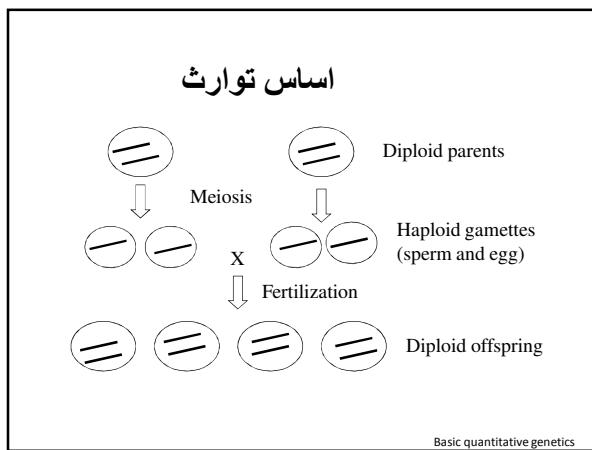


اجزاء ساخته ازی



مدل پلی ڙنپک

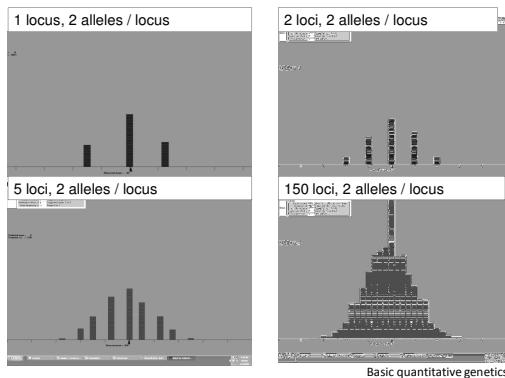
با افزایش تعداد زنهای کنترل کننده یک صفت، توزیع اثرات ژنتیکی به توزیع نرمال نزدیکتر میگردد

فرض بر ان است که صفات کمی بوسیله ژنها در جایگاههای ژنی متعدد کنترل می‌شوند: *polygenic model*

اثرات پلی ژنیک شامل مجموعه اثرات مستقیم و مقابله ژنها در جایگاههای مقاومت زیادی است، البته با اثرات جزئی

Basic quantitative genetics

توزيع اثرات ژنتیکی



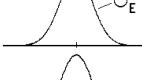
$$P = G + F$$

$$V_B = V_C + V_E$$

Many loci - Genetic value



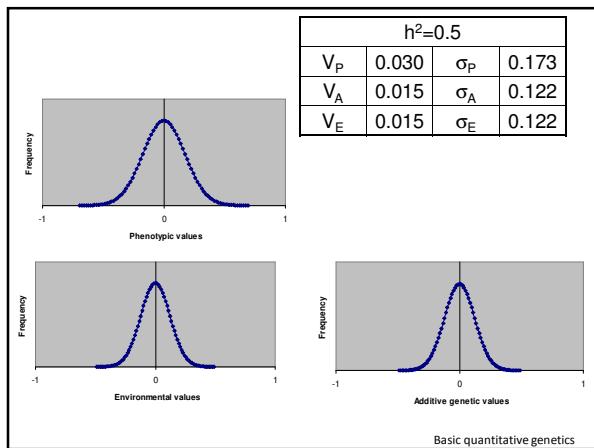
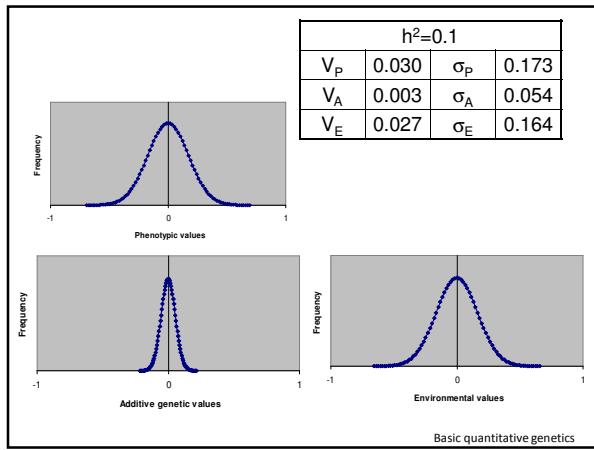
Environmental deviation E:



