیاد است لذا برای افزایش دقت پیش‌بینی ارزش ارثی حیوانات نیازی نیست که تعداد مشاهده از هر حیوان زیاد باشد. ولی در مواردی که تکرارپذیری صفت کم است با اضافه شدن تعداد مشاهدات میزان دقت انتخاب افزایش می‌یابد.

در مواردی نیز فقط از خواهران و برادران تنی یا ناتنی حیوان داده وجود دارد که از آن برای پیش‌بینی ارزش ارثی استفاده می‌شود. در این حالت ممکن است از m فنوتیپ خواهران و برادران ناتنی حیوان استفاده شود. در این حالت شاخص انتخاب برای پیش‌بینی ارزش ارثی از فرمول ۸-۷ استفاده می‌شود.

جدول ۸-۱. دقت ارزش ارثی برآورد شده در حالت وجود بیش از یک داده برای هر حیوان

$h^2 = 0/50$		$h^2 = 0/20$			تعداد مشاهدات
$r = 0/80$	$r = 0/50$	$r = 0/80$	$r = 0/80$	$r = 0/20$	
0/71	0/71	0/45	0/45	0/45	۱
0/75	0/82	0/47	0/52	0/58	۲
0/77	0/89	0/49	0/57	0/71	۴
0/78	0/95	0/49	0/60	0/85	۱۰
0/79	0/99	0/50	0/63	0/98	۱۰۰

$$EBV = \frac{mh^2}{4 + (m-1)h^2} \bar{x} \quad 7-8$$

در این رابطه \bar{x} میانگین تصحیح شده مشاهدات m خواهر و یا برادر ناتنی حیوان برای صفت مورد نظر می‌باشد. دقت ارزش ارثی برآورد شده با این روش برابر است با:

$$r_{BV, EBV} = \sqrt{\frac{mh^2}{4 + (m-1)h^2}} \quad 8-8$$

در مواردی که از m فنوتیپ خواهران و برادران تنی استفاده می‌شود ارزش ارثی با استفاده از فرمول ۸-۹ پیش بینی می‌شود.

$$EBV = \frac{mh^2}{2 + (m-1)(h^2 + 2c_{FS}^2)} \quad 9-8$$

در این رابطه c_{FS}^2 همبستگی محیطی خواهران و برادران تنی می‌باشد. دقت شاخص انتخاب در این حالت برابر است با:

$$r_{BV, EBV} = \sqrt{\frac{\frac{1}{2}mh^2}{2 + (m-1)(h^2 + 2c_{FS}^2)}} \quad 10-8$$

در مواردی نیز فقط از فنوتیپ فرزندان یک حیوان می‌توان برای پیش‌بینی ارزش ارثی استفاده نمود. در این حالت رابطه شاخص انتخاب برابر است با :

$$EBV = \frac{2ph^2}{4 + (p-1)h^2} \quad 11-8$$

در این رابطه p تعداد فرزندان مورد مشاهده است دقت پیش‌بینی ارزش ارثی نیز از فرمول ۸-۱۲ محاسبه می‌شود:

$$r_{BV, EBV} = \sqrt{\frac{ph^2}{4 + (p-1)h^2}} \quad 12-8$$

در جدول ۸-۲ دقت ارزش ارثی پیش‌بینی شده از مشاهدات فنوتیپی خواهران- برادران تنی و ناتنی و فرزندان نشان داده شده است. با توجه به ارقام این جدول می‌توان نتیجه‌گیری نمود که دقت پیش‌بینی در حالت استفاده از داده‌های فرزندان یک حیوان بیشتر از داده‌های خواهران و برادران تنی و ناتنی است. در حالتی که بیش از ۱۰۰ فرزند وجود دارد. دقت پیش‌بینی ارزش ارثی بیشتر از ۹۲٪ است. ولی در مواردی که از داده‌های خواهران و برادران تنی و یا ناتنی استفاده می‌شود بیشترین دقت پیش‌بینی ارزش ارثی به ترتیب برابر با ۷۰٪ و ۵۰٪ است.

جدول ۸-۲. دقت ارزش ارثی برآورد شده برای یک صفت با وراثت پذیری با ۰.۲۰

تعداد مشاهدات	فرزندان	خواهر - برادر تنی	خواهر - برادر ناتنی
۱	۰/۲۲	۰/۲۲	۰/۱۱
۲	۰/۳۱	۰/۳۰	۰/۱۵
۴	۰/۴۲	۰/۳۹	۰/۲۱
۱۰	۰/۵۹	۰/۵۱	۰/۲۹
۵۰	۰/۸۵	۰/۶۵	۰/۴۳
۱۰۰	۰/۹۲	۰/۶۸	۰/۴۶
۱۰۰۰	۰/۹۹	۰/۷۰	۰/۵۰

برای صفاتی که وراثت پذیری آنها کم است اغلب تصور می‌شود که پیش بینی ارزش ارثی با دقت زیاد ممکن نیست. ولی اعداد جدول ۸-۲ نشان می‌دهد در صورتی که از داده‌های تعداد زیادی از فرزندان حیوان استفاده شود امکان پیش بینی ارزش ارثی با دقت زیاد وجود دارد.

۸-۴. روش شاخص انتخاب و استفاده از داده‌های خویشاوندان مختلف حیوان

در روش شاخص انتخاب می‌توان از چند منبع اطلاعاتی فنوتیپی مختلف برای پیش بینی ارزش ارثی حیوان استفاده نمود. بعنوان مثال ممکن است در یک جامعه داده‌های خود حیوان، فرزندان و همچنین خواهران و برادران ناتنی او در اختیار باشد. در این حالت می‌توان برای برآورد ارزش ارثی از سه منبع اطلاعات استفاده نمود. رابطه ریاضی شاخص انتخاب برای این حالت برابر است با،

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + b_3x_3 \quad 13-8$$

$$EBV = b_1x_{ind.} + b_2\bar{x}_{HS} + b_3\bar{x}_{pro.}$$

در این رابطه $x_{ind.}$ عملکرد یا داده تصحیح شده خود حیوان برای صفت مورد نظر \bar{x}_{HS} میانگین تصحیح شده خواهران و برادران ناتنی حیوان و \bar{x}_{pro} میانگین تصحیح شده فرزندان حیوان می‌باشد.

برای پیش بینی ارزش ارثی حیوانات با استفاده از رابطه ۸-۱۳ به سه ضریب رگرسیون b_1 ، b_2 و b_3 نیاز است. این ضرایب رگرسیون را می‌توان با توجه به منبع اطلاعات فنوتیپی از فرمول‌های ۸-۳، ۸-۷ و ۸-۱۱ محاسبه نمود. در این حالت رابطه ریاضی شاخص انتخاب به صورت زیر است.

$$EBV = h^2x_{ind.} + \frac{mh^2}{4+(m-1)h^2}\bar{x}_{HS} + \frac{2ph^2}{4+(p-1)h^2}\bar{x}_{pro.} \quad 14-8$$

دقت برآورد ارزش ارثی با این روش برابر است با:

$$r_{BV,EBV} = \sqrt{h^2 + \frac{\frac{1}{4}mh^2}{4+(m-1)h^2} + \frac{ph^2}{4+(p-1)h^2}} \quad 15-8$$

در حالتی که از چند منبع اطلاعات فنوتیپی مختلف برای پیش‌بینی ارزش ارثی با روش شاخص انتخاب استفاده می‌شود، برآورد نهایی تابعی از منابع اطلاعاتی موجود در معادله می‌باشد. بعنوان مثال، ممکن است در یک آزمایش بیشتر اطلاعات از خواهران و برادران ناتنی و اطلاعات مربوط به فرزندان کمتر باشد. در این حالت ضرائب هر کدام از این منابع اطلاعاتی تفاوت دارد. در جدول ۸-۳ دقت برآورد ارزش ارثی با روش شاخص انتخاب در حالت استفاده از چندین منبع اطلاعات فنوتیپی با ضرائب مختلف ارائه شده است. در هر ردیف این جدول حالات متفاوت از ترکیب منابع اطلاعات نظیر داده‌های خود حیوان، میانگین داده‌های خواهران و برادران ناتنی پدری، میانگین داده‌های خواهران و برادران ناتنی مادری و داده‌های فرزندان بررسی شده است. در سه ردیف اول جدول فقط داده‌های شجره در اختیار می‌باشد. دو ردیف بعد از داده‌های خود حیوان و از داده‌های شجره استفاده شده است. در چهار ردیف آخر از کلیه داده‌های موجود استفاده شده است.

جدول ۸-۳. پیش‌بینی ارزش ارثی با استفاده از روش شاخص انتخاب و منابع متفاوت اطلاعات فنوتیپی

دقت پیش بینی نهایی	اثر هر جزء				تعداد داده			
	فرزندان	ناتنی مادری	ناتنی پدری	خود حیوان	فرزندان	ناتنی مادری	ناتنی پدری	خود حیوان
فقط از داده‌های شجره								
۰/۳۸	۰/۰	۰/۲۴	۰/۷۶	۰/۰	۰	۲	۱۰	۰
۰/۵۲	۰/۰	۰/۱۳	۰/۸۷	۰/۰	۰	۲	۲۰۰	۰
۰/۵۵	۰/۰	۰/۲۰	۰/۸۰	۰/۰	۰	۲	۴۰۰	۰
داده‌های شجره و خود حیوان								
۰/۶۱	۰/۰	۰/۰۷	۰/۲۲	۰/۷۱	۰	۲	۱۰	۱
۰/۶۷	۰/۰	۰/۰۶	۰/۴۰	۰/۵۴	۰	۲	۲۰۰	۱
داده‌های شجره خود حیوان و فرزندان								
۰/۷۷	۰/۵۸	۰/۰۳	۰/۰۹	۰/۳۰	۱۰	۲	۱۰	۱
۰/۷۹	۰/۵۰	۰/۰۳	۰/۲۰	۰/۲۷	۱۰	۲	۲۰۰	۱
۰/۹۷	۰/۹۶	۰/۰	۰/۰۱	۰/۰۳	۲۰۰	۲	۱۰	۱
۰/۹۷	۰/۹۶	۰/۰	۰/۰۲	۰/۰۳	۲۰۰	۲	۲۰۰	۱

در سه ردیف اول جدول که فقط از داده‌های شجره استفاده شده است در حالت اول که تعداد خواهران و برادران ناتنی پدری برابر ۱۰ است دقت ارزش ارثی پیش بینی شده کمترین مقدار (۰/۳۸) است. با افزایش تعداد خواهران و برادران ناتنی پدری به ۲۰۰ است دقت پیش بینی نهایی ارزش ارثی معادل ۰/۵۲ برآورد شده است. ولی با افزایش این تعداد به ۴۰۰ تغییر در پیش بینی نهایی زیاد نیست. در حالتی که اطلاعات فنوتیپی خود حیوان به داده‌های شجره‌ای حتی با ۱۰ خواهر و برادر ناتنی پدری اضافه می‌شود دقت پیش بینی نهایی ارزش ارثی افزایش یافته و برابر با ۰/۶۱ است. بیشترین مقادیر پیش بینی ارزش ارثی نهایی در مواردی است که از کلیه منابع فنوتیپی استفاده شده است. بعنوان مثال با استفاده از داده خود حیوان و ۱۰ خواهر و برادر ناتنی پدری و ۲ خواهر و برادر ناتنی مادری و ۱۰ فرزند دقت پیش بینی نهایی ارزش ارثی برابر با ۰/۷۷ است. بیشترین مقدار دقت پیش بینی نهایی ارزش ارثی با استفاده از داده خود حیوان، داده‌های ۱۰ خواهر و برادر ناتنی پدری و ۲ خواهر و برادر ناتنی مادری و ۲۰۰ فرزند حیوان است که برابر با ۰/۹۷ می‌باشد.

۸-۵. روش بهترین پیش بینی نارایب خطی

روش بهترین پیش بینی نارایب خطی (BLUP) در سال ۱۹۵۰ میلادی توسط هندرسون در دانشگاه کرنل آمریکا ارائه شد. با پیشرفت علم و ساخت رایانه‌های قوی و پر سرعت از این روش در سالهای ۱۹۷۰ تا ۱۹۸۰ برای داده‌های زیاد با شجره‌های بزرگ استفاده شد. در این روش می‌توان بدون نیاز به تصحیح برای داده‌ها از آن‌ها برای پیش بینی ارزش ارثی استفاده نمود. در روش بهترین پیش بینی نارایب خطی بطور همزمان برآوردهای نارایب برای اثر عوامل ثابت مدل (عوامل محیطی شناخته شده) و همچنین بهترین پیش بینی برای اثر عوامل تصادفی مدل (اثر ژنتیکی و یا ارزش ارثی حیوانات) محاسبه نمود. این امر از ویژگی‌های این روش است که برآوردهای حاصل برای اثر عوامل ثابت و تصادفی مدل خطی نارایب بوده و دارای بیشترین دقت ممکن است. در این روش بطور همزمان از کلیه منابع اطلاعات فنوتیپی موجود در جامعه (از قبیل داده‌های شجره و خود حیوان و تمام خویشاوندان) استفاده می‌شود. مزیت دیگر این روش استفاده از کلیه روابط خویشاوندی در پیش بینی اثر عوامل ژنتیکی و ارزش ارثی حیوانات است. در روش بهترین پیش بینی نارایب خطی برای تفاوت‌های ژنتیکی موجود در بین جوامع و یا

گله‌ها و نسل‌های مختلف بطور همزمان تصحیح انجام می‌شود. لذا پیش‌بینی ارزش ارثی دقیق و ناریب است. ولی در روش شاخص انتخاب لازم است که داده‌ها برای اثر عوامل محیطی مختلف تصحیح شوند و سپس از میانگین تصحیح شده گروهی از جوامع استفاده می‌شود و نه مستقیماً داده‌های خود افراد جامعه. بنابر این در روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی پیش‌فرضی در مورد میانگین ارزش ژنتیکی جامعه وجود ندارد و از داده‌های خود افراد جامعه استفاده می‌شود. در روش شاخص انتخاب برای پیش‌بینی ارزش ارثی برای هر حیوان یک معادله خطی جدا حل می‌شود.

