

طراحی نرم افزار پیش بینی ارزش ارثی حیوانات با استفاده از اطلاعات کمی و مولکولی

ثریا رفیعی^۱، مرادپاشا اسکندری نسب^{۲*}، داریوش سلیمی^۳، طاهر هرکی نژاد^۳ و روناک خرمتایی^۳

۱- دانش آموخته کارشناسی ارشد دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان

۲- دانشیار دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان

۳- پژوهشکده فیزیولوژی و بیوتکنولوژی دانشگاه زنجان

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۰/۷/۱۱ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۱/۲/۵)

چکیده

در تحقیق حاضر اقدام به تولید نرم افزار MAS شد. این نرم افزار برای پیش بینی ارزش ارثی از تلفیق اطلاعات کمی و مولکولی استفاده می نماید. بعضی از ژن های که یک صفت را کنترل می کنند، می توانند نسبت به بقیه دارای اثرات بزرگی باشند. این قبیل ژن ها، ژن های با اثر بزرگ نامیده می شوند که در QTL ها مکان یابی می شوند. دنبال کردن الگوی توارث این قبیل QTL ها می تواند برای کمک به انتخاب مورد استفاده قرار بگیرد. این موضوع مجالی برای افزایش برنامه های پیشرفت ژنتیکی حیوانات اهلی به وسیله انتخاب به کمک نشانگرها (MAS) را فراهم می سازد. کارایی انتخاب به کمک نشانگرها بر شاخصی متشکل از اطلاعات فنوتیپی و مولکولی پایه گذاری شده است. نرم افزار MAS براساس روش های مدل مختلط (MMM) با زبان برنامه نویسی C# تهیه شد. در این نرم افزار از مدل دام برای پیش بینی ارزش ارثی به فرم ماتریسی استفاده شد. با تعیین پلی مورفیسم ناحیه پروموتور ژن DGAT1، پس از استخراج DNA از نمونه های خون، مراحل PCR روی نمونه های DNA انجام گرفت. فراوانی های آللی و ژنوتیپی حیوانات مشخص شد. از نرم افزار MAS برای پیش بینی ارزش ارثی تعداد ۸۰ رأس از بره های نر گله اصلاح نژادی طرح ملی اصلاح نژاد گوسفند افشاری مزرعه آموزشی دانشگاه زنجان استفاده شد. جهت مقایسه نتایج پیش بینی ارزش ارثی با روش مذکور، از نرم افزار SAS استفاده شد. مقایسه نتایج پیش بینی ارزش ارثی با نرم افزار MAS و SAS، نشان دهنده اثر ورود نشانگرهای مولکولی در انتخاب براساس تلفیق اطلاعات کمی و مولکولی است.

واژه های کلیدی: ارزش ارثی، جایگاه صفت کمی، گوسفند افشاری، نشانگر مولکولی

مقدمه

استفاده از ژنتیک مولکولی سبب پیشرفت اساسی در شناسایی جایگاه‌ها و مناطقی از کروموزوم شده که بر صفات مهم تولیدی در حیوانات اهلی اثر دارند (Andersson, 2001). در ژنوم موجودات یوکاریوت چند شکلی‌های DNA ابزارهای نیرومندی برای تشریح مولکولی صفات اقتصادی مهم هستند و کاربردهای بالقوه‌ای در برنامه‌های اصلاحی دارند. چند شکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) از نشانگرهایی است که اخیراً در بررسی تنوع در توالی DNA و شناسایی تنوع بین موجودات مورد استفاده قرار می‌گیرد. یک SNP، تفاوت یافت شده در یک نوکلئوتید ژنوم یک موجود نسبت به موقعیت مشابه آن در توالی ژنوم موجود دیگر است. SNP‌های یافت شده در ژن مورد علاقه، بیشتر مورد توجه محققین قرار می‌گیرند، زیرا آنها مستقیماً با صفت دلخواه پیوسته هستند (Heaton *et al.*, 2001). SNP‌ها واحدهای بنیادی تنوع ژنتیکی هستند. تعداد این نشانگر در گاوهای شیری فراوان بوده و قابلیت توارث دارند (Markovtsova *et al.*, 2000). در مطالعه بیماری‌های ژنتیکی و بررسی تنوع در گونه‌های احشام اغلب ترجیح داده می‌شود از نشانگر SNP استفاده شود (Williams, 2005). با تلاش برای نقشه‌یابی جایگاه صفت کمی (QTL)، تعداد زیادی از نشانگرهای پیوسته به QTL برای ارزیابی ژنتیکی در دسترس هستند. QTL پیوسته به نشانگر به عنوان QTL نشاندار (MQTL) نامیده می‌شود. در معادلات مدل مختلط (MME) که برای ارزیابی ژنتیکی بکار گرفته می‌شوند، اثر ژنوتیپ‌های نشانگری به عنوان اثرات ثابت و اثرات گامتی MQTL به عنوان اثرات تصادفی وارد می‌شوند (Livi *et al.*, 2004). از QTL‌هایی که به وفور مشخص شده و مورد تأیید است، ژن DGAT1 روی کروموزوم ۱۴ گاو است. این ژن یکی از ژن‌های مهم کنترل کننده چربی است (Scata *et al.*, 2009). هدف از این پژوهش، پیش‌بینی ارزش ارثی گله گوسفند افشاری در مزرعه آموزشی دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان با انتخاب به کمک نشانگر SNP، با استفاده از نرم افزار MAS است.

