



## Evaluation of frequency of the favorable allele of major gene under overlapping and discrete generation: A study based on simulation

Meysam Latifi<sup>1</sup>, Yousef Naderi<sup>2</sup>

1. Collage of Agriculture, Department of Animal Science, University of Kurdistan, Kurdistan, Iran. Email: [mlganjnameh@gmail.com](mailto:mlganjnameh@gmail.com)

2. Corresponding author, Department of Animal Science, Astara Branch, Islamic Azad University, Astara, Iran. Email: [Yousef.Naderi@iau.ac.ir](mailto:Yousef.Naderi@iau.ac.ir)

Article Info	ABSTRACT
<b>Article type:</b> Research Article	Litter size (LS) is one of the important economic traits in sheep . This trait is influenced by some genes with a large effect. The purpose of this simulation study was to evaluate the fixation selection designs for favorable major gene allele under scenarios of overlapping and discrete generations. In this regard, a trait with heritability of 0.1, and a genome with 26 chromosomes and a major gene was simulated in sheep population. Animals breeding value was predicted using Bayesian threshold model. Selection of animals was based on estimated breeding value (EBV), phenotype (PHEN) and random (RND). After ten generations, genetic gain in selection based on EBV, PHEN and RND under scenario of discrete generation were 8, 23 and 26 percent higher than those in scenario of overlapping generation, respectively. The accuracy of prediction in scenario of discrete generation was higher than scenario of overlapping generation. Means of inbreeding coefficient under scenario of overlapping generation and selection for EBV, PHEN and RND were 0.317, 0.029 and 0.027, respectively, and for scenario of discrete generation were 0.327, 0.058 and 0.056, respectively. In generation ten, the favorable allele of the major gene, in scenario of discrete generation selection based on EBV, PHEN and RND was 1, 46 and 38 percent higher than those in the scenario of overlapping generation, respectively. The results indicated that the scenario of discrete generation selection based on EBV leads to more fixation the favorable allele of the major gene and of genetic gain.
<b>Article history:</b> Received: 30 July 2022 Received in revised form: 11 February 2023 Accepted: 12 February 2023 Published online: 20 March 2024	
<b>Keywords:</b> <i>Selection designs,</i> <i>Genetic gain,</i> <i>Accuracy of prediction.</i>	

**Cite this article:** Latifi, M., & Naderi, Y. (2024). Evaluation of frequency of the favorable allele of major gene under overlapping and discrete generation: A study based on simulation. *Iranian Journal of Animal Science*, 55 (1), 71-79. DOI: <https://doi.org/10.22059/ijas.2023.346498.653901>



© The Author(s).

DOI: <https://doi.org/10.22059/ijas.2023.346498.653901>

**Publisher:** The University of Tehran Press.

### Extended Abstract

#### Introduction

Choosing an appropriate selection strategy for genetic enhancement and stabilizing of a favorite major gene's allele is very important. Objective of this research was to evaluate the fixation selection designs for favorable major gene allele related to multiple births trait under scenarios of overlapping and discrete generations using simulation in a sheep population. Selection scenarios were based on random selection (RND), estimated breeding value (EBV), and, phenotype (PHEN) . Genetic progress, evaluation accuracies, inbreeding rate, and the frequency of the desired allele were evaluated and compared after ten generations of selection in two scenarios.

#### Materials and methods

QMSim software (Sargolzaei & Schenkel, 2009) was used to simulate a sheep population. First, a historical population with an effective size of 1000 animals, including 500 male and 500 female was created. These animals were randomly mated for 1000 generations. Then, from the last generation of the historical population, 50 male and 500 female were selected based on estimated breeding value (EBV), phenotypic value (PHEN) and random (RND) and crossed for ten generations. Next, a sex-limited trait with heritability of 0.1 and a

genome consisting of 26 chromosomes, each with the length of one Morgan. was simulated. It assumed that 60% of the additive genetic variance of this trait was polygenic and the remaining 40% was assigned to a QTL. This QTL was assigned as a major gene on one of the chromosomes. QTL effect was simulated from gamma distribution with parameter 0.4 and phenotypic variance of the one. The initial frequency of the desired allele of this major gene (QTL) in the zero generation was considered to be 0.1. Two selection scenarios of overlapping and discrete generations were applied to investigate the effect of selection programs on increasing desired allele frequency, genetic progress and average inbreeding rate after ten generations of selection. Furthermore, 20% of the above phenotypes were considered as twin and the remaining 80% as single birth in order to create the threshold phenotypes for this trait.