ارزش ارثی حاصل از روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی نیز مانند روش شاخص انتخاب دارای ویژگی‌های ناریب بودن، بیشترین همبستگی بین ارزش ارثی پیش‌بینی شده و واقعی و بهترین رتبه بندی حیوانات بر اساس برآوردهای حاصل است.

۸-۶. ویژگی‌های مهم روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی

چون در روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی از داده‌های تمام گروه‌های موجود در جامعه استفاده می‌شود و در ضمن بطور همزمان داده‌ها برای عوامل محیطی موثر بر آنها تصحیح و ارزش ارثی برای کلیه افراد موجود در شجره برآورد می‌شود لذا بعنوان یک روش پیش‌بینی ارزش ارثی در مقیاس بزرگ و برای کل جامعه معروف است. بعنوان مثال مرکز اصلاح نژاد و بهبود شیر ایران از داده‌های تولید شیر، چربی و پروتئین کلیه گاوهای نژاد هلشتاین تحت پوشش این مرکز در مناطق مختلف کشور استفاده می‌نماید. این مرکز برای کلیه این گاوها در مناطق مختلف کشور با اثرهای گروهی و گله‌ای متفاوت ارزش ارثی پیش‌بینی می‌نماید. بنابراین داده‌های مورد استفاده برای پیش‌بینی ارزش ارثی در مقیاس بزرگ با روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی توسط یک موسسه خاص (نظیر مرکز اصلاح نژاد ایران و یا سایر مراکز) حمایت، جمع‌آوری و کنترل و مدیریت می‌شود.

در روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی از مدل‌های خطی آماری برای برآورد اثر عوامل ثابت محیطی و اثر عوامل تصادفی ژنتیکی استفاده می‌شود. در این مدل‌ها داده فنوتیپی صفات حیوانات که تفاوت‌های آنها ناشی از اثر عوامل ژنتیکی و محیطی می‌باشد تجزیه و تحلیل می‌شوند. مدل‌های متفاوتی برای تجزیه و تحلیل داده‌ها در دام‌های مختلف ارائه شده است. از این مدل‌ها

می‌توان مدل پدری^۱، مدل پدر بزرگ مادری، مدل حیوانی^۲، مدل برای صفات تکراری، مدل برای اثر عوامل مادری و مدل برای چندین صفت بطور همزمان را نام برد. هرکدام از این مدلها دارای ویژگی خاص خود می‌باشد و براساس خصوصیات داده‌ها و اهداف ارزیابی ژنتیکی مدل مورد نظر استفاده می‌شود. در این روش در صورتی که روابط خویشاوندی کلیه حیوانات موجود در شجره به صورت ماتریس و خویشاوندی در مدل منظور شود برای کلیه افراد موجود در جامعه اعم از حیوانات دارای داده ارزش ارثی پیش بینی می‌شود. این ویژگی مدل دام در اصلاح دام برای صفات محدود به جنس (نظیر تولید شیر در پستانداران) بسیار اهمیت دارد.

یک ویژگی مهم دیگر روش بهترین پیش بینی نارایب خطی برآورد روند ژنتیکی در جامعه است. در جوامعی که بطور مداوم کار اصلاح نژاد و انتخاب انجام می‌گیرد در طی سالیان متمادی پیشرفت ژنتیکی حاصل می‌شود. چون در روش بهترین پیش بینی نارایب خطی داده‌ها برای عوامل متفاوت تصحیح می‌شوند. لذا برآورد نارایب از روند ژنتیکی و محیطی در جوامع دارای دامهای با سنین مختلف حاصل می‌شود. چون روند ژنتیکی میزان پیشرفت ژنتیکی سالانه را نشان می‌دهد لذا با استفاده از روش بهترین پیش بینی نارایب خطی می‌توان آن را برآورد نمود. از دیگر ویژگی روش بهترین پیش بینی نارایب خطی استفاده از مدل برای چندین صفت است. در این مدل از داده‌های دامها برای صفات متفاوت استفاده می‌شود و یک ارزش ارثی واحد برای هر حیوان بر اساس چندین صفت مورد نظر محاسبه می‌شود. از این مدل برای پیش بینی ارزش ارثی صفات دارای همبستگی استفاده می‌شود.

۷-۸. کاربرد ارزش ارثی

امروزه برای پیش بینی ارزش ارثی دامها از روش بهترین پیش بینی نارایب خطی استفاده می‌شود. نوع مدل مورد استفاده بستگی به ویژگی داده‌ها و هدف اصلاحی مورد نظر دارد. برای آشنایی با مدل‌های متفاوت روش بهترین پیش بینی نارایب خطی و استفاده از آنها برای نیاز به دانش جبر ماتریس‌ها و مدل‌های خطی می‌باشند. لذا با توجه به هدف نگارش این کتاب که به منظور معرفی این علم به جامعه دامپروران است در مورد آنها بحث نمی‌شود. ولی در جلد دوم این

1. siro model
2. MGS model

کتاب اصول عملی و اجرایی روش بهترین پیش‌بینی نااریب خطی توضیح داده خواهد شد. با استفاده از روش شاخص انتخاب که در این فصل ارائه شد می‌توان ارزش ارثی حیوانات را پیش‌بینی و بر اساس آن رتبه بندی و بعنوان والدین برای تولید نسل آینده انتخاب نمود.

فصل نهم

روش‌های انتخاب

۹-۱. مقدمه

انتخاب تعیین می‌کند کدام فرد بعنوان والدین نسل‌های آینده باشد و چه تعداد فرزند تولید نمایند و برای چه مدت در جامعه به عنوان مولد باقی بمانند. به طور کلی در جوامع مختلف دو نوع انتخاب طبیعی^۱ و مصنوعی^۲ در تغییر ساختار جامعه نقش دارند. انتخاب طبیعی یک عامل مهم تغییرات ژنتیکی در طول زمان است و بطور دائم و پیوسته در جوامع حیوانی از طریق عوامل محیطی موجود در طبیعت اثر می‌کند. این انتخاب از زمان پیدایش موجودات زنده شروع شده و همچنان نیز ادامه دارد و سبب تغییر در گونه‌های مختلف جانداران شده است. در حقیقت این نوع انتخاب در بلند مدت سبب ایجاد تعادل بین امکانات موجود در طبیعت و خصوصیات و نیازهای موجودات طبیعی فراهم می‌نماید. شتر به دلیل داشتن اندام‌ها و ویژگی‌های فیزیولوژیک خاص خود قدرت زیست در مناطق گرم و خشک را دارد و در مقایسه به سایر حیوانات می‌تواند در این نوع اقلیم به زندگی خود ادامه دهد. یعنی شتر به همین صورت خلق شده است و به دلیل ویژگی‌های خاص توانایی تطابق با شرایط مزبور را دارد. اگر نژادهای مختلف شتر در مناطق مختلف دنیا دارای شرایط اقلیمی متفاوت مقایسه شوند تفاوت‌های خاصی در بین آنها مشاهده می‌شود که حاصل انتخاب طبیعی با این حیوانات برای تطابق با خصوصیات اقلیمی هر منطقه می‌باشد. میزان و سرعت تغییرات ژنتیکی در انتخاب طبیعی بسیار کند و اندک است و اغلب در

-
1. Natural selection
 2. Artificial selection

بلند مدت قابل بررسی و تشخیص می‌باشند.

در دامپروری برای اصلاح نژاد و تغییر عملکرد حیوانات عمل انتخاب مصنوعی انجام گیرد. چون انتخاب مصنوعی توسط انسان انجام می‌گیرد لذا شدت و جهت آن مشخص و تحت کنترل است. به طور کلی در انتخاب مصنوعی جهت تغییر و سرعت آن با توجه به نیاز جامعه مشخص می‌شود. بعنوان مثال در چند دهه گذشته در بعضی کشورهای صنعتی پرورش دهندگان گاو شیری برای افزایش چربی شیر انتخاب انجام می‌دادند ولی در سال‌های اخیر به دلیل کاهش تقاضا برای چربی این پرورش دهندگان به انتخاب گاوها برای افزایش تولید پروتئین توجه دارند. روشهای انتخاب مصنوعی در دامها و در چند دهه اخیر تغییرات زیادی نموده است. با معرفی روشهای جدید پیش بینی ارزش ژنتیکی حیوانات و شناسایی دامهایی با قدرت تولید بیشتر انتخاب دامها بعنوان والدین نسلهای آینده با دقت بیشتری انجام می‌شود. استفاده از این باعث پیشرفت ژنتیکی در جوامع دامی شده است.

در عمل انتخاب دامهای جایگزین بعنوان والدین نسل آینده مشخص می‌شوند. در ضمن از تعدادی از حیوانات برای تولید مثل استفاده نمی‌شود و اصطلاحاً حذف^۱ می‌شوند. روشهای انتخاب متفاوت است و در این فصل در مورد انواع روشها و ویژگی هر یک توضیح داده می‌شود.

۹-۲. انتخاب برای یک یا چند صفت

در اغلب مطالب ارائه شده در فصل‌های قبل به دلیل سهولت ارائه و یادگیری مفاهیم ژنتیکی در مورد انتخاب برای یک صفت^۲ بحث شده است. ولی در جوامع واقعی دامها انتخاب برای چند صفت مورد توجه در اهداف اصلاح نژاد انجام می‌گیرد. بعنوان مثال، پرورش دهندگان گاوهای شیری برای صفات تولید شیر، چربی، پروتئین، شکل ظاهری بدن، ورم پستان و تولید مثل انتخاب انجام می‌دهند. پرورش دهندگان گوسفند نیز برای صفات تعداد بره در هر زایش، سرعت رشد و کیفیت گوشت انتخاب انجام می‌دهند.

هدف اصلی در انتخاب چند صفت، پیشرفت ژنتیکی برای ارزش ارثی کل^۳ می‌باشد. ارزش ارثی کل برابر با مجموع ارزش ارثی صفات مورد نظر برای انتخاب در جامعه است. ارزش ارثی

-
1. Culling
 2. Single-trait selection
 3. Aggregate breeding value

کل برای صفات مختلف دامها و در کلیه رتبه بندی و انتخاب بهترین آنها بعنوان والدین نسل آینده از مباحث ارائه شده در فصل‌های قبل استفاده می‌شود.

در دامپروری اجرای برنامه‌های اصلاحی نژاد و انتخاب بر اساس چند صفت علاوه بر اینکه یک فعالیت علمی و مشخصی است یک فرایند هنری نیز می‌باشد. یعنی استفاده از اصول مربوط به ژنتیک کمی و رابطه‌های ریاضی و محاسبه ارزش ارثی کل برای انتخاب نهایی افراد جامعه کافی نیست. در حقیقت دامپرور با آشنایی به اصول علمی اصلاح نژاد و پرورش دام سعی با در نظر گرفتن کلیه موارد بهترین دامها را انتخاب نمایند. روشهای متفاوتی برای انتخاب چند صفت ارائه شده است که عبارت از روش یک صفت در یک زمان^۱ و انتخاب به روش سطوح حذف مستقل و روش شاخص انتخاب اقتصادی^۲ می‌باشد. مزایا و معایب هر یک از این روشها در بخش‌های بعد توضیح داده می‌شود. استفاده از هر یک از این روشها بستگی به خصوصیات دام و صفات مورد نظر و برنامه اصلاحی دارد.

۹-۳. انتخاب یک صفت در یک زمان (روش تاندوم)

در این روش و در یک برنامه اصلاح نژاد بلند مدت در هر مرحله فقط برای یک صفت انتخاب انجام می‌گیرد سایر عمل انتخاب در ابتداء برای یک صفت برای یک سال و یا یک نسل و یا تا حصول پیشرفت ژنتیکی مورد نظر ادامه دارد. سپس نوبت به صفت بعد می‌رسد. این روش از انتخاب یک روشی عملی است ولی فقط قابل استفاده برای چند صفت محدود در دامها می‌باشد. در این روش با انتخاب و پیشرفت ژنتیکی هر یک از صفات تا رسیدن به هدف نهایی ادامه دارد. هدف نهایی این روش از انتخاب رسیدن به سطحی از ارزش ارثی مطلوب و قابل قبول برای تمام صفات مورد نظر است. تعیین هدف نهایی انتخاب در این روش کمی مشکل و بستگی به فرد اصلاح کننده دارد.