مواد و روش‌ها

تهیه نرم افزار

نرم افزار MAS در تحقیق حاضر با زبان برنامه‌نویسی C# تهیه شد. توان بالای این زبان و قابلیت گرافیکی و محاسباتی بالای آن به کاربر کمک می‌کند که هم در روش‌های اخذ اطلاعات و هم ارائه آن از توانایی مناسبی برخوردار باشد. نسخه C#. Net قابلیت این را دارد که برنامه‌های تهیه شده با این زبان برنامه‌نویسی را، برای بهره‌گیری از طریق صفحات Web توانا سازد. این نرم افزار با دریافت داده‌های فنوتیپی و مولکولی صفت مورد نظر، به تجزیه و تحلیل اطلاعات موجود با روش‌های مدل مختلط (MMM)، عمل می‌نماید. مدل مورد استفاده در این نرم افزار، مدل دام است که به فرم ماتریسی اجرا می‌شود. جهت مقایسه نتایج نرم افزار MAS، از نرم افزار آماری SAS (از تخصصی‌ترین نرم‌افزارهای آماری) با استفاده از داده‌ها و پارامترهای ژنتیکی مشابه در هر دو نرم‌افزار استفاده شد. در نرم افزار SAS، از رویه مدل مختلط (محاسبه کوواریانس‌ها) با تلفیق اطلاعات کمی و مولکولی که اثر نشانگرها به صورت اثر ثابت لحاظ شد، تجزیه و تحلیل انجام شد. اثر ثابت موجود در داده‌های تحقیق حاضر، تنها اثر نوع تولد است.

نمونه‌گیری و بررسی مولکولی

جهت اجرای تحقیق حاضر، تعداد ۸۰ رأس از بره‌های نر گله گوسفند افشاری در مزرعه آموزشی دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان استفاده شد. با ثبت مشخصات گله، شجره کاملی از حیوانات موجود است. رکوردهای وزن چربی بدن با کشتار حیوانات در سن ۱۱ ماهگی در دسترس است. جهت تعیین پلی‌مورفیسم ناحیه پروموتور ژن DGAT1، پس از استخراج DNA از نمونه‌های خون، مراحل PCR روی نمونه‌های DNA انجام گرفت. آلل‌های مختلف به کمک روش SSCP مشخص شد. با توجه به مقایسه SSCP و توالی‌یابی، فراوانی‌های آللی و ژنوتیپی حیوانات به صورت ۳ نوع ژنوتیپ CC، CA و AA تعیین شد.

در این معادله، A و G نشان دهنده ماتریس‌های واریانس-کوواریانس بین افراد به ترتیب برای اثرات پلی‌ژنیک و QTL هستند. بنابراین، A تعیین کننده ماتریس خویشاوندی است (Henderson, 1976). G ماتریس خویشاوندی پیوسته است. ماتریس G ژنوتیپ‌های جایگاه‌های نشانگری پیوسته به QTL با میزان نوترکیبی معلوم با QTL را تعیین می‌کند.

$$\text{در نهایت } \alpha_1 \text{ و } \alpha_2 \text{ به ترتیب } \frac{\sigma_e^2}{\sigma_u^2} \text{ و } \frac{\sigma_e^2}{\sigma_v^2} \text{ در جمعیت}$$

پایه هستند (Fernando and Grossman, 1989).

