

برآورد ارزش اصلاحی

برآورد ارزش اصلاحی افراد برای صفات پلی ژنیک که تحت تاثیر مجموعه ای از عوامل محیطی و ژنتیکی هستند تا حدودی پیچیده است. از طرف دیگر تعدد لوکوسهای تاثیرگذار بر این دسته از صفات نیز سبب پیچیده تر شدن برآورد ارزش اصلاحی افراد می شود. در ادامه برخی روشهای کلاسیک و پایه برای پیش بینی ارزش اصلاحی افراد در حالات مختلف ارائه می شوند:

الف - حالتی که از هر فرد فقط یک رکورد داریم:

$$EBV_i = A_i = h^2 (P_i - \bar{P})$$

EBV_i = پیش بینی ارزش اصلاحی فرد i

h^2 = وراثت پذیری صفت

P_i = عملکرد فرد i برای صفت مورد نظر

\bar{P} = میانگین جمعیت برای صفت مورد نظر

اگر A_i و \hat{A}_i به ترتیب ارزش اصلاحی حقیقی و پیش بینی شده فرد i باشند صحت برآورد ارزش اصلاحی این فرد برابر با همبستگی بین ارزش اصلاحی حقیقی و پیش بینی شده است:

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

در واقع در این حالت صحت برآورد ارزش اصلاحی برابر با جذر وراثت پذیری صفت است. میتوان نتیجه گرفت برای صفاتی با وراثت پذیری زیاد صحت برآورد ارزش اصلاحی افراد بر اساس یک رکورد عملکردی بیشتر از صفاتی با وراثت پذیری کم است زیرا در صفاتی با وراثت پذیری بیشتر میزان تطابق ارزش اصلاحی و ارزش فنوتیپی بیشتر است.

مثال:

با فرض اینکه میانگین جامعه برای صفت وزن شیرگیری در یک نژاد بره ۱۰ کیلوگرم و وراثت پذیری این صفت ۰/۴ باشد ارزش اصلاحی و صحت آن برای بره ای با وزن شیرگیری ۱۲ کیلوگرم را محاسبه نمائید.

$$EBV_i = A_i = h^2 (P_i - \bar{P}) = 0.4 (12 - 10) = +0.8$$

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

ب -حالتی که از هر فرد فقط n رکورد داریم:

$$EBV_i = \frac{n h^2}{1+(n-1)r} (\overline{Pn} - \bar{P})$$

EBV_i = پیش بینی ارزش اصلاحی فرد i

h^2 = وراثت پذیری صفت

r = تکرارپذیری

\overline{Pn} = میانگین n رکورد عملکردی فرد i برای صفت مورد نظر

\bar{P} = میانگین جمعیت برای صفت مورد نظر

n = تعداد رکوردهای عملکردی

$$r_{A\hat{A}} = \sqrt{\frac{n h^2}{1 + (n - 1)r}}$$

مثال

اگر وراثت پذیری و تکرارپذیری تولید پشم در یک گله گوسفند به ترتیب ۰/۲ و ۰/۵ باشند و میانگین تولید پشم در این گله نیز ۲ کیلوگرم باشد.

الف) در صورتی که میانگین ۳ رکورد تولیدی یک بره ۲/۲ کیلوگرم باشد ارزش اصلاحی این بره و صحت آن را محاسبه نمایید.

$$EBV_i = \frac{n h^2}{1+(n-1)r} (\bar{Pn} - \bar{P}) = \frac{3 \times 0.2}{1+(3-1) \times 0.5} (2.2 - 2) = +0.06$$

$$r_{A\hat{A}} = \sqrt{\frac{n h^2}{1+(n-1)r}} = \sqrt{\frac{3 \times 0.2}{1+(3-1) \times 0.5}} = 0.55$$

ب) در صورتی که از این فرد یک رکورد به مقدار ۲/۵ کیلوگرم داشته باشیم برآورد ارزش اصلاحی و صحت آن را محاسبه نمایید.

$$EBV_i = A_i = h^2 (P_i - \bar{P}) = 0.2 (2.5 - 2.2) = +0.06$$

$$r_{A\hat{A}} = \sqrt{0.2} = 0.45$$

در هر دو حالت الف و ب برآورد ارزش اصلاحی با هم برابر است ولی در حالت استفاده از میانگین ۳ رکورد، صحت برآورد ارزش اصلاحی بیشتر است.

مثال) فرض کنید در جامعه ای با میانگین ۲ واحد از یک فرد ۳ رکورد عملکردی با میانگین ۲/۵ واحد داریم و تکرار پذیری این صفت نیز ۰/۶ باشد. اولین رکورد این فرد ۲/۲ واحد ثبت شده است.

سه سطح وراثت پذیری (۰/۵، ۰/۳ و ۰/۵) را در نظر بگیرید و پیش بینی ارزش اصلاحی فرد و صحت آن را در حالت تک رکوردی و چند رکوردی در هر یک از سطوح وراثت پذیری محاسبه نمایید.