### **Results and discussion**

The genetic improvement based on EBV, PHEN and RND in the scenario of no generation interference was 8, 23 and 26% higher than corresponding values in the generation interference scenario. The accuracy of the evaluation in the generation interference and the absence of generation interference scenarios for the EBV, PHEN, and RND selected design were 0.87, 0.66, and 0.54, and 0.89, 0.69, and 0.55, respectively. With increasing selection intensity, the evaluation accuracy increased in both scenarios. According to the results of this research, if the goal is to increase the desired frequency of the major gene in native breeds, it is suggested to use the scenario of no generation interference and EBV selection plan to stabilize the desired allelic frequency of the major gene. The average inbreeding coefficient in the selected designs of EBV, PHEN and RND in the scenario of no generation interference were higher by 0.01, 0.023 and 0.029, respectively, compared to the generation interference scenario. In case of generation interference, parents are selected from different generations, and as a result, the structure of the pedigree becomes more heterogeneous, thus reducing inbreeding.

### **Conclusion**

The results of current study showed that the scenario of no generation interference leads to an increase in genetic gain, evaluation accuracy, desired allele the frequency of major gene, and inbreeding in the EBV, PHEN and RND selection designs compared to the generation interference scenario. Hence, when aiming to stabilize the desired allele of the major gene influencing the multiple births trait in native breeds, it is recommended to use the scenario without generational interference, employing selection scheme based on EBV.

## ارزیابی فراوانی آللی مطلوب ژن عمده تحت تداخل و نبود تداخل نسل: مطالعه‌ای مبتنی بر شبیه‌سازی

میثم لطیفی<sup>۱</sup> | یوسف نادری<sup>۲</sup> ✉<sup>۱</sup> گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان، کردستان، ایران. رایانامه: [mlganjnameh@gmail.com](mailto:mlganjnameh@gmail.com)<sup>۲</sup> نویسنده مسئول، گروه علوم دامی، واحد آستارا، دانشگاه آزاد اسلامی، آستارا، ایران. رایانامه: [Yousef.Naderi@iau.ac.ir](mailto:Yousef.Naderi@iau.ac.ir)

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله پژوهشی	یکی از صفات مهم اقتصادی در گوسفند چندقلوزایی می‌باشد. این صفت تحت تأثیر بعضی از ژن‌ها با اثر بزرگ می‌باشد. هدف از مطالعه حاضر ارزیابی انواع طرح‌های انتخابی برای تثبیت آللی مطلوب ژن عمده در صفت چندقلوزایی تحت سناریوهای تداخل و نبود تداخل نسل بود. بدین منظور یک صفت چندقلوزایی با وراثت‌پذیری ۰/۱، متشکل از ۲۶ کروموزوم و یک ژن عمده در جمعیت گوسفند شبیه‌سازی شد. ارزش اصلاحی حیوانات با استفاده از مدل آستانه‌ای بیزی پیش‌بینی شد. انتخاب حیوانات بر اساس ارزش اصلاحی (EBV)، فنوتیپی برتر (PHEN) و تصادفی (RND) بود. پیشرفت ژنتیکی بعد از ده نسل انتخاب در طرح‌های انتخابی EBV، PHEN و RND تحت سناریوی نبود تداخل نسل نسبت به سناریوی وجود تداخل نسل، به ترتیب ۸، ۲۳ و ۲۶ درصد بیشتر بود. صحت ارزیابی در سناریوی تداخل نسل در مقایسه با سناریوی نبود تداخل نسل بیشتر بود. میانگین ضریب همخونی بعد از ده نسل انتخاب در سناریوی تداخل نسل برای طرح‌های انتخابی EBV، PHEN و RND به ترتیب ۰/۳۱۷، ۰/۰۲۹ و ۰/۰۲۷ و برای سناریوی نبود تداخل نسل به ترتیب ۰/۳۲۷، ۰/۰۵۸ و ۰/۰۵۶ بود. در سناریوی نبود تداخل نسل فراوانی آللی مطلوب در طرح‌های انتخابی EBV، PHEN و RND به ترتیب یک، ۴۶ و ۳۸ درصد نسبت به سناریوی تداخل نسل بیشتر بود. نتایج نشان داد که سناریوی نبود تداخل نسل با استفاده از طرح انتخابی EBV منجر به تثبیت آللی مطلوب ژن عمده و پیشرفت ژنتیکی بیشتری می‌شود.
تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۵/۰۸ تاریخ بازنگری: ۱۴۰۱/۱۱/۲۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۱/۲۳ تاریخ انتشار: ۱۴۰۳/۰۱/۰۱	
کلیدواژه‌ها: طرح انتخابی، پیشرفت ژنتیکی، صحت ارزیابی.	

استناد: لطیفی، میثم؛ و نادری، یوسف (۱۴۰۳). ارزیابی فراوانی آللی مطلوب ژن عمده تحت تداخل و نبود تداخل نسل: مطالعه‌ای مبتنی بر شبیه‌سازی. نشریه علوم دامی ایران،

DOI: <https://doi.org/10.22059/ijas.2023.346498.653901> ۷۹-۷۱، (۱)، ۵۵

© نویسندگان.

DOI: <https://doi.org/10.22059/ijas.2023.346498.653901>

ناشر: مؤسسه انتشارات دانشگاه تهران.

