

مقایسه چهار استراتژی تلاقی در گله‌های پرورش شترمرغ مولد با استفاده از شبیه‌سازی رایانه‌ای

• بابک عنایتی (نویسنده مسئول)

دانشجوی دکتری ژنتیک و اصلاح نژاد دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان

تاریخ دریافت: مرداد ۱۳۹۷ تاریخ پذیرش: مهر ۱۳۹۷

شماره تماس نویسنده مسئول: ۰۹۱۱۱۸۶۶۷۱۸

Email: bkenayati@gmail.com

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22092/asj.2018.123051.1753

چکیده

هدف از این مطالعه مقایسه چهار استراتژی تلاقی در گله‌های شترمرغ با استفاده از شبیه‌سازی بود. صفات شبیه‌سازی شده شامل تولید تخم (EggsPro)، تولید جوجه (ChicksPro)، قابلیت هج (Hatchability)، وزن زنده بدن در شروع تلاقی (LWB) و وزن زنده بدن در پایان تلاقی (LWE) بود. انتخاب نرها براساس ارزش اصلاحی صفت LWB و انتخاب ماده‌ها براساس ارزش اصلاحی صفت ChicksPro بود. استراتژی اول یک تلاقی بهینه بود، استراتژی دوم تلاقی افراد براساس حداکثر پیشرفت ژنتیکی بدون توجه به رشد همخونی، استراتژی سوم تلاقی افراد براساس حداقل رشد میزان همخونی بدون توجه به پیشرفت ژنتیکی و استراتژی چهارم تلاقی افراد به صورت تصادفی، بدون توجه به رشد همخونی و پیشرفت ژنتیکی بود. نتایج نشان داد اگر هدف در یک برنامه اصلاح‌نژادی پیشرفت سریع بدون وجود محدودیت در میزان رشد همخونی باشد استراتژی تلاقی با حداکثر پیشرفت ژنتیکی مطلوب است، در صورتی که امکانات تعیین نقشه این تلاقی وجود نداشته باشد، تلاقی تصادفی می‌تواند جایگزین گردد. در جمعیت‌های بسته با همخونی بالا و یا جمعیت‌هایی که باید به لحاظ ژنتیکی حفاظت شوند و در درجه دوم اهمیت، پرورش دهنده به دنبال حداقل بهبود عملکرد در صفات مورد نظر نیز باشد، استراتژی تلاقی با حداقل همخونی، و در صورتی که هدف اصلاح‌نژاد بهبود مستمر، پایدار و قابل توجه در صفات اقتصادی باشد که لازمه آن جلوگیری از رشد زیاد در نرخ همخونی است، استراتژی تلاقی بهینه می‌تواند بهترین گزینه باشد.

واژه‌های کلیدی: تلاقی با حداکثر پیشرفت ژنتیکی، تلاقی با حداقل همخونی، تلاقی بهینه، تلاقی تصادفی، شترمرغ

Animal Science Journal (Pajouhesh & Sazandegi) No 123 pp: 313-322

Comparison of four mating strategies in productive ostrich breeding flocks using computer simulation

By: Babak Enayati

Ph.D. Candidate Department of Animal science, Faculty of Agriculture , University of Kurdistan, Iran.

Received: August 2018

Accepted: October 2018

The purpose of this study was to compare the four mating strategies in ostrich flocks using simulation. Simulated traits included egg production (EggsPro), chicken production (ChicksPro), hatchability (Hatchability), live weight at the beginning of mating (LWB), and live weight at the end of mating (LWE). The selection of males was based on the breeding value of the LWB trait and the selection of females based on the breeding value of the ChicksPro trait. The first strategy was an optimal mating, the second strategy crossed individuals based on the highest genetic gain, regardless of the increase in inbreeding, the third strategy was the mating of individuals based on the lowest inbreeding, regardless of genetic progress, and the fourth strategy was the mating of individuals randomly, regardless of inbreeding and genetic gain. The results showed that if the goal in a breeding program is rapid progress without limitation on inbreeding, a mating strategy with the highest genetic gain is the best suited, and if there is no possibility of mapping this crosses, a random mating can be replaced. In closed populations with high inbreeding or populations that need to be genetically protected, and secondly important the breeder also wants to improve performance in the economic traits, a mating strategy with minimum inbreeding can be desirable, and if the goal of breeding is a continuous, sustained and significantly improvement in economic traits, which is required to prevent inbreeding, the optimal mating strategy could be the best option.

Key words: ostrich, mating with maximum genetic gain, mating with minimum inbreeding, optimal mating, random mating.

مقدمه

نژادی برای شناسایی والدین برتر و برنامه های تلاقی مدرن با اهداف از پیش تعیین شده است. این تکنیک ها می توانند برای مدرن سازی صنعت شترمرغ نیز مورد استفاده قرار گیرند، هر چند تحقیقات کمی در این خصوص انجام شده است. با توجه به اینکه گوشت و چرم منابع اصلی درآمد پرورش دهندگان شترمرغ می باشد، واضح است که تخم و جوجه های حاصل از این تخم ها باید جزء جدایی ناپذیر از اهداف پرورش باشد (Cloete و همکاران، 2002). تعداد زیاد تخم مرغ و جوجه های هیچ شده نتیجه افزایش تنوع ماده ژنتیکی در خزانه ژنتیکی است (Fair, 2012). بهبود ژنتیکی یک صفت عمدتا وابسته به وراثت پذیری، همبستگی

