



استراتژی هسته باز در اصلاح نژاد گوسفند به کمک تعیین انساب مولکولی

زهرا باجلان^۱، عباس جهان بخشی^{۱*}، مصطفی صادقی^۲

^۱ گروه علوم دامی، واحد ورامین-پیشوا، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران ^۲ گروه علوم دامی، دانشگاه تهران، پردیس کرج

* نویسنده مسئول : ajb@iauvaramin.ac.ir

چکیده

به منظور مقایسه استراتژیهای هسته باز و بسته در اصلاح نژاد گوسفند، جمعیت پایه شامل ۲۰ هزار میش و ۸۰۰ قوچ در قالب ۴۰ گله به صورت یک هرم با دو لایه شامل: هسته اصلاح نژادی و گله های توزیع کننده مواد ژنتیکی به روش تصادفی شبیه سازی شد و از شبیه سازی گله های تجاری (لایه سوم و پایین ترین سطح هرم) به دلیل عدم تاثیرگذاری بر پاسخ هسته در هر دو استراتژی صرف نظر شد. تغییرات در میانگین لایه توزیع کننده معیار مقایسه قرار گرفت. نتیجه ۳۰ سال انتخاب در هر یک از این دو استراتژی با ۲۰ بار تکرار مورد بررسی و مقایسه قرار گرفت. در پایان هر سال ارزشهای اصلاحی افراد با استفاده از مدل حیوانی بر مبنای اطلاعات موجود از رکورد شخصی و مجموعه رکوردهای خویشاوندان و فرزندان آنها برآورد گردید. گله مربوط به هسته باز فقط از جمعیت میش تشکیل گردید و آمیزشها در آن با نرهای گله های توزیع کننده انجام شد. در هسته باز دو فرض اساسی وجود داشت اول اینکه در سال اول کلیه قوچهای گله های توزیع کننده برای نشانگرهای مورد نظر برای آزمون شجره، تعیین ژنوتیپ شده اند. و دوم اینکه هر ساله ۱۰ درصد از برترین بره ها از نظر فنوتیپ، در هر گله به کمک نشانگرهای مولکولی تعیین انساب شده و ثبت شجره صورت گرفت. هسته بسته با ارتباط یک طرفه با توزیع کننده و با اندازه سه برابر هسته باز شبیه سازی شد. برتری معنی داری در میانگین ارزش های اصلاحی کل گله ها و متوسط همخونی کل جامعه برای هسته باز مشاهده گردید ($p < 0.01$).

واژه های کلیدی: هسته باز، تعیین انساب مولکولی، گوسفند، استراتژی اصلاحی

مقدمه

در ایران، ایستگاه هایی با نام ایستگاه پرورش و اصلاح نژاد گوسفند با استراتژی هسته بسته فعال میباشند. بررسی روند ژنتیکی و فنوتیپی بعضی از صفات تولیدی و تولید مثلی گله های موجود در این ایستگاهها نشان داد که پیشرفت ژنتیکی ایجاد شده در گله های اصلاحی موجود در ایستگاهها بسیار پایین و برای بعضی صفات حتی منفی بوده است (محمود وطن خواه و همکاران، ۱۳۷۵). از اینرو تغییر در استراتژی اصلاح نژاد، با هدف بهبود بازدهی این ایستگاهها از اهمیت برخوردار است. به طور کلی ارزیابی و برآورد ارزش های اصلاحی حیوانات یکی از ستون های اساسی برنامه های بهبود ژنتیکی نژاد می باشد. به منظور ارزیابی ژنتیکی حیوانات به منابع اطلاعاتی نیاز می باشد تا بتوان به کمک آن، ارزش های اصلاحی حیوانات را پیشبینی نمود. این منابع اطلاعاتی عموماً شامل اطلاعات فنوتیپی و روابط خویشاوندی بین افراد می باشد (مرود و همکاران، ۲۰۰۵). در سالهای اخیر با افزایش بهای همزمان سازی فحلی و هزینه های کنترل تولیدمثل، هزینه ثبت هر خط شجره در گله های گوسفند به شدت افزایش یافته به حدی که بویژه در سال اخیر این هزینه از تعیین ژنوتیپ فرد برای دو جایگاه نشانگر فراتر رفت. بدین ترتیب ایده بکارگیری نشانگرها در ثبت شجره بجای روش های مرسوم کنترل تولید مثل مطرح گردید. در این پژوهش سعی شده تا شکلی از



اجرای هسته باز در اصلاح نژاد گوسفند که بر تعیین انساب مولکولی استوار است مورد بررسی و مقایسه با هسته های بسته رایج قرار گیرد.