## مقدمه

صفات تولید مثلی اثرات مهمی در سودآوری حیوانات مزرعه‌ای دارند. این صفات (مانند نرخ تخمک‌ریزی و چندقلوزایی)، صفات پیچیده‌ای می‌باشند که تحت تاثیر تعداد محدودی ژن با اثر بزرگ (عمده) و تعداد زیادی ژن با اثر کوچک هستند (Drouilhet *et al.*, 2009). ژن عمده ژنی است که تفاوت بین عملکرد دو هموزیگوس حداقل نصف انحراف معیار از کل واریانس فنوتیپی را شامل شود (Falconer & Mc Kay, 2004). ژن‌های عمده تاثیر زیادی بر نرخ تخمک‌ریزی و چندقلوزایی دارند (Salehi *et al.*, 2022; Vinet *et al.*, 2012). برای نمونه ژن *FecL* در نژاد لاکون نرخ تخمک‌ریزی را در صورت هموزیگوس و هتروزیگوس بودن ژن، به ترتیب به مقدار ۳ و ۱/۵ برابر افزایش می‌دهد (Vinet *et al.*, 2012).

در نژادهای بومی ایرانی نیز وجود ژن عمده موثر بر چندقلوزایی تایید شده است. برای نمونه فراوانی آللی ژن *FecB* در نژادهای زل و کلکوهی به ترتیب یک درصد و ۳۵ درصد گزارش شده است (Mahdavi *et al.*, 2014; Asadpour *et al.*, 2012). میانگین صفت چندقلوزایی در گوسفندان ایرانی کم است. برای نمونه میانگین چندقلوزایی در گوسفندان نژاد گیلانی، کرمانی و مهربانی به ترتیب ۱/۰۵، ۱/۰۶ و ۱/۱۳ گزارش شده است (Mokhtari *et al.*, 2010; Latifi *et al.*, 2013; Eteqadi *et al.*, 2017). پژوهش‌ها نشان داده است که با انتخاب داخل نژادی افزایش میانگین تعداد بره به ازای هر زایش و پیشرفت ژنتیکی در سال به ترتیب ۲ درصد و ۱/۲ درصد می‌باشد (Elsen *et al.*, 1994). انتخاب و طرح‌های آمیزشی والدین دو بخش اساسی برنامه‌های اصلاح نژادی می‌باشند که باید برای دستیابی به پیشرفت ژنتیکی بیشتر و همخونی کمتر، بهینه شوند (Nirea *et al.*, 2012). در بیشتر برنامه‌های اصلاح نژادی تعادل بین پیشرفت ژنتیکی و همخونی ضرورت دارد. افزایش پیشرفت ژنتیکی در یک بازه‌ی زمانی کوتاه معمولاً با افزایش همخونی مرتبط می‌باشد (Brisbane *et al.*, 1995). مطالعات شبیه‌سازی شده نشان داده است طرح آمیزشی بر اساس حداقل همخونی منجر به پیشرفت ژنتیکی بیشتری نسبت به طرح آمیزشی تصادفی می‌شود (Sonesson *et al.*, 2002).

با توجه به مطالب گفته شده، گزینش یک طرح انتخابی مناسب برای پیشرفت ژنتیکی و تثبیت آلل مطلوب ژن عمده از اهمیت خاصی برخوردار است. بنابراین هدف از پژوهش حاضر شبیه‌سازی صفت چندقلوزایی در جمعیت گوسفند همراه با یک ژن عمده به منظور الف) بررسی طرح‌های انتخاب تصادفی (RND)، انتخاب بر اساس ارزش اصلاحی (EBV) و فنوتیپ برتر (PHEN) با در نظر گرفتن دو سناریوی تداخل و نبود تداخل نسل و ب) مقایسه پیشرفت ژنتیکی، صحت ارزیابی، نرخ همخونی و مقدار فراوانی آللی مطلوب بعد از ده نسل انتخاب بود.

## مواد و روش‌ها

### ایجاد جمعیت و ساختار ژنوم

به منظور شبیه‌سازی یک جمعیت گوسفند از نرم افزار QMSim استفاده شد (Sargolzaei & Schenkel, 2009). ابتدا جمعیت تاریخی به اندازه موثر ۱۰۰۰ حیوان، شامل ۵۰۰ حیوان نر و ۵۰۰ حیوان ماده ایجاد شد. این حیوانات به مدت ۱۰۰۰ نسل به صورت تصادفی با یکدیگر آمیزش داده شدند. سپس از نسل آخر جمعیت تاریخی، ۵۰ حیوان نر و ۵۰۰ حیوان ماده انتخاب شدند و به مدت ده نسل بر اساس طرح‌های انتخابی شامل انتخاب بر اساس ارزش اصلاحی (EBV)، فنوتیپ (PHEN) و انتخاب تصادفی (RND) تلاقی داده شدند. در ادامه یک صفت محدود به جنس با وراثت‌پذیری ۰/۱ و ژنومی متشکل ۲۶ کروموزوم، هریک به طول یک مورگان شبیه‌سازی شد. ۶۰ درصد از واریانس ژنتیکی افزایشی صفت شبیه‌سازی شده به صورت پلی‌ژنیک (۰/۰۶) و ۴۰ درصد باقی مانده به یک QTL اختصاص داده شد (۰/۰۴). این QTL به عنوان ژن عمده بر روی یکی از کروموزوم‌ها شبیه‌سازی شد. واریانس اختصاص داده شده به QTL شبیه‌سازی شده بر اساس واریانس ژن *FecL* بود (Bodin *et al.*, 2014). نرخ جهش برای QTL،  $10^{-5} \times 2/5$  بود. اثر QTL از توزیع گاما با پارامتر شکل ۰/۴ شبیه‌سازی شد. واریانس فنوتیپی صفت شبیه‌سازی شده نیز یک بود. فراوانی اولیه آللی مطلوب ژن عمده (QTL) در نسل صفر ۰/۱ در