محاسبه ماتریس واریانس-کوواریانس (G_v) برای

اثرات MQTL

ماتریس G_v ، واریانس-کوواریانس بین اثرات افزایشی جایگاه صفت کمی متصل به جایگاه نشانگر را نشان می‌دهد. کوواریانس بین خویشاوندان اساس استفاده از اطلاعات خویشاوندان در ارزیابی ژنتیکی را فراهم می‌سازد. روش جدولی برای ایجاد ماتریس G_v مشابه با محاسبه ماتریس A است. ردیف‌ها و ستون‌های ماتریس G_v باید طوری باشد که در آن والدین بر نتاج مقدم باشند. برای هر فرد در G_v دو ردیف وجود دارد که یکی برای آلل MQTL مادری و دیگری برای آلل MQTL پدری است. g_{ij} عنصر ij از G_v و i_o^p و i_o^m ردیف‌های G_v متناظر با اثرات افزایشی v_o^p و v_o^m آلل‌های MQTL برای o امین فرد است. به طور مشابه i_s^p و i_s^m ردیف‌هایی برای اثرات افزایشی v_s^p و v_s^m آلل‌های MQTL پدری (s) و i_d^p ردیف‌هایی متناظر با اثرات افزایشی v_d^p و v_d^m آلل‌های MQTL مادری (d) است. عناصر ردیف i_o^p پایین قطر را می‌توان به صورت زیر محاسبه نمود:

$$gi_o^p, j = (1 - \rho_o^p) gi_s^p, j + \rho_o^p gi_s^m, j \\ j = 1, \dots, i_o^p - 1$$

اگر فرد o ، آلل M_s^p را به ارث ببرد $\rho_o^p = r$ و اگر فرد o آلل M_s^m را به ارث ببرد $\rho_o^m = (1 - r)$ است.

آلل A با فراوانی بیشتر در جمعیت، به عنوان آلل نشانگری که از والد پدر (p) و آلل C با فراوانی کمتر، به عنوان آلل نشانگری که از والد مادر (m) به نتاج انتقال یافته، مشخص شد. نشانگر مولکولی یافت شده برای ژن مذکور، از نوع نشانگر SNP و مستقیم (فاصله بین نشانگر و QTL مورد نظر صفر است) است. در این حالت نشانگر دقیقاً روی ژن قرار دارد و برنامه انتخاب به کمک نشانگر به صورت (Gene- MAS) است.

پیش‌بینی ارزش ارثی با اطلاعات نشانگر

زمانی که از اطلاعات نشانگرهای پیوسته به QTL استفاده می‌شود، پیش‌بینی ارزش ارثی به صورت مدل زیر بیان می‌شود:

$$y = Xb + Zu + Wv + e$$

در اینجا بردار y ، مربوط به رکوردهای فنوتیپی است. X ، Z و W ماتریس‌های ضرایب هستند که مشاهدات را به ترتیب به اثرات ثابت (b)، اثرات پلی‌ژنیک (u) و اثرات QTL (v) ربط می‌دهند. e بردار باقیمانده است. ماتریس X دارای ابعاد $n \times f$ و ماتریس Z دارای ابعاد $n \times s$ است. در حقیقت s نماینده حیواناتی است که به عنوان اثر تصادفی در مدل منظور می‌شوند و هدف این است که با حل دستگاه معادلات مدل مختلط، ارزش ارثی آنها را پیش‌بینی نمود. بردار v دارای دو اثر QTL برای هر فرد i است. یکی از اثرات برای آلل پدری (v_i^p) و دیگری برای آلل مادری (v_i^m) است. عناصر ستون ماتریس‌های Z و W در حیواناتی که روی خودشان دارای رکورد نیستند صفر است. ستون‌های غیر صفر Z و W که حیوانات را به رکوردهایشان مربوط می‌سازد، به ترتیب ۱ و ۲ عنصر مساوی با ۱ دارند. با فرض اینکه واریانس‌ها در جمعیت پایه معلوم باشند، هر دوی اثرات پلی‌ژنیک و QTL می‌تواند با استفاده از BLUP برآورد شود. با وارد شدن اثرات QTL معادلات مدل مختلط (MME) به صورت زیر نوشته می‌شود:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A_u^{-1} \alpha_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + G_v^{-1} \alpha_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \\ \hat{v} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