شترمرغ پرندای چند منظوره بوده و با هدف تولید سه محصول گوشت، پوست و پر پرورش داده می شود (نصر، ۱۳۹۰). در کشور آفریقای جنوبی ۶۰ درصد بازده پرورش شترمرغ مربوط به پوست این حیوان است در صورتی که مبنای پرورش در کشور ایران، تولید گوشت می باشد. پرورش شترمرغ، صنعتی نوظهور است و شناخت کاملی از صفات اقتصادی، تنوع موجود و ساختار ژنتیکی این صفات وجود ندارد، شناخت این ساختار برای طراحی برنامه های اصلاح نژادی از ضروریات توسعه این صنعت می باشد. بهبود ژنتیکی سالانه به ویژه در گله های گاوشیری و صنعت پرورش طیور به شدت تحت تأثیر استفاده از تکنیک های اصلاح-

می‌تواند با دو روش بهینه‌سازی گردد، اولین روش بهینه‌سازی کردن مشارکت افراد برای حداکثر رشد ژنتیکی تحت یک نرخ از پیش تعیین شده برای افراد با اجداد یکسان است، این بهینه‌سازی مانع از دست رفتن تنوع ژنتیکی بیشتر از نرخ تعیین شده می‌گردد. بهینه‌سازی مشارکت در ایجاد نسل بعد می‌تواند به وسیله تلاقی افراد با حداقل همخونی نیز محقق گردد. این بهینه‌سازی مانع از کاهش عملکرد ناشی از همخونی می‌گردد. دو بهینه‌سازی یاد شده می‌تواند به کمک روش‌های بهینه‌سازی قطعی که بر اساس معادلات ریاضی متفاوت هستند، انجام شود به عنوان مثال ضرایب لاگرانژ (Meuwissen, 1997)، برنامه‌ریزی خطی (Toro and Pong, 1990) و برنامه‌ریزی درجه دوم (Wong and Woolliams, 2007). دومین روش، دو ویژگی بهینه‌سازی مشارکت افراد و اختصاص نرها و ماده‌ها به یکدیگر را در یک برنامه تلاقی طراحی شده، تلفیق می‌نماید (Kinghorn and Shepherd, 1999; Akdemir and Sanchez, 2016). روش دوم به دلیل تلفیق دو ویژگی تعیین سهم مشارکت افراد و تعیین تلاقی بین افراد و استفاده از روش‌های تصادفی^۱ و فراابتکاری^۲ مانند الگوریتم‌های تکاملی^۳ هزینه‌های محاسباتی را افزایش می‌دهد. Caballero و همکاران (1996) با انتخاب فوتبیلی و انتخاب براساس BLUP، اعلام کردند آمیزش افراد با حداقل اجداد مشترک تاثیر کمی روی پاسخ ژنتیکی دارد اما نرخ همخونی را کاهش می‌دهد.

در حال حاضر اصلاح‌نژاد حیوانات بیش از تکیه بر شرایط واقعی، از یک حقیقت مبتنی بر تئوری تبعیت می‌نماید. به عنوان مثال ژنتیک جمعیت تمایل به توسعه روش‌های آماری داشته و کمتر به روش‌های آزمایشگاهی که می‌تواند مدل‌های بیولوژیکی را تایید نماید، وابسته است (Fairfull و همکاران، 1998). آزمون استراتژی‌های اصلاح نژاد در مزرعه در مقیاس بزرگ، به دلیل صرف زمان و منابع زیاد، غیر عملی و غیر ممکن است و شبیه سازی روشی سریع و ارزان خواهد بود (Sun و همکاران، 2011).

در ایران مجوز ایجاد واحدهای پرورش شترمرغ مولد در گله‌های

ژنتیکی یک صفت با صفات مهم اقتصادی دیگر و شدت انتخاب به کار رفته می‌باشد که با توجه به وراثت‌پذیری کم صفات سازگاری مانند قابلیت هج، بهترین گزینه برای بهبود این صفات بهبود شرایط مدیریتی است هر چند بهبود این صفات از طریق تغییرات ژنتیکی ناممکن نیست و فقط زمان بیشتری را طلب می‌نماید (Fair, 2012). در پرورش شترمرغ ایجاد یک گله دو منظوره برای صفات رشد بدن و صفات تولید مثلی و سازگاری ممکن خواهد بود اگر همبستگی بین این صفات به شدت نامطلوب نباشد در غیر این صورت تشکیل دو لاین برای صفات رشد و صفات تولید مثلی به صورت مجزا و تلاقی آن‌ها برای تولید جوجه‌های تجاری می‌تواند راهگشا باشد (Cloete و همکاران، 2002).

برنامه‌های اصلاح نژادی برای دستیابی به اهداف تعریف شده طراحی شده‌اند، برخی از این برنامه‌ها افراد را برای بهبود ژنتیکی در نسل‌های بعد انتخاب می‌کنند، برخی دیگر سعی دارند میانگین کنونی را حفظ کنند و یا جمعیت را از انقراض نجات دهند، در تمام این برنامه‌ها حفظ تنوع ژنتیکی برای توسعه پایدار به منظور اهداف فعلی و آتی لازم و ضروری است. به عنوان مثال، برنامه‌های اصلاح نژادی که افراد را برای بهبود عملکرد انتخاب می‌کنند، باید با ایجاد تعادل بین بهبود ژنتیکی کوتاه مدت و بلند مدت از آمیزش بیش از حد افراد برتر خودداری نمایند. حیوانات برتر می‌توانند میانگین جمعیت را در نسل بعد افزایش دهند ولی استفاده بیش از حد از آن‌ها به صورت معنی داری تنوع ژنتیکی را کاهش می‌دهد. این کاهش توان بالقوه جمعیت را برای بهبود ژنتیکی دراز مدت کاهش می‌دهد (Gorjanc and Hickey, 2018). بنابراین یافتن نقطه تعادل بین پیشرفت ژنتیکی و حفظ تنوع ژنتیکی و فرموله کردن آن می‌تواند تضمین کننده بهبود عملکرد در دراز مدت باشد (Woolliam و همکاران، 2015).