نظر گرفته شد تا اثر طرح‌های انتخابی بر افزایش فراوانی آللی مطلوب، پیشرفت ژنتیکی و میانگین همخونی بعد از ده نسل انتخاب با وجود تداخل و نبود تداخل نسل بررسی شود. همچنین، به منظور ایجاد فنوتیپ‌های آستانه‌ای صفت چندقلوزایی، به ترتیب ۲۰ درصد از فنوتیپ‌های بالا دو و ۸۰ درصد باقی‌مانده یک در نظر گرفته شدند. در جمعیت شبیه‌سازی شده به ازای هر میش ۵ فرزند در هر نسل ایجاد شد. به طور کلی در نسل پایه ۵۵۰ حیوان و از نسل یک تا ده به ازای هر نسل ۲۵۰۰ حیوان ایجاد شد. برای تداخل نسل، نرخ جایگزینی به ترتیب برای نرها و ماده‌ها ۰/۴ و ۰/۲ و برای نبود تداخل نسل نرخ جایگزینی نرها و ماده‌ها یک در نظر گرفته شد. نسبت جنسیت برای فرزندان نیز ۰/۵ بود. شبیه‌سازی مطالعه حاضر در ده تکرار انجام شد. پارامترهای شبیه‌سازی شده در جدول (۱) نشان داده شده است.

### پیش‌بینی ارزش اصلاحی

ارزش اصلاحی حیوانات و انتخاب حیوانات برتر به عنوان والد برای نسل بعد با استفاده از مدل زیر پیش‌بینی شد:

$$l = \mathbf{1}_n \mu + \mathbf{Z}a + e \quad (1)$$

در این مدل  $l$  بردار متغیر پنهان برای صفت چندقلوزایی (یک آستانه و دو دسته)،  $\mu$  میانگین کل،  $\mathbf{1}_n$  بردار یک‌ها،  $a$  بردار تصادفی اثرات ژنتیکی افزایشی،  $Z$  ماتریس طرح که اثرات ژنتیکی افزایشی حیوانات را به مشاهدات ارتباط می‌دهد و  $e$  بردار اثرات تصادفی باقیمانده می‌باشد. ارزش‌های اصلاحی با رویکرد آماری بیزی و بسته MCMC glmm (Hadfield, 2010) نرم افزار R پیش‌بینی شدند. در این روش برای اثرات ثابت توزیع پیشین تخت، برای اثرات ژنتیکی افزایشی توزیع پیشین نرمال و همچنین برای مولفه‌های واریانس توزیع کای اسکور معکوس در نظر گرفته شد. زنجیره‌ی نمونه‌برداری گیبس و دوره سوخته به ترتیب ۲۵۰۰۰ و ۲۵۰۰۰ در نظر گرفته شد. به منظور مستقل بودن نمونه‌های گرفته شده فاصله‌ی نمونه‌برداری نیز ۱۰۰ منظور شد.

جدول ۱. پارامترها و ژنوم

جمعیت تاریخی و فعلی	۱۰۰۰ (۱۰۰۰)
تعداد نسل (اندازه موثر جمعیت)	۱۰
تعداد نسل جمعیتی پایه	ارزش اصلاحی، فنوتیپ برتر و تصادفی
طرح‌های انتخابی	سن
طرح حذفی	۵۰ (۵۰۰)
تعداد نرها (ماده‌های پایه)	۵
تعداد نتاج به ازای هر حیوان ماده	۰/۵
نسبت جنسیت برای فرزندان	ژنوم
ژنوم	۰/۵
وراثت‌پذیری	۴۰٪
واریانس QTL با اثر بزرگ (%)	۲۶
تعداد کروموزوم	۲۶ مورگان
طول کل ژنوم	یک عدد
تعداد QTL	گاما
توزیع QTL	۵ - ۱۰ × ۲/۵
نرخ جهش QTL	تصادفی
موقعیت QTL	