اینکه تاکنون در جهت کاهش یا افزایش چربی در گله مورد تحقیق انتخاب مستقیمی صورت نگرفته، مجموع ارزش‌های ارثی حیوانات با استفاده از هر دو نرم افزار MAS و SAS، نزدیک صفر است. جدول ۲ مقایسه دو گروه از نتایج پیش‌بینی ارزش ارثی پدرهای حیوانات موجود در جدول ۱ با نرم افزار MAS و SAS را نشان می‌دهد. این نتایج به ترتیب از بیشترین به کمترین مرتب شده است.

بر اساس اطلاعات شجره گله مورد بررسی، مشاهده می‌شود که بره‌های ۴۶۶، ۵۸۶ و ۴۸۹ که در جدول ۱ با استفاده از نتایج نرم‌افزار MAS دارای بالاترین ارزش‌های ارثی هستند، به ترتیب نتایج پدراهای ۶۸۰، ۳۴۵۵ و ۳۵۵۹ هستند. این پدرها طبق جدول ۲، با استفاده از نتایج نرم افزار MAS، از بالاترین ارزش‌های ارثی برخوردارند. همچنین بره شماره ۶۶۵ که در جدول ۱ دارای کمترین ارزش ارثی است، فرزند پدر ۳۴۵۲ است که از کمترین ارزش ارثی برخوردار است.

در جدول ۲ مشاهده می‌شود که در دو گروه از رتبه-بندی نتایج پیش‌بینی ارزش ارثی پدرها با نرم افزار MAS و SAS نسبت به جدول ۱ رتبه‌بندی حیوانات تا حدودی با هم متفاوت است. در صورتی که ۵ یا ۱۱ حیوان اول به عنوان حیوانات برتر انتخاب شوند، حیوانات مشابهی با استفاده از هر دو گروه نتایج، مورد انتخاب قرار می‌گیرند. در مجموع تنها یک حیوان متفاوت خواهد بود. این موضوع نشان دهنده اثر وارد نمودن نشانگرها در انتخاب نسبت به انتخاب تنها براساس اطلاعات کمی است. به دلیل تعداد کم پدرها، تفاوتی در انتخاب حیوانات برتر مشاهده نمی‌شود. ولی در جدول ۱ به دلیل تعداد زیاد بره‌ها، با رتبه‌بندی آنها در دو گروه از نتایج، پراکنش بیشتری مشاهده می‌شود. در بیشتر حالات، ژن‌های پیوسته با نشانگرها، تنها بخشی از تغییرپذیری کل ژنتیکی صفت مورد مطالعه را شامل می‌شوند. انتخاب بر اساس اطلاعات مولکولی به تنهایی نمی‌تواند جایگزین انتخاب سنتی شود. معمولاً بهترین نتایج از طریق استفاده از نشانگرها در سنین پایین‌تر حیوانات در برنامه‌های اصلاحی و استفاده از همه اطلاعات موجود به وسیله ترکیب اطلاعات مولکولی و فنوتیپی به دست می‌آید (Goddard and Hayes, 2007).

همچنین عناصر ردیف i_o^m پایین قطر به صورت زیر هستند:

$$gi_o^m, j = (1 - \rho_o^m) gi_d^p, j + \rho_o^m gi_o^m, j \\ j = 1, \dots, i_o^m - 1$$