موثر بودن انتخاب به روش تاندوم به همبستگی ژنتیکی صفات مورد نظر بستگی دارد. در صورتیکه همبستگی ژنتیکی صفات مثبت باشند انتخاب برای صفت اول به پیشرفت ژنتیکی صفت دوم هم کمک می‌کند. برای مثال، انتخاب برای سرعت رشد در بره‌ها سبب تغییر در میانگین

-
1. Tandem selection
 2. Economic selection index

صفت وزن شیرگیری نیز می‌شود. اگر همبستگی ژنتیکی صفات منفی باشد انتخاب برای یک صفت باعث کاهش در صفت دیگر می‌شود. در چنین مواردی در عمل برای هر کدام از این صفات یک حد مطلوب در نظر گرفته می‌شود. بعنوان مثال همبستگی ژنتیکی وزن یک سالگی و وزن تولد مثبت است. ولی افزایش این دو صفت مشکلات سخت زایی را نیز افزایش می‌دهد. بنابراین با افزایش وزن یک سالگی مشکلات سخت زایی نیز در جامعه افزایش می‌یابد. لذا پرورش دهندگان گاوهای گوشتی یک حد مطلوب برای این صفات در نظر می‌گیرند. در واقع یک سطح مطلوب و قابل قبول برای وزن تولد و وزن یک سالگی معین می‌کنند که مشکلات سخت زایی دامها در حد قابل قبول باشد.

۹-۴. انتخاب به روش سطوح حذف مستقل

در این روش انتخاب یک حداقل مقدار قابل قبول برای هر صفت در نظر گرفته می‌شود. در این روش حیوانی برای شرکت در آمیزش‌ها انتخاب می‌شود که دارای حداقل سطح قابل قبول برای کلیه صفات مورد نظر باشند. اگر یک حیوان برای اکثر تمام صفات مورد نظر دارای فنوتیپ مناسب باشد ولی فقط برای یک صفت حداقل لازم را نداشته باشد انتخاب نمی‌شود و در آمیزشها از آن استفاده نمی‌شود. این روش بسیار ساده و در عمل قابل اجراء می‌باشد. دامپروران برای هر یک از صفات اقتصادی مهم یک حداقل را برای انتخاب تعیین می‌کنند و دامهای دارای حداقل لازم برای هر صفت انتخاب می‌شوند.

برای مثال در گوسفند ممکن است انتخاب بر اساس فنوتیپ دو صفت وزن تولد و وزن یک سالگی انجام شود. بره‌های با وزن تولد بیشتر از ۳.۸ کیلو گرم و وزن یک سالگی کمتر از ۴/۵ کیلوگرم از میانگین جامعه را حذف می‌شوند. اگر برآورد تفاوت فرزندان (EPD) در اختیار باشد و انتخاب بر اساس برآورد تفاوت فرزندان انجام شود دقت انتخاب بیشتر است. روش انتخاب سطوح هدف مستقل در واقع یک انتخاب چند صفتی بطور همزمان است. نکته مهم در این روش تعیین حداقل عملکرد قابل قبول برای هر یک از صفات مورد نظر است.

۹-۵. روش شاخص انتخاب اقتصادی

در این روش شاخص کل پیشرفت ژنتیکی با استفاده از داده‌های فنوتیپی و ضرایب اقتصادی

صفات و پارامترهای ژنتیکی آنها نظیر وراثت پذیری و همبستگی‌های ژنتیکی برآورد می‌شود. با استفاده از روش شاخص انتخاب اقتصادی افرادی انتخاب می‌شوند که دارای بیشترین ارزش اقتصادی هستند. این روش برای انتخاب چند صفت بطور همزمان و برآورد ارزش ارثی کلی برای کلیه صفات مورد نظر مناسب است.

روش شاخص انتخاب و پیش بینی ارزش ارثی برای یک صفت در فصل هشتم توضیح داده شد. روش شاخص انتخاب برای چند صفت در اصول و روابط ریاضی مشابه روش شاخص انتخاب برای یک صفت است. ولی در روش شاخص انتخاب برای چند صفت ارزش ارثی برای چند صفت مورد نظر (I) پیش بینی می‌شود. رابطه ریاضی شاخص انتخاب برای چند صفت مشابه رابطه ارائه شده در فصل هشتم و برابر با،

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_nx_n \quad 1-9$$

است.

در روش شاخص انتخاب اقتصادی علاوه بر برآورد ارزش ارثی بر اساس رابطه فوق اهداف اصلاح نژاد^۱ و ضرایب اقتصادی^۲ که اهمیت هر صفت را در برنامه اصلاحی معین می‌کنند نیز موثر است. این ضرایب با رابطه ریاضی دیگری و به شکل زیر نشان داده می‌شود.

$$H = v_1BV_1 + v_2BV_2 + \dots + v_mBV_m \quad 2-9$$

در این رابطه H ارزش ژنوتیپی کل است، v_i ضریب تصحیح صفت مورد نظر در هدف انتخاب، BV_i ارزش ارثی صفت مورد نظر و m نیز تعداد کل صفاتی است که در هدف انتخاب منظور شده است. در مواردی که ضریب تصحیح v_i بر حسب سود خالص هر صفت در نظر گرفته می‌شود. ارزش ژنوتیپی کل (H) نیز بر حسب واحد پول هر کشور تعیین می‌شود. در حقیقت این ارزش ژنوتیپی کل است که بر اساس مفاهیم اقتصادی بیان می‌شود.

صفات موجود در معادله هدف انتخاب باید از نظر اقتصادی در برنامه اصلاح نژاد موثر باشد. همچنین صفات موجود در معادله با شاخص انتخاب باید از نظر جمع آوری داده‌ها آسان و ارزان

-
1. Breeding objective
 2. Economic weight

باشند، صفات هدف انتخاب دارای همبستگی ژنتیکی باشند. بنابراین ممکن است صفات موجود در هدف و معیار انتخاب متفاوت باشد. برای مثال ممکن است در یک برنامه اصلاح نژاد در گوسفند در معادله هدف انتخاب درصد چربی لاشه و ضریب تبدیل غذا، صفات وزن یک سالگی، سن هنگام کشتار و شیردهی و در معادله شاخص انتخاب وزن شیرگیری، سرعت رشد از تولد تا شیرگیری منظور شود.

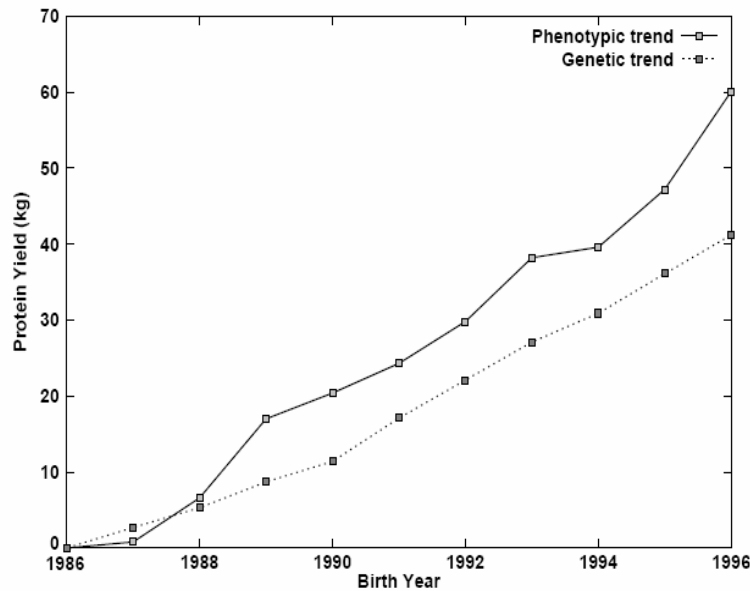
۹-۶. پاسخ انتخاب

هدف انتخاب در یک جامعه پیشرفت ژنتیکی برای صفات مورد نظر است. لذا در جامعه‌ای که برای مدت طولانی انتخاب انجام نشده است ارزیابی و برآورد تغییرات ژنتیکی سالانه اهمیت دارد. همچنین قبل از اجرای یک برنامه اصلاح نژاد در جامعه میزان پیشرفت ژنتیکی حاصل از اجرای برنامه پیش بینی می‌شود. در ضمن، انتخاب برای یک یا چند صفت در یک جامعه سبب تغییر در صفات دیگر نیز می‌شود. این تغییرات ژنتیکی را پاسخ انتخاب همبسته^۱ می‌گویند.

برای روشن شدن تغییرات ژنتیکی ناشی از انتخاب برای یک یا چند صفت از یک جامعه که اصطلاحاً پاسخ انتخاب^۲ و یا روند ژنتیکی^۳ نامیده می‌شود. متغیرات میانگین تولید پروتئین در گاوهای نژاد هلشتاین کانادا توضیح داده می‌شود. روند ژنتیکی و فنوتیپی تولید پروتئین در گاوهای نژاد هلشتاین کانادا در سالهای ۱۹۸۶ تا ۱۹۹۶ در شکل ۹-۱ ارائه شده است. این شکل نشان می‌دهد بعد از سال ۱۹۸۸ که افزایش پروتئین شیر در برنامه‌های اصلاح نژاد این جامعه منظور شده است پیشرفت ژنتیکی سالانه تولید پروتئین قابل توجه است. روند فنوتیپی و ژنتیکی این صفت در یک جهت هستند ولی چون روند فنوتیپی بیشتر از روند ژنتیکی است لذا می‌توان نتیجه‌گیری نمود که در مدت مذکور شرایط مدیریتی و محیطی نیز بهتر شده است.

شکل ۹-۱ روند ژنتیکی و فنوتیپی تولید پروتئین شیر در گاوهای شیری نژاد هلشتاین کانادا

-
1. Correlated response to selection
 2. Response to selection
 3. Genetic trend



شکل ۹-۱

روش برآورد پیشرفت ژنتیکی مستقیم^۱ حاصل از اجرای برنامه‌های اصلاحی در فصل هفتم توضیح داده شد. همچنین در فصل هشتم ویژگی‌های روش بهترین پیش بینی نااریب خطی برای تعیین ارزش ارثی حیوانات ارائه شد. با توجه به مطالب ارائه شده در این فصل و فصل‌های قبلی می‌توان پاسخ انتخاب مستقیم و یا تغییرات ژنتیکی در صفات مورد انتخاب را برآورد نمود. برآورد تغییرات ژنتیکی در صفات وابسته نیز اهمیت دارد. برآورد پاسخ انتخاب همبسته برای صفاتی که همبستگی آنها با صفات مورد انتخاب مثبت یا منفی است چگونگی تغییرات ژنتیکی این صفات را در برنامه‌های انتخاب نشان می‌دهد. پاسخ انتخاب همبسته برای صفت شماره ۲ در حالتی که برای صفت ۱ انتخاب می‌شود رابطه ریاضی زیر برآورد می‌شود.

$$\Delta G_{2,1} = b_{A_2 A_1} \Delta G_1 = r_{g_{12}} \frac{\sigma_{A_2}}{\sigma_{A_1}} \Delta G_1 \quad 9.5$$

1. Direct genetic change

در این فرمول $\Delta G_{۲.۱}$ تغییر ژنتیکی سالانه در صفت شماره ۲ در حالت انتخاب برای صفت شماره یک می‌باشد، در این فرمول $b_{A_۲A_۱}$ ضریب رگرسیون ارزش ارثی صفت شماره ۲ بر صفت شماره یک $\Delta G_۱$ تغییرات ژنتیکی سالیانه صفت شماره یک، $r_{g_{۱۲}}$ همبستگی ژنتیکی صفت شماره یک و دو و $\sigma_{A_۲}$ ، $\sigma_{A_۱}$ نیز واریانس‌های ژنتیکی افزایشی صفات شماره یک و دو می‌باشند.

اگر وراثت پذیری و انحراف معیار فنوتیپی صفت شماره یک در یک جامعه برابر با ۰/۴ و ۲۵ کیلوگرم باشد و در سن ۱/۵ سالگی ۱۰٪ از حیوانات نر بعنوان مولد نسل آینده انتخاب شوند. همچنین ۶۰ درصد از ماده‌ها نیز در هر سال در سن یک سالگی انتخاب می‌شوند طول دوره آبستنی در این حیوان برابر با ۵ ماه است. انتخاب حیوانات در این جامعه بر اساس ارزش ارثی است که از اطلاعات فنوتیپی خود حیوانات پیش بینی می‌شود. هدف محاسبه تغییرات ژنتیکی حاصل از این برنامه انتخاب در هر سال می‌باشد.