در برنامه‌های اصلاحی مرحله انتخاب تعیین کننده افزایش در میانگین والدین جمعیت است و تلاقی می‌تواند ساختار ژنتیکی جمعیت را برای مرحله بعدی انتخاب بهبود دهد (Sonesson and Meuwissen, 2002). میزان مشارکت افراد در نسل بعد

شبه‌سازی در این تحقیق بر اساس برنامه‌نویسی در محیط R نسخه ۳.۴.۴ و با کمک برخی توابع پکیج AlphaSimR (Gorjanc و همکاران، ۲۰۱۸; Gaynor و همکاران، Unpublished) انجام گرفت. مدل استفاده شده در شبه‌سازی، به صورت پنج صفت همبسته بود. صفات شبه‌سازی شده عبارت از: تولید تخم- مرغ (EggsPro)، تولید جوجه (ChicksPro)، قابلیت هیچ (Hatchability)، وزن زنده بدن در شروع تلاقی (LWB) و وزن زنده بدن در پایان تلاقی (LWE) بود. ساختار کروموزومی جمعیت اولیه به کمک نرم افزار MaCS با ویژگی‌های از پیش تعیین شده "CHICKEN" ایجاد گردید (Chen و همکاران، ۲۰۰۹; Hudson, ۲۰۰۴) (جدول ۱).

کوچک بین ۷۵ تا ۲۰۰ قطعه‌ای صادر می‌گردد. نسبت بین شترمرغ نر و ماده در این واحدها یک به دو است یعنی یک شترمرغ نر و دو ماده در یک جایگاه با ابعاد مشخص نگهداری می‌گردد. به دلیل کوچک و بسته بودن جمعیت این واحدها، احتمال رشد همخونی و تبعات کاهش عملکرد در اثر این افزایش همخونی وجود دارد. بنابراین یافتن بهترین استراتژی برای تلاقی بین افراد از ضروریات برنامه‌های اصلاح‌نژادی در این واحدها می‌باشد. این تحقیق در نظر دارد به کمک روش شبه‌سازی چهار استراتژی تلاقی مورد نظر را مقایسه و تاثیر آنها در عملکرد آبی گله‌های شترمرغ را ارزیابی نماید.

مواد و روش‌ها

جدول ۱- ویژگی‌های شبه‌سازی ساختار کروموزومی

مقدار	شاخص
۷۰	اندازه موثر جمعیت
3×10^7	تعداد جفت باز ژنوم
۰/۸۴	طول ژنوم به مورگان
$2/5 \times 10^{-8}$	نرخ جهش
-eN 0.18 0.71 -eN 0.36 1.43 -eN 0.54 2.14 -eN 0.71 2.86 -eN 0.89 3.57 -eN 1.07 4.29 -eN 1.25 5.00 -eN 1.43 5.71	پارامترهای دیگر نرم افزار MaCS

$$TBV_i = \sum_{j=1}^n x_{ij} b_j \quad (1)$$

TBV_i برابر ارزش اصلاحی حقیقی صفات، n برابر تعداد QTL‌های موثر بر صفات، x_{ij} برابر تعداد آلل‌های مطلوب که فرد i در جایگاه j دارد و b_j برابر اثر j امین QTL می‌باشد. برای محاسبه ارزش فنوتیپی صفات از معادله ۲ استفاده شد.

(۲)

$$y_i = \mu + TBV_i + e_i$$

مطابق با تعداد کروموزوم گونه شترمرغ، ۴۰ جفت کروموزوم و هر کروموزوم با ۲۵۰۰ جایگاه ایجاد گردید. برای هر کروموزوم ۲۰۰ QTL هر کدام با سه جایگاه به صورت تصادفی از بین ۹۷۵۰۰ جایگاه ایجاد شده، انتخاب شد. اثرات QTL‌ها روی صفات دارای توزیع گاما با پارامتر شکل ۰/۴ شبه‌سازی شد. احتمال رخداد نوترکیبی بین دو جایگاه مجاور روی یک کروموزوم با استفاده از تابع نوترکیبی هالدان و فاصله بین آنها محاسبه شد (Haldane, 1919). برای محاسبه ارزش‌های ارثی واقعی از معادله ۱ استفاده شد.

جدول ۲- وراثت پذیری (روی قطر) و همبستگی ژنتیکی (زیر قطر) صفات برای شبیه‌سازی جمعیت پایه

LWE	LWB	Hatchability	ChicksPro	EggsPro	صفات
				۰/۲۳	EggsPro
			۰/۲	۰/۸۴	ChicksPro
		۰/۱	۰/۷۶	۰/۸	Hatchability
	۰/۳۴	-۰/۱۵	۰/۱۵	۰/۲۱	LWB
۰/۲	۰/۹۷	-۰/۲۶	-۰/۱۴	-۰/۱۲	LWE

جدول ۳- میانگین (Mean)، انحراف معیار (SD)، واریانس ژنتیکی افزایشی (σ_a^2) و واریانس ژنتیکی محیطی (σ_E^2) صفات برای شبیه‌سازی جمعیت اولیه