اگر فرد ۰، آلل M_d^p را به ارث ببرد $\rho_o^m = r$ و اگر فرد ۰ آلل M_d^m را به ارث ببرد $\rho_d^m = (1 - r)$ است. از آنجایی که ماتریس G_v متقارن است، پس:

$$g_j, i_o^m = g_i_o^m, j \text{ و } g_j, i_o^p = g_i_o^p, j$$

اگر $o' = 0$ باشد، افراد مشابه هستند، پس $\text{cov}(v_o^m, v_o^m) = \text{var}(v_o^m)$ است، همچنین $P(Q_o^m \equiv Q_o^m) = 1$ است. بنابراین عناصر قطری ماتریس G_v برابر ۱ هستند. اگر مشخص کردن دو آلل نشانگر فرد ۰ که از پدر یا مادر به ارث می‌رسد ممکن نباشد، مقادیر ρ_o^m و ρ_o^p برابر با ۰/۵ جایگذاری می‌شود (Fernando and Grossman, 1989)

نتایج و بحث

جدول ۱ نتایج پیش‌بینی ارزش ارثی حیوانات با روش انتخاب به کمک نشانگر (نرم افزار MAS)، برای صفت وزن چربی را نشان می‌دهد. هر گروه از نتایج این جدول، به ترتیب از بیشترین به کمترین مرتب شده است. برای صفت مورد نظر، میزان نوترکیبی بین جایگاه نشانگر و MQTL، صفر است. مقدار $\alpha_1 = 2$ و $\alpha_2 = 12$ فرض می‌شود.

با بررسی نتایج جدول فوق، در رتبه‌بندی حیوانات با هر دو گروه از نتایج نرم افزار MAS و SAS رابطه نزدیکی مشاهده می‌شود. برای مثال اگر ۵۵ بره اول در هر دو گروه از نتایج، به عنوان نسل بعدی انتخاب شوند، با اینکه در رتبه بندی تفاوت‌هایی مشاهده می‌شود، ولی در حیوانات انتخاب شده تنها ۱۰٪ یعنی ۵ بره تفاوت وجود دارد. این تفاوت می‌تواند نشان دهنده اثر نشانگر وارد شده در محاسبات باشد. این موضوع می‌تواند در افزایش سرعت رشد ژنتیکی صفت مورد مطالعه، امکان انتخاب‌های دقیق‌تری را فراهم نماید (Moreau et al., 1998). با توجه به

جدول ۱- پیش‌بینی ارزش ارثی حیوانات برای صفت وزن چربی با نرم‌افزار MAS و مقایسه آنها با نتایج نرم‌افزار SAS
Table 1. Prediction of animals breeding value for fat weight trait with MAS software and Comparison them using results of SAS software

Row	Animal	MAS	Animal	SAS	Row	Animal	MAS	Animal	SAS
1	466	0.323	507	0.139	41	657	-0.005	468	-0.008
2	586	0.286	469	0.134	42	633	-0.012	510	-0.008
3	489	0.278	493	0.13	43	564	-0.013	581	-0.008
4	469	0.251	466	0.115	44	614	-0.019	657	-0.008
5	601	0.248	533	0.115	45	611	-0.021	653	-0.017
6	639	0.238	612	0.115	46	510	-0.022	583	-0.022
7	507	0.231	489	0.111	47	598	-0.022	582	-0.022
8	546	0.231	586	0.096	48	474	-0.023	501	-0.027
9	585	0.226	681	0.096	49	511	-0.035	511	-0.027
10	493	0.220	649	0.095	50	468	-0.035	669	-0.027
11	533	0.205	546	0.087	51	582	-0.038	651	-0.027
12	640	0.178	597	0.086	52	660	-0.048	656	-0.027
13	516	0.168	639	0.086	53	651	-0.048	472	-0.036
14	612	0.167	601	0.082	54	554	-0.050	470	-0.041
15	551	0.153	562	0.077	55	669	-0.061	554	-0.041
16	506	0.153	563	0.068	56	656	-0.065	526	-0.041
17	563	0.146	509	0.062	57	465	-0.068	664	-0.042
18	641	0.145	516	0.062	58	604	-0.094	564	-0.046
19	504	0.141	571	0.053	59	583	-0.098	611	-0.046
20	681	0.141	585	0.053	60	661	-0.105	660	-0.046
21	597	0.13 ⁹	504	0.044	61	589	-0.111	475	-0.046
22	562	0.131	538	0.044	62	526	-0.126	492	-0.046
23	627	0.102	506	0.043	63	472	-0.140	645	-0.046
24	538	0.077	536	0.043	64	645	-0.153	587	-0.046
25	662	0.076	551	0.043	65	475	-0.158	633	-0.055
26	545	0.071	555	0.043	66	664	-0.174	661	-0.056
27	509	0.070	595	0.043	67	497	-0.179	598	-0.060
28	581	0.068	640	0.043	68	608	-0.186	646	-0.075
29	649	0.065	662	0.043	69	577	-0.190	608	-0.08
30	544	0.064	614	0.043	70	592	-0.206	497	-0.098
31	555	0.063	544	0.039	71	587	-0.206	577	-0.098
32	487	0.059	545	0.034	72	616	-0.210	589	-0.098
33	536	0.050	641	0.034	73	492	-0.224	479	-0.098
34	595	0.050	627	0.025	74	479	-0.229	579	-0.103
35	470	0.033	474	0.024	75	646	-0.241	592	-0.117
36	571	0.029	487	0.024	76	648	-0.266	616	-0.141
37	653	0.025	635	0.015	77	570	-0.278	648	-0.151
38	635	-0.000	637	0.011	78	579	-0.293	543	-0.170
39	637	-0.001	604	0.006	79	543	-0.335	570	-0.170
40	501	-0.004	465	-0.003	80	665	-0.411	665	-0.184