- محاسبه واریانس ژنتیکی افزایشی صفت شماره یک

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2}$$

$$\sigma_A^2 = h^2 \times \sigma_P^2 = 0.4 \times 25^2 = 250$$

$$\sigma_A = \sqrt{250} = 15.81 \text{ kg}$$

محاسبه دقت و شدت انتخاب

$$r_{A\hat{A}} = \sqrt{h^2} = \sqrt{0.4} = 0.63$$

شدت انتخاب با استفاده از جدول ۷-۱ برای نرها برابر با ۱/۷۶ و برای ماده‌ها برابر با ۰/۶۴ است. بنابر این پاسخ انتخاب سالانه برای صفت شماره یک برابر است با:

$$\Delta G / t = \frac{(r_{A_m \hat{A}_m} \times i_m + r_{A_f \hat{A}_f} \times i_f) \times \sigma_A}{L_m + L_f} = \frac{(0.63 \times 1/76 + 0.63 \times 0/64) 15.81}{2 + 1/5} = 6.83 \text{ kg / yr}$$

لذا با اجرای این برنامه سالیانه ۶/۸۳ کیلوگرم برای صفت مورد انتخاب پیشرفت ژنتیکی می‌شود. در صورتی که همبستگی ژنتیکی بین صفت شماره دو و صفت شماره یک برابر با ۰/۲- و

انحراف معیار ژنتیکی افزایشی صفت شماره دو برابر با ۵ میلی متر باشد پاسخ به انتخاب همبسته برای صفت شماره ۲ در این برنامه برابر است با :

$$\Delta G_{2/1} / yr = r_{g_{12}} \frac{\sigma_{A_2}}{\sigma_{A_1}} \Delta G_1 / yr$$

$$\Delta G_{2/1} / yr = -0.2 \times \frac{5}{15/81} \cdot 6/83 = -0.43 mm / yr$$

بنابر این با انتخاب برای صفت شماره یک سالانه ۰/۴۳ میلی متر نیز در صفت شماره دو تغییر حاصل می‌شود.

فصل دهم

روش‌های آمیزش

۱-۱۰. مقدمه

روش‌های آمیزش^۱ در نتاج حاصل از اجرای برنامه‌های اصلاح دام تأثیر دارد. پس از شناسایی و انتخاب بهترین دامها از طریق رتبه بندی آنها بر اساس ارزش ارثی پیش بینی شده باید با استفاده از روشهای آمیزشی مناسب نسل آینده را از آن تولید نمود. در روش‌های آمیزش مناسب مشخص می‌شود که کدام یک از حیوانات ماده انتخاب شده با کدام حیوان نر آمیزش کنند. بطور کلی روشهای آمیزشی به دو گروه آمیزش خویشاوندی^۲ و غیر خویشاوندی^۳ تقسیم بندی می‌شود. اغلب صفات کمی تحت تأثیر ژن‌ها با اثر افزایشی^۴ می‌باشند و این ژن‌ها در جامعه دارای الهای متفاوتی می‌باشد که اثر افزایشی آنها بر صفات با یکدیگر تفاوت دارد. با آمیزش حیوانات که دارای رابطه خویشاوندی هستند، یعنی آمیزش خویشاوندی، فراوانی الهای مغلوب این ژنها در جامعه افزایش می‌یابد. در این روش آمیزشی ضریب همخونی^۵ دامها نیز افزایش می‌یابد. در ضمن تعدادی از صفات کمی بخش عمده تفاوت‌های موجود در بین افراد جامعه ناشی از اثر متقابل بین آللهای ژن‌های موثر بر صفت است که لذا در حالت هتروزیگوت دارای بیشترین اثر فنوتیپی می‌باشند. در این حالت آمیزش افراد غیرخویشاوند و یا آمیزش بین نژادها^۶ سبب افزایش عملکرد

1. Mating systis
2. Inbreeding
3. Outbreeding
4. Additive effects
5. Inbreeding coefficient
6. Cross breeding

می‌شود. در این آمیزشها درصد ژنوتیپ‌های هتروزیگوت در جامعه افزایش می‌یابد. روشهای آمیزش در علم اصلاح دام از دو جنبه مطرح می‌شود. که عبارت از بررسی نتایج آمیزش بین افراد مورد نظر و تغییرات ژنتیکی حاصل از آمیزش افراد در جامعه می‌باشد. در این فصل در مورد روشهای آمیزش بین افراد توضیح داده می‌شود و بیشتر مطالب فصل بعد در مورد روشهای آمیزشی در جامعه و تغییرات ژنتیکی حاصل از آنها می‌باشد.

۱۰-۲ آمیزش برای تولید یک ترکیب ژنی خاص

در مواردی در نظر است که افراد با ترکیب ژنی خاص (هموزیگوت یا هتروزیگوت) تولید شوند. لذا از روشهای انتخاب و آمیزش برای صفات تک ژنی استفاده می‌شود. در این حالت تعیین چگونگی رابطه بین آلل‌های ژن مورد نظر نظیر اثر افزایشی و یا غلبه اهمیت دارد. همچنین دانستن اثر متقابل بین ژن مورد نظر و سایر ژنهای ژنوم (اثر اپی ستازی) نیز اهمیت دارد. اگر این روابط برای یک ژن معلوم باشد نحوه توارث و انتقال آن از یک نسل به نسل بعد مشخص می‌شود. صفاتی مانند رنگ بدن در دامها جزء این گروه هستند و با یک یا چند ژن محدود کنترل می‌شوند. با مشخص نمودن رابطه آللهای این ژنها می‌توان انتخاب‌ها و یا آمیزشها را برنامه ریزی نمود.

رنگ بدن گاوهای نژاد گوشتی لیموزین فرانسوی قرمز^۱ است. گاوهای دارای رنگ کرم دارای ژنوتیپ خالص مغلوب (bb) است. ولی رنگ بدن نژاد گاو گوشتی آنگوس^۲ در آمریکای شمالی سیاه است. ژنوتیپ گاوهای دارای رنگ سیاه هموزیگوت غالب (BB) است. با آمیزش گاوهای نر و ماده این دو نژاد خالص فرزندان حاصل دارای بدن سیاه است و ژنوتیپ هتروزیگوت (Bb) می‌باشد. چون آلل موثر در تولید رنگ سیاه (B) غالب است تمام افراد هتروزیگوت دارای رنگ سیاه هستند. با آمیزش گاوهای دو رگ نسل اول F1 با نژاد لیموزین فرانسوی قرمز ۵۰ درصد فرزندان حاصل دارای رنگ سیاه و ۵۰ درصد قرمز هستند، ولی بهرحال ۷۵ درصد از ژنهای آنها از لیموزین می‌باشد. تلیسه‌های قرمز حاصل از این آمیزش را حذف و تلیسه‌های سیاه را با گاوهای نر قرمز لیموزین آمیزش می‌دهند. بدین ترتیب ۸۷/۵ درصد از ژنهای این آمیزش از لیموزین هستند. با ادامه این آمیزش و در نسل چهارم میزان ژنهای لیموزین در فرزندان به ۹۴ درصد

1. French red limousin

2. Angus

می‌رسد که در این حالت می‌توان عنوان نمود که گوساله‌های حاصل از نژاد لیموزین دارای رنگ بدن سیاه می‌باشند. در این مرحله می‌توان گوساله‌های نر سیاه حاصل از این آمیزشها را در جامعه گوشتی گاوهای گوشتی لیموزین فرانسوی قرمز برای آمیزش استفاده نمود. با این عمل و پس از چند نسل به مرور فراوانی رنگ بدن سیاه در جامعه نژادگاو لیموزین افزایش می‌یابد.

این روش آمیزش را اصطلاحاً تلاقی عقب گرد می‌گویند. این روش آمیزش برای انتقال یک آلل مشخص از یک جامعه به جامعه دیگر استفاده می‌شود. البته در جریان این آمیزشها عمل انتخاب حیوانات و حذف مطلوب حیوانات نامطلوب نیز انجام می‌گیرد. یعنی در هر نسل فرزندان حاصل که دارای فنوتیپ مورد نظر هستند انتخاب و فرزندان دارای فنوتیپ نامطلوب را حذف می‌کنند. بدین ترتیب با ترکیب روش‌های تلاقی عقب گرد و انتخاب فرزندان دارای فنوتیپ مطلوب آلل مورد نظر از یک جامعه و یا نژاد به نژاد دیگر منتقل می‌شود.

علاوه بر انتقال یک آلل از یک مکان ژنی خاص، سایر ژن‌های موجود در ژنوم دو نژاد به نتایج منتقل می‌شود. برای افزایش ارزش نژادی از حیوانات نر یک نژاد مورد نظر برای آمیزش با ماده‌های یک نژاد یا جامعه مورد نظر برای افزایش ارزش نژادی استفاده می‌شود. تعاریف و روشهای متفاوتی برای افزایش ارزش نژادی وجود دارد. در یک شکل ساده به مجموعه آمیزشهای هدفدار بدنبال هم برای چندین نسل متمادی در یک جامعه می‌گویند که برای ایجاد جامعه خالص از آمیزش ماده‌های ناخالص با نرهای خالص صورت می‌گیرد. در شکل دیگر به مجموعه آمیزشهایی می‌گویند که یک جامعه را از یک نژاد به نژاد دیگر تبدیل می‌شود. در این حالت ماده‌های جامعه مبنا را با نرهای جامعه هدف برای نسل‌های متمادی آمیزش می‌دهند.

در مثال ارائه شده برای رنگ بدن گاوهای گوشتی، با آمیزش‌های تکراری با مولد نر لیموزین در نسل‌های متمادی آلل رنگ بدن سیاه از نژاد آنگوس به نژاد لیموزین منتقل شد. در ضمن ارزش نژادی حیوانات نژاد آنگوس نیز در اثر تلاقی با نژاد لیموزین افزایش یافت.

۱۰-۳ آمیزش بین حیوانات

روشهای آمیزش بر اساس خصوصیات ظاهری حیوانات بین نر و ماده مشخص شامل دو روش تصادفی^۱ و جور شده^۱ باشند. این آمیزشها بین افراد مشخص و با برنامه معین و یا بدون

برنامه قبلی می‌باشد. اثر آمیزشها بر تغییرات ژنتیکی متفاوت است، که در خصوصیات هر یک توضیحاتی دارد. روش دیگر آمیزشها بر اساس ارتباط خویشاوندی^۲ می‌باشند که شامل دو روش آمیزش خویشاوندی^۳ و غیر خویشاوندی^۴ می‌باشد.

۱۰-۴. آمیزش تصادفی

این روش حیوانات به صورت تصادفی با یکدیگر آمیزش داده می‌شوند. بعبارت دیگر شانس آمیزش هر یک از حیوانات جامعه با سایر حیوانات یکسان است. برای انجام آمیزش تصادفی به حیوانات ماده آماده برای آمیزش با استفاده از جدول اعداد تصادفی یک عدد داده می‌شود. سپس تعدادی از این حیوانات به طور تصادفی با یک گاو نر آمیزش داده می‌شوند. در آمیزش تصادفی شانس آمیزش هر حیوان ماده با حیوانات نر وجود داد. ولی به هر حال از جامعه داده برداری و ارزش ارثی صفات محاسبه و حیوانات نر نیز انتخاب می‌شوند. در این مرحله آمیزش حیوانات انتخاب شده باید به طور تصادفی باشد. اگر موضوع در مورد جوامع در حال انتخاب نباشد در آن صورت در طبیعت به طور عادی این عمل در حال انجام است.

۱۰-۵. آمیزشهای جور

در این روش افراد دارای خصوصیات و مشابهت نزدیک برای صفات مورد نظر را با یکدیگر آمیزش داده می‌شوند. همچنین ممکن است این افراد دارای بهترین ارزش ارثی برای صفات مورد نظر باشد.

در این آمیزش نیاز به اطلاعات فنوتیپی، پیش بینی ژنتیکی و مشخصات آمیزشی می‌باشد. در این روش دامها بر اساس مقادیر ذکر شده رتبه بندی می‌شوند و سپس روش مورد نظر آمیزش جور بر اساس هدف اصلاح دام به دو گروه مثبت^۵ و منفی^۶ تقسیم بندی می‌شود.

در آمیزش جور شده مثبت حیوانات نر دارای قد بلند با حیوانات دارای قد بلند و یا حیوانات

-
1. Assortative mating
 2. Relationship
 3. Inbreeding
 4. Outbreeding
 5. Positive assortative mating
 6. Negative assortative mating

دارای بیشترین ارزش ارثی با افراد ماده دارای بیشترین ارزش ارثی آمیزش داده می‌شود. به طور کلی جور مثبت به معنی آمیزش حیوانات دارای بیشترین با بیشترین، کمترین با کمترین و یا سریعترین با سریعترین فنوتیپ یا ارزش ارثی می‌باشد. آمیزش جور مثبت سبب افزایش تغییرات ژنتیکی موجود در جامعه می‌شود. آمیزش بیشترین با بیشترین و یا کم‌ترین با کم‌ترین سبب انحراف بیشتر جامعه از میانگین و افزایش دو سمت منحنی توزیع نرمال در جامعه می‌شود. برای مثال پرورش گاو شیری هدف اصلی تولید شیر بیشتر است. برای حصول به این هدف بهترین گاوهای شیری ماده با بهترین مولدهای ارزیابی شده آمیزش داده می‌شوند. لذا اگر هدف بعدی افزایش میانگین گله باشد با انجام آمیزش‌های جور مثبت در بین افراد گله به آن هدف حد مطلوب نهایی نیز خواهیم رسید.