صفات	Mean	SD	σ_a^2	σ_E^2
EggsPro	۴۶/۳	۲۶/۵	۱۲۱	۳۱۴
ChicksPro	۲۲/۹	۱۸/۹	۶۴/۱	۱۷۶
Hatchability	۵۱	۲۶/۳	۷۴	۳۳۶
LWB	۱۱۵	۱۴	۶۲/۲	۵۵/۵
LWE	۱۱۱	۱۷	۴۳/۵	۱۰۲

گرفته شد. پارامترهای ژنتیکی استفاده شده، برگرفته از مقاله Cloete و همکاران (2003) بود. برای ایجاد همگنی در گله و تعادل در اثر بولمر اقدام به ۵ نسل آمیزش تصادفی گردید. در ابتدا ۴۰۰ قطعه شترمرغ نر و ماده ایجاد و براساس ترکیب گله (جدول ۴)، ۶۷ قطعه شترمرغ نر و ۱۳۳ قطعه شترمرغ ماده انتخاب گردید.

y_i برابر فنوتیپ فرد i ام، μ برابر میانگین صفت، e_i برابر عددی تصادفی از یک توزیع نرمال با میانگین صفر و واریانس حاصل از پارامترهای ژنتیکی و این مقادیر برگرفته از جدول شماره ۳ بود. برای ایجاد همبستگی بین صفات (جدول ۲) اثر پلیوتروپی بین QTLها، که به صورت تصادفی انتخاب شده بودند، در نظر

جدول ۴- ترکیب گله یک واحد پرورش شترمرغ مولد ۲۰۰ قطعه‌ای

سال پنجم	سال چهارم	سال سوم	سال دوم	سال اول	شرح
۱۳۳	۱۳۳	۱۳۳	۱۱۳	۱۳۳	شتر مرغ مولد ماده
۶۷	۶۷	۶۷	۵۷	۶۷	شتر مرغ مولد نر
۲۳۱۷	۲۳۱۷	۲۳۱۷	۱۹۶۷	۲۳۱۷	جوجه تولیدی
۱۵۵	۱۵۵	۱۳۱	۱۵۵	۰	شترمرغ ماده مولد جایگزین
۷۷	۷۷	۶۶	۷۷	۰	شترمرغ ماده نر جایگزین
۴۳	۴۳	۴۰	۴۰	۲۰	تلفات شترمرغ مولد ماده
۲۲	۲۲	۲۰	۲۰	۱۰	تلفات شترمرغ مولد نر
۴۰۷	۴۰۷	۴۰۷	۳۴۷	۴۰۷	تلفات جوجه
۱۱۲+۵۵	۱۱۲+۵۵	۹۱+۴۶	۹۵+۴۷	۰	شترمرغ مولد مازاد
۲۰۸۵	۲۰۸۵	۲۰۸۵	۱۷۷۰	۲۰۸۵	شترمرغ پرواری نر و ماده

نسل اعمال چهار استراتژی و بررسی تغییرات فنوتیپی، ژنتیکی و همخوانی با هم مقایسه و مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت.

نتایج و بحث

بررسی تغییرات میانگین فنوتیپی صفات در نمودار ۱ نشان داد در کلیه صفات به غیر از صفت Hatchability، استراتژی تلاقی با حداقل همخوانی نتوانسته میانگین فنوتیپی را نسبت به سه استراتژی دیگر بهبود دهد. همچنین این استراتژی برای صفت Hatchability نیز از نسل چهارم به پنجم با افت شدیدی روبرو شد. بررسی تغییرات ژنتیکی در نمودار ۲ تایید کرد که استراتژی تلاقی با حداقل همخوانی (Min Inbreeding) میانگین ژنتیکی صفات و به طور کلی عملکرد صفات را نمی‌تواند در مقایسه با سه استراتژی دیگر بهبود دهد. بنابراین این استراتژی باید در جمعیت‌هایی استفاده گردد که اهداف اصلاح نژادی در آن‌ها حفظ تنوع و حفاظت ژنتیکی است و در کنار آن اندک تغییرات عملکردی نیز مد نظر باشد. محققین بیان کردند آمیزش با حداقل هم‌تباری نسبت به آمیزش تصادفی موجب پیشرفت ژنتیکی به میزان ۱ تا ۳ درصد می‌گردد (Henryon و همکاران، ۲۰۰۹) که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت ندارد. استراتژی تلاقی تصادفی (Random) در رقابت با استراتژی تلاقی با بیشترین پیشرفت ژنتیکی (Max Criterion) بود لیکن در بیشتر موارد عملکردی نزدیک به آن و یا کمتر از داشت. به عنوان مثال در نمودار ۱-د و نمودار ۱-ه به صورت قابل توجهی از استراتژی بیشترین پیشرفت ژنتیکی عملکرد پایین‌تر و در نمودار ۱-الف، ۱-ب و ۱-ج این تفاوت محسوس نبود.

بررسی تغییرات ژنتیکی نیز نشان داد استراتژی تلاقی با بیشترین پیشرفت ژنتیکی بهبود عملکرد بالاتری برای صفات وزن بدن و صفت تولید تخم‌مرغ داشت و استراتژی تلاقی تصادفی برای صفات تولید جوجه و قابلیت هچ تا حدودی بهتر عمل کرد. عامل محدود کننده دیگر رشد همخوانی است که نشان می‌دهد رشد همخوانی در این دو استراتژی نزدیک به هم و تا حدودی در استراتژی بیشترین پیشرفت ژنتیکی کمتر بوده است. بنابراین اگر

انتخاب نرها براساس ارزش اصلاحی صفت LWB و انتخاب ماده‌ها براساس ارزش اصلاحی صفت ChicksPro بود. این استراتژی انتخاب به دلیل همبستگی ژنتیکی بالا بین سه صفت EggPro، ChicksPro و Hatchability و دو صفت LWB و LWE و به منظور استفاده بهینه از پاسخ همبسته طراحی شد. ارزش اصلاحی صفات به کمک نرم افزار BLUPF90 پیش بینی شد (Misztal و همکاران، ۲۰۱۵).