کاندید با صفات مربوط به کیفیت گوشت، مفید خواهد بود (Xu et al., 2008; Scata et al, 2009). نتایج حاصل از اطلاعات شبیه سازی نشان می‌دهد که ارزش ارثی حیوانات می‌تواند با دقت بالایی با استفاده از نشانگرهای مولکولی پیش‌بینی شود (Goddard and Hayes, 2007).

دستیابی به تردی مطلوب و محتوای چربی داخل عضلانی در گوشت همراه با کاهش چربی پشت به وسیله برنامه انتخاب سنتی به علت آنتاگونیسم ژنتیکی بین این صفات عملی مشکل است. لذا استفاده از برنامه انتخاب به کمک نشانگر با استفاده از پیوستگی‌های چندشکلی‌های ژن

جدول ۲- پیش‌بینی ارزش ارثی پدرها برای صفت وزن چربی با

نرم‌افزار MAS و مقایسه آنها با نتایج نرم‌افزار SAS

Table 2. Prediction of sires breeding value for fat weight trait with MAS software and comparison of them with the results of SAS software

Row	Sires	MAS	Sires	SAS
1	680	0.231	680	0.185
2	3455	0.217	3455	0.143
3	3559	0.142	3457	0.138
4	3457	0.115	3559	0.103
5	3571	0.115	3526	0.095
6	3248	0.070	3451	0.087
7	3526	0.070	3571	0.083
8	3556	0.039	3248	0.040
9	3562	-0.018	3541	-0.004
10	3460	-0.019	3460	-0.025
11	3541	-0.034	3556	-0.026
12	3451	-0.043	462	-0.036
13	462	-0.062	3557	-0.046
14	3575	-0.068	690	-0.049
15	3543	-0.070	3562	-0.050
16	3557	-0.079	3575	-0.061
17	3561	-0.096	3543	-0.088
18	690	-0.096	3561	-0.132
19	3458	-0.160	3458	-0.151
20	3452	-0.254	3452	-0.204

فهرست منابع

- Andersson L. 2001. Genetic dissection of phenotypic diversity in farm animals. *Natural Review in Genetics*, 2: 130–138.
- Dekkers J. C. M. 2004. Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons. *Journal of Animal Science*, 82: E313–E328.
- Fernando R. L. and Grossman M. 1989. Marker assisted selection using best linear unbiased predictin. *Genetics Selection Evolution*, 467- 477.
- Goddard M. E. and Hayes B. j. 2007. Genomic selection. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 124: 323–330.
- Henderson C. R. 1976. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values, *Biometrics*, 32: 69–83.
- Heaton M. P., Grosse W. M., Kappes S. M., Keele J. W. and Chitko-McKown C. G. 2001. Estimation of DNA sequence diversity in bovine cytokine genes.