## نتایج و بحث

میانگین ارزش اصلاحی حقیقی، صحت ارزیابی، فراوانی آلی مطلوب ژن عمده و میزان همخونی در طرح‌های انتخابی EBV، PHEN و RND بعد از ده نسل انتخاب در سناریوی تداخل نسل و نبود تداخل نسل در جدول (۲) ارائه شده است. همچنین میانگین ارزش‌های اصلاحی حقیقی و فراوانی آلی مطلوب در هر نسل در شکل‌های (۱) و (۲) نشان داده شده است. میانگین ارزش اصلاحی حقیقی بعد از ده نسل انتخاب در سناریوی تداخل نسل در طرح‌های انتخابی EBV، PHEN و RND به ترتیب ۲/۰۰۳، ۱/۰۲۱ و ۰/۱۴۹ و در سناریوی نبود تداخل نسل به ترتیب ۲/۱۵۹، ۱/۲۵۲ و ۰/۱۸۹ بود. نتایج نشان داد که در صورت وجود یا نبود تداخل نسل بیشترین مقدار پیشرفت ژنتیکی در طرح انتخابی EBV و کمترین آن در طرح انتخابی RND می‌باشد. به عبارت دیگر پیشرفت ژنتیکی در طرح‌های انتخابی EBV، PHEN و RND در سناریوی نبود تداخل نسل به ترتیب به مقدار ۸، ۲۳ و ۲۶ درصد نسبت به سناریوی تداخل نسل بیشتر بود. علت این امر می‌تواند استفاده از طرح آمیزشی بر مبنای حداقل همخونی باشد. استفاده از طرح آمیزشی بر مبنای حداقل همخونی با وجود تداخل نسل، سبب می‌شود حیوانات با حداقل خویشاوندی از نسل‌های قبل انتخاب شوند. بنابراین حیوانات از نسل‌های پایین‌تر با ارزش اصلاحی کمتر انتخاب شوند و در نتیجه مقدار پیشرفت ژنتیکی در صورت وجود تداخل نسل در مقایسه با نبود تداخل نسل کمتر می‌باشد. باید به این نکته اشاره کرد که در مطالعه حاضر فاصله نسل یکسان در نظر گرفته شد. وجود تداخل نسل سبب می‌شود که افراد نسل‌های پیشین در نسل‌های بعدی جهت آمیزش شرکت کنند، در نتیجه سن والدین افزایش می‌یابد و به تبع آن فاصله نسل نیز افزایش می‌یابد.

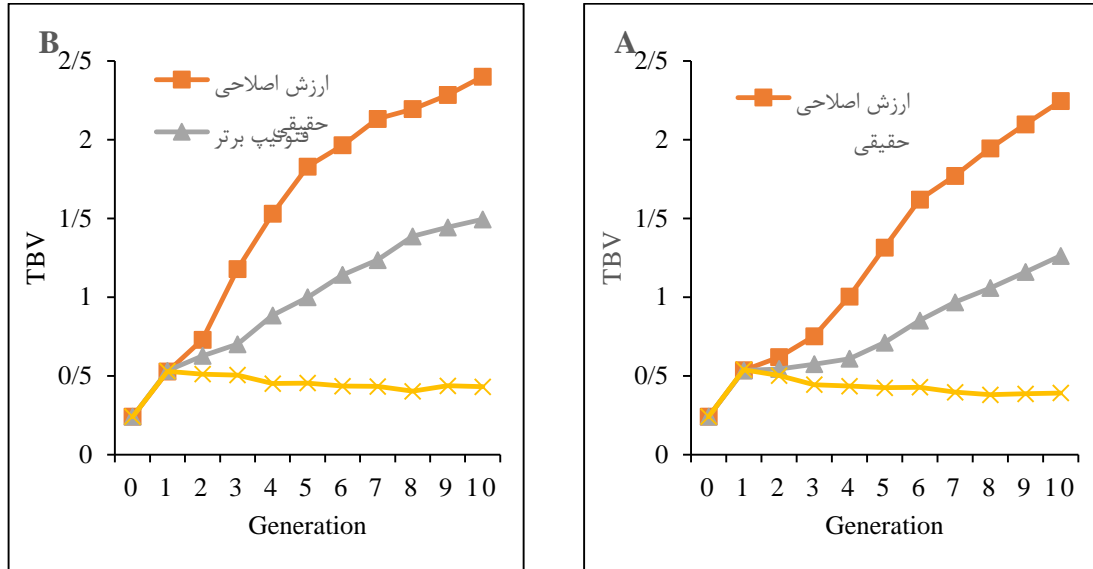
صحت ارزیابی در سناریوی تداخل نسل برای طرح انتخابی EBV، PHEN و RND به ترتیب ۰/۸۷، ۰/۶۶ و ۰/۵۴ و در سناریوی نبود تداخل نسل به ترتیب ۰/۸۹، ۰/۶۹ و ۰/۵۵ بود. با افزایش شدت انتخاب صحت ارزیابی در هر دو سناریو افزایش یافت. همچنین، مقایسه اعداد نامبرده نشان می‌دهد که صحت ارزیابی در سناریوی نبود تداخل نسل نسبت به سناریوی تداخل نسل بیشتر می‌باشد. این افزایش نسبی صحت ارزیابی را می‌توان به بالا بودن مقدار ضریب همخونی در سناریوی نبود تداخل نسل نسبت داد (جدول ۲). محققین گزارش نموده‌اند که بالا بودن مقدار خویشاوندی در حیوانات منجر به افزایش صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی می‌شود (Clark et al., 2012).