آمیزش جور منفی شامل آمیزش بلندترین با کوتاه‌ترین و یا آمیزش حیوانات نر با بیشترین ارزش ارثی برای صفات مورد نظر با حیوانات دارای کمترین ارزش ارثی را مثال زد. آمیزش جور منفی به معنی آمیزش بیشترین با کمترین و سریعترین با آهسته‌ترین است. لذا در آمیزش جور منفی واریانس موجود در جامعه کاهش می‌یابد. در اثر اجرای این روش آمیزش تغییرات داخل جامعه و یا دو سمت منحنی نرمال کاهش می‌یابد. و میانگین جامعه زیاد می‌شود. چون در آمیزش جور منفی واریانس جامعه کاهش می‌یابد باعث کاهش پاسخ انتخاب و یا پیشرفت ژنتیکی در جامعه می‌شود. برای صفاتی که افزایش میانگین آنها در جامعه اهمیت دارد روش آمیزش جور مناسب است. استفاده از این آمیزش جور برای بهبود بعضی از صفات در جامعه است. بعنوان مثال در گاو شیری حیوانات دارای پای عقب با زاویه زیاد یا خمیده با گاو نر دارای پای عقب مستقیم و یا کم آمیزش داده می‌شود. در این صورت زاویه پای فرزندان حاصل از این روش آمیزش متوسط و مناسب می‌شود.

۱۰-۶. آمیزش بر اساس خویشاوندی

این روش به دو گروه عمده آمیزش خویشاوندی^۱ و غیر خویشاوندی^۲ تقسیم بندی می‌شود. در روش آمیزش خویشاوندی حیوانات دارای خویشاوندی نزدیک و یا حیوانات داخل یک

-
1. Inbreeding
 2. Outbreeding

خانواده با یکدیگر آمیزش داده می‌شوند. در حقیقت در این روش خویشاوندی افرادی با یکدیگر آمیزش داده می‌شوند که درجه خویشاوندی آنها از میانگین جامعه بیشتر است. این روش آمیزش برای اهداف مشخصی در اصلاح دام استفاده می‌شود. برای خالص کردن گروه‌های خاصی از دامها و برای صفاتی مشخص از این روش آمیزشی استفاده می‌شود. همچنین برای تهیه لاین‌های خالص از یک نژاد و یا گروه خاصی از دامها از آمیزش خویشاوندی استفاده می‌شود. علاوه بر موارد فوق از آمیزش خویشاوندی برای حفظ، ترکیب ژنتیکی دامهای برتر در نسل‌های متوالی استفاده می‌شود.

آمیزش لاینها^۱ نوعی از آمیزش خویشاوندی است که هدف افزایش سهم ژنی مربوط به یک لاین بخصوص است. آمیزش نرهای یک لاین یا ترکیبی از لاینها با ماده‌ها از لاین و یا ترکیبی از لاینهای دیگر را آمیزشها لاینها می‌گویند.

در آمیزش غیرخویشاوندی سعی می‌شود حیواناتی را که دارای خویشاوندی با یکدیگر نیستند برای تولید نسل آینده استفاده نمود. لذا حیواناتی را با یکدیگر آمیزش می‌دهد که درجه خویشاوندی آنها کمتر از میانگین خویشاوندی جامعه است. به عنوان مثال تلاقی دو لاین مختلف^۲، تلاقی دو نژاد^۳ و تلاقی دو گونه^۴ از نوع آمیزش غیر خویشاوندی می‌باشد. علاوه بر موارد فوق آمیزش بین دو گونه متفاوت نیز ممکن است موفق باشد. آمیزشهای غیر خویشاوندی که در این قسمت عنوان شد برای بهره‌گیری از هتروزیس^۵ است. در فصل بعد اثر همخونی حاصل از آمیزش خویشاوندی و اثر هتروزیس حاصل از آمیزش غیر خویشاوندی توضیح داده خواهد شد.

-
1. Line breeding
 2. Crossing inbred line
 3. Cross breeding
 4. Crossing species
 5. Heterosis

فصل یازدهم

خویشاوندی و هتروزیس

۱-۱۱. خویشاوندی

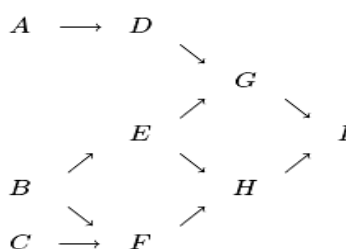
آمیزش دامهای خویشاوند سبب افزایش ژنوتیپ‌های هموزیگوت^۱ در مکان‌های ژنی می‌شود. در حقیقت در این روش آمیزش، فراوانی ژنوتیپ‌های هموزیگوت بیشتر از حالتی است که آمیزشها در جامعه تصادفی می‌باشد. مورد استفاده روش آمیزش خویشاوندی در دامها تولید حیوانات خالص برای یک ژن خاص می‌باشد. در واقع با آمیزش خویشاوندی در یک جامعه شباهت افراد از نظر فنوتیپی و ژنتیکی افزایش می‌یابد. ولی با آمیزش تصادفی میانگین درجه خویشاوندی جامعه ثابت می‌ماند. با آمیزش خویشاوندی ضریب همخونی^۲ افراد و میانگین ضریب هم خونی جامعه افزایش می‌یابد.

۲-۱۱. اثر آمیزش خویشاوندی

مهمترین اثر آمیزش خویشاوندی افزایش افراد هموزیگوت در جامعه است. پس آمیزش خویشاوندی سبب افزایش مکان‌های ژنی هموزیگوت در افراد و افزایش فراوانی ژنوتیپ هموزیگوت در جامعه می‌شود. با مطالعه شجره^۳ دامهای خویشاوند و یا همخون در یک جامعه مشخص می‌شود که این حیوانات دارای سلف مشترک^۴ می‌باشند. سلف مشترک حیوانی است که در خانواده پدری و مادری یک حیوان وجود دارد. بعنوان مثال حیوان B شکل ۱-۱۱ بعنوان سلف

1. Homozygote
2. Inbreeding coefficient
3. Pedigree
4. Common ascensor

مشترک حیوان I می باشد.



شکل ۱۱-۱ یک مثال از شجره افراد خویشاوند در یک جامعه

یکی از ویژگی های مهم جوامع خویشاوند زیاد بودن تشابه فنوتیپی و ژنتیکی نتاج به والدین است. از این خصوصیت می توان برای صفات تک ژنی و یا صفات چند ژنی با وراثت پذیری زیاد استفاده نمود. در حالتی که وراثت پذیری صفت کم باشد اثر عوامل محیطی در تفاوت های بین فنوتیپ ها زیاد است.

در اثر افزایش ژن های هموزیگوت در مکان های ژنی مختلف ژن های مغلوب نامطلوب و یا کشنده^۱ نیز هموزیگوت می شوند و اثر نامطلوب آنها ظاهر می شود. میانگین عملکرد حیوانات حاصل از آمیزش خویشاوندی کمتر از جوامع غیر خویشاوند است. این پدیده به این دلیل است که فراوانی ژنوتیپ های هتروزیگوت مناسب در جامعه کاهش می یابد.

۱۱-۳. کاهش تولید در اثر آمیزش خویشاوندی

در اثر آمیزش خویشاوندی افزایش ژن های هموزیگوت و ظاهر شدن اثر ژن های نامطلوب مغلوب و کاهش فراوانی ژنوتیپ های هتروزیگوت عملکرد کاهش می یابد. کاهش تولید حیوانات در اثر آمیزش خویشاوندی را اصطلاحاً کاهش ناشی از هم خونی^۲ می گویند. کاهش ناشی از هم خونی در اثر افزایش ژن های نامطلوب در جامعه می باشد.

در فصل مدل های ژنتیک کمی توضیح داده شد که مدل ژنتیک کمی شامل میانگین، ارزش ارثی (یا اثر ژنی افزایشی)، اثر متقابل ژنها و اثر عوامل محیطی می باشد. رابطه ریاضی این مدل به

1. Lethal genes
2. Inbreeding depression

صورت زیر است.

$$P = \mu + BV + GCV + E \quad ۱-۱۱$$

در این رابطه P مقدار فنوتیپی صفت کمی، μ میانگین فنوتیپی صفت کمی، BV ارزش ارثی حیوانات، GCV اثر متقابل ژنها و E اثر عوامل محیطی است. در این مدل مجموع اثر متقابل ژنها و ارزش ارثی معادل مجموع اثر ژنتیکی می‌باشد. مقدار واریانس یا تفاوت‌های حاصل در بین افراد جامعه ناشی از اثر متقابل آلل‌های یک ژن و یا بین ژن‌های مختلف با واریانس ناشی از اثر افزایش ژنها (یا ارزش ارثی) متفاوت است. ولی در اثر آمیزش خویشاوندی بین افراد به دلیل هموزیگوت شدن ژنها واریانس حاصل از اثر متقابل ژنها کاهش می‌یابد. ولی نتایج حاصل از آمیزش غیر خویشاوندی برعکس است. در این حالت فراوانی ژنوتیپ‌های هتروزیگوت در جامعه افزایش می‌یابد و واریانس ناشی از اثر متقابل ژنها در افراد افزایش می‌یابد و در نتیجه این اثر ژنتیکی مقدار فنوتیپی صفت افزایش می‌یابد. افزایش عملکرد ناشی از آمیزش غیر خویشاوندی را اصطلاحاً برتری دورگ^۱ یا هتروزیس^۲ می‌گویند. میژان افزایش و یا کاهش مقدار فنوتیپی با عملکرد صفت در اثر آمیزش غیرخویشاوندی و یا خویشاوندی به وراثت پذیری صفت نیز بستگی دارد. برای صفات دارای وراثت پذیری زیاد میزان برتری دورگ و یا هتروزیس اندک است. علت این است که سهم عمده مقدار ژنتیکی به ارزش افزایشی ژنها متعلق است و اثر ترکیبی ژنها اندک است. در مقابل برای صفات کمی با وراثت پذیری پایین اثر فشار همخونی یا هتروزیس زیاد است.

۱۱-۴. روش تعیین میزان آمیزش خویشاوندی

مقدار همخونی در هر حیوان با استفاده از ضریب همخونی^۳ تعیین می‌شود. ضریب همخونی حیوان X را با F_X نشان می‌دهند. ضریب همخونی حیوان X برابر با درصد ژنهای هموزیگوت مشترک المنشاء باشد. ژنهای دارای منشاء مشترک (مشترک المنشاء) از سلف مشترک^۴ حیوان به او منتقل شده است. دو آلل مشابه در یک مکان ژن در هر حیوان در صورتی مشترک المنشاء

-
1. Hybrid vigor
 2. Heterosis
 3. Inbreeding coefficient
 4. Common ancestor

هستند که هر دو آن‌ها از طریق پدر و مادر از سلف مشترک منتقل شده باشند. در این حالت دو آلل یکسان و متشابه در یک مکان ژنی از نظر منشاء ژنتیکی نیز مشابه هستند. دو آلل موجود در یک مکان ژنی که از نظر ترکیب شیمیایی اثر ژنتیکی مشابه هستند ممکن است از منشاء مشترک نباشند در این حالت دو آلل از نظر عملکرد و ترکیب شیمیایی مشابه هستند.

دامنه تغییرات ضریب همخوانی بین صفر و یک است. اگر ضریب همخوانی یک حیوان برابر با صفر باشد هیچ یک از ژن‌های هموزیگوت آن مشترک المنشاء نیستند. در صورتی که ضریب همخوانی برابر با یک باشد کلیه ژن‌های هموزیگوت آن مشترک المنشاء هستند. پس اگر ضریب همخوانی یک حیوان برابر با ۰/۲۵ باشد بدین مفهوم است که ۲۵ درصد از ژن‌های هموزیگوت آن مشترک المنشاء هستند. در ضمن برای تعیین ارتباط خویشاوندی دو حیوان در جامعه از ضریب خویشاوندی^۱ استفاده می‌شود. ضریب خویشاوندی بین دو فرد X و Y را با R_{XY} نشان می‌دهند. این ضریب میزان ارتباط خویشاوندی در حیوان موجود در شجره را نشان می‌دهد. ضریب خویشاوندی درصد ژن‌های مشابه مشترک المنشاء در دو حیوان را نشان می‌دهد. این ضریب میزان همبستگی ارزش ارثی دو فرد خویشاوند موجود در شجره را نیز نشان می‌دهد. ضریب همخوانی حیوان X با استفاده از فرمول ۱۱-۲ محاسبه می‌شود.

$$F_X = \sum_{CA}^k \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2+1} (1+F_{CA}) \quad 2-11$$

در این فرمول CA سلف مشترک پدر و مادر حیوان X است، k تعداد سلف مشترک موجود در شجره حیوان X ، n_1 تعداد نسل از پدر حیوان X تا سلف مشترک، n_2 تعداد نسل از مادر حیوان X تا سلف مشترک و F_{CA} ضریب همخوانی سلف مشترک است. ضریب خویشاوندی دو فرد X و Y با استفاده از فرمول ۱۱-۳ محاسبه می‌شود.

$$R_{XY} = \frac{\left(\sum_{CA}^k \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2} (1+F_{CA}) \right)}{\sqrt{1+F_X} \sqrt{1+F_Y}} \quad 3-11$$

1. Coefficient of relationship

در این فرمول F_X و F_Y ضریب همخونی دو حیوان فرد X و Y است.
 مثال: ضریب همخونی حیوان I در شجره شکل ۱۱-۲ و رابطه خویشاوندی دو حیوان G و H را با استفاده از تعداد بردار و یا نسل بین پدر و مادر محاسبه کنید؟
 دو حیوان B و E در شجره مذکور سلف مشترک پدر و مادر حیوان I هستند. تعداد بردار و یا نسل از سلف مشترک B تا پدر و مادر حیوان I برابر با ۴ و از سلف مشترک E برابر با ۲ نسل و مشابه جدول زیر است.