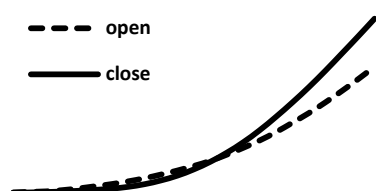
مواد و روشها

به منظور مقایسه استراتژیهای هسته باز و بسته در اصلاح نژاد گوسفند، جمعیتی شامل ۲۰ هزار فرد و ۸۰۰ قوچ در قالب ۴۰ گله به صورت یک هرم با دو لایه شامل: هسته اصلاح نژادی و گله های توزیع کننده با استفاده از نرم افزار برنامه نویسی ویزیوال بیسیک شبیه سازی شد و از شبیه سازی گله های تجاری (لایه سوم و پایین ترین سطح هرم) به دلیل عدم تاثیرگذاری بر پاسخ هسته در هر دو استراتژی صرف نظر شد. تغییرات در میانگین لایه توزیع کننده معیار مقایسه قرار گرفت. این استراتژیها ۳۰ سال اجرا شدند و هر استراتژی ۲۰ بار تکرار گردید. صفت وزن تولد با انحراف معیار ۲۵۰ گرم، وراثت پذیری ۰/۲۱ و میانگین ۳۹۴۰ گرم به شکلی شبیه سازی شد که گله محل تولد نیز به عنوان یک عامل ثابت بر آن تاثیرگذار بود که اثر آن از توزیع نرمال با میانگین صفر و انحراف معیاری معادل ۱۰ درصد انحراف معیار فنوتیپی صفت نمونه گیری شد. ارزشهای اصلاحی افراد برای صفت وزن تولد با تشکیل ماتریس های مدل های مختلط حیوانی BLUP که به روش تکرار گوس سیدل با معیار همگرایی^۶- ۱۰ حل می شد هر ساله پیشبینی شده و در فرآیند انتخاب بهره برداری می شد. هسته بسته از تعداد ۱۰۰۰ راس میش و ۵۰ راس قوچ تشکیل شده و انتخاب چهار مسیره در آن شبیه سازی گردید. هر ساله به تعداد ۲۰ درصد از تعداد کل قوچهای گله های توزیع کننده از بین برترین بره های نر بالغ (قوچهای ۱ ساله) جهت فروش به گله های توزیع کننده انتخاب و به آنها ارایه میشدند. هر ساله قوچ های حذفی در گله های توزیع کننده با خرید تصادفی این قوچهای یک ساله جایگزین میشوند و چنانچه گله ای نمیتوانست تمامی قوچهای حذفی را از بین آنها جایگزین کند نیاز خود را با بره های نر گله خود که بر اساس فنوتیپ انتخاب شده بودند جبران میکرد. البته از آنجاییکه انتظار میرفت به طور متوسط سالانه ۲۰ درصد از قوچها حذف شوند این نوع انتخاب و جایگزینی فنوتیپی به ندرت اتفاق می افتاد. هسته باز فقط از جمعیت میش تشکیل گردید. تعداد میشها برخلاف هسته بسته به صورت پویا، سالانه بر مبنای تعداد بره نر مورد نیاز تعیین از این رو با این فرض که سالانه ۲۰ درصد از ۸۰۰ راس قوچ گله های توزیع کننده (۱۶۰ راس) باید جایگزین شوند و همچنین با در نظر گرفتن شانس ۸۰ درصد دوقلو زایی در هسته (مشابه هسته بسته) و نسبت دو جنس و نسبت انتخاب ۵۰ درصد برای بره های نر، به طور متوسط سالانه به ۳۵۶ راس میش هسته نیاز بود که تقریباً ۳۰ درصد اندازه گله در هسته بسته میباشد. برای آمیزش این میشها سالانه از برترین نرهای گله های توزیع کننده استفاده شد. در هسته باز دو فرض اساسی وجود داشت اول اینکه در سال اول کلیه قوچهای گله های توزیع کننده برای نشانگرهای مورد نظر برای آزمون شجره، تعیین ژنوتیپ شده اند و دوم اینکه هر ساله ۱۰ درصد از برترین بره های هر گله از نظر فنوتیپ انتخاب و فرض شد که این بره ها به کمک نشانگرهای مولکولی مورد نظر تعیین انساب شده و ثبت شجره برای آنها انجام گرفت (آروگا و همکاران، ۲۰۰۱ و سابریوند و همکاران، ۲۰۱۱). بدین ترتیب منابع اطلاعات هر ساله شامل، تمامی قوچهای گله های توزیع کننده، میشهای هسته، تمامی فرزندان هسته، ۱۰ درصد از برترین بره های متولد شده در گله های توزیع کننده که با رکورد فنوتیپی توسط دامدار انتخاب شده و با نشانگرها تعیین انساب می شدند و تمامی افراد بالغی که طی سالهای قبل از مسیرهای فوق در شجره وارد شده بودند. هر ساله اطلاعات بروزرسانی شده و ماتریسها بر اساس آنها تشکیل و ارزشهای اصلاحی پیشبینی میشدند. از بین تمامی قوچهای ارزیابی شده به تعداد ۶ راس قوچ انتخاب و جهت جفتگیری به طور موقت به هسته