جدول ۲. پیشرفت ژنتیکی، صحت ارزیابی، افزایش فراوانی آلی مطلوب و افزایش میانگین ضریب همخونی تحت طرح‌های انتخابی مختلف.

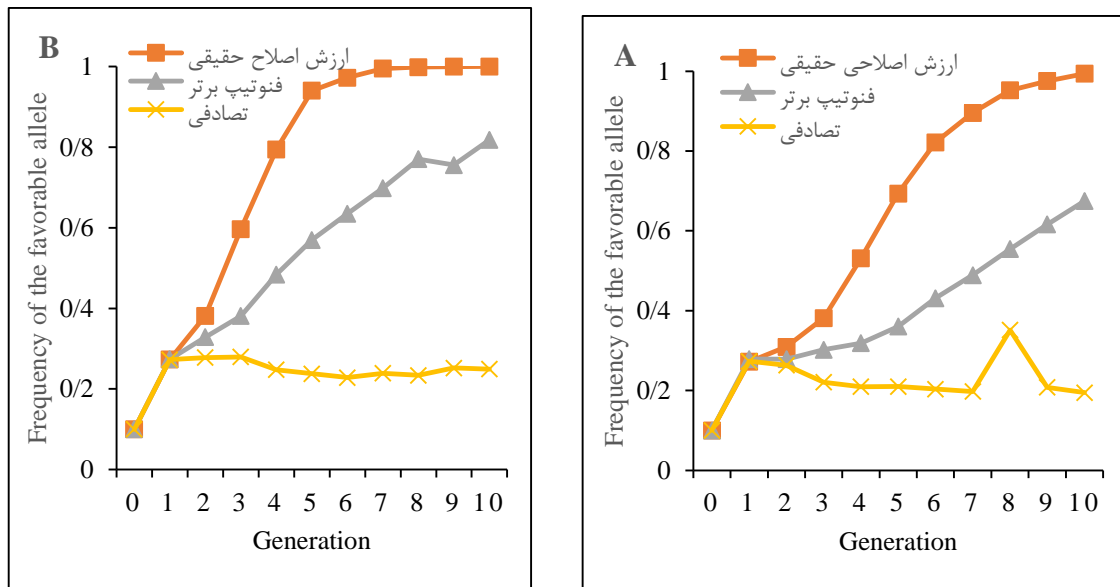
طرح انتخابی	ارزش اصلاحی حقیقی	صحت ارزیابی	فراوانی آلی مطلوب	همخونی
ارزش اصلاحی	۲/۰۰۳ ± ۰/۱۲۹	۰/۸۷۵ ± ۰/۰۱۵	۰/۸۴۱ ± ۰/۰۲۱	۰/۳۱۷ ± ۰/۰۵۰
تداخل نسل	۱/۰۲۱ ± ۰/۱۲۴	۰/۶۶۱ ± ۰/۰۴۶	۰/۴۷۷ ± ۰/۰۴۶	۰/۰۲۹ ± ۰/۰۰۳
تصادفی	۰/۱۴۹ ± ۰/۰۴۱	۰/۵۴۱ ± ۰/۰۳۴	۰/۱۱۴ ± ۰/۰۳۵	۰/۰۲۷ ± ۰/۰۰۱
ارزش اصلاحی	۲/۱۵۹ ± ۰/۱۳۰	۰/۸۹۱ ± ۰/۰۲۱	۰/۸۸۶ ± ۰/۰۳۱	۰/۳۲۹ ± ۰/۰۱۰
نبود تداخل نسل	۱/۲۵۲ ± ۰/۱۱۱	۰/۶۸۸ ± ۰/۰۷۵	۰/۷۰۰ ± ۰/۰۹۴	۰/۰۵۸ ± ۰/۰۰۳
تصادفی	۰/۱۸۹ ± ۰/۰۶۹	۰/۵۴۴ ± ۰/۰۲۱	۰/۱۵۸ ± ۰/۰۴۳	۰/۰۵۶ ± ۰/۰۰۲