استراتژی اول عبارت بود از تلاقی افراد منتخب براساس یک تلاقی بهینه (OptTarget) که تلاقی‌ها به کمک نرم افزار AlphaMate انجام شد (Gorjanc and Hickey, 2018). این استراتژی به دنبال یافتن تلاقی‌هایی است که ضمن ایجاد بیشترین پیشرفت ژنتیکی در نسل بعد، حداقل همخوانی را ایجاد نماید.

استراتژی دوم عبارت بود از تلاقی افراد براساس بیشترین پیشرفت ژنتیکی بدون توجه به رشد همخوانی (Max Criterion)، تلاقی‌ها در این استراتژی نیز به کمک نرم افزار AlphaMate انجام شد.

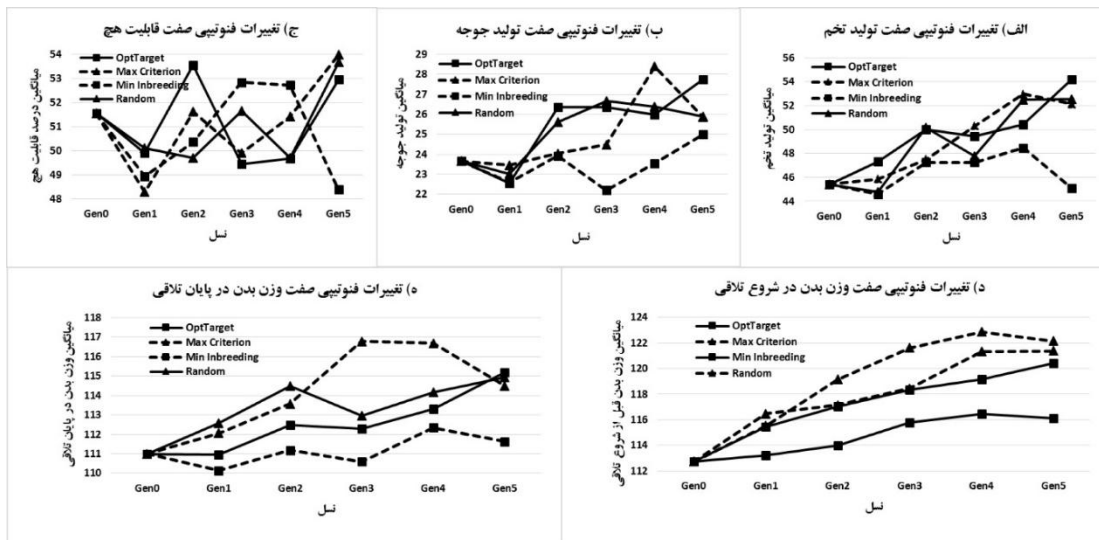
استراتژی سوم عبارت بود از تلاقی افراد براساس کمترین رشد ضریب همخوانی بدون توجه به پیشرفت ژنتیکی (Min Inbreeding)، تلاقی‌ها در این استراتژی نیز به کمک نرم افزار AlphaMate انجام شد.

استراتژی چهارم عبارت بود از تلاقی افراد به صورت تصادفی و بدون توجه به رشد همخوانی و پیشرفت ژنتیکی (Random)، تلاقی‌ها در این استراتژی با نمونه‌گیری تصادفی از بین افراد منتخب انجام شد.

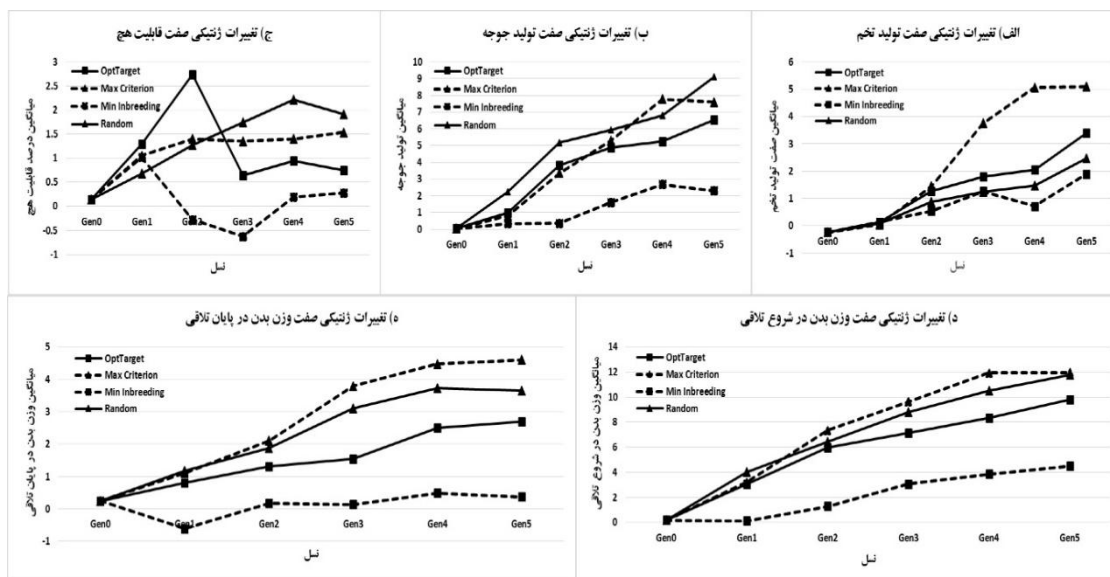
براساس ترکیب گله در سال پنجم در هر نسل نرهای منتخب (۶۷ والد نر) از بین ۱۴۴ والد نر آماده تلاقی (۶۷ نر قبلی بعلاوه ۷۷ نر مولد جایگزین) انتخاب شدند. ماده‌های منتخب (۱۳۳ والد ماده) از بین ۲۸۸ والد ماده آماده تلاقی، انتخاب شدند. به دلیل عمر اقتصادی شترمرغ (تقریباً ۸ سال) نسل‌ها دارای همپوشانی بودند. با توجه به خصوصیت شترمرغ در تشکیل خانواده، دسترسی تمام افراد به یکدیگر پس از جفت‌یابی اولیه محدود شد. نتایج پس از ۵