تعداد نسل	بردارها
4	G—E— B —F—H
2	G— E —H

با استفاده از فرمول محاسبه ضریب همخونی و با فرض اینکه دو سلف مشترک در این شجره حاصل آمیزش خویشاوندی نیستند مقدار ضریب هم خونی برابر است با ،

$$F_I = \left(\frac{1}{4}\right)^{4+1}(1+F_B) + \left(\frac{1}{4}\right)^{2+1}(1+F_E)$$

$$F_I = \left(\frac{1}{4}\right)^5(1+0) + \left(\frac{1}{4}\right)^3(1+0) = 0/15625$$

ضریب خویشاوندی بین دو حیوان G و H برابر است :

$$R_{GH} = \frac{\left(\frac{1}{4}\right)^4(1+F_B) + \left(\frac{1}{4}\right)^2(1+F_E)}{\sqrt{1+F_B} \sqrt{1+F_E}}$$

$$R_{GH} = 0/3125$$

در حالتی که ضریب همخونی سلف مشترک صفر باشد ضریب هم خونی فرزند برابر با نصف ضریب خویشاوندی پدر و مادر است.

۱۱-۵. محاسبه ضرایب همخونی و خویشاوندی با روش جدولی

در مواردی که در نظر است ضریب همخونی هر حیوان و ضریب خویشاوندی کلیه حیوانات موجود در شجره محاسبه شود از روش جدولی استفاده می شود. در این روش جدولی تشکیل می شود که در آن کلیه افراد جامعه مورد مطالعه و همچنین جامعه مبنا منظور می شود. جامعه مبنا

شامل والدین حیوانان تسل اول موجود در شجره است که ممکن است معلوم و یا نامعلوم باشند. در این جدول ارقام غیر قطری عبارت از صورت کسر رابطه ضریب خویشاوندی است. برای محاسبه صورت کسر رابطه ضریب خویشاوندی بین هر دو حیوان X و Y از رابطه ۱۱-۴ استفاده می‌شود.

$$r_{XY} = \frac{1}{2}(r_{XS} + r_{XD}) \quad 4-11$$

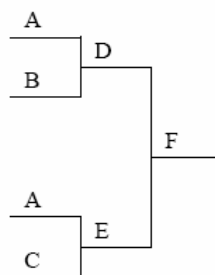
دو حیوان S, D به ترتیب عبارت از پدر و مادر حیوان X می‌باشند. بنابراین اگر صورت کسر فرمول ضریب خویشاوندی یک حیوان و حیوانات نسلهای قبل مشخص باشد، محاسبه فرمول مزبور ساده است. صورت کسر رابطه خویشاوندی بین یک حیوان با خود او برابر است با،

$$r_{XX} = 1 + F_X \quad 5-11$$

در این فرمول ضریب همخونی حیوان X برابر است با،

$$F_X = \frac{1}{2}r_{SD} \quad 6-11$$

مثال: نحوه انجام محاسبات با روش جدولی برای شجره شماره ۱۱-۲ به شرح زیر توضیح داده می‌شود.



شکل ۱۱-۲ دیاگرام شجره دامها در یک جامعه

در این شجره حیوانات B و C دختر عمو هستند و صورت کسر ضریب خویشاوندی بین آنها

$$r_{BC} = \frac{1}{8} \text{ برابر است با:}$$

۱- مراحل مختلف تشکیل جدول عبارت است از: مرتب نمودن شماره حیوانات بر اساس تاریخ تولد و از نسل قدیم به جدید. برای شجره مورد مثال برابر است با:

$$A \rightarrow B \rightarrow C \rightarrow D \rightarrow E \rightarrow F$$

۲- ترمیم یک جدول دو بعدی و نوشتن شماره حیوانات در مقابل ستون‌ها و ردیف‌ها و نوشتن شماره پدر و مادر هر حیوان بر روی شماره آن. لذا جدول مورد نظر به صورت زیر تشکیل می‌شود.

	-- A	-- B	-- C	AB D	AC E	DE F
A						
B						
C						
D						
E						
F						

۳- تکمیل نمودن بخشی از جدول که والدین آنها نامعلوم است. در این مثال والدین حیوانات B، A و C نامعلوم است. بنابر این ضریب خویشاوندی بین حیوانات و آنها برابر یک است. چون ضریب همخونی حیوانات مزبور صفر است ($F_A = F_B = F_C = 0$) لذا $r_{AA} = r_{BB} = r_{CC} = 1 + 0 = 1$ ضریب همخونی این حیوانات برابر با صفر است. رابطه خویشاوندی بین حیوانات A و B، A و C نامعلوم و مقدار آنها در جدول صفر منظور می‌شود. در این مثال فقط رابطه ژنتیکی B و C معلوم است که مقدار آن برابر با 1.8 است. منظور نمودن ارقام مربوط به این مرحله جدول، به صورت زیر نوشته می‌شود.

	-- A	-- B	-- C	AB D	AC E	DE F
A	1	0	0			
B	0	1	$\frac{1}{8}$			
C	0	$\frac{1}{8}$	1			
D						
E						
F						

۴- در این مرحله رابطه خویشاوندی حیوان A با حیوانات D، E و F با استفاده از فرمول‌های ارائه شده برای این روش به شرح زیر محاسبه می‌کنیم.

$$r_{AD} = \frac{1}{2}(r_{AA} + r_{AB}) = \frac{1}{2}(1+0) = \frac{1}{2}$$

$$r_{AE} = \frac{1}{2}(r_{AA} + r_{AC}) = \frac{1}{2}(1+0) = \frac{1}{2}$$

$$r_{AF} = \frac{1}{2}(r_{AD} + r_{AE}) = \frac{1}{2}\left(\frac{1}{2} + \frac{1}{2}\right) = \frac{1}{2}$$

ارقام حاصل از محاسبه فوق به ردیف و ستون A اضافه می‌شود. همین عملیات برای ردیف‌های B و C نیز انجام و ارقام حاصل به جدول اضافه می‌شود. جدول حاصل به صورت زیر تبدیل می‌شود.

	-- A	-- B	-- C	AB D	AC E	DE F
A	1	0	0	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$
B	0	1	$\frac{1}{8}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{16}$	$\frac{9}{32}$
C	0	$\frac{1}{8}$	1	$\frac{1}{16}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{9}{32}$
D	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{16}$			
E	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{16}$	$\frac{1}{2}$			
F	$\frac{1}{2}$	$\frac{9}{32}$	$\frac{9}{32}$			

۵- محاسبه رابطه خویشاوندی بین حیوان D با خود او برابر است با،

$$r_{DD} = (1 + F_D) = (1 + \frac{1}{4}r_{AB}) = (1 + \frac{1}{4} \times 0) = 1$$

عدد حاصل در جدول نوشته می‌شود.

۶- برای تکمیل جدول مراحل چهار و پنج تکرار می‌شود تا به صورت زیر کامل شود. ارقام غیر قطری جدول تکمیل شده ضرایب خویشاوندی حیوانات مختلف این شجره و ارقام قطری نیز ضریب هم خونی هر حیوان را نشان می‌دهد.

	-- A	-- B	-- C	AB D	AC E	DE F
A	1	0	0	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$
B	0	1	$\frac{1}{8}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{16}$	$\frac{9}{32}$
C	0	$\frac{1}{8}$	1	$\frac{1}{16}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{9}{32}$
D	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{16}$	1	$\frac{9}{32}$	$\frac{41}{64}$
E	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{16}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{9}{32}$	1	$\frac{41}{64}$
F	$\frac{1}{2}$	$\frac{9}{32}$	$\frac{9}{32}$	$\frac{41}{64}$	$\frac{41}{64}$	$1 \frac{9}{64}$

۱۱-۶. هتروزیس

آمیزش حیوانات غیر خویشاوند برعکس آمیزش خویشاوندی سبب افزایش فراوانی ژنوتیپ‌های هتروزیگوت در جامعه می‌شود. فراوانی ژنوتیپ‌های هتروزیگوت در جوامع با آمیزش غیر خویشاوندی بیشتر از حالت آمیزش تصادفی در جامعه است. در اثر آمیزش افراد غیر خویشاوند اثر هتروزیس و یا برتری دو رگ^۱ ظاهر می‌شود.

اثر هتروزیس در صفات دارای وراثت پذیری زیاد ظاهر نمی‌شود. ولی برای صفات دارای وراثت پذیری کم نظیر صفات تولید مثل و بیماریهای محیطی بیشتر و محسوس است. آمیزش بین حیوانات دو نژاد خالص را تلاقی نژادی می‌گویند. در این روش ابتداء هر نژاد را برای نسلهای متمادی آمیزش داخل نژادی انجام داده و در نتیجه برای اغلب مکان‌های ژنهای مورد نظر خالص و هموزیگوت می‌شوند. فرزندان حاصل از تلاقی دو نژاد خالص برای اغلب مکان‌های ژنی هتروزیگوت هستند و اثر هتروزیس در آنها ظاهر می‌شود. اثر هتروزیس به صورت درصد و با استفاده از فرمول ۱۱-۷ محاسبه می‌شود.

$$Heterosis \% = \frac{(AverageCrossbreds) - (AverageParents)}{(AverageParents)} \times 100 \quad 7-11$$

اثر هتروزیس با تلاقی نژادهای بخصوص و در افراد دورگ حاصل از آمیزش قابل بررسی است. این نوع هتروزیس را که ناشی از اثر مستقیم ژنوتیپ افراد هتروزیگوت است هتروزیس مستقیم^۲ نیز می‌گویند.

مثال: میزان باروری در گاوهای شیری نژاد خالص هلشتاین برابر با ۵۶ درصد و در نژاد جرزی برابر با ۶۰ درصد است. این صفت در دورگه‌های هلشتاین-جرزی برابر با ۶۵ درصد است. میزان هتروزیس برای صفت باروری در این دو نژاد برابر است با:

$$Heterosis \% = \frac{65 - \left(\frac{56 + 60}{2} \right)}{\left(\frac{56 + 60}{2} \right)} \times 100 = 12\%$$

-
1. Hybrid vigor
 2. Direct heterosis

بنابراین اثر هتروزیس برای صفت باروری در این تلاقی نژادی برابر با ۱۲ درصد است. بعضی از صفات در دامها ویژه مادرها می باشد که به این صفات اصطلاحاً صفات مادری می گویند. در تلاقی سه نژادی سعی بر این است از نژاد دارای اثر مادری مناسب به عنوان مولد ماده استفاده شود.

میزان هتروزیس به میزان هتروزیگوت بودن حیوانات موجود در جامعه ارتباط دارد. میزان هتروزیگوستی به میزان انتقال آللهای متفاوت برای کلیه مکان های ژنی از پدر و مادر بستگی دارد. با تلاقی دو نژاد خالص که دارای آللهای متفاوت برای مکان های ژنی مورد نظر می شود پیش بینی می شود میزان هتروزیگوت ۱۰۰ درصد باشد. در این حالت پیش بینی می شود درصد هتروزیس حداکثر برابر با ۱۰۰ باشد. اگر فرزندان حاصل از تلاقی دو نژاد با یکدیگر آمیزش داده شوند میزان عملکرد ناشی از هتروزیس در نسل بعد کاهش می یابد. بطور کلی درصد هتروزیس در افراد دورگ حاصل از تلاقی دو نژاد به میزان هتروزیگوت بودن ژنها و مقدار اولیه هتروزیس در نژادهای خالص دارد که از فرمول ۸-۱۱ ارائه شده است.

$$\% \text{ heterosis in a cross} = \left(\frac{\text{heterozygosity}}{\text{in cross}} \right) * \left(\frac{\% \text{ heterosis when}}{\text{crossing pure breeds}} \right)$$

۸-۱۱

پیش بینی عملکرد فنوتیپی در افراد دورگ برابر است با،

$$\left(\frac{\text{Expected performance}}{\text{without heterosis}} \right) * \left(1 + \frac{\% \text{ heterosis in cross}}{100} \right)$$

۹-۱۱

بخش اول رابطه فوق پیش بینی عملکرد فرزندان بدون در نظر گرفتن اثر هتروزیس است. این مقدار عملکرد ناشی از اثر افزایشی ژنها است که برابر با میانگین عملکرد در حیوانات و نژاد خالص می باشد.