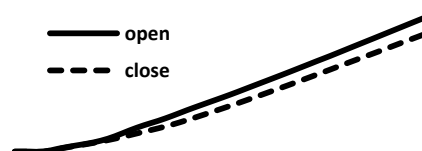
منتقل و سپس به گله مبدا بازگردانده می شدند. سالانه از بین تمامی بر های نر بالغ شامل بر های متولد شده در هسته و آندسته از بر های نری که با تعیین انساب از گله های توزیع کننده وارد ارزیابی شده بودند، به تعداد مورد نیاز برای جایگزینی در توزیع کننده ها، برترین ها انتخاب و بهره برداری شدند. از نرخ آبستنی و زایش با توجه به اینکه بر هر دو استراتژی اثر یکسان داشتند صرف نظر شده و برای هر دو ۱۰۰ درصد شبیه سازی شد.

نتایج و بحث

از سال سوم به بعد برتری میانگین ارزش اصلاحی سالانه میشها در استراتژی هسته باز نسبت به هسته بسته معنی دار بود ($p < 0.01$). اگرچه در سالهای نخستین به علت کمتر بودن تعداد میشهای هسته باز، همخونی در جامعه تجاری آن اندکی بالاتر است ولی مشخص شد در طولانی مدت هسته باز میانگین همخونی کمتری در جامعه گله های توزیع کننده ایجاد میکند. (شکل ۱ و شکل ۲)



شکل ۲- همخونی در جمعیت میش های تجاری (اختلاف دو استراتژی از سال ۲۳ معنی دار شد ($p < 0.01$))



شکل ۱- ارزش اصلاحی در جمعیت میش های تجاری (اختلاف دو استراتژی از سال ۳ معنی دار شد ($p < 0.01$))

از آنجاییکه در هسته باز، ترکیب گله هر ساله در ارتباط دو طرفه با گله های توزیع کننده قرار داد این موضوع باعث میشود که افت انحراف معیار در هسته باز به مراتب از آنچه که در هسته بسته رخ میدهد کمتر باشد که یکی از دلایل برتری پاسخ بلند مدت در هسته باز میتواند همین بالا بودن انحراف معیار باشد. در مقابل با توجه به اینکه میزان اطلاعات موجود به ازای هر فرد در هسته بسته به مراتب از آنچه که در هسته باز رخ میدهد بیشتر است از اینرو دقت ارزیابی برای افراد هسته بسته نیز تا سالهای پایانی از آنچه که از ارزیابی ژنتیکی در هسته باز نتیجه میشود، بیشتر است ولی با وجود دقت بالاتر نیز پیشرفت ژنتیکی حاصل از هسته بسته کمتر میباشد که مهمترین دلایل آن بهره برداری از تنوع ژنتیکی کمتر و همچنین شدت انتخاب کمتر در هسته بسته میباشد. اگرچه در سالهای پایانی با هر چه تکمیل تر شدن شجره، اختلاف دقت ارزیابی نیز از معنی داری خارج میشود ($p < 0.01$). در این پژوهش به ساختار جدیدی برای استراتژی اصلاحی مبتنی بر هسته باز پیشنهاد گردید که متفاوت از موارد پیشین است (جیمز ۱۹۹۷، مولر و همکاران ۱۹۸۳ و شفر ۱۹۹۱) نوع اجرای هسته باز در این مطالعه کاملاً نوین بوده و در طراحی آن امکان اجرا نیز در نظر گرفته شده است.



منابع

وطن خواه.م. ۱۳۷۵ - مروری بر اصلاح نژاد گوسفند در ایران. مجموعه مقالات اولین کنگره علوم دامی و آبزیان کشور. جلد دوم،

صفحه ۵۹۱-۵۹۸

Arruga M.V., Monteagudo L. V., Tejedor M. T., Barrao R., Ponez R. 2001. Analysis of microsatellites and paternity testing in Rasa Aragonesa sheep. *Research in Veterinary Science*. 70: 271-273

James J. W. 1977. Open nucleus breeding systems. *Animal Production* 24: 287-305.

Merode R. A. 2005. *Linear Models for the prediction of Animal Breeding Values*, 2nd edition. CABI, UK.

Mueller J. P. and James J. W. 1983. Effects of reduced variance due to selection in open-nucleus breeding systems. *Australian journal of Agricultural Research* 34: 53-62.

Saberivand A., Javanmard A. and Safdari M. 2011. Parentage verification and identity test of Ghezel sheep using microsatillate markers. *African Journal of Biotechnology* 10(31): 5815-5819

Shepherd, R. K. 1991. Multi-tier open nucleus breeding systems. Ph.D. thesis, University of New England, Armidale