مقادیر فراوانی آلی مطلوب در نسل صفر با مقدار اولیه ۰/۱ شروع شد و بعد از ده نسل انتخاب در طرح‌های انتخابی EBV، PHEN و RND در سناریوی تداخل نسل ۰/۹۹، ۰/۶۷ و ۰/۱۹ و در سناریوی نبود تداخل نسل به ترتیب ۱، ۰/۸۲ و ۰/۲۵ بود (شکل ۲). در سناریوی نبود تداخل نسل و انتخاب EBV، فراوانی آلی مطلوب در نسل نه، ۰/۹۹ بود که با مقدار به دست آمده در سناریوی تداخل نسل و انتخاب EBV در نسل دهم برابر بود. بنابراین استفاده از سناریوی نبود تداخل نسل منجر به کاهش تعداد نسل‌های انتخابی به منظور تثبیت فراوانی آلی شده و در نتیجه هزینه‌های برنامه‌ها اصلاح نژادی را کاهش می‌دهد. در سناریوی نبود تداخل نسل فراوانی آلی مطلوب در طرح‌های انتخابی EBV، PHEN و RND به ترتیب یک، ۴۶

و ۳۸ درصد نسبت به وجود تداخل نسل بیشتر بود. در سناریوی نبود تداخل نسل فراوانی آللی مطلوب ژن عمده با سرعت بیشتری به سمت تثبیت شدن پیش می‌رود.



شکل ۱- میانگین ارزش اصلاحی حقیقی در طرح های انتخابی با وجود تداخل نسل (A) و نبود تداخل نسل (B).



شکل ۲- فراوانی آلل مطلوب ژن عمده در طرح های انتخابی با وجود تداخل نسل (A) و نبود تداخل نسل (B).

با توجه به نتایج حاصل در صورتی که هدف افزایش فراوانی مطلوب ژن عمده در نژادهای بومی باشد، استفاده از سناریوی نبود تداخل نسل و طرح انتخابی EBV جهت تثبیت فراوانی آللی مطلوب ژن عمده پیشنهاد می‌شود. در مطالعه‌ای پس از پنج نسل انتخاب با استفاده از روش سنتی و آمار بیزی مقدار فراوانی آلل مطلوب ژن عمده از ۰/۰۹ به ۰/۶۲ افزایش یافت (Latifi

(*et al.*, 2020). در پژوهشی دیگر، مقدار فراوانی آلی مطلوب بعد از ۲۵ نسل انتخاب با استفاده از روش سنتی BLUP از ۰/۱ به ۰/۹۶ رسید (Pedersen *et al.*, 2009). این محققین گزارش کردند که استفاده از روش‌های انتخاب به کمک نشانگر و انتخاب ژنومی صحت ارزیابی افزایش می‌یابد و در نتیجه فراوانی آلی مطلوب ژن عمده و پیشرفت ژنتیکی بیشتری حاصل می‌شود (Pedersen *et al.*, 2009؛ Latifi *et al.*, 2020).

میانگین ضریب همخونی بعد از ده نسل انتخاب در سناریوی تداخل نسل برای طرح‌های انتخابی EBV، PHEN و RND ترتیب ۰/۳۱۷، ۰/۰۲۹ و ۰/۰۲۷ بود و در سناریوی نبود تداخل نسل به ترتیب ۰/۳۲۹، ۰/۰۵۸ و ۰/۰۵۶ بود. میانگین ضریب همخونی در طرح‌های انتخابی EBV، PHEN و RND در سناریوی نبود تداخل نسل به ترتیب به مقدار ۰/۰۱، ۰/۰۲۳ و ۰/۰۲۹ نسبت به سناریوی تداخل نسل بیشتر بود. در صورت تداخل نسل، والدین از نسل‌های مختلف انتخاب می‌شوند و در نتیجه ساختار شجره بیشتر ناهمگن می‌شود (Sonesson *et al.*, 2002) بنابراین همخونی کاهش می‌یابد. نتایج مطالعه‌ی حاضر با مطالعات محققین مطابقت دارد (Naderi & Latifi, 2019). این محققین گزارش کردند مقادیر همخونی با وجود تداخل نسل نسبت به نبود تداخل نسل به مقدار ۵۰ درصد کمتر می‌باشد. عدم افزایش ضریب همخونی در گله‌های بومی به منظور مقاومت در برابر بیماریها و افزایش تولید از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است (Enayati *et al.*, 2019). تداخل نسل می‌تواند به عنوان یک راهکار مناسب جهت حفظ گونه‌های در حال انقراض استفاده شود

## نتیجه‌گیری

نتایج حاصل از این مطالعه نشان داد سناریوی نبود تداخل نسل منجر به افزایش پیشرفت ژنتیکی، افزایش صحت ارزیابی، افزایش فراوانی آلی مطلوب ژن عمده و افزایش همخونی در طرح‌های انتخابی EBV، PHEN و RND در مقایسه با سناریوی تداخل نسل می‌شود. بنابراین اگر در نژادهای بومی، هدف تثبیت آلی مطلوب ژن عمده موثر بر صفت چند قلوزایی می‌باشد، سناریوی نبود تداخل نسل با استفاده از طرح انتخابی EBV پیشنهاد می‌شود.