استفاده عملی لز تلاقی بین دو نژاد و بهره گیری از آثار هتروزیس بیشتر در اصلاح نژاد گاوهای گوشتی و مرغ استفاده شده و در پرورش گاو شیری و گوسفند کمتر گزارش شده است.

در ضمن در تلاقی دو یا چند نژاد ممکن است صفات با عملکرد مطلوب در هر نژاد به حیوانات دو رگ منتقل می‌شود که ترکیبی از دو یا سه نژاد می‌باشند. آیین صفات را اصطلاحاً ترکیبی^۱ می‌گویند. بعنوان مثال از آمیزش یک گاو گوشتی دارای عملکرد مطلوب برای یک صفت محدود به جنس نر (نظیر میل جنسی و باروری) با یک نژاد دارای عملکرد مطلوب و برای صفت محدود به جنس ماده (تولید شیر) فرزندان حاصل از نظر هر دو صفت دارای عملکرد مطلوب می‌باشند.

۷-۱۱. دورگ گیری^۲

یکی از موارد استفاده دو رگ گیری شیری در دامپروری بهره گیری از هتروزیس است. در این برنامه‌ها سعی می‌شود که بیشترین مقدار هتروزیس و ترکیب مطلوب و صفات نتاج دو رگ حاصل شود. اغلب برنامه‌های دورگ گیری به نحوی طراحی می‌شوند که فرزندان حاصل برای مصرف به بازار ارائه می‌شوند. در واقع میزان هتروزیگوستی در فرزندان حاصل از این آمیزشها زیاد است و بیشترین مقدار هتروزیس بیشترین عملکرد برای صفات مورد نظر هستند. لذا نتاج این آمیزشها پس از یک دوره پرواربندی برای ارسال به بازار مصرف کشتار می‌شوند.

از انواع برنامه‌های دورگ گیری می‌توان تلاقی دو نژاد^۳، تلاقی سه نژاد ثابت^۴ و یا چرخشی^۵ را نام برد. در روش تلاقی دو نژادی ($A \times B$) حیوانات نر دو نژاد A با حیوانات ماده نژاد B آمیزش داده شد و فرزندان حاصل از آنها به بازار ارسال می‌شوند. در این برنامه اصلاحی لازم است که هر دو نژاد به صورت خالص نگهداری و پرورش داده شوند. در این روش دامپرور نژاد ماده (B) را به صورت گله خالص نگهداری می‌کند و نژاد نر (A) خالص از پرورش دهندگان نژاد مورد نظر خریداری می‌نماید. حیوانات ماده گله خالص با حیوانات نر خریداری و یا وارد شده تلاقی داده می‌شود و فرزندان هتروزیگوت تولید می‌شود. از فرزندان حاصل از این آمیزشها در تلاقی‌های بعدی استفاده نمی‌شود. بعد از تولد و یا شیر گیری به واحدهای پرواربندی فروخته می‌شوند. نتاج حاصل از تلاقی دو نژاد خالص دارای بیشترین مقدار هتروزیگوتی و اثر هتروزیس و عملکرد

1. Complementary characteristics
2. Crossbreeding
3. Terminal cross
4. Three breed terminal cross
5. Rotational cross

می‌باشند. اگر نژاد پایه مادری از نظر اثر مادری مناسب باشد افزایش تولید در نتاج حاصل از این آمیزشها بیشتر است.

در روش تلاقی سه نژادی ثابت ($A \times (B \times C)$) حیوانات ماده دورگ حاصل از تلاقی دو نژاد B و C را با نژاد خالص A آمیزش می‌دهند و فرزندان حاصل را به بازار ارسال می‌کنند. در این روش ۱۰۰ درصد هتروزیس موجود در مولد ماده دو رگ (هتروزیس مادری) حاصل از تلاقی دو نژاد B با C و ۱۰۰ درصد هتروزیس مستقیم ناشی از آمیزش مولد نر نژاد A با ماده دو رگ ($B \times C$) حاصل می‌شود. در این روش حفظ حیوانات نر نژاد خالص A لازم است از خارج گله تهیه و در آمیزشها استفاده شود. در روش تلاقی سه نژادی چرخشی به ترتیب از دو نژاد A و B بعنوان نر خالص در آمیزش با ماده‌های دورگ استفاده می‌شود. فرزندان نر حاصل از این آمیزشها به واحدهای پرواربندی فروخته می‌شوند و ماده‌ها برای آمیزشها استفاده می‌شوند.

فصل دوازدهم

استفاده از ژنتیک مولکولی در اصلاح دام

۱-۱۲. مقدمه

در فصل دوم این کتاب توارث مندلی برای صفات ساده که با یک ژن کنترل می‌شوند شرح داده شد. توارث این صفات که آنها را صفات کیفی می‌نامند ساده و قابل بررسی با قوانین وراثتی مندلی می‌باشند. ولی توارث صفات کمی تحت کنترل با تعداد زیادی ژن است که تأثیر هر یک از آنها بر صفت کمی بسیار کم است. بنابر این مطالعه این صفات بر اساس اصول تئوری ژنتیک کمی انجام می‌گیرد. بر اساس این تئوری چگونگی واریانس ژنتیکی صفات کمی در جامعه با مدل ژنتیکی "تعداد نامحدود ژن"^۱ توصیف می‌شود. در مدل ژنتیکی تعداد نامحدود ژن فرض این است که هر صفت کمی توسط تعداد نامحدودی از ژنهای ناپیوسته با اثرهای ژنتیکی بسیار اندک کنترل می‌شوند. در دهه‌های گذشته از این مدل ژنتیکی برای ابداع روش‌های مورد نیاز در اصلاح نژاد دامها و گیاهان استفاده شده است که سبب پیشرفت ژنتیکی در جوامع دامی و گیاهی گردیده است. با توجه به مطالعات سال‌های اخیر در مورد ژنوم، این فرضیه وجود دارد که ممکن است کل تغییرات موجود در جامعه ناشی از اثر ژنتیکی تعداد فقط ۲۰ تا ۵۰ هزار ژن موجود در ژنوم باشد. بر اساس این فرضیه این امکان وجود دارد که تعداد محدودی ژن (۵۰ تا ۱۰۰ ژن) بخش عمده واریانس ژنتیکی یک صفت کمی در جامعه را کنترل کنند که با مدل ژنتیکی تعداد محدود ژن^۲ مطابقت دارد. در طی ده سال گذشته علم ژنتیک مولکولی^۳ پیشرفت زیادی داشته و در زمان حاضر امکان

1. Infinitesimal model
2. Finite locus model
3. Molecular genetics

تشخیص تعداد زیادی نشانگر^۱ در فاصله بسیار نزدیکی بر روی کروموزومها وجود دارد. بنابراین امکان بررسی نشانگرها در دامها و چگونگی انتقال آنها به نسل بعد وجود دارد. در این صورت می‌توان ارتباط و همبستگی^۲ نشانگرها با مکان ژنهای کنترل کننده صفات کمی^۳ دارای پیوستگی ژنتیکی^۴ با نشانگرها را مطالعه نمود. در نهایت از اطلاعات مربوط به مکان ژنهای کمی می‌توان برای پیش بینی دقیقتر ارزش ارثی^۵ دامها و انتخاب آنها به کمک نشانگرها^۶ (MAS) استفاده کرد.

۱۲-۲. نشانگرها

اولین مطالعه در مورد تشخیص^۷ مکان ژنهای کمی به کمک نشانگرها در سال ۱۹۲۳ میلادی انجام شد. سپس در دهه ۱۹۸۰ میلادی روشهای آزمایشگاهی بر اساس نشانگرها و با استفاده از روشهای آنزیمها، پروتئینها و چند شکلی خونی^۸ ابداع شد. در طی چند دهه اخیر با پیشرفت سریع علم ژنتیک مولکولی امکان شناسایی تعداد زیادی از نشانگرها در ناحیه کوچکی از ژنوم فراهم شد. بررسیها نشان می‌دهد که بطور کلی نشانگرهای مورد استفاده در مطالعات پیوستگی ژنتیکی متعادل^۹ و نامتعادل^{۱۰} باید دارای چندین ویژگی باشند. مهمترین این ویژگیها عبارت از داشتن بیش از یک آلل در جامعه^{۱۱}، امکان دسترسی در تمام نقاط ژنوم، ساده بودن روش آزمایشگاهی و صرفه اقتصادی می‌باشد. از مهمترین نشانگرهای ژنتیکی مورد استفاده شامل رشته‌های چند آلیلی^{۱۲} (RFLP)، تکرارهای متوالی^{۱۳} یا ماهواره‌ها^{۱۴}، ریزماهواره‌ها^{۱۵}، رشته‌های

-
1. Markers
 2. Association
 3. Quantitative Trait Loci (QTL)
 4. Linkage
 5. Estimation breeding value
 6. Marker Assisted Selection (MAS)
 7. Detection
 8. Blood polymorphisms
 9. Linkage equilibrium
 10. Linkage disequilibrium
 11. Highly polymorphic
 12. Restriction Fragment Length Polymorphisms (RFLP)
 13. Variable number of tandem repeats
 14. Mini satellites
 15. Micro satellites

تصادفی چند آلی^۱ (RAPD) ، رشته‌های چند آلی تکثیر شده^۲ (AFLP) ، چند آلی یک رشته ای^۳ (SSCP) و چند آلی یک نوکلئوتیدی^۴ (SNP) می‌باشند.

با توجه به پیشرفتهای حاصل در پروژه ژنوم انسانی تعداد زیادی نشانگر در قسمتهای مختلف کروموزومها شناسایی و قابل دسترس می‌باشند. نحوه تشخیص و استفاده از نشانگرها بر اساس روشهای مختلف علم ژنتیک مولکولی متفاوت می‌باشد. بعضی از نشانگرها (مثل RFLP) بر اساس دورگ گیری^۵ مستقیم و بعضی دیگر (مثل SNP) بر اساس PCR^۶ می‌باشند. در روش PCR با بازسازی رشته DNA بین دو رشته مشخص، بازهای موجود در آن ناحیه را شناسایی و بازسازی می‌کنند. در مطالعات جدید از SNP که دارای ویژگیهای مناسب یک نشانگر است و به تعداد زیاد در قسمت‌های مختلف ژنوم شناسایی شده است استفاده می‌شود. تنوع این نشانگر (SNP) در ژنوم در مقایسه با ماهواره‌ها و ریز ماهواره‌ها به دلیل داشتن فقط دو آلل کم است ولی فراوانی آنها در ژنوم بیشتر است. به طور کلی برای تشخیص مکان ژنهای کمی در ژنوم از ریز ماهواره‌ها استفاده می‌شود. چون این نشانگر دارای چندین آلل است لذا احتمال وجود تعداد افراد هتروزیگوت در جامعه زیاد است. همچنین برای تعیین^۷ مکان ژنهای کمی (QTL) بر روی کروموزومها بیشتر از SNP که تعداد آنها زیاد و نزدیک بهم است استفاده می‌شود.

برای تعیین محل ژنهای کمی به نشانگرهایی نیاز است که فراوانی آنها در ژنوم زیاد و پیوسته و نزدیک به یکدیگر باشند. در جوامع غیر خویشاوند^۸ (مثل جوامع انسانی و حیوانات اهلی) به دلیل نزدیکی ژنتیکی افراد جامعه با یکدیگر در بعضی از افراد نشانگرهای چند آلی نیز حتی مثل ریز ماهواره‌ها در بعضی از افراد بصورت هموزیگوت هستند. برای تعیین محل ژنهای کمی به نشانگرهایی نیاز است که قابلیت دسترسی به آنها، چند آلی و هتروزیگوسیتة زیاد باشد. در حال حاضر مهمترین مشکل تشخیص و تعیین مکان ژنهای کمی هزینه اقتصادی تعیین ژنوتیپ

1. Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD)
2. Amplified Fragment Length Polymorphisms (AFLP)
3. Single Stranded Conformational Polymorphisms (SSCP)
4. Single Nucleotide Polymorphisms (SNP)
5. Hybridizations
6. Polymerase Chain Reactions (PCR)
7. Fine mapping
8. Outbred populations

نشانگرها و کم بودن دقت^۱ برآورد این روشهای ژنتیکی و آماری می‌باشد. در حال حاضر مطالعات زیادی برای کاهش هزینه‌های اقتصادی و تعیین ژنوتیپ نشانگرها و افزایش دقت روشهای آماری و ژنتیکی در حال انجام است.

۱۲-۳. ژنهای اصلی

در چند سال اخیر تعدادی ژن از طریق روشهای جدید کشف شده است که بخش قابل توجهی از واریانس ژنتیکی صفات کمی را در دامها کنترل می‌کنند. این ژنها را اصطلاحاً ژنهای اصلی می‌گویند. آللهای جهش یافته این ژنها و رابطه آنها با صفات کمی به طور مشخص تعیین شده است. در جدول ۱۲-۱ تعدادی از ژنهای اصلی در دامهای متفاوت و صفت کمی تحت کنترل آنها ارائه شده است.