میزان پیشرفت ژنتیکی با استفاده از MAS به طور متوسط ۲۳ تا ۵۰ درصد بیشتر از حالت انتخاب تنها بر اساس اطلاعات کمی است. این موضوع همواره برای صفات لاشه حداکثر است. تفاوت در میزان پاسخ، بیشتر به مدل ژنتیکی شبیه‌سازی شده و نسبت واریانس ژنتیکی که بوسیله QTL بیان می‌شود، بستگی دارد (Dekkers, 2004). با استفاده از اطلاعات QTL برای صفات اقتصادی، کارایی انتخاب به وسیله کاهش فاصله نسلی و یا افزایش شدت و دقت انتخاب افزایش می‌یابد (Koning *et al.*, 2003; Misztal, 2006).

سپاسگزاری

از دانشگاه زنجان که امکان تحقیق حاضر را فراهم نموده و از آقای مهندس سعید رزاقی که در تحقیق حاضر یاری دهنده بوده‌اند، قدردانی می‌شود.

Mammalian Genome, 12: 32–37.

Koning D. J., Pong- Wong R., varona L., Evans G. J., Giuffra E., Sanchez A., Plastow G., Noguera J. L., Andersson L. and Haley C. S. 2003. Full pedigree quantitative trait locus analysis in commercial pigs using variance components. *Journal of Animal Science*, 9: 2155-2163.

Liviu R. T., Fernando R.L., Dekkers C. M. and Fernandez A. 2004. The effect of using approximate gametic variance covariance matrices on marker assisted selection by BLUP. *Genetics*, 36: 29–48.

Markovtsova L., Marjoram P. and Tavare S. 2000. The age of a unique event polymorphism. *Genetics*, 156: 401–409.

Misztal I. 2006. Challenges of application of marker assisted selection– a review. *Animal Science Papers and reports*, 24: 5- 10.

Moreau L., Charcosset A., Hospital F. and Gallais A. 1998. Marker-Assiste Selection Efficiency in Populations of Finite Size. *Genetics*, 148: 1353-1365.

Scate M. C., Napolitano F., Casu S., Carta, A. and Matteis G. 2009. Ovine Acyl CoA: Diacylglycerol acyltransferase 1- molecular characterization, polymorphisms and association with milk traits. *Animal Genetics*, 40: 737- 742.

Williams J. L. 2005. The use of marker-assisted selection in animal breeding and biotechnology .*Review in Science and Technology*, 379- 391.

Xu Q. L., Chen Y. L. and Xue P. 2008. Polymorphism of DGAT1 associated with intramuscular fat-mediated tenderness in sheep. *Science of Food and Agriculture*, 89: 232– 237.

Designing a software for prediction of animal breeding values using quantitative and molecular information

S. Rafiee¹, M. Eskandari Nasab^{*2}, D. Salimi³, T. Harkinezhad³ and R. Khoramtaei³

1. Former M. Sc. Student, Faculty of Agriculture, University of Zanjan

2. Associate Professor, Faculty of Agriculture, University of Zanjan

3. Physiology and Biotechnology Institute, University of Zanjan

(Received: 3-10-2011- Accepted: 24-4-2012)

Abstract

The present study was attempted to produce MAS software. This software uses a combination of quantitative and molecular information for the prediction of breeding values. Some genes that control a trait have major effects comparing with others. These genes are called major genes which are located on QTLs (quantitative trait loci). Our understanding on inheritance pattern of QTL can be helpful in selection programs via marker assisted selection (MAS). This provides an opportunity to increase the genetic progress of domestic animals by MAS. The marker assisted selection performance are based on an index, consists of phenotypic and molecular markers data. The MAS software based on mixed model methods (MMM) was established with the C# programming language. This software designed based on animal models with matrix form for predicting breeding values. To identify polymorphism in promoter region of DGAT1 gene, DNA was extracted from blood samples, the PCR process performed on DNA samples. Allelic and genotypic frequencies of animals were characterized. MASS software was used for the prediction of breeding values for 80 male lambs of Afshari sheep in research-education farm of Zanjan University. To compare the results, analyses were also performed using SAS software. Comparing the predicted breeding values obtained from MAS software and SAS indicated the effect of molecular marker in selection based on the combination of molecular and phenotypic information.

Keywords: Afshari sheep, Breeding value, Molecular Marker, QTL

*Corresponding author: eskandarinasab-m@znu.ac.ir