Phenotype, P = G + E :

$$V_D = V_C + V_E$$

Basic quantitative genetics



ارزش ژنتیکی Genetic value

ارزش اصلاحی Breeding value

$$\begin{aligned} P &= G+E \\ P &= A+NA+E \end{aligned}$$

- ارزش ژنتیکی (G)

- ارزش زنها در جواد

- ارزش اصلاحی (A)

- ارزش زنها در فرزندان

- تفاوت (G-A)

- اثرات ژنتیکی غیرافزایشی نظیر غالبیت

Basic quantitative genetics

ارزش اصلاحی

ارزش اصلاحی = مجموع متوسط اثرات آلل ها (α)

مثال:

- مدل نک لوکوسی

$G_{A2A2} = -20$, $G_{A1A2} = 0$, $G_{A1A1} = 20$

ارزش‌های ژنتیکی عبارتند از

$p=q=0.5$

- یک گامت حاوی A_1 با گامتی دیگر (A_2 یا A_1) با فراوانی مساوی ترکیب می‌گردد

- بنابراین فرزندان بصورت $0.5 \times A_1A_1 + 0.5 \times A_1A_2$ خواهند شد

- متوسط ارزش فرزندان عبارت است از

$$0.5 \times -20 + 0.5 \times 0 = -10$$

و در نتیجه $\alpha_{A_1} = -10$ units

- و همینطور $\alpha_{A_2} = 10$ units

Basic quantitative genetics

(1) عدم غالبیت و $p=q=0.5$

Genotype	A_2A_2	A_1A_2	A_1A_1
Value	280	300	320
Frequency	0.25	0.50	0.25
Pop'n mean		300	
Genetic value	-20	0	20
Breeding value	-20	0	20

$$\alpha_{A_1} = 10$$

$$\alpha_{A_2} = -10$$

- ❖ در عدم غالبیت ارزش ژنتیکی و ارزش اصلاحی برابرند
- ❖ با فراوانی آللی یکسان، اثر آللی مقدار عددی یکسان (ولی باعلامت متفاوت) دارند

Basic quantitative genetics

(2) کمی غالبیت و $p=q=0.5$

Genotype	A_2A_2	A_1A_2	A_1A_1
Value	280	310	320
Frequency	0.25	0.50	0.25
Pop'n mean		305	
Genetic value	-25	5	15
Breeding value	-20	0	20

$$\alpha_{A_1} = 10$$

$$\alpha_{A_2} = -10$$

- ❖ در وجود کمی غالبیت ارزش ژنتیکی و ارزش اصلاحی متفاوتند
- ❖ اثر غالبیت از ارزش اصلاحی خارج می‌شود

Basic quantitative genetics

(3) عدم غالیت و (A₁p=0.1, A₂q=0.9) (آلی)

Genotype	A ₂ A ₂	A ₁ A ₂	A ₁ A ₁
Value	280	300	320
Frequency	0.81	0.18	0.01
Pop'n mean		284	
Genetic value	-4	16	36
Breeding value	-4	16	36

$$\alpha_{A1} = 18$$

$$\alpha_{A2} = -2$$

- با فراوانی آلی نامساوی، اثر آلی مقداری غیربکسان در آللها خواهد داشت
- اثر آلی در آلهایی که فراوانی کمتری دارند بیشتر خواهد بود

Basic quantitative genetics

نکات مهم

ارزش اصلاحی بصورت انحراف از میانگین جمعیت بیان میشود (میانگین جمعیت تابعی از ارزش‌های ژنتیکی و فراوانی آللی است)

دروصورت عدم غالیت $G \neq A$, و در غیراينصورت $G=A$

حيوانات دارای آلل نادر از ارزش اصلاحی بالاتری برخوردارند (با علامت مثبت یا منفی)

Basic quantitative genetics

میتوان از ارزش اصلاحی برای پیش بینی عملکرد تاج استفاده کرد

— با استفاده از مثال اول گفته شده:

Genotypic values: $G_{A1A1}=20$, $G_{A1A2}=0$, $G_{A2A2}=-20$

$$p=q=0.5$$

— ارزش ژنتیکی در فرزدان حاصل از پدری با ژنتیک A1A1

$$G_o = \frac{A+0}{2} = \frac{20}{2} = +10$$

— کنترل محاسبات:

• پدر آلل A1 را منتقل کرده و مادرها فراوانی بیکسانی از هر دو آلل A1 & A2 را دارند

• لذا فرزدان بطور بیکسان A1A1 و A1A2 بوده و در نتیجه: $(20 \times 0.5 + 0 \times 0.5) = 10$

Basic quantitative genetics

میتوان از ارزش اصلاحی برای پیش بینی عملکرد نتاج استفاده کرد

با استفاده از مثال سوم گفته شده:

Genotypic values : $G_{A1A1} = 36$, $G_{A1A2} = 16$, $G_{A2A2} = -4$
 $p=0.1$ & $q=0.9$
 $\alpha_{11} = 18$, $\alpha_{12} = -2$

– ارزش زنیکی در فرزندان حاصل از پدری با ژنتیپ A1A2

$$G_o = \frac{A+0}{2} = \frac{16}{2} = +8$$

– کنترل محاسبات:

A1 = 0.1 & A2 = 0.9
 پدر آل A1 & A2 را با فراوانی یکسان منتقل کرده و مادرها فراوانی 0.9 در نتیجه فرزندان:

$$0.5 (0.1 A1A1 + 0.9 A1A2) + 0.5 (0.1 A2A1 + 0.9 A2A2) = \\ 0.5 (0.1 \times 36 + 0.9 \times 16) + 0.5 (0.1 \times 16 + 0.9 \times -4) = 8$$

Basic quantitative genetics

ارزشهای اصلاحی موقع استفاده جهت پیشگویی عملکرد نتاج

نصف میشوند

زیرا:

- ✓ ارزش اصلاحی حاکی از مجموع متواتسط اثر دو آل است
- ✓ تنها یکی از ایندو انتقال میابد

Basic quantitative genetics

مشاهده ای BV & مورد انتظار BV

مشاهده ای BVs

- از طریق عملکرد فرزندان محاسبه میشود
- BV = $2 \times (\text{progeny mean} - \text{population mean})$ –

مورد انتظار BVs

- از طریق آگاهی از ارزشهای ژنتیپی و فراوانی آللی محاسبه میشود

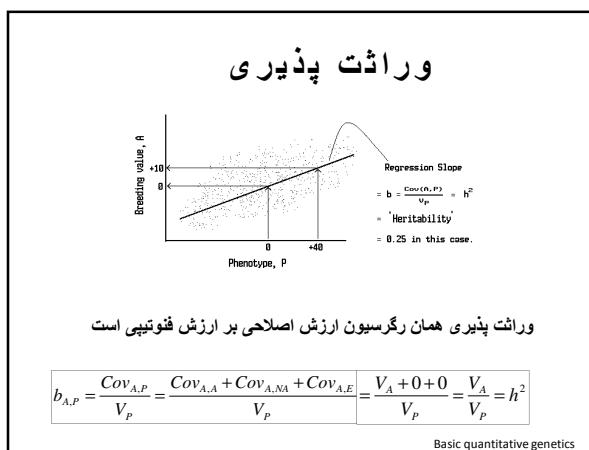
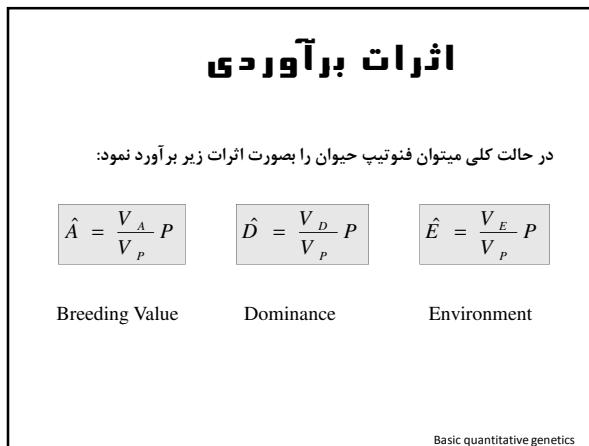
تفاوت ایندو بدليل:

- فراوانی های آللی از مقدار مورد انتظار فاصله دارند، بویژه در جوامع محدود
- انتظار بر آن است مجموعه اثرات محضی برای صفر بوده در حالیکه در گروههای فرزندی کوچک این بذرث تلقیق میباشد