## REFERENCES

- Asadpour, R., Jafari-Joozani, R., Alijani, S. & Mahmodi, H. (2012). Detection of polymorphism in booroola gene (FecB) and its association with litter size in Zel sheep breed in Iran. *Slovak Journal of Animal Science*, 45, 63-66.
- Bodin, L., Martin, P. M. & Raoul, J. (2014). Effects of the FecL Major Gene on Mean and Variance of Litter Size in the Lacaune Meat Sheep Population. *Proceedings, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, Vancouver, Canada*.
- Brisbane, J.R & Gibson, P. J. (1995). Balancing selection response and rate of inbreeding by including genetic relationships in selection decisions. *Theoretical and Applied Genetics*, 91, 421-431.
- Clark, S.A., Hickey, J.M., Daetwyler, H.D & van der Werf, J.H. (2012). The importance of information on relatives for the prediction of genomic breeding values and the implications for the makeup of reference data sets in livestock breeding schemes. *Genetics Selection Evolution*, 44:4.
- Drouilhet, L., Lecerf, F., Bodin, L., Fabre, S. & Mulsant, P. (2009). Fine mapping of the FecL locus influencing prolificacy in Lacaune sheep. *Animal Genetics*, 40, 804-812.
- Elsen, J. M., Bodin, L., Francois, D., Poivey, J. P. & Teyssier, J. (1994). Genetic improvement of litter size in sheep, *Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 237-244 pp., Guelph, Ontario, Canada.
- Enayati, B., Rashidi, A., Abdollahi-Arpanahi, R. & Razmkabir, M. (2019). The evaluation of breeding strategies in Mazandaran native fowls using computer simulation. *Iranian Journal of Animal Science*, 49(4), 481-494. (In Farsi)
- Eteqadi, B., GhaviHossein-Zadeh, N. & Shadparvar, A. A. (2017). Genetic analysis of basic and composite reproduction traits in Guilan sheep. *Annals of Animal Science*, 17, 105-116.



- Falconer, D.C and Mc Kay, T. F C. (2004). Introduction to Quantitative Genetics. Addison Wesley Longman (Pearson Education).
- Hadfield, J.D & Nakagaw, S. (2010). General quantitative genetic methods for comparative biology: phylogenies, taxonomies and multi-trait models for continuous and categorical characters. *Journal of Evolutionary Biology*, 23, 494-508.
- Latifi, M., Rashidi, A., Abdollahi-Arpanahi, R. & Razmkabir, M. (2020). Comparison of different selection methods for improving litter size in sheep using computer simulation. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 18(1), e0403.
- Latifi, M., Alijani, S., Taghizadeh, A. & Moghaddam, Gh. (2013). Comparison of different models to estimate of genetic parameters of litter size by Bayesian method in the Mehrabani sheep. *Journal of Ruminant Researches*, 1(1), 1-11. (In Farsi)
- Mahdavi, M., Nanekarani, S. & Hosseini, S.D. (2014). Mutation in BMPR-IB gene is associated with litter size in Iranian Kolehkoohi sheep. *Animal Reproduction Science*, 147, 93-98.
- Mokhtari, M.S., Rashidi, A. & Esmailzadeh, A. K. (2010). Estimates of phenotypic and genetic parameters for reproductive traits in Kermani sheep. *Small Ruminant Research*, 88, 27-31.
- Naderi, Y. & Latifi, M. (2019). Effect of mating designs on genetic gain and Increase of average inbreeding: A simulation study. *Iranian Journal of Animal Science*, 50(2), 115-120. (In Farsi)
- Nirea, K.G., Sonesson, A. K., Woolliams, J.A. & Meuwissen, T.H. (2012). Effect of non-random mating on genomic and BLUP selection schemes. *Genetics Selection Evolution*, 44, 11.
- Pedersen, L.D., Sørensen, A.C. & Berg, P. (2009). Marker-assisted selection can reduce true as well as pedigree-estimated inbreeding. *Journal of Dairy Science*, 92, 2214-2223.
- Salehi, A., Rostami, F & Bakhtiari Zadeh, M.R. (2022). Study of B4GALNT2 (FecL) gene mutation by using High Resolution Melting (HRM) technique in Zandi sheep. *Iranian Genetics Society*, 17 (1): 87-90.
- Sargolzaei, M & Schenkel, F.S. (2009). QMSim: a large scale genome simulator for livestock. *Bioinformatics*, 25, 680-681.
- Sonesson, A & Meuwissen, T. (2002). Non-random mating for selection with restricted rates of inbreeding and overlapping generations. *Genetics Selection Evolution*, 34(1), 23-39.
- Vinet, A., Drouilhet, L., Bodin, L., Mulsant, P., Fabre, S. & Phocas, F. (2012). Genetic control of multiple births in low ovulating mammalian species. *Mammalian Genome*, 23, 727-740.
- Hadfield, J.D & Nakagaw, S. (2010). General quantitative genetic methods for comparative biology: phylogenies, taxonomies and multi-trait models for continuous and categorical characters. *Journal of Evolutionary Biology*, 23, 494-508.