این نقشه تلاقی در اختیار نباشد، تلاقی تصادفی گزینه بعدی خواهد بود.

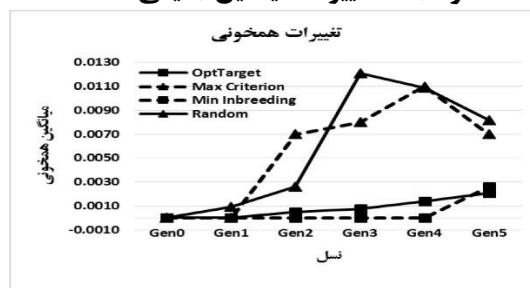
همخونی عامل محدود کننده باشد و هدف تغییر معنی دار در عملکرد صفات در کوتاه مدت باشد استراتژی بیشترین پیشرفت ژنتیکی می‌تواند گزینه اول و اگر امکانات علمی برای دستیابی به



نمودار ۱- تغییرات میانگین فنوتیپی صفات



نمودار ۲- تغییرات میانگین ژنتیکی صفات



نمودار ۳- تغییرات میانگین همخونی

خواهر تنی و ناتنی جلوگیری گردد، ۳- کاهش سطح همخونی فرزندان نسبت به والدین به تبعیت از معادله ۳ موجب افزایش واریانس نمونه‌گیری مندلی می‌گردد بنابراین پاسخ ژنتیکی را افزایش می‌دهد.

$$\text{Variance of Mandelian Sampling} = \frac{1}{2}(1 - F)\sigma_a^2 \quad (3)$$

F میزان همخونی و σ_a^2 مولفه واریانس افزایشی صفت می‌باشد. Sonesson and Meuwissen (2002) با مقایسه مزایای تلاقی بهینه نسبت به تلاقی تصادفی در جمعیت‌هایی با همپوشانی نسل‌ها و جمعیت‌هایی بدون همپوشانی نسل‌ها، بیان کردند تلاقی بهینه مزیت بیشتری در جمعیت‌هایی با همپوشانی نسل‌ها دارد و در تحقیقی دیگر این مزیت را تا ۵۰ درصد بیشتر اعلام کردند (Caballero و همکاران، 1996).

میر و همکاران (۱۳۹۴) بیان کردند تلاقی با حداقل هم‌تباری به صورت معنی‌داری پیشرفت ژنتیکی کمتری نسبت به تلاقی تصادفی ایجاد می‌کند، اما با لحاظ نمودن شاخص نسبت پیشرفت ژنتیکی سالانه به افزایش همخونی سالانه، تلاقی با حداقل هم‌تباری عملکرد بهتری دارد. نتایج تحقیق حاضر در خصوص میزان پیشرفت ژنتیکی به ازای هر یک درصد افزایش در همخونی در جدول ۵ نشان داد استراتژی تلاقی بهینه در تمام صفات مورد بررسی عملکرد بهتری نسبت سایر استراتژی‌ها دارد. مقایسه سه استراتژی تلاقی با حداکثر پیشرفت ژنتیکی، تلاقی با حداقل همخونی و تصادفی در خصوص شاخص میزان پیشرفت ژنتیکی به ازای هر یک درصد افزایش در همخونی نشان داد صفت تولید تخم در استراتژی تلاقی با حداقل همخونی بهتر از استراتژی با حداکثر پیشرفت ژنتیکی و آن هم بهتر از استراتژی تلاقی تصادفی بود. در خصوص صفات تولید جوجه و قابلیت هچ، استراتژی تلاقی تصادفی بهتر از استراتژی تلاقی با حداکثر پیشرفت ژنتیکی و آن هم بهتر از استراتژی با حداقل همخونی بود. برای صفت وزن زنده بدن در شروع تلاقی پس از اعمال استراتژی‌های مورد بررسی به ترتیب استراتژی‌های تلاقی با حداکثر پیشرفت ژنتیکی، تلاقی با حداقل همخونی و تلاقی تصادفی عملکرد بهتری داشتند. در بین سه استراتژی مورد بررسی برای صفت وزن زنده بدن در پایان تلاقی، استراتژی تلاقی با حداکثر پیشرفت ژنتیکی بهتر از تلاقی تصادفی و آن هم بهتر از استراتژی تلاقی با حداقل همخونی بود.