Basic quantitative genetics

مشاهداتی					
موارد انتظار		A1 A1			
Proportion		Genotype	Observed	E	P
		A1 A1	320	5.98	325.98
1	A1	A1	320	-21.82	291.35
2	A1	A2	300	1.46	291.46
3	A1	A1	320	15.71	335.71
4	A1	A1	320	6.40	313.60
5	A1	A2	320	-6.40	313.60
6	A1	A1	300	7.31	292.89
7	A1	A2	300	-3.31	292.89
8	A1	A2	300	-11.65	288.35
9	A1	A1	300	10.22	310.22
10	A1	A2	320	5.00	325.00
Frequency	0.25	0.50	Average	210	0.00
Pop'n mean	300		Expected	210	0.00
Genetic value	-20	0	Average	210	0.00
Breeding value	-20	0	Expected	210	0.00
$\alpha_{A1} = 10$					Realised BV: 21.78
$\alpha_{A2} = -10$					Expected BV: 20.00
مشاهداتی					
Proportion		Genotype	Observed	E	P
		A1 A2	320	-21.82	291.35
1	A1	A1	320	1.46	291.46
2	A2	A2	280	1.46	291.46
3	A2	A1	300	2.61	302.61
4	A2	A2	300	11.65	313.65
5	A1	A1	300	-3.48	298.52
6	A1	A2	300	-8.13	298.13
7	A2	A1	300	8.13	308.13
8	A1	A1	300	-2.22	297.78
9	A2	A1	300	-1.33	299.67
10	A2	A2	320	0.88	320.88
Average	294		-2.35	291.65	Realised BV: -13.28
Overall average	290		0.00	300.00	Expected BV: 0.00
Expect	290		0.00	300.00	

Basic quantitative genetics



پیشگویی عملکرد نتاج

$$\hat{A} = \frac{V_A}{V_P} P = h^2 P \quad \hat{G}_o = \frac{\hat{A}_m + \hat{A}_f}{2}$$

$$G_o = (A_m + A_f) / 2$$

زیرا $G = A + NA + E$ و انتظار داریم متوسط NA و E برابر صفر باشند

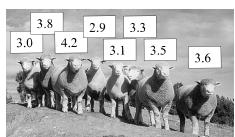
Basic quantitative genetics

مثالی دیگر

Sire = 90kg
Dam = 80 kg
Average of herd = 70 kg
 $h^2 = 0.25$

$$\begin{aligned}\hat{A}_{sire} &= h^2 P = 0.25 \times 20 = 5.0 \text{ kg} \\ \hat{A}_{dam} &= h^2 P = 0.25 \times 10 = 2.5 \text{ kg} \\ \hat{G}_0 &= \frac{\hat{A}_{sire} + \hat{A}_{dam}}{2} = \frac{5.0 + 2.5}{2} = 3.75 \text{ kg}\end{aligned}$$

توجه: ۳.۷۵ kg + متوسط مورد انتظار در گروه بزرگی از فرزندان است و نشاندهنده انحراف نتاج (از میانگین جمعیت) میباشد



Basic quantitative genetics

چرا فرزندان با والدین یکسان نمیباشند؟

واریانس ژنتیکی درون فامیل ها

- هر فرد نیمی از مواد ژنتیکی را از هر والد بطور تصادفی دریافت میکند

- اثرات نمونه گیری مندلی

• برای مثال $V_{MS\text{-full sib family}} = 0.5V_A$

واریانس محیطی

- اثرات سیستماتیک یا تصادفی

Basic quantitative genetics

QTL به مدل سط

واریانس ژنتیکی با توجه به یک QTL model

– تعدادی ژن با اثرات بزرگ

– بسیاری ژن با اثرات کوچک

$$V_P = V_A + V_{QTL} + V_{NA} + V_E$$

Basic quantitative genetics

QTL model G دریک A در مقابل

✓ دریک مدل پلی ژنیک، A، اهمیت دارد زیرا نشانده‌نده شایستگی (merit) است
که به نسل بعد میرسد

✓ با داشتن QTL، با انجام آمیزش‌های بخصوص میتوان از اثرات غیرافزایشی نیز
بصورت زیر بهره برد

animal selection + mate allocation = mate selection ✓

✓ لذا در مدل G، QTL نیز مورد توجه خواهد بود

Basic quantitative genetics