الف) وراثت پذیری صفت ۰/۵ باشد

- تک رکوردی

$$EBV_i = A_i = h^2 (P_i - \bar{P}) = 0.05(2.2 - 2.0) = +0.01$$

$$r_{A\hat{A}} = \sqrt{0.05} = 0.22$$

- چند رکوردی

$$EBV_i = \frac{n h^2}{1+(n-1)r} (\bar{Pn} - \bar{P}) = \frac{3 \times 0.05}{1+(3-1) \times 0.6} (2.5 - 2.0) = +0.034$$

$$r_{A\hat{A}} = \sqrt{\frac{n h^2}{1 + (n - 1)r}} = \sqrt{\frac{3 \times 0.05}{1 + (3 - 1) \times 0.6}} = 0.26$$

ب) وراثت پذیری صفت ۰/۳ باشد

- تک رکوردی

$$EBV_i = A_i = h^2 (P_i - \bar{P}) = 0.3(2.2 - 2.0) = +0.06$$

$$r_{A\hat{A}} = \sqrt{0.30} = 0.55$$

- چند رکوردی

$$EBV_i = \frac{n h^2}{1+(n-1)r} (\overline{Pn} - \bar{P}) = \frac{3 \times 0.30}{1+(3-1) \times 0.6} (2.5 - 2.0) = +0.20$$

$$r_{A\hat{A}} = \sqrt{\frac{n h^2}{1 + (n - 1)r}} = \sqrt{\frac{3 \times 0.30}{1 + (3 - 1) \times 0.6}} = 0.64$$

ب) وراثت پذیری صفت ۰/۵ باشد

- تک رکوردی

$$EBV_i = A_i = h^2 (P_i - \bar{P}) = 0.5(2.2 - 2.0) = +0.10$$

$$r_{A\hat{A}} = \sqrt{0.50} = 0.71$$

- چند رکوردی

$$EBV_i = \frac{n h^2}{1+(n-1)r} (\overline{Pn} - \bar{P}) = \frac{3 \times 0.50}{1+(3-1) \times 0.6} (2.5 - 2.0) = +0.34$$

$$r_{A\hat{A}} = \sqrt{\frac{n h^2}{1 + (n - 1)r}} = \sqrt{\frac{3 \times 0.50}{1 + (3 - 1) \times 0.6}} = 0.82$$

برآورد محتمل ترین توان تولیدی (MPPA)

الف - حالتی که از هر فرد فقط یک رکورد داریم:

$$MPPA_i = PA_i = r (P_i - \bar{P})$$

$MPPA_i$ = محتمل ترین توان تولیدی فرد i

r = تکرار پذیری صفت

P_i = عملکرد فرد i برای صفت مورد نظر

\bar{P} = میانگین جمعیت برای صفت مورد نظر

اگر PA_i و \widehat{PA}_i به ترتیب توان تولیدی حقیقی و پیش بینی شده فرد i باشند صحت برآورد محتمل ترین توان تولیدی این فرد برابر با همبستگی بین توان تولیدی حقیقی و پیش بینی شده است:

$$r_{PA \widehat{PA}} = \sqrt{r}$$

مثال

میانگین تولید شیر در یک گله گاو شیری ۶۰۰۰ لیتر است، اگر گاوی در اولین زایش خود ۸۰۰۰ لیتر شیر تولید کرده باشد و تکرارپذیری تولید شیر ۰/۵۵ باشد $MPPA$ و صحت آن را برآورد نموده و تولید شیر این گاو در زایش بعدی را نیز پیش بینی نمایید.

$$MPPA_i = PA_i = r (P_i - \bar{P}) = 0.55 (8000 - 6000) = +1100 \text{ lit}$$

$$r_{PA \widehat{PA}} = \sqrt{0.55} = 0.74$$

پیش بینی تولید شیر در زایش بعدی برابر است با:

$$\widehat{P}_2 = 6000 + 1100 = 7100 \text{ lit}$$

ب - حالتی که از هر فرد فقط n رکورد داریم:

$$MPPA_i = \frac{n r}{1+(n-1)r} (\overline{Pn} - \bar{P})$$

$MPPA_i$ = پیش بینی ارزش اصلاحی فرد i

r = تکرارپذیری

\overline{Pn} = میانگین n رکورد عملکردی فرد i برای صفت مورد نظر

\bar{P} = میانگین جمعیت برای صفت مورد نظر

n = تعداد رکوردهای عملکردی

$$r_{PA \widehat{PA}} = \sqrt{\frac{n r}{1 + (n - 1)r}}$$

مثال

اگر گاو در سه زایش پیشین به طور متوسط ۸۰۰۰ لیتر شیر تولید کرده باشد و میانگین تولید شیر در این گله ۶۰۰۰ لیتر باشد، $MPPA$ ، صحت برآورد آن و مقدار تولید شیر در زایش چهارم این گاو را با فرض تکرارپذیری ۰/۵۵ برای تولید شیر، برآورد کنید.

$$MPPA_i = \frac{n r}{1+(n-1)r} (\overline{Pn} - \bar{P}) = \frac{3 \times 0.55}{1+(3-1) \times 0.55} (8000 - 6000) = +1560 \text{ lit}$$

$$r_{PA \widehat{PA}} = \sqrt{\frac{3 \times 0.55}{1 + (3 - 1)0.55}} = 0.88$$

$$\widehat{P}_4 = 6000 + 1560 = 7560 \text{ lit}$$

پیش بینی تولید شیر در زایش چهارم

اگر تکرارپذیری صفتی بالا باشد افزایش تعداد رکوردها کمک چندانی به بهبود صحت انتخاب نمی کند ولی اگر تکرارپذیری کم باشد افزایش تعداد رکوردها تا (حد معینی) صحت انتخاب را بالا می برد ولی از طرف دیگر برای گرفتن رکوردهای بیشتر باید مدت زمان بیشتری را منتظر ماند که سبب افزایش فاصله نسلی و کاهش پیشرفت ژنتیکی در واحد زمان می گردد. مفاهیم فاصله نسلی و پیشرفت ژنتیکی در جلسات بعدی توضیح داده خواهند شد.