عملکرد تغییرات میانگین فنوتیپی استراتژی تلاقی بهینه (OptTarget) در نمودار ۱ نشان می‌دهد این استراتژی تلاقی، اختلاف چشمگیری در بهبود صفات تولید مثلی نداشت طوری که در نمودار ۱-الف، ۱-ب و ۱-ج قابل تفکیک از دو استراتژی تلاقی تصادفی و تلاقی با بیشترین پیشرفت ژنتیکی نبود، حتی عملکرد تلاقی بهینه در بررسی تغییرات میانگین ژنتیکی برای صفت تولید تخم به صورت قابل توجهی کمتر از تلاقی با بیشترین پیشرفت ژنتیکی بود (نمودار ۲-الف). که دلیل آن را می‌توان مربوط به جریمه‌ای دانست که نرم افزار در هنگام تعیین نقشه تلاقی در روش تلاقی بهینه از ارزش هر فرد در صورت افزایش همخونی در نسل بعد کسر می‌نماید بنابراین برخی افراد برتر بعد از امتیازدهی مجدد به عنوان فرد برتر در تلاقی حضور نخواهند داشت. به دلیل مشابه عملکرد فنوتیپی و ژنتیکی استراتژی تلاقی بهینه روی صفات وزن بدن به صورت کاملاً مشهود کمتر از دو استراتژی تلاقی تصادفی و استراتژی تلاقی با بیشترین پیشرفت ژنتیکی بود. اما رشد میزان همخونی در استراتژی تلاقی بهینه به صورت معنی‌داری کمتر از دو استراتژی تلاقی تصادفی و استراتژی تلاقی با بیشترین پیشرفت ژنتیکی بود. مقایسه استراتژی تلاقی بهینه با استراتژی تلاقی با حداقل همخونی در شاخص افزایش میزان همخونی نشان داد هرچند در چهار نسل اول اندکی بیشتر از این استراتژی نرخ همخونی را افزایش می‌دهد لیکن در نسل پنجم اختلاف معنی‌داری با این استراتژی نداشت (نمودار ۳). Sonesson and Meuwissen (2000) اعلام کردند آمیزش غیر تصادفی می‌تواند پاسخ ژنتیکی را تا ۲۲ درصد در مقایسه با آمیزش تصادفی بهبود بخشد که می‌تواند تحت سه اثر انجام می‌گیرد: ۱- اگر برنامه تلاقی با حداقل جد مشترک انجام شود این برنامه موجب ایجاد فاصله ژنتیکی بین فرزندان خواهد شد و تلاقی این فرزندان موجب بهبود عملکرد در نسل بعد خواهد شد، ۲- جلوگیری از ایجاد افراد خویشاوند موجب عدم وابستگی ژنتیکی در فرزندان می‌شود و در نهایت موجب افزایش تعداد موثر افراد برای نسل بعد خواهد شد این مفهوم در استراتژی یک فرزند در هر تلاقی نمایان می‌شود جایی که از ایجاد برادر و

جدول ۵- میزان پیشرفت ژنتیکی به ازای یک درصد افزایش همخونی

صفات					
LWE	LWB	Hatchability	Chicken Pro	Egg Pro	استراتژی تلاقی
۱۱/۶۵	۴۵/۹۳	۲/۸۵	۳۱/۰۲	۱۷/۲۳	OptTarget
۶/۲۲	۱۶/۸۲	۱/۹۸	۱۰/۸۲	۷/۶۲	Max Criterion
۰/۵۰	۱۶/۶۳	۰/۵۰	۸/۷۵	۸/۲۰	Min Inbreeding
۴/۱۶	۱۴/۱۵	۲/۱۶	۱۱/۰۷	۳/۳۰	Random

عملکرد هر چند ناچیز در صفات تولیدی باشد، استراتژی تلاقی با حداقل همخونی می‌تواند بهترین گزینه باشد. لیکن در صورتی که هدف اصلاح نژاد بهبود صفات اقتصادی باشد و ماهیت جمعیت شتر مرغ‌ها نیز به گونه‌ای است که امکان ورود ذخایر ژنتیکی جدید وجود نداشته باشد و اصلاح کننده یک پیشرفت متناسب و پایدار را در نظر داشته باشد، استراتژی تلاقی بهینه قادر است این نیاز را مرتفع نماید.

تشکر و قدردانی

از آقای دکتر گریگور گرجانک (Gregor Gorjanc) از موسسه روزلین وابسته به دانشگاه ادینبورگ کشور اسکاتلند که صمیمانه به سوالات و ابهامات در خصوص پکیج AlphaSimR و نرم افزار AlphaMate پاسخ دادند، تشکر و قدردانی می‌گردد.

پانویس

- 1- Stochastic Method
- 2- Metaheuristic Method
- 3- Evolutionary Algorithms
- 4- True Breeding Value

صحت پیش بینی ارزش‌های اصلاحی را می‌توان از برآورد همبستگی ارزش‌های اصلاحی برآورد شده و حقیقی برآورد نمود (فروتی‌فر و همکاران، ۱۳۹۲)، لیکن ارزش‌های اصلاحی حقیقی^۴ ناشناخته بوده و برآورد صحت همیشه به صورت تخمینی از صحت واقعی انجام می‌گیرد. در روش شبیه‌سازی به دلیل وجود اثرات متوسط ژنی و امکان پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی حقیقی با تجمع این اثرات، می‌توان به صحت واقعی برآوردها دست یافت. نتایج نشان داد از نسل اول تا نسل پنجم اضافه شدن داده‌های هر نسل به فایل داده و پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی با استفاده از این فایل قادر است به طور متوسط در هر نسل دو درصد به دقت برآوردها اضافه نماید، این اضافه شدن می‌تواند به دلیل وجود جمعیت‌های کوچک باشد. Gierdziewicz و همکاران (1993) بیان کردند در جمعیت‌های کوچک صحت برآوردها که از همبستگی بین ارزش اصلاحی حقیقی و پیش‌بینی شده برآورد می‌شود کم است و موجب کاهش پیشرفت ژنتیکی می‌گردد.

نتیجه‌گیری

اگر هدف یک برنامه اصلاح‌نژادی در گله‌های شتر مرغ مولد پیشرفت سریع بدون وجود محدودیت در میزان رشد همخونی باشد استراتژی تلاقی با بیشترین پیشرفت ژنتیکی می‌تواند در دستور کار قرار گیرد. در صورتی که امکانات تعیین نقشه این تلاقی وجود نداشته باشد، تلاقی تصادفی بهترین جایگزین خواهد بود. در جمعیت‌های بسته با همخونی بالا و یا جمعیت‌هایی که باید به لحاظ ژنتیکی حفاظت شوند و پرورش دهنده به دنبال بهبود

منابع

فروتی‌فر، ص.، مهربانی یگانه، ح. و مرادی شهربابک، م. (۱۳۹۱). مقایسه صحت برآورد ارزش‌های اصلاحی ژنومی و رایج با استفاده از تجزیه دو صفتی و تک صفتی. فصلنامه علوم دامی ایران. شماره ۴۳، صص. ۴۹۷-۵۰۴.

- between ancestral contributions generates less inbreeding without compromising genetic gain in breeding schemes with truncation selection. *Animal*. 3(10): 1339-1346.
- Hudson, R. R. (2004). ms a program for generating samples under neutral models. *Bioinformatics*. 18: 337-338.
- Kinghorn, B.P. and Shepherd, R.K. (1999). Mate selection for the tactical implementation of breeding programs. *Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet*. 13: 130-133.
- Meuwissen, T.H.E. (1997). Maximizing the response of selection with a pre-defined rate of inbreeding. *J. Anim. Sci.*, 75: 934-940.
- Misztal, I., S. Tsuruta., D. Lourenco., I. Aguilar., A. Legarra. and Z. Vitezica. (2015). Manual for BLUPF90 family of program. Accessed Mar. 19, 2016.
- Pong-Wong, R. and Woolliams, J.A. (2007). Optimisation of contribution of candidate parents to maximise genetic gain and restricting inbreeding using semidefinite programming. *Genet. Sel. Evol*. 39: 3–25.
- Sonesson, A. K. and Meuwissen, T. H. E. (2000). Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. *Genetic Selection Evolution*. 32: 231-248.
- Sonesson, A. K. and Meuwissen, T. H. E. (2002). Non-random mating for selection with restricted rates of inbreeding and overlapping generations. *Genetic Selection Evolution*. 34:23-39.
- Sun, X., Peng, T. and Mumm, R. H. (2011). The role and basics of computer simulation in support of critical decisions in plant breeding. *Mol. Breed*. 28: 421–436.
- Toro, M. and Perez-Enciso, M. (1990). Optimization of selection response under restricted inbreeding. *Genet. Sel. Evol*. 22: 93–107.
- Woolliams, J. A., Berg, P., Dagnachew, B. S. and Meuwissen, T. H. E. (2015). Genetic contributions and their optimization. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 132(2): 89-99.
- میراف، ر. کوعی، م، داشاب، غ. ر. و فرجی آروق، ه. (۱۳۹۴). استفاده از شبیه سازی تصادفی برای تعیین برنامه به گزینی مناسب در گاو نژاد سیستانی. دو فصلنامه تولیدات دامی. شماره ۱۷. ص ص. ۱۷۰-۱۶۱.
- نصر، ج. (۱۳۹۰). راهنمای کامل پرورش شترمرغ (چاپ سوم). انتشارات نوربخش. ص ۴۰۳.
- Akdemir, D. and Sanchez, J.I. (2016). Efficient breeding by genomic mating. *Frontiers in Genetics*. 7:1-12.
- Caballero, A. and Santiago, M. A. (1996). Systems of mating to reduce inbreeding in selection populations. *Animal Science*. 62:431-442.
- Chen, G.K., Marjoram, P. and Wall, J.D. (2009). Fast and flexible simulation of DNA sequence data. *Genome Res*. 19: 136–142.
- Cloete, S. W. P., Bunter, K.L. and Van Schalkwyk, S.J. (2002). Progress towards a scientific breeding strategy for ostriches. In: Proceedings of 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, p. 561.
- Fair, D. M. (2012). The genetic and environmental modeling of production and reproduction in ostrich females within and across breeding seasons. Ph.D. Thesis. Faculty of Natural and Agricultural Sciences University of the Free State, South Africa.
- Fairfull, R. W., McMillan, I. M. and Muir, W. M. (1998). Poultry breeding: Progress and prospects for genetic improvement of egg and meat production. In: Proceedings of 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, New England, p. 271.
- Gierdziewicz, M. (1993) Effect of herd size on estimating cattle breeding value. *Animal Science Paper and Reports*. 11(1): 5-11.
- Gorjanc, G., Gaynor, R. C. and Hickey, J. M. (2018). Optimal cross selection for long-term genetic gain in two-part programs with rapid recurrent genomic selection. *Theoretical and Applied Genetics*. online Published: 1-14.
- Haldane, J. (1919). The combination of linkage values and the calculation of distances between the loci of linked factors. *Genetics*. 8: 299-309.
- Henryon, M., Sorensen, A. C. and Berg, P. (2009). Mating animals by minimizing the covariance