جدول ۱۲-۱ ژنهای اصلی موثر بر صفات کمی در دامها

نام ژن	صفت کمی	نوع دام
Dwarf	اندازه بدن	طیور
Sensitivity	Porcine stress syndrome	خوک
مضعف	ماهیچه‌های مضعف	گاوها
Booroola F	چند قلوزایی	گوسفند

بخش قابل توجهی از واریانس ژنتیکی صفات کمی ناشی از تأثیر ژنهای اصلی می‌باشد. برای بخش قابل توجهی از واریانس ژنتیکی تفسیرهای متفاوتی وجود دارد. بطور کلی اگر $0.5 - 1$ انحراف معیار فنوتیپی صفت کمی تحت کنترل یک ژن باشد آن را یک ژن با اثر بزرگ بر صفت کمی می‌نامند. در صورتی که ژن مورد نظر یا ژن اصلی دارای دو آلل با فرآوانی آللی مساوی در جامعه باشد و صفت کمی تحت تأثیر این ژن باشد $0.5/12$ درصد از کل واریانس فنوتیپی صفت ناشی از اثر این ژن است.

ژنهای اصلی در بررسی‌های اولیه بعنوان ژن هدف مطرح است. در صورت ادامه تحقیقات و ثابت شدن اثر ژنتیکی ژن مورد نظر برای صفت کمی مورد نظر نام آن به ژن اصلی تغییر داده

1. Confidence interval

می‌شود. مهمترین بحث در ژنهای هدف واصلی تعیین چند شکلی آللهای ژن مورد نظر و همبستگی آللهای این ژن با صفت کمی مورد نظر است. امروزه روشهای آزمایشگاهی ژنتیک مولکولی برای تعیین چند شکلی آللهای یک ژن هدف و یا اصلی در جوامع مختلف پیشرفت را نموده است. همچنین روشهای آماری پیشرفته برای تجزیه و تحلیل داده‌های مربوط به این نوع مطالعات ارائه شده است.

۱۲-۴. روش‌های تشخیص مکان ژنهای کمی

برای تشخیص مکان ژنهای کمی در ژنوم از روش آماری مربوط به پیوستگی ژنتیکی متعادل^۱ استفاده می‌شود. در این روش همبستگی بین نشانگر و مکان ژنهای کمی پیوسته با آن بررسی می‌شود. در صورتی که داده‌های لازم از شجره و یا خانواده جوامع انسانی، گیاهی و دامی موجود باشد، می‌توان پیوستگی بین نشانگرها و مکان ژنهای کمی نزدیک به آنها را مطالعه نمود. در عمل، با برآورد میزان نوترکیبی^۲ بین دو مکان ژنی پیوسته در تعیین محل و ترتیب ژنهای مورد نظر استفاده می‌شود. میزان نوترکیبی عبارت از درصد گامتهای نوترکیب حاصل از دو مکان ژن در اثر تبادل قطعات کروموزومی (کراسینگ اور) می‌باشد. در روش آماری پیوستگی ژنتیکی متعادل بررسی و تعیین ترتیب آللهای^۳ نوترکیب در والدین و نتاج و نحوه انتقال آنها از والدین به نتاج دارای اهمیت زیاد می‌باشد. اگر نشانگرها در نزدیکی ژنهای مورد نظر باشند می‌توان محل ژنهای مورد نظر را تشخیص داد.

برای تعیین محل ژن‌ها بر روی کروموزوم‌ها از فاصله فیزیکی^۴ و فاصله ژنتیکی^۵ استفاده می‌شود. فاصله فیزیکی بین ژن‌ها با استفاده از روش Radiation hybrid بازسازی می‌شود. در این روش واحد اندازه گیری ژنوم بر اساس تعداد جفت باز موجود بر روی دو رشته DNA می‌باشد و با علامت bp^6 نشان داده می‌شود. در روش فاصله ژنتیکی با تعیین تعداد کراسینگ اور بین دو

-
1. Linkage analysis
 2. Recombination fraction
 3. Linkage phase
 4. Physical distance
 5. Genetic map distance
 6. Base pairs (bp)

مکان ژنی فاصله دو ژن در روی کروموزوم مشخص می‌شود. در این روش از واحد مورگان^۱ برای تعیین فاصله ژنتیکی بین دو ژن استفاده می‌شود. طبق تعریف، یک سانتی مورگان فاصله ژنتیکی بین دو ژن به این مفهوم است که در مرحله تقسیم میوز بطور میانگین در یک سلول از هر ۱۰۰ سلول در یک ناحیه مشخص از ژنوم یک کراسینگ اور انجام می‌گیرد.

در روش پیوستگی ژنتیکی متعادل می‌توان از اطلاعات حاصل از روش فاصله ژنتیکی برای تعیین محل ژنها بر روی کروموزومها استفاده نمود. برای تبدیل میزان نوترکیبی به فاصله ژنتیکی از دو تابع نقشه ژنتیکی^۲ استفاده می‌شود. در روش تابع نقشه ژنتیکی اول کراسینگ اورهای دوگانه در نظر گرفته نمی‌شود، ولی در تابع نقشه ژنتیکی دوم کراسینگ اورهای دوگانه نیز در نظر گرفته می‌شود. برآورد نوترکیبی در حیواناتی (نظیر طیور) امکان پذیر است که در آنها می‌توان لاینهای خالص^۳ بر اساس نشانگر ایجاد نمود. با آمیزش دو لاین هموزیگوت غالب و مغلوب برای ژن نشانگر، کلیه فرزندان نسل اول^۴ هتروزیگوت هستند. از آمیزش پرندگان نسل اول با یکدیگر نسل دوم^۵ تولید می‌شود. همچنین می‌توان فرزندان نسل اول را با یکی از والدین آمیزش^۶ داد. نحوه قرار گرفتن آللهای ژن نشانگر در والدین و نسل اول قابل تشخیص است و به سادگی می‌توان گامتهای نوترکیب را شناسایی نمود. برآورد نوترکیبی در جوامعی که امکان تهیه لاین خالص برای ژن نشانگر وجود ندارد (مثل انسان، و بعضی از دامها و گیاهان) بسیار مشکل است.

پس تشخیص مکان ژنهای کمی با روش پیوستگی ژنتیکی متعادل براساس تعیین همبستگی ژنتیکی بین نشانگر و عملکرد صفت کمی می‌باشد. در جوامع خویشاوند، برای بررسی پیوستگی ژنتیکی متعادل، از نوترکیبی ایجاد شده در داخل خانوادهها استفاده می‌شود. در مواردی که نشانگر به یکدیگر نزدیک باشند، با مطالعه ژنوتیپ نشانگر در دو یا سه نسل (از والدین تا نتاج) می‌توان نوترکیبی نشانگر را بررسی نموده و از اطلاعات آن برای تشخیص مکان ژنهای کمی استفاده کرد. دقت روش پیوستگی ژنتیکی متعادل برای تعیین محل ژنهای کمی در ژنوم بسیار متفاوت است. بطور کلی با این روش محل قرار گرفتن مکان ژنهای کمی در فاصله ۱۰ تا ۲۰ سانتی مورگان از

-
1. Morgan or centiMorgan (cM)
 2. Genetic mapping function
 3. Inbred line
 4. F1
 5. F2
 6. Back cross

نشانگر قابل تشخیص است.

۱۲-۵. روش های تعیین مکان ژنهای کمی

روش هایی که در بخش پیوستگی ژنتیکی متعادل برای تعیین محل ژنهای کمی شرح داده شد بر اساس پیوستگی بین نشانگرها و ژنهای کمی قرار دارد. در این روش داده های داخل خانواده ها یا داخل شجره ها و یا یک نوع خاص آمیزش مطالعه می شود. دقت آماری این روش ها برای تعیین محل قرار گرفتن ژنهای صفت کمی بر روی ژنوم بسیار کم و با یک دامنه برآورد حدود ۱۰ الی ۲۰ سانتی مورگان است. برای افزایش دقت تعیین محل ژنهای کمی از روشهای پیوستگی ژنتیکی نامتعادل^۱ استفاده می شود. در این روش دامنه برآورد محل ژن ها محدود تر و در کمتر از یک سانتی مورگان است. در این روش از کلیه اطلاعات نوترکیبی دراز مدت در جامعه استفاده می شود. همچنین در این روش نیاز به تعداد بیشتری نشانگر و با فاصله فیزیکی بسیار نزدیک می باشد.

عدم تعادل ژنتیکی برای یک ناحیه به خصوص از کروموزومها در یک جامعه نشانه وجود تشابه ژنتیکی ناشی از سلف مشترک در این بخش از ژنوم می باشد. پس اگر بخشی از ژنوم حاوی نشانگرهای دارای تشابه خویشاوندی (IBD) باشد می توان نتیجه گیری نمود که ژنهای آن دارای مبنای مشترک می باشد. بنابر این دو فرد از جامعه که به دلیل خویشاوند بودن، در قسمتی از ژنوم دارای تشابه ژنتیکی هستند در حقیقت برای نشانگرها و ژنهای کمی این بخش از ژنوم دارای آلل های مشابه هستند. لذا می توان احتمال تشابه ژنتیکی بین افراد در جامعه برای نقاط مشخص از ژنوم را محاسبه نمود و ماتریس خویشاوندی ناشی از سلف مشترک (IBD) بین تمام افراد را برآورد نمود. قبل از محاسبه ماتریس خویشاوندی (IBD) لازم است که ترتیب آللها در افراد جامعه با استفاده از اطلاعات والدین تعیین شود. در این روش قبل از محاسبه ماتریس خویشاوندی (IBD) لازم است که هاپلوتیپها توسط ژنوتیپ نشانگرها بازسازی شود. دقت این روش بیشتر و دامنه برآورد آن در جوامع خویشاوند دامی برای تعیین محل ژنهای کمی معادل یک الی سه سانتی مورگان است. در جدیدترین روشها سعی بر ترکیب دو روش پیوستگی ژنتیکی متعادل و نامتعادل در یک روش واحد است.

1. Linkage disequilibrium

۱۲-۶. انتخاب دامها به کمک نشانگرها

در فصل‌های قبل انتخاب دامها براساس دو نوع اطلاعات (داده‌های شجره دامها و داده‌های فنوتیپ) توضیح داده شد. براساس مطالب ارائه شده در مبحث برآورد ارزش ارثی، روش بهترین پیش بینی ناریب خطی (BLUP) بهترین پیش بینی از ارزش ارثی (EBV) هر حیوان محاسبه می‌شود. یک نوع دیگر داده‌ها که در پیش بینی ارزش ارثی دامها و انتخاب آنها استفاده می‌شود داده‌های ژنوتیپی حاصل از ژنهای اصلی یا نشانگرهای پیوسته به مکان ژنهای کمی است. در این فصل سه روش عمده برای تعیین ژنوتیپ حیوانات برای ژنهای صفات کمی توضیح داده شد. روش اول بررسی کلی ژنوم با استفاده از پیوستگی ژنتیکی متعادل است که بخش هائی از ژنوم که در ارتباط با تولید صفت کمی تعیین می‌شود. در روش دوم مکان ژنهای کمی با استفاده از روشهای پیوستگی ژنتیکی نامتعادل و روش هیلوتیپ‌ها تعیین می‌شود. با این روش مکان ژنهای کمی در فاصله محدودی بر روی کروموزومها تعیین می‌شود. در روش سوم چند شکلی و همبستگی آلهای مطلوب آنها با صفات تولیدی شناسایی می‌شود. کلیه اطلاعات حاصل از سه روش فوق، قابل استفاده در برنامه‌های اصلاح نژاد است. در مواردی که از اطلاعات ژنوتیپی نشانگرهای پیوسته به مکان ژنهای کمی برای برآورد ارزش ارثی و انتخاب دامها استفاده می‌شود، اصطلاحاً انتخاب به کمک نشانگر^۱ (MAS) نامیده می‌شود. در مواردی که از اطلاعات هاپلوتیپ‌ها برای پیش بینی ارزش ارثی و انتخاب دامی استفاده می‌شود، اصطلاحاً انتخاب به کمک هاپلوتیپ‌ها^۲ (HAS) نامیده می‌شود. روش سوم نیز استفاده از ژنوتیپ ژنهای اصلی در انتخاب دامها است که انتخاب به کمک ژنهای اصلی^۳ (GAS) نامیده می‌شود. به طور کلی با توجه به امکانات جدید در ژنتیک مولکولی امکان پیش بینی ارزش ارثی دامها براساس ژنوتیپ کلیه نشانگرها بر روی ژنوم نیز وجود دارد. در حقیقت با استفاده از اطلاعات ژنوتیپی نشانگرها امکان پیش بینی ارزش ارثی هر ناحیه از ژنوم وجود دارد که در نهایت ارزش ارثی دهی حیوان برای صفات مورد نظر پیش بینی می‌شود.

-
1. Marker assisted selection
 2. Haplotype assisted selection
 3. Gene assisted selection

منابع

1. Bourdon R.M., Understanding animal breeding, 2nd edn., Prentice Hall 2000.
2. Falconer D.S., Mackay T.F.C., Introduction of quantitative genetics, 4th edn., Longman Limited London 1996.
3. Lynch M., Walsh B., Genetics and analysis of quantitative traits, 2nd edn., Sinauer Associated Sunderland 2000.
4. Van Vleck L. D., Genetics for the Animal Science, W. H. Freeman & Co(sd